

中华医学会
第十八次血液学学术会议

论文汇编

湖北 武汉
2024年9月

目 录

专题发言

| | | |
|--------|---|---|
| S-0001 | 一项新型、高选择性 BCL-2 抑制剂 LP-108 治疗复发 或难治性 B 细胞非霍奇金淋巴瘤患者的 I 期临床研究数据更新 -----徐卫,冯茹,王莉等 | 1 |
| S-0002 | 造血干细胞移植相关皮肤损伤预防及护理的多中心调查研究 -----刘树佳,王蕾,颜霞等 | 2 |

论文发言

| | | |
|---------|--|----|
| OR-0001 | Optimizing Stem Cell Infusion Timing in the Prevention of Acute Graft versus Host Disease----- Yue Wu,Yiwen Hou,Baolin Tang etc. | 3 |
| OR-0002 | Clinical risk factors and prognostic model for patients with bronchiolitis obliterans syndrome after hematopoietic stem cell transplantation----- Qiusha Huang,Haixia Fu,Peng Zhao etc. | 3 |
| OR-0003 | Combined low-dose TBI, IVIg, and DEX during preconditioning for desensitization of high DSA in MMUD and Haplo-HSCT: ensuring stem cell implantation without compromising graft outcome -----zhen li,jian zhou | 4 |
| OR-0004 | Decitabine combined with idarubicin in modified busulfan/cyclophosphamide conditioning regimen improves outcome in patients with advanced myelodysplastic syndrome: a prospective multicenter clinical cohort study-----Yigeng Cao,Mingyang Wang,Fuxu Wang etc. | 5 |
| OR-0005 | Expression of VISTA regulated via IFN- γ governs endogenous T cell function and exhibits correlation with the efficacy of CD19 CAR-T cell treated B-malignant mice----- Donghai Tang,Li Zhao,Fen Yan etc. | 5 |
| OR-0006 | CCCG-ALL-2015 方案异基因造血干细胞移植多中心回顾性临床研究 ----- 黄小航,陈静 | 6 |
| OR-0007 | Factors associated with chronic graft-versus-host-disease after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation --- a single-center, prospective study -----Ting Chen,Yimei Feng,Lidan Zhu etc. | 7 |
| OR-0008 | 含地西他滨的强化预处理与标准清髓预处理用于成人 KMT2A 重排急性 白血病异基因造血干细胞移植的有效性与安全性研究 ----- 胡中丽,刘启发 | 8 |
| OR-0009 | 不同临床生物学特征对接受异基因造血干细胞 移植的 NPM1 突变的急性髓系白血病患者预后的影响 -----袁晓琳,吴一波,来晓瑜等 | 8 |
| OR-0010 | WT1 Gene Mutations Impact Post-Transplant Relapse in Myelodysplastic Syndrome with Excess Blasts 2 Patients----- Wenwen Guo,Erlie Jiang | 9 |
| OR-0011 | 造血干细胞移植后 CMV 特异性 T 细胞在来特莫韦预防中的重建特征 -----王璐祥,黄佳瑜,张子璐等 | 9 |
| OR-0012 | 回输采集物成分对恶性血液病异基因造血干细胞移植预后的影响 -----衡晶晶,秦洋,边志磊等 | 10 |
| OR-0013 | 不同剂量抗胸腺细胞球蛋白在地中海贫血同胞全相 合造血干细胞移植的临床研究 -----黄秋霖,赖永榕,刘容容等 | 10 |
| OR-0014 | LY007: 一种用于复发或难治性 B 细胞 非霍奇金淋巴瘤的新型抗 CD20 CAR-T 细胞疗法的 I 期研究 ----- 盛凌霜,赵维莅 | 11 |
| OR-0015 | 数字病理学弥漫大 B 细胞淋巴瘤的淋巴瘤微环境亚型实用分类 -----王雨晴,王硕,许彭鹏等 | 12 |

| | | |
|---------|---|----|
| OR-0016 | Zanubrutinib, Lenalidomide and Rituximab Plus Cyclophosphamide, Doxorubicin, Vincristine, and Prednisone in Non-Germinal Center B-Cell Diffuse Large B-Cell Lymphoma: A Multi-center Phase II trial in Chinese Cohort by Jiangsu Cooperative Lymphoma Group (JCLG)----- Yi Xia,Zhang Xiaohui,Xiaoyan Xie etc. | 12 |
| OR-0017 | 鼻外 NK/T 细胞淋巴瘤患者临床特征和预后分析 ——淮海淋巴瘤协作组多中心回顾性研究 ----- 沈子园,桑威 | 13 |
| OR-0018 | Extranodal Diffuse Large B-Cell Lymphoma: Clinical and Molecular Insights with Survival Outcomes from the Multicenter EXPECT Study----- Siyuan Chen,Pengpeng Xu,Ru Feng etc. | 13 |
| OR-0019 | Diagnostic and prognostic impacts of RHOA G17V mutation in cell-free DNA assessed by droplet digital polymerase chain reaction in patients with angioimmunoblastic T-cell lymphoma -----Siqi Qian,Yi Miao,Xiao Lu etc. | 15 |
| OR-0020 | The single-cell landscape exploring abnormal T cell states and developmental trajectories in heterogeneous non-Hodgkin lymphoma-----Yuqing Wang,Xi Zhang | 16 |
| OR-0021 | 骨髓增生异常综合征患者 RUNX1、SF3B1 基因突变与免疫学指标的关系及意义 -----李莉娟,张连生,郝正栋等 | 17 |
| OR-0022 | 人源化 CD25 单抗预防单倍体造血干细胞移植后急性移植物抗宿主病的疗效研究 -----张奥,黄珍莉,张然等 | 17 |
| OR-0023 | Letermovir Prophylaxis for Cytomegalovirus Infection Is the Potential Risk of Lethal EBV Related Diseases After Haploidentical Stem-cell Transplantation ----- Xuying Pei,Xiaojun Huang | 18 |
| OR-0024 | 恶性血液病患者发生铜绿假单胞菌感染的临床特征及预后分析 -----高海枝,罗璐婷,芦丽华等 | 19 |
| OR-0025 | 探究 FLT3 /DNMT3A/NPM1 共突变患者行异基因造血干细胞移植预后 -----李瑞鑫,曹佳欣,杨阳等 | 20 |
| OR-0026 | Risk factor analysis and prognostic model construction for persons with myelodysplastic neoplasm with increased blasts receiving a transplant ----- yingying ma,Quanchao Zhang,YaJing Xu etc. | 20 |
| OR-0027 | Homoharringtonine overcomes the negative impact of genetic patterns on venetoclax plus azacitidine regimen in relapsed/refractory acute myeloid leukemia: a multi-center, cohort study ----- Yu Zhang,Guopan Yu,Hua Jin etc. | 21 |
| OR-0028 | VACAG 诱导缓解方案治疗初发急性髓系白血病 ——前瞻、多中心、单臂临床研究 -----李小平,李玉,李晓燕等 | 22 |
| OR-0029 | 维奈克拉联合柔红霉素和阿糖胞苷(DA 2 + 6) 治疗急性髓系白血病: 2 期临床试验的数据更新 -----索晓慧,王冬梅,郑芳等 | 23 |
| OR-0030 | 减低强度化疗联合奥雷巴替尼及维奈克拉 治疗成人新诊断 Ph 阳性 ALL 的临床研究 -----弓晓媛,房秋云,顾闰夏等 | 23 |
| OR-0031 | The Molecular Prognostic Scoring System for Normal Karyotype Myelodysplastic Syndromes ----- Wei Wang,Yudi Zhang,Wenli Yang etc. | 24 |
| OR-0032 | WHO 2022 分型和 ICC 分型标准对骨髓增生异常综合征患者的诊断和预后价值探索 -----吴君颖,张喻堤,秦铁军等 | 25 |

| | | | |
|---------|---|--|----|
| OR-0033 | High frequency of TIM-3+ on regulatory T cells is associated with adverse prognosis and promotes immunosuppression in adult acute myeloid leukemia ----- | Zong-Yan Shi,Kai Sun,Dai-Hong Xie etc. | 26 |
| OR-0034 | 酪氨酸激酶抑制剂耐药的慢性髓性白血病患者接受奥雷巴替尼治疗后的患者报告结果 ----- | 于露,黎纬明,许娜等 | 27 |
| OR-0035 | 伊布替尼治疗慢性淋巴细胞白血病的中国真实世界研究 ----- | 杨申淼,石红霞,常英军等 | 27 |
| OR-0036 | 肿瘤代谢体积对早期结外鼻型 NK/T 细胞淋巴瘤的预后和治疗指导价值。 ----- | 朱英明,周洋媚,亓姝楠等 | 28 |
| OR-0037 | Time to Lymphoma Treatment Within 24 Months in “Watch and Wait” Follicular Lymphoma Defines Patients at High Risk for Progression: A Multicenter Analysis ----- | Hengqi Liu,Jing Liu,Fenghua Gao etc. | 28 |
| OR-0038 | A prospective study of orelabrutinib plus obinutuzumab (O2) in treatment-naïve marginal zone lymphoma (MZL): preliminary analysis on efficacy and safety ----- | Jiada Xu,Jing Li,Luya Cheng etc. | 29 |
| OR-0039 | Understanding the molecular landscape of follicular lymphoma histologic grading: from genomic to Transcriptome Analysis ----- | Cong Sun,Xianhuo Wang,Huilai Zhang | 30 |
| OR-0040 | 基于 Ig-NGS 的血浆 ctDNA MRD 检测预测 DLBCL 患者的治疗结果 ----- | 董长明,刘薇,邹德慧等 | 31 |
| OR-0041 | 人源化靶向 CD19 CAR-T 细胞治疗复发/难治 B 细胞非霍奇金淋巴瘤的安全性及有效性 ----- | 董叶恬,杨婷婷,赵梦雨等 | 31 |
| OR-0042 | 基于深度学习的基线 PET/CT 融合多组学数据构建弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的预后模型: 临床-分子-PET 模型 ----- | 王玥,王雪,黄新韵等 | 32 |
| OR-0043 | Prognostic relevance of immunoglobulin heavy chain rearrangement and immunoglobulin kappa light chain rearrangement in patients with diffuse large B-cell lymphoma compared to imaging scans----- | Jie Wang,He Li,Yuan Tang etc. | 32 |
| OR-0044 | Zanubrutinib combined with R-CHOP Regimen in the treatment of untreated Non-Germinal Center B-Cell subtype Diffuse large B-cell lymphoma with multiple extranodal involvement.----- | Hongzhi Geng,Ying Zhang,Jiaqi Li etc. | 33 |
| OR-0045 | Thalidomide for symptomatic large granular lymphocyte leukemia ----- | Yuxi Li,Ying Yu,Rui Cui etc. | 34 |
| OR-0046 | Incidence and risk factors of active carbapenem-resistant Enterobacteriaceae surveillance for patients admitted to hematology department: a Propensity Score Matching study. ----- | Shaozhen Chen,Tingting Xiao,Chenjing Ye etc. | 35 |
| OR-0047 | 骨髓增生异常综合征继发噬血细胞性淋巴组织细胞增生症 ----- | 宋悦,周斐,李晓莉等 | 36 |
| OR-0048 | Prognostic factors and outcomes in patients with septic shock after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation ----- | Qiusha Huang,Haixia Fu,Peng Zhao etc. | 37 |
| OR-0049 | 凝血异常是 CAR-T 治疗急性白血病鉴别 CRS/ ICANS 的重要标记 ----- | 尹显莹,张奥然,朱晓璐等 | 38 |
| OR-0050 | 血液肿瘤患者多种病原微生物血流感染的临床特征和死亡危险因素分析 ----- | 杨武晨,刘水清,彭贤贵等 | 38 |
| OR-0051 | 初治急性白血病诱导缓解治疗期间的危重症管理与分析 ----- | 江慧雯,卢聪,吴耀辉等 | 39 |
| OR-0052 | 骨髓增殖性肿瘤合并肾损害的临床特征和危险因素分析 ----- | 高梓铖,周璇,王蕾等 | 40 |

| | | | |
|---------|---|---|----|
| OR-0053 | 52 例骨髓增殖性肿瘤相关的内脏静脉血栓： 一项回顾性单中心研究 ----- | 黄俊瑶,朱焕玲,潘峻等 | 40 |
| OR-0054 | 建立快速判断 CAR-T 治疗后早期发热原因的预测模型----- | 安宁,罗辉,王欣然等 | 41 |
| OR-0055 | 通过一例 ICU 病例探究 M3 合并脑出血患者 应用颅骨钻孔引流术的可行性 ----- | 王如菊,沈耀耀,付建红 | 41 |
| OR-0056 | 血液内科重症监护病房中基于外周血宏基因组二代测序 (mNGS) 的病毒血症患者病原体分布 ----- | 简星,吴耀辉,江慧雯等 | 42 |
| OR-0057 | 以噬血细胞综合征为首发表现的侵袭性 大 B 细胞淋巴瘤的临床特征及预后分析----- | 朱丽霞,熊梦琪,李黎等 | 43 |
| OR-0058 | ZC3H13 介导的 m6A 甲基化修饰调控血管 内皮细胞线粒体裂变在静脉血栓形成的作用及机制研究 ----- | 卢惠,胡豫,唐亮 | 43 |
| OR-0059 | 通过 AAV 载体传递前肽恢复 2A/IIC 型血管性血友病 小鼠的血管性血友病因子的多聚体组装 ----- | 张子琪,梁茜,武文漫等 | 44 |
| OR-0060 | Thrombopoietin receptor agonists regulate myeloid-derived suppressor cell-mediated immunomodulatory effects in immune thrombocytopenia----- | Changcheng Zheng, Yingqiao Zhu | 45 |
| OR-0061 | Acquired Hemophilia A: A Single-center Study of 165 Patients----- | Dandan Yu, Feng Xue, XiaoFan Liu etc. | 45 |
| OR-0062 | IL-1 β 通过 Hsp90/激肽释放酶/uPA 途径 引起 CAR-T 治疗相关出血障碍的机制研究----- | 李莹莹,罗丽丽,吴江华等 | 46 |
| OR-0063 | Drp1 抑制剂 Mdivi-1 提高 ITP 血小板水平的机制研究----- | 梁子杨,张国扬,刘晓燕等 | 47 |
| OR-0064 | NETs 介导的补体通路激活在移植 相关血栓性微血管病中的作用研究 ----- | 潘婷婷,戚嘉乾,蒋淑慧等 | 47 |
| OR-0065 | 阿伐曲泊帕治疗中国免疫性血小板减少症儿童的有效性和安全性： 一项长期、观察性真实世界研究 ----- | 王南,王志法,刘晶晶等 | 48 |
| OR-0066 | N8-GP 在既往经治疗的中国血友病 A 患者中的有效性、安全性和药代动力学： 来自 3b 期临床试验 pathfinder10 研究的结果 ----- | 孙竞,陈昀,李文倩等 | 48 |
| OR-0067 | Longitudinal assessments of plasma ADAMTS13 biomarkers predict recurrence of immune thrombotic thrombocytopenic purpura----- | Jingrui Sui, Junjie Ma, X. long Zheng | 49 |
| OR-0068 | Phloretin 通过靶向 ERK 信号通路抑制血小板功能和血栓形成 ----- | 纪佳妮,项慧琴,敖俊子等 | 50 |
| OR-0069 | 抗纤维蛋白抗体 59D8 靶向血栓的作用机制研究----- | 章洁洁,杜颖,周容富等 | 50 |
| OR-0070 | MST4 kinase regulates immune thrombocytopenia by phosphorylating STAT1-mediated M1 polarization of macrophages----- | Jingjing Cao, Lili Ji, Yanxia Zhan etc. | 51 |
| OR-0071 | Notch1 调控肝细胞分泌 TPO 的机制研究 ----- | 孙月月 | 52 |
| OR-0072 | 免疫性血小板减少症中低剂量西达本胺 调控单核细胞表面 Fc γ RIIb 表达的机制研究 ----- | 王颢谕,赵红玉,王瑞雪等 | 52 |
| OR-0073 | 骨髓血管内皮细胞 HIF-1 α 低表达调节 异基因造血干细胞移植后急性移植物抗宿主病 ----- | 张温凯,曹谢娜,石威等 | 53 |
| OR-0074 | 染色体外环状 DNA 通过激活 STING 促进 DLBCL 疾病进展的机制研究----- | 伍紫娟,张维,王露桥等 | 53 |
| OR-0075 | Single-cell RNA sequencing reveals the landscapes of HSC differentiation during ex vivo expansion ----- | Ruiting Wen, Chen Xu, Chen Dong etc. | 54 |

| | | | |
|---------|--|--|----|
| OR-0076 | HERV-K TM subunit elicits CD8+ T cell anergy and tumor immune evasion via targeting CD3 coreceptor ϵ in AML and PDAC ----- | Mengyuan Li,Rongzhen Xu | 55 |
| OR-0077 | Venetoclax enhances human $\gamma\delta$ T cells anti-tumor immunity through metabolic reprogramming ----- | xingchi chen,Guangyu Sun,Yinqiang Sui etc. | 56 |
| OR-0078 | Ash1L regulates DNA damage repair to affect NK cell function in SAA patients ----- | Nan Song,Mengran Gao,Li He etc. | 57 |
| OR-0079 | ZBTB24-PDGFRB 融合基因通过 PIM1 调控 AML 发病及对 TKIs 耐药 ----- | 杨晋军,李雪峰,陈梦然等 | 57 |
| OR-0080 | BTK/Rap1/NF- κ B 通路介导巨噬细胞异常极化 在脓毒症相关性血小板减少症中的作用和机制研究 ----- | 张紫妍,周萌,唐雅琼等 | 58 |
| OR-0081 | Chidamide triggers pyroptosis in T-cell lymphoblastic lymphoma/leukemia via the FOXO1/GSDME axis ----- | Xinlei Li,Bangdong Liu,Dezhi Huang etc. | 59 |
| OR-0082 | 仿生纳米药物清除 CCL3 促进多发性骨髓瘤的免疫治疗研究 ----- | 张波,王鸿岚,孙春艳等 | 59 |
| OR-0083 | The orphan nuclear receptor NR5A2 regulates phospholipid remodeling via MBOAT1 and MBOAT2 to promote proliferation and drug resistance in multiple myeloma cells ----- | Panpan Li,Xu Jiadai,Peng Liu | 60 |
| OR-0084 | 通过单细胞 RNA-seq 解码 G-CSF 对骨髓 和外周移植植物中 MAIT 细胞的影响 ----- | 高梦鸽,常英军,黄晓军等 | 61 |
| OR-0085 | METTL14 通过 m6A RNA 甲基化调控 TRAF6 翻译 促进多发性骨髓瘤进展的机制研究 ----- | 左李平,李志新,蔡麟昱等 | 61 |
| OR-0086 | KLF2 转录因子在促进巨核细胞分化中的新作用 ----- | 王臻,何欢,刘忠文等 | 62 |
| OR-0087 | 新型小分子化合物 F-17 治疗 FLT3 突变阳性急性髓系白血病的机制研究 ----- | 葛帅帅,薛胜利,王隽等 | 63 |
| OR-0088 | BAT3 介导 MDS 患者 CTL 细胞增殖与功能的研究 ----- | 郭欣雨,任晓彤,段沅伽等 | 63 |
| OR-0089 | 转录翻译冲突介导 SF3B1 剪接子突变的骨髓增生 异常综合征 无效造血和克隆演进 ----- | 李巧利,杨斐,高珍等 | 64 |
| OR-0090 | 磷脂酰胆碱通过外泌体 SerpinB9 介导泛素样 折叠修饰导致多发性骨髓瘤中细胞毒性 CD8+ T 细胞失活的研究 ----- | 石雪 | 65 |
| OR-0091 | TRIP13-EZH2 信号轴的异常激活 介导多发性骨髓瘤细胞的干性和治疗抵抗 ----- | 施菊妹,徐莉,蔡海燕等 | 65 |
| OR-0092 | FTO 通过 m6A RNA 去甲基化上调 MM 细胞中 HSF1 表达促进多发性骨髓瘤发生发展的机制研究 ----- | 徐傲霜,张佳思,左李平等 | 66 |
| OR-0093 | The Specific Transcriptional Profile and Clonal Selection of MGUS-like Behavior Predict an Exceptionally Favorable Prognosis in Multiple Myeloma ----- | Wenqiang Yan,Chen Qiu,Chenxing Du etc. | 66 |
| OR-0094 | 适合移植的多发性骨髓瘤患者 MRD 由阴性转阳的预测因素分析 ----- | 李晓哲,李娟 | 67 |
| OR-0095 | 真实世界研究探究中国多发性骨髓瘤患者的治疗模式 以及达雷妥尤单抗治疗后的疗效安全性分析 ----- | 路瑾,王鲁群,杨威等 | 68 |
| OR-0096 | XVTD 治疗难治复发多发性骨髓瘤患者的单臂,多中心,探索性研究 ----- | 何静松,钟忆,杨杨等 | 69 |
| OR-0097 | 联合 FISH 和基因芯片技术解析新诊断 多发性骨髓瘤的基因组复杂性 ----- | 曾招,陆娇(共同第一),颜灵芝等 | 70 |

| | | | |
|---------|---|---|----|
| OR-0098 | 中国多发性骨髓瘤 VTE 风险分层系统的验证和优化: 一项单中心回顾性研究 ----- | 刘月霄,李茜,郭慧霞等 | 70 |
| OR-0099 | 新诊断多发性骨髓瘤的综合预后分层的模型构建 ----- | 王露露,唐海龙 | 71 |
| OR-0100 | Identification of enhancer eccANKRD28 promoting VRd resistance in multiple myeloma through epigenomic multi-omics ----- | Binzhen Chen,Jia Liu,Yaoxin Zhang etc. | 72 |
| OR-0101 | 针对 XPO1 靶向多肽 PROTAC 药物的设计 及其在多发性骨髓瘤中的验证研究 ----- | 刘依,牛凡,贺鹏程 | 73 |
| OR-0102 | 肠道菌群缺失通过 Th17/IL17 改善多发性骨髓瘤骨病 ----- | 李莉娟,张连生,郝正栋等 | 73 |
| OR-0103 | Double-hit and triple-hit multiple myeloma: the clinical manifestation, response and outcome of patients with ultra high-risk cytogenetic abnormalities----- | Yang Yang,Wang Wenjing,Ren Liang etc. | 74 |
| OR-0104 | DNp73 调控 MYC 和 MYCN 信号通路介导 多发性骨髓瘤耐药及免疫逃逸 ----- | 刘兰婷,孙浩,孙洗月等 | 75 |
| OR-0105 | 个性化叙事护理干预模式在复发难治性淋巴瘤患者中的应用 ----- | 肖楚千,杜欣 | 76 |
| OR-0106 | 护士主导的管理方案对急性白血病青少年患者的心理及生活质量效果分析 ----- | 杨燕澜 | 76 |
| OR-0107 | 恶性血液病患者健康相关生命质量与主要照顾者负担的相关性研究 ----- | 王浙佳,王招娣,谢洪琼 | 77 |
| OR-0108 | 183 例造血干细胞移植患者多重耐药菌定植分析与管理对策----- | 张秋会,徐丽,范炯同等 | 77 |
| OR-0109 | 以血栓为首表现的急性白血病的护理研究 ----- | 徐荣,毛燕琴 | 78 |
| OR-0110 | 基于压力与适应理论对血液科护士心理健康素养的研究 ----- | 曹剑波,罗健 | 78 |
| OR-0111 | 不同年龄恶性血液病患者静脉血栓形成临床特征分析 ----- | 白燕妮 | 78 |
| OR-0112 | 基于全生命周期理念的多发性骨髓瘤患者“互联网+”全病程管理模式的构建----- | 江巧琳 | 79 |
| OR-0113 | 血液恶性肿瘤患者创伤后成长纵向轨迹研究 ----- | 杜馨雯,陈凤姣,毛凌 | 79 |
| OR-0114 | 营养风险筛查对嵌合抗原受体 T 细胞 治疗血液系统恶性肿瘤患者预后的评估价值 ----- | 张娜,胡凯,克晓燕等 | 80 |
| OR-0115 | 异基因造血干细胞移植患者经口营养摄入达标 情况及其相关因素探究:一项纵向研究 ----- | 秦莉媛,赫洋,李锐等 | 80 |
| OR-0116 | 基于症状管理理论模型的系统性轻链型淀粉样变性患者 症状体验及应对的质性研究 ----- | 肖显杰,方云,李维等 | 81 |
| OR-0117 | 间充质干细胞外泌体联合短波紫外线局部照射 在急性白血病化疗致重型口腔溃疡中的应用效果 ----- | 张伟 | 81 |
| OR-0118 | MeltArray 联合 ddPCR 识别 BCR-ABL1 激酶 结构域复合突变与多克隆突变研究 ----- | 邓君,兰艳平,李庆阁等 | 82 |
| OR-0119 | 高多重单细胞成像分析揭示与 CAR -T 细胞 治疗临床疗效相关的肿瘤免疫微环境因素 ----- | 陈丽婷,金瑾,姜利军等 | 82 |
| OR-0120 | 流式细胞技术检测组织匀浆指导淋巴造血系统肿瘤的精准诊断 ----- | 李晓清,修英杰,张琼丽等 | 83 |
| OR-0121 | Genetic Prognostic Scoring System for AML with myelodysplasia-related abnormalities----- | Yijing Zhao,Shunjie Yu,Sen Yang etc. | 84 |
| OR-0122 | Transcriptome Based Classification Model and Co-expression Networks Analysis Reveal Identify CXCR4alt Subtype and BLNKaf in B-cell Precursor Acute Lymphoblastic Leukemia ----- | panxiang cao,Mingyu Wang,Guangsi Zhang etc. | 85 |
| OR-0123 | 基于 LC-MS 的儿童急性淋巴细胞白血病早期治疗反应的非靶向代谢组学研究 ----- | 黄晓婵,刘四喜 | 86 |
| OR-0124 | 与伴 NPM1 突变急性髓系白血病不良预后相关的基因组学特征 ----- | 余顺杰,杨森,胡利娟等 | 86 |

| | | | |
|---------|--|--|-----|
| OR-0125 | 基于单细胞转录组分析揭示急性混合系白血病的分子亚型及潜在治疗靶点 ----- | 李科宁,黄斌,汪强虎等 | 87 |
| OR-0126 | MRnet-MM: 一种基于骨髓血涂片的多发性骨髓瘤 MRD 人工智能识别系统 ----- | 王广琪,詹邦成,吴梦雨等 | 88 |
| OR-0127 | 免疫检查点受体在多发性骨髓瘤适应性自然杀伤细胞中的表达及临床意义 ----- | 李昕,侯健 | 88 |
| OR-0128 | 基于 AI 的 Morphogo 系统在骨髓细胞形态学检查及血液病辅助诊断的应用 ----- | 黄艳 | 89 |
| OR-0129 | 光学基因组图谱 (OGM) 联合 NGS 对白血病进行精准遗传学危险度分层 ----- | 王琴荣 | 89 |
| OR-0130 | 内皮活化和应激指数对 B 细胞肿瘤 CAR-T 细胞治疗的预测作用 ----- | 陈伟,胡瑾,陆丰艺等 | 90 |
| OR-0131 | Deciphering the Structural Variants in B Cell Acute Lymphoblastic Leukemia by Optical Genome Mapping ----- | Ming Liu,Yang Zhang,Xue Chen etc. | 91 |
| OR-0132 | The Value of Peripheral Blood Lymphocyte Subsets in Predicting the Prognosis of Newly Diagnosed Multiple Myeloma ----- | Zhaoyun Liu,xianghon zhao,rong fu | 92 |
| OR-0133 | Whole-genome DNA methylation landscapes and viral DNA integration in children with chronic active EBV infection ----- | Ran Wang | 92 |
| OR-0134 | 大剂量地西他滨强化方案(MegaDAC)较 Bu/Cy 方案改善高危 MRD+患者生存: 一项多中心前瞻性 II 期研究(NCT03793517)----- | 郑浩,闫晨华,刘竞等 | 93 |
| OR-0135 | 人脐带间充质干细胞治疗激素耐药的 II-IV 度 aGVHD 患者的多中心、随机双盲、平行、安慰剂淋巴细胞亚群变化的探索性研究 ----- | 陈胜,钱坤,王楠等 | 94 |
| OR-0136 | Application of Olverembatinib, a Third-Generation TKIs in The Prophylaxis Relapse of Adult Philadelphia Chromosome-positive Leukemia post HSCT ----- | Han Yao,Cheng Zhang,Qing Wen etc. | 94 |
| OR-0137 | 大剂量阿糖胞苷联合伊达比星作为急性髓性白血病 (AML) 首次完全缓解后的巩固治疗: 一项开放标签、多中心、随机化 III 期临床试验 ----- | 冯子楠,张钰,刘启发 | 95 |
| OR-0138 | Zuberitamb, an innovative anti-CD20 monoclonal antibody, for patients with primary immune thrombocytopenia in China: a randomized, double-blind, placebo-controlled, phase 2 study ----- | Jinhui Shu,Min Xu,Shenxian Qian etc. | 96 |
| OR-0139 | 奥托珠单抗治疗复发性 iTTP 的探索性研究 ----- | 殷杰,李云,田竑等 | 97 |
| OR-0140 | 维奈克拉联合标准诱导、巩固方案治疗初治急性髓系白血病 ----- | 毛玥莹,沈恺妮,常龙等 | 98 |
| OR-0141 | 泊沙康唑肠溶片预防造血干细胞移植患者侵袭性真菌病: 一项倾向性匹配队列研究 ----- | 曹佳欣,庞爱明,姜尔烈 | 98 |
| OR-0142 | 恶性血液病患者复发性血流感染: 一项多中心回顾性研究 ----- | 唐亦舒,李昕 | 99 |
| OR-0143 | 奥雷巴替尼联合 VP 方案治疗新诊断成人 PH 阳性急性淋巴细胞白血病 ----- | 谭栩,陈果,马影影等 | 99 |
| OR-0144 | DPP-4 抑制剂预防替代供者 allo-HSCT 后 aGVHD 的一项多中心随机对照研究: 2 年随访结果 ----- | 乔曼,张彦明,缪扣荣等 | 100 |
| OR-0145 | A multi-center clinical trial of allogeneic hematopoietic stem cell transplants in transfusion dependent thalassemia----- | Hongwen Xiao,Zhenbin Wei,Meiqing Wu etc. | 100 |
| OR-0146 | A Novel JAK1 Inhibitor SHR0302 Combined with Prednisone for First-Line Treatment of Chronic Graft-versus-Host Disease: a Phase I Clinical Trial----- | Huiying Qiu,Xi Sun,Qiaomei He etc. | 101 |
| OR-0147 | 血液肿瘤患者发生 SARS-CoV-2 再感染: 一项前瞻性、多中心注册研究 ----- | 李军,刘怡,张小梅等 | 102 |

| | | |
|---------|---|-----|
| OR-0148 | Carbapenem-resistant organism screening using Xpert® Carba-R reduces infection mortality in hematopoietic stem cell transplant patients -----Chenjing Qian,Qiuling Wu,Jiixin Hong etc. | 103 |
| OR-0149 | 恶性血液病患者 <i>B. gladioli</i> 血流感染的致病机制的研究-----姚蓝,千晨静,李紫璇等 | 103 |
| OR-0150 | Application of plasma metagenomic next-generation sequencing improves prognosis in hematology patients with neutropenia or hematopoietic stem cell transplantation for infection -----Yuhui Chen,Jinjin Wang,Xinai Gan etc. | 104 |
| OR-0151 | 宏基因组二代测序在高风险 CNSI 患者诊断中的应用价值-----季渝洁,刘丹,陆佳玲等 | 105 |
| OR-0152 | Metagenomic Next-generation Sequencing in the Diagnosis of Pulmonary Infections After Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation ----- rong fu,Jun Xu,Zhiping Fan etc. | 105 |
| OR-0153 | 福建省多中心儿童恶性血液病化疗合并血流感染的病原菌分布及临床预后分析 -----郑湧智,吴椿萍,翁开枝等 | 106 |
| OR-0154 | Clinical data and MRI features-based nomogram for differentiation of central nervous system infection and central nervous system involvement in acute leukemia----- Huiming Yi,Yansong Ren,Chunhui Xu etc. | 107 |
| OR-0155 | 免疫功能低下患者合并毛霉菌病的临床特征及诊疗 -----王彩霞,吴亮亮,周薇等 | 107 |
| OR-0156 | 182 例血液疾病患者卡氏肺孢子菌肺炎临床特征研究-----叶善炜,田磊,周晓曦 | 108 |
| OR-0157 | 移植前筛查及敏感性抗生素治疗可有效降低异基因造血干细胞移植患者产 MBL 的肠杆菌(MBL-E)感染死亡率 -----杨一涵,吕萌,刘竞等 | 108 |
| OR-0158 | Clinical manifestations, prognostic factors, and outcomes of adenovirus pneumonia after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation ----- Yuewen Wang,Xiaohui Zhang,Lanping Xu etc. | 109 |
| OR-0159 | 造血干细胞移植过程中肠道微菌群与血清/尿液代谢物的动态变化及其临床意义 -----陈少楨,刘婉莹,朱浩杰等 | 110 |
| OR-0160 | 嵌合抗原受体 T 细胞治疗 B 淋巴细胞血液肿瘤后巨细胞病毒再激活的观察性研究 -----王子豪,李凌浩,薛胜利等 | 110 |
| OR-0161 | Identifying mortality-related risk factors of bloodstream infections due to <i>Escherichia coli</i> and <i>Klebsiella pneumoniae</i> in hematological patients ----- Yuqing Cui,Sizhou Feng | 111 |
| OR-0162 | 慢病毒载体基因治疗输血依赖型 β 地中海贫血的安全性和有效性 -----高珍,黄金棋,方力维等 | 112 |
| OR-0163 | Drug-associated Porphyria: A Pharmacovigilance Study----- qi wang,miao chen | 112 |
| OR-0164 | 自体 CD19 CAR T 细胞治疗难治/复发自身免疫性溶血性贫血持续无治疗缓解 -----李若难,张乐乐,潘虹等 | 113 |
| OR-0165 | STK10 mutation block erythropoiesis in acquired pure red cell aplasia via down-regulated the ribosome biosynthesis----- zhangbiao long,Jichun Yang,Xinyao Liu etc. | 113 |
| OR-0166 | 髓源性抑制细胞在获得性再生障碍性贫血中的免疫抑制作用受损 -----董培源,陈凌云,姜中兴等 | 114 |
| OR-0167 | GATA2 突变相关成人骨髓增生异常性肿瘤的临床和分子生物学特征及预后 -----杨辰,陈苗,庄俊玲等 | 115 |
| OR-0168 | 阵发性睡眠性血红蛋白尿症患者血栓形成的诊治现状及危险因素分析 -----王景娣,李英梅,姜中兴等 | 115 |
| OR-0169 | 铁过载通过氧化应激损伤非输血依赖型地中海贫血的骨髓红系造血、心脏和肝脏 -----潘霖,谢燕妮,殷贤青等 | 116 |
| OR-0170 | 环磷酰胺联合标准免疫抑制方案提升重型再障早期缓解率-II 期临床试验初步结果 -----潘虹,张乐乐,高珍等 | 117 |

| | | |
|---------|--|-----|
| OR-0171 | Dysregulated T-cell homeostasis and decreased CD30+ Treg proliferating in aplastic anemia -----nannan sun,Mengmeng Zhang,Jin Li etc. | 117 |
| OR-0172 | 多组学分析揭示阵发性睡眠性血红蛋白尿症患者血栓形成的发病机制及治疗启示 ----- 陈颖莹,付蓉 | 118 |
| OR-0173 | T 大颗粒淋巴细胞白血病恶性克隆新标志物鉴定及 PI3K 靶向抑制剂治疗临床疗效 -----张乐乐,邱晨,李若难等 | 119 |
| OR-0174 | 利妥昔单抗联合硼替佐米治疗难治复发温抗体型自身免疫性溶血性贫血的 2 期前瞻性研究 -----陈苗,林溪涓,韩冰 | 119 |
| OR-0175 | 高原红细胞增多症大鼠中红细胞数量、形态、功能及代谢改变 ----- 余松,易海 | 120 |
| OR-0176 | 重型/极重型再生障碍性贫血(V/SAA)和输血依赖性非重度再生障碍性贫血(TD-NSAA)患者体细胞基因突变及其对免疫抑制治疗(IST)疗效的影响 ----- 叶蕾 | 120 |
| OR-0177 | Serum Ferritin is a Risk Factor for Pulmonary Dysfunction in Patients with Transfusion-dependent Thalassemia-----Xiao Liang,Gaohui Yang,Rongrong Liu etc. | 121 |
| OR-0178 | Experimental study on the induction of apoptosis in acute myeloid leukemia cell line Kasumi-1 by the combination of total coumarins of Hedyotis diffusa and Akt inhibitor Perifosine----- Zhi Chen, hao xiong, Fang Tao etc. | 122 |
| OR-0179 | 金卷升板方治疗新诊断 ITP 与网络药理学机制探讨 ----- 刘清池,马兵,申笑芳等 | 122 |
| OR-0180 | 冰片联合甲氨蝶呤治疗 PCNSL 的临床前探究 -----刘瑞敏,李其璟,郑晓燕等 | 123 |
| OR-0181 | 汉防己甲素对继发性噬血细胞综合症的改善作用及机制研究 ----- 丁丽,王兴兵 | 123 |
| OR-0182 | 三氧化二砷联合 G-CSF 通过 TP53-SLC7A11-GPX4 途径诱导 TP53 突变急性髓性白血病铁死亡的发生发展 -----朱格兰,付婉彬,王昕芃等 | 124 |
| OR-0183 | 雄黄纳米晶促进骨髓增生异常综合症患者骨髓细胞的红系造血 -----王涛,韩冰,许海燕 | 124 |
| OR-0184 | 加味金匱肾气丸预防单倍型异基因造血干细胞移植后出血性膀胱炎的疗效观察 ----- 刘慧霞 | 125 |
| OR-0185 | 扶正解毒方序贯治疗化疗后弥漫性大 B 细胞淋巴瘤患者的生存观察及其对 T 淋巴细胞亚群的调控作用探究 -----李希,周雯怡,袁欣蓓等 | 125 |
| OR-0186 | 康复新液联合 G-CSF 冷冻疗法预防造血干细胞移植患者口腔黏膜炎的随机对照研究 -----冯一梅,王丹,王丽等 | 126 |
| OR-0187 | ABC-14 方案(阿扎胞苷、维奈克拉和西达苯胺)对初治急性髓系白血病的诱导疗效与“3+7”方案相当:来自 ABC-14 协作组真实世界的经验 -----翁建宇,吴萍,邓程新等 | 127 |
| OR-0188 | Multicenter Data Analysis of Discontinuation of Chronic Myeloid Leukemia Treatment with Tyrosine Kinase Inhibitors in China ----- Fang Cheng, Yu Wang, Na Xu etc. | 128 |
| OR-0189 | 组蛋白在 Ph 染色体阴性的慢性骨髓增生性肿瘤患者的间充质干细胞中表达并作为潜在的药物靶点 ----- 赵苗苗,张敏 | 129 |
| OR-0190 | HIV 相关淋巴瘤患者的淋巴细胞亚群及体内炎症状态变化 -----肖晴,全茜,陈双等 | 129 |
| OR-0191 | 国内多中心进展期系统性肥大细胞增多症患者临床特征的回顾性分析 -----张智博,尹佳,廉国利等 | 130 |
| OR-0192 | 儿童特发性多中心型 Castleman 病的临床特征及预后:一项双中心、回顾性研究 -----高雨菡,姚佳峰,李思源等 | 131 |
| OR-0193 | 依马利尤单抗联合芦可替尼治疗噬血细胞综合征 ----- 宋悦,周斐,杜丰等 | 131 |
| OR-0194 | 唇腺活检联合免疫电镜及质谱分析技术诊断淀粉样变性的价值 -----王惊华,廖鹏军,钟立业 | 132 |
| OR-0195 | 基于细胞因子和临床状态的儿童噬血细胞综合征的分层治疗研究 -----缪婧,徐晓军,骆泽斌等 | 133 |
| OR-0196 | 儿童血友病合并中枢神经系统出血的减量治疗疗效分析 -----郭雯铃,朱璐,郑文献等 | 133 |

| | | |
|---------|--|-----|
| OR-0197 | 应用血小板相关参数鉴别遗传性 大血小板减少症和获得性血小板减少疾病 -----王雅丹,陈文兰,庾麒等 | 134 |
| OR-0198 | 中国西部 AL 型淀粉样变患者的临床特征、治疗和结局的变化: 一项多中心、回顾性、真实世界研究 -----余泓彬,张春兰,刘钦瑜等 | 135 |
| OR-0199 | 具有早期高质量血液学缓解的初治 轻链型淀粉样变患者的心脏缓解动力学 -----徐承阳,关艾,张路等 | 135 |
| OR-0200 | 无症状性多中心型 Castleman 病 (aMCD) 作为 HHV-8 阴性 MCD 的潜在新亚型: 一项基于中国多中心的回顾性研究 -----张路,刘沁华,周辉等 | 136 |
| OR-0201 | 补体 C3 在成人 HLH 中的预测及预后意义 -----舒雪梅,王大威,高欣洁等 | 137 |
| OR-0202 | 司妥昔单抗治疗特发性多中心型 Castleman 病的疗效与安全性: 一项单中心、回顾性研究 -----李思源,高雨菡,党悦等 | 137 |
| OR-0203 | 大颗粒淋巴细胞白血病中 STAT3 突变及 KIR 基因多态性研究 -----朱焕玲,李向龙 | 138 |
| OR-0204 | Tolerability of Asciminib vs Investigator-Selected (IS) Tyrosine Kinase Inhibitors (TKIs) in the Phase 3 ASC4FIRST Study in Newly Diagnosed Patients With Chronic Myeloid Leukemia in Chronic Phase (CML-CP) -----Ghayas C. Issa,Richard A. Larson,Timothy P. Hughes etc. | 139 |
| OR-0205 | 谱系不明急性白血病的临床特征及预后分析 -----刘一字 | 140 |

壁报交流

| | | |
|---------|--|-----|
| PO-0001 | 平潭综合实验区医院内贫血的调查研究及分析 -----徐珍珍,连晓岚,赵小琴等 | 141 |
| PO-0002 | 真性红细胞增多症合并肺结核 1 例并文献复习 -----黄敏 | 141 |
| PO-0003 | 再生障碍性贫血患者应该定期去医院检查血常规 -----杨雁斌 | 142 |
| PO-0004 | Cyclosporin related adverse events in aplastic anemia patients treated with immunosuppressive therapy-----Lingxiao Xing,Xin Zhao,Yufei Zhao etc. | 142 |
| PO-0005 | 海南省输血依赖型地中海贫血造血干细胞移植治疗进展 -----董秀娟 | 143 |
| PO-0006 | Identification of novel mutations in hereditary spherocytosis patients by whole-exome sequencing ----- Li Qin,Yujiao Jia,Bingqing Huang etc. | 143 |
| PO-0007 | Causal relationships between immune cells and iron deficiency anemia: a bidirectional Mendelian randomization study ----- Xuanxuan Xu,zhiping huang,tao xiong etc. | 144 |
| PO-0008 | 蔗糖铁治疗儿童缺铁性贫血的临床有效性和安全性研究 -----赵莎莎,姜锦 | 145 |
| PO-0009 | 血小板生成素受体激动剂加入再生障碍性 贫血免疫抑制治疗的疗效分析 -----杨碧熙,王乐宇,傅玲玲等 | 145 |
| PO-0010 | Avatrombopag as Alternative Therapy for Severe Aplastic Anemia Patients who are Intolerant or Unresponsive to Eltrombopag ----- Ting Zhang,guangsheng he,jinning shi etc. | 146 |
| PO-0011 | 输血依赖型地中海贫血现症患者重要脏器铁过载临床观察 -----董秀娟,韦勇,吴瑞娟等 | 146 |
| PO-0012 | 抗人胸腺细胞免疫球蛋白治疗儿童重型再生障碍性 贫血所致的急性肺损伤 -----杨碧熙,傅玲玲,王瑞欣等 | 147 |
| PO-0013 | T 淋巴细胞 LAG-3 表达在再生障碍性贫血发病中作用研究-----张志鹏,林赠华,刘海燕等 | 147 |
| PO-0014 | Sex differences in the U-Shaped Curve association between night sleep duration and anemia in adults: A cross-sectional study from NHANES 2005-2020----- Congcong Lv,Xiaoxu Ren,wenjun Xie etc. | 148 |

| | | | |
|---------|---|---|-----|
| PO-0015 | 中西医结合治疗阵发性睡眠性血红蛋白尿症 1 例报告并文献复习 ----- | 李昕,陈斌 | 148 |
| PO-0016 | 江西赣南地区输血依赖型地中海贫血患者的生活质量调查 ----- | 黄走方,刘萍芳 | 149 |
| PO-0017 | 一例遗传性葡萄糖-6-磷酸脱氢酶 (G6PD) 缺乏症家系的 致病变异研究 ----- | 刘丽琼,徐海霞,尚寅 | 149 |
| PO-0018 | 罗特西普用于 β -地中海贫血儿童患者的 II 期研究: 剂量探索队列中的安全性数据 ----- | Antonis Kattamis,Khaled M. Musallam,Silverio Perrotta 等 | 150 |
| PO-0019 | 免疫抑制联合艾曲泊帕治疗儿童重型再生障碍性贫血的预后因素分析 ---- | 傅玲玲,杨碧熙,李红敏等 | 151 |
| PO-0020 | 阿伐曲泊帕转换治疗 TPO 受体激动剂难治性 儿童再生障碍性贫血疗效及安全性 ----- | 傅玲玲,王瑞欣,杨碧熙等 | 151 |
| PO-0021 | 儿童反复巨幼细胞性贫血伴行走困难 1 例报道 ----- | 郎长会,田茂强,杜作晨等 | 152 |
| PO-0022 | 湖北人群香港型地中海贫血检出率分析 ----- | 陶文庭,胡东,舒思敏等 | 152 |
| PO-0023 | CDAN1 基因突变导致的先天性红细胞生成障碍性贫血 I a 一例 ----- | 郑湧智,李健 | 153 |
| PO-0024 | 基于保护动机理论的健康教育方案在行 IST 的再生障碍性贫血患者中的应用 ----- | 郭洁,李昕砾 | 153 |
| PO-0025 | 意义未明克隆性血细胞减少症临床特征分析 ----- | 付秋豪 | 154 |
| PO-0026 | PD-1 抑制剂治疗膀胱癌继发纯红细胞再生障碍性贫血 1 例并文献复习----- | 陈猛,杨曦,张伟锋等 | 155 |
| PO-0027 | Management strategy in aplastic anemia patients with HBV infection following intensive immunosuppressive therapy ----- | Yawen Zhang,Yuemin Gong,Guangsheng He etc. | 155 |
| PO-0028 | In Vivo Effects of Porcine and Rabbit Antithymocyte Globulin in Patients with Severe Aplastic Anemia----- | Yawen Zhang,Yuemin Gong,Xiaoyu Chen etc. | 156 |
| PO-0029 | Causal Relationship Between 731 Immune Cells and Nutritional Anemias: A Two-Sample Mendelian Randomization Analysis----- | Yang Hong,Kai Shen,Cuilin Zhang etc. | 157 |
| PO-0030 | 海曲泊帕联合治疗再生障碍性贫血的疗效及安全性: 一项回顾性、多中心临床研究 ----- | 常红,牛挺,潘峻等 | 158 |
| PO-0031 | 真性红细胞增多症 (PV) 患者 Lnc-FOXS1-2-1/mRNA-BCL2L1 网络表达异常 ---- | 王德好,胡晓梅 | 158 |
| PO-0032 | 血常规-铁代谢指标引导的地中海贫血筛查与三代测序诊断策略: 精准医疗实践与遗传特征分析 ----- | 徐珍珍,赵小琴,翁捷等 | 159 |
| PO-0033 | 罗沙司他治疗红系反应不充分再生障碍性贫血患者的初步研究 ----- | 史忆萌,赵雨霏,梁维如等 | 159 |
| PO-0034 | Targeting STAT1 as a Potential Therapeutic Approach for Autoimmune Hemolytic Anemia ----- | Linhui Hu,Jing Xu,Zhenjinag Li | 160 |
| PO-0035 | RNA 甲基转移酶 WTAP 介导的 m6A 甲基化 在红系正常发育中的作用及机制研究 ----- | 吴霞 | 161 |
| PO-0036 | 1 例铁剂抵抗性缺铁性贫血病例报道并文献复习 ----- | 王景娣,李英梅,姜中兴 | 161 |
| PO-0037 | 高原红细胞增多症和高尿酸血症的患病率及高原官兵高尿酸血症的危险因素 ----- | 孙海燕 | 162 |
| PO-0038 | 异麦芽糖酐铁与右旋糖酐铁治疗缺铁性贫血患者的临床有效性及安全性比较 ----- | 严瑾,王利 | 162 |
| PO-0039 | Efficacy and Safety of Avatrombopag in Combination with Standard Immunosuppressive Therapy for Severe Aplastic Anemia ----- | Weiru Liang,Jianping Li,Xin Zhao etc. | 163 |
| PO-0040 | CD38 单克隆抗体治疗再生障碍性贫血患者 血小板无效输注-探索性研究初步结果 ----- | 高珍,潘虹,张乐乐等 | 164 |
| PO-0041 | HIV/AIDS 合并结核感染患者贫血情况 及其与 CD4+T 淋巴细胞计数和 BMI 指数相关性分析 ----- | 樊红丽 | 164 |
| PO-0042 | 一个家族性真性红细胞增多症的家系调查及分子病理机制研究 ----- | 郭树霞,焦思璐,张文帮等 | 165 |

| | | | |
|---------|---|---|-----|
| PO-0043 | Erythropoietic protoporphyria and X-linked protoporphyria with liver involvement: A Chinese single-center cohort report----- | qi wang,miao chen | 165 |
| PO-0044 | 重组人促血小板生成素联合海曲泊帕和环孢素治疗输血 依赖性非重型再生障碍性贫血的疗效 ----- | 刘紫薇,王乐宇,胡青林等 | 166 |
| PO-0045 | 环孢素单药或联合抗胸腺免疫球蛋白治疗 儿童非输血依赖的中型再生障碍性贫血的前瞻性随机对照研究 ----- | 李红敏,傅玲玲,杨碧熙等 | 166 |
| PO-0046 | 通过血小板转录组学评估再生障碍性贫血的治疗 效果并预测长期血小板恢复 ----- | 毛进,赵婧余,潘虹等 | 167 |
| PO-0047 | 遗传性球形红细胞增多症全外显子组基因测序报道 ----- | 沈克锋,高强,王瑾等 | 167 |
| PO-0048 | 胰岛素受体 IR 通过核定位调控红系终末分化的作用及机制研究----- | 王诗慧,朱尊民 | 168 |
| PO-0049 | 中国中老年人贫血与痴呆的关联: 基于中国健康与养老追踪调查 (CHARLS) 队列研究 ----- | 潘昭芳,周雪梅 | 168 |
| PO-0050 | MDS-SF3B1 继发获得性原卟啉病肝病一例并文献复习----- | 陈苗 | 169 |
| PO-0051 | 第三代测序技术在筛查及诊断地中海贫血中的应用 ----- | 马金花,杨光丽,李倩等 | 169 |
| PO-0052 | Hetrombopag alleviates systemic iron overload disorders as an emerging iron chelating agent----- | Yufei Zhao,Xin Zhao,Fengkui Zhang | 170 |
| PO-0053 | Cross-sectional study of high-altitude polycythemia in Kirgiz Plateau residents----- | Jiali Li,Bin Li, Jiwei Duan etc. | 171 |
| PO-0054 | 阵发性睡眠性血红蛋白尿患者血浆外泌体蛋白组学分析 ----- | 刘旭,杨夏婉,胡向荣等 | 171 |
| PO-0055 | 基因治疗地中海贫血患者造血重建生理稳态的单细胞转录组解析 ----- | 李若难,高珍,张乐乐等 | 172 |
| PO-0056 | 温抗体型自身免疫性溶血性贫血的免疫靶向治疗进展 ----- | 王琦,陈苗 | 172 |
| PO-0057 | 抗人淋巴细胞猪免疫球蛋白联合环孢素 治疗老年重型再生障碍性贫血疗效及预后相关因素分析 ----- | 李建平 | 173 |
| PO-0058 | Association between human leukocyte antigen and immunosuppressive treatment outcomes in Chinese patients with aplastic----- | Meili Ge,Lingyun Chen,Jinbo Huang etc. | 174 |
| PO-0059 | 以环孢素浓度为基础的再障个体化治疗 及 CYP3A4/5 基因型分析 真实世界环孢素浓度曲线与疗效研究 ----- | 朱焕玲 | 174 |
| PO-0060 | 阵发性睡眠性血红蛋白尿患者临床特症分析及 PIG-A 基因突变检测----- | 朱焕玲,杨春丽,李赫等 | 175 |
| PO-0061 | 环磷酰胺单药治疗 T 大颗粒淋巴细胞白血病长期无治疗缓解: 一项前瞻队列研究 ----- | 张乐乐,黄苛,潘虹等 | 176 |
| PO-0062 | 硼替佐米联合地塞米松治疗难治性纯红细胞再生障碍性贫血: 一项前瞻性队列研究 ----- | 张乐乐,田林珠,潘虹等 | 176 |
| PO-0063 | 真实世界 532 例再生障碍性贫血患者疗效分析----- | 张乐乐,沈昱灿,潘虹等 | 177 |
| PO-0064 | 营养状态及血液指标对再生障碍性贫血患者免疫抑制 治疗不良反应的预测价值研究 ----- | 李昕砾,王俐,郭洁等 | 177 |
| PO-0065 | Impaired Immunosuppressive Effect of Bone Marrow Mesenchymal Stem Cell-derived Exosomes on T cells in Aplastic Anemia ----- | Meili Ge,Shichong Wang,Jinbo Huang etc. | 178 |
| PO-0066 | 高龄急性重型再障多发压疮共病 1 例诊治体会 ----- | 韩红,陈冉,严毅进等 | 179 |
| PO-0067 | 单细胞转录组分析 T-大颗粒淋巴细胞白血病多谱系免疫细胞的研究 ----- | 田林珠,黄苛,张乐乐等 | 179 |
| PO-0068 | CRISPR-Cas9 文库筛选再生障碍性贫血小鼠效应 T 细胞关键分子----- | 李若难,田林珠,黄苛等 | 180 |
| PO-0069 | 西罗莫司治疗免疫性血细胞减少症 129 例----- | 刘清池,尹婉宜,马兵等 | 180 |

| | | |
|---------|---|-----|
| PO-0070 | IST 联合海曲泊帕乙醇胺片及 rhTPO 治疗重型再生障碍性贫血近期疗效的前瞻单中心临床研究 ----- 樊慧慧 | 181 |
| PO-0071 | 平均红细胞体积在再生障碍性贫血患者预后中的意义 ----- 韩丽,石雪东,汪书淇等 | 181 |
| PO-0072 | 1 例再障患者出现急性髓系白血病合并 PNH、自身免疫性溶血性贫血病例报告 ----- 王战芳 | 182 |
| PO-0073 | 缺铁性贫血全程化管理中真实世界研究: 三代静脉铁剂与口服铁剂的疗效与安全性比较 ----- 徐珍珍,赵小琴,翁捷等 | 182 |
| PO-0074 | ALAS2 基因新突变致遗传性铁粒幼细胞贫血的临床特征及基因确证 ----- 聂能,葛美丽,黄金波等 | 183 |
| PO-0075 | 异基因造血干细胞移植成功治疗 monoMAC 综合征一例 ----- 周睿卿,陈小卫,张玉平等 | 183 |
| PO-0076 | Myeloid Dendritic Cells Were Expanded and Functionally Stronger in Aplastic Anemia ----- Meili Ge,Lingyun Chen,Jinbo Huang etc. | 184 |
| PO-0077 | 罗特西普治疗成人重型 β 地贫复合 α 地贫 合并自身免疫性溶血性贫血患者的成功结果 ----- 杨方方 | 185 |
| PO-0078 | 骨髓增生异常性肿瘤合并白塞样综合征的患者临床特征及预后 ----- 杨辰,胡青林,陈苗等 | 185 |
| PO-0079 | 西罗莫司治疗原发性自身免疫性溶血性贫血的疗效分析 ----- 张阳,姜中兴 | 186 |
| PO-0080 | 胸腺瘤继发纯红细胞再生障碍性贫血进展 至再生障碍性贫血 1 例长期随访并文献复习 ----- 王晓,孙京男 | 187 |
| PO-0081 | FAS-FASLG 途径诱导的铁死亡在再生障碍性 贫血患者调节性 T 细胞凋亡中的作用及其分子机制探究 ----- 付励严,岳保红,郭荣群 | 187 |
| PO-0082 | 重型再生障碍性贫血患者使用海曲泊帕治疗前后 TCR CDR3 免疫组库分析 ----- 王丹丹,毕慧 | 188 |
| PO-0083 | Causal associations between immune cells and the risk of aplastic anemia based on a Mendelian randomization study ----- Angui Liu,Xianwei Peng,Jiaodi Liu etc. | 188 |
| PO-0084 | 铁过载对非输血依赖型地中海贫血患者红系造血损伤效应研究 ----- 潘霖,谢燕妮,黄语妹等 | 189 |
| PO-0085 | 全外显子测序技术在遗传性球形红细胞增多症诊断中的应用及基因突变特征分析 ---- 高金亚,陈龙 | 190 |
| PO-0086 | 糖尿病患者伴发贫血与非伴发贫血 HbA1c 水平的比较 ----- 袁振 | 190 |
| PO-0087 | PNH 合并骨髓增生异常综合征一例 ----- 戴钰婷,孙京男,杨岩等 | 191 |
| PO-0088 | 国内依库珠单抗治疗阵发性睡眠性血红蛋白尿患者的真实世界研究 ----- 李赫,于欣枚,邱娟等 | 191 |
| PO-0089 | 艾曲泊帕治疗儿童难治性非严重再生障碍性贫血: 一项回顾性研究 ----- 马洁,王瑞欣 | 192 |
| PO-0090 | A pilot study of orelabrutinib treatment in three cases of refractory/relapsed autoimmune haemolytic anemia/Evans syndrome ----- Hui Liu,Kai Ding,Wei Zhang etc. | 193 |
| PO-0091 | CCL20 细胞因子经 SLC7A11/GLC/GPX4 通路促 AML 细胞柔红霉素耐药 ----- 陈志刚,谢雨彤,高蕾 | 193 |
| PO-0092 | 护理干预对急性早幼粒细胞白血病患者生存质量的影响分析 ----- 陈新红 | 194 |
| PO-0093 | Impact of tocilizumab on anti-CD19 CAR T- cell therapy in B-cell acute lymphoblastic leukemia ----- xiangmin wang,Wei Sang | 194 |
| PO-0094 | The clinical efficacy of daratumumab-based regimen in relapsed/refractory acute leukemia-a single center retrospective study ----- Yi Dai,Lin Luo,Zhenbin Wei etc. | 195 |
| PO-0095 | 急性髓系白血病粒缺伴发热的诊治 ----- 胡刚 | 195 |
| PO-0096 | How Induction Cycles before Remission Influence Long-Term Survival in Acute Myeloid Leukemia ----- feng zhu,Nianci Chen,Yile Zhou etc. | 196 |
| PO-0097 | 急性髓系白血病首疗程疗效预测模型的构建和评价 ----- 竺枫,陈念慈,周一乐等 | 197 |
| PO-0098 | 达沙替尼联合芦可替尼治疗合并 JAK2 V617F 阳性的骨髓纤维化 和进展期慢性粒细胞白血病患者: 一例个案报道 ----- 竺枫,邱雷 | 198 |

| | | |
|---------|--|-----|
| PO-0099 | Construction and evaluation of a prognostic model for patients with acute myeloid leukemia-----feng zhu,Nianci Chen,Yile Zhou etc. | 198 |
| PO-0100 | 中国急性髓系白血病患者中 NPM1 突变类型的分布情况 ----- 杨敏,陈龙 | 199 |
| PO-0101 | SENP7 is a novel poor prognostic biomarker of acute myeloid leukemia and its depletion ameliorates leukemia progression----- Xiangtao Huang,Shuangnian Xu | 200 |
| PO-0102 | High CD36 Expression Is Associated with Adverse Prognosis in Patients with de novo Acute Myeloid Leukemia ----- Xiangtao Huang,Yaqun Ding,Shuangnian Xu | 200 |
| PO-0103 | Therapeutic experience with larotrectinib in acute myeloid leukemia with ETV6::NTRK3 fusion -----JING LI,LI ZHOU,WENQINAG XIE etc. | 201 |
| PO-0104 | 一例罕见 APL 的分子机制研究 ----- 拓文汝 | 201 |
| PO-0105 | Treatment of central nervous system relapse in PLZF::RARA-positive acute promyelocytic leukemia by venetoclax combined with arubicin, cytarabine and intrathecal therapy: a case report----- Zhonghao Zhou,Feng Zhu,Hui Wang etc. | 202 |
| PO-0106 | 慢性髓系白血病使用酪氨酸激酶抑制剂继发肾功能损害的 Meta 分析 -----周杭群,张越峰,王艺君等 | 203 |
| PO-0107 | 基于基因表达数据库急性髓系白血病患者中的铁死亡相关基因的生物信息学分析及新药物预测 ----- 吴宁夏,汪梅花 | 203 |
| PO-0108 | 整体化理念的护理干预对慢性粒细胞白血病患者负性情绪及生存质量的影响评价分析 ----- 魏芙蓉 | 204 |
| PO-0109 | POT1 mutations identify inferior outcomes in chronic lymphocytic leukemia and disrupted telomere biology function ----- Jiale Zhang,Bihui Pan,Zhangdi Xu etc. | 204 |
| PO-0110 | 1 例先天角化不良行造血干细胞移植术后并发严重肛周感染结合中药治疗的护理体会 ----- 白雪丹,郭娇 | 205 |
| PO-0111 | 白血病护理中应用综合护理干预对患者心理状态的影响研究 ----- 付如杰 | 206 |
| PO-0112 | MiR-212 基因高甲基化上调 WT1 表达促进 AML 发病-----许晶,任方刚,郝壮辉等 | 206 |
| PO-0113 | The aberrant expression and clinical significance of small nucleolar RNA SNORA63 in acute leukemia-----Yanquan Liu,Jian-Zhen SHEN,Xiao-Jun CHEN etc. | 207 |
| PO-0114 | Regulatory mechanisms and clinical significance of C-X-C motif chemokine ligand 8 mediating occurrence and development of acute myeloid leukemia in bone marrow microenvironment-----Yanquan Liu,Jian-Zhen SHEN,Xiao-Jun CHEN etc. | 208 |
| PO-0115 | Aberrant expression and clinical significance of C-X-C motif chemokine receptor 1/2 in acute leukemia-----Yanquan Liu,Jian-Zhen SHEN,Xiao-Jun CHEN etc. | 209 |
| PO-0116 | The expression and clinical significance of Flap endonuclease 1 (FEN1) in acute myeloid leukemia-----Yanquan Liu,Jian-Zhen SHEN,Xiao-Jun CHEN etc. | 209 |
| PO-0117 | 急性早幼粒细胞白血病化疗后并发耶式肺孢子菌肺炎 1 例并文献复习 ----- 黄敏 | 210 |
| PO-0118 | The molecular mechanisms of Piceatannol in inhibiting the malignant biological characteristics of acute myeloid leukemia-----Yanquan Liu,Jian-Zhen SHEN,Xiao-Jun CHEN etc. | 211 |
| PO-0119 | A validated scoring model to predict the relapse in the central nervous system of pediatric acute B-cell lymphoblastic leukemia ----- Jiacheng Li,Yu Tao,Wenjing Shu etc. | 212 |
| PO-0120 | ALL 伴非典型 BCR::ABL1 融合基因的临床和实验室特征分析 ----- 聂彦博,张虹,侯悦等 | 212 |
| PO-0121 | 中医辨证施膳联合循证护理在急性白血病化疗的患者的作用及效果 ----- 黎亚茹 | 213 |
| PO-0122 | 一例不涉及 ETV6-PDGFR 的 t(4;12)(q12;p13)染色体异常的混合表型急性白血病患者实验室分析 ----- 张海琴,贺艳丽,李鸿瑞等 | 213 |

| | | | |
|---------|--|--|-----|
| PO-0123 | 乳酸代谢相关基因模型的构建 及其对急性髓系白血病免疫和预后的影响 ----- | 黄泽敏,魏晶,陈幸标等 | 214 |
| PO-0124 | 老年白血病患者经济毒性现状及其对生存质量影响的研究 ----- | 潘娟 | 214 |
| PO-0125 | Ph+ALL 患者中新型 ABL1 激酶突变的相关研究 ----- | 李紫璇,彭丹月,邓君等 | 215 |
| PO-0126 | 基于 RUNX1-RUNX1T1 融合基因建立的儿童 AML 患者预后模型 ----- | 寻阳,杨画,陶玉等 | 216 |
| PO-0127 | 成人白血病患者症状群研究的范围综述 ----- | 马月好 | 216 |
| PO-0128 | 近单倍体 ALL 一例并文献复习 ----- | 周静,郑珊林,蒋莉等 | 217 |
| PO-0129 | 聚乙二醇干扰素清除 RUNX1-RUNX1T1 微残的急性髓系 白血病 1 例报告及文献复习 ----- | 齐南南,王艳,牛志云等 | 217 |
| PO-0130 | 智能药物管理 app 在白血病化疗后出院患者居家过程中的应用 ----- | 杨思秦,杜欣 | 218 |
| PO-0131 | SFEE 饮食管理干预在血液科白血病化疗后患者中的应用 ----- | 李雨晴,杜欣 | 218 |
| PO-0132 | HIV 感染合并急性白血病十例临床分析 ----- | 樊珊珊,钱川,陶鹏飞等 | 218 |
| PO-0133 | 新冠疫情下 CART 细胞采集的护理管理 ----- | 高利梅,陶秀艳,马文文等 | 219 |
| PO-0134 | Protein S100A8 identified based on 4D-Labelfree proteomics technology promotes microenvironment senescence by activating NOX2 in U937 ----- | Jingyi Xia,liumei yu,haoyu Luo etc. | 220 |
| PO-0135 | DHX15 缺失导致白血病细胞 DNA 损伤相关周期停滞、细胞凋亡 ----- | 王雪纯,叶露雅,蔡媛华等 | 220 |
| PO-0136 | 奥雷巴替尼治疗达沙替尼耐药的 T315I 突变慢性粒细胞白血病急变期患者 ----- | 黄赛,陈平,刘邵梅等 | 221 |
| PO-0137 | 异基因造血干细胞移植一线治疗首次达到完全缓解 (CR1) 的成人急性 T 淋巴瘤/白血病的临床分析 ----- | 谷振阳,李菲,李猛等 | 222 |
| PO-0138 | 基于单细胞转录组测序技术探讨肌肉减少症 与急性髓系白血病异质性及微环境的关系 ----- | 孙倩,刘文洁,洪鸣等 | 222 |
| PO-0139 | 伊马替尼成功治疗 1 例青少年 T 淋巴瘤伴嗜酸性粒细胞增多 和 CCDC88C-PDGFRB 融合基因获得持久缓解 ----- | 李艳芬,靖彧 | 223 |
| PO-0140 | 儿童急性淋巴细胞白血病中 CEP72rs924607 基因多态性与长春新碱 诱导的周围神经病变关系的队列研究 ----- | 李闯,金皎,黄璟 | 223 |
| PO-0141 | 长春新碱诱导的周围神经病变的儿童队列研究 ----- | 李闯,金皎,黄璟等 | 224 |
| PO-0142 | SLC7A11 基因在急性髓系白血病细胞中作用及其机制的研究 ----- | 高慧莹 | 225 |
| PO-0143 | Change of plasma cytokine profiles in acute myeloid leukemia patients after remission ----- | Yuze Yang,Yi Wang,Mei Zhou etc. | 225 |
| PO-0144 | DNA methylation-mediated differential expression of DLX4 isoforms has opposing roles in leukemogenesis ----- | Jingdong Zhou,Tingjuan Zhang | 226 |
| PO-0145 | SLIT2 promoter hypermethylation predicts disease progression in chronic myeloid leukemia ----- | Jingdong Zhou,Yun Wang,Tingjuan Zhang etc. | 226 |
| PO-0146 | Inhibition of XPO1 enhances daunomycin-induced cell death in acute myeloid leukaemia by overcoming HIF-1 α -mediated lysosomal sequestration. ----- | Yunxin Zeng,Minyi Zhao,Yuling Huang etc. | 227 |
| PO-0147 | Presentation of a promising risk stratification nomogram tool for pediatric acute myeloid leukemia ----- | Hua You,Yu Tao,Li Wei etc. | 228 |
| PO-0148 | 急淋患儿强化疗前后性腺功能标志物的纵向变化 ----- | 张军,郭松,陈秋莉等 | 229 |
| PO-0149 | 急淋患儿强化疗后性腺功能标志物和心血管疾病危险因素 的横断面调查 ----- | 张军,陈秋莉,郭松等 | 230 |

| | | | |
|---------|---|--------------------------------------|-----|
| PO-0150 | Children with acute promyelocytic leukemia treated on SCCCG-APL 2020 protocol: Phase report of a multicenter randomized trial----- | ZHONG FAN,Xue-Qun Luo | 230 |
| PO-0151 | Prediction model of differentiation syndrome in children with acute promyelocytic leukemia----- | ZHONG FAN,Xue-Qun Luo | 232 |
| PO-0152 | 急性髓细胞白血病中铁死亡相关亚型及相关预后标志的全面分析 ----- | 崔泽龙,周敏然,冯慧敏等 | 233 |
| PO-0153 | 急性淋巴细胞白血病合并真菌性关节炎一例并文献复习 ----- | 陈芷妍,李毓,罗学群等 | 233 |
| PO-0154 | 儿童 6-巯基嘌呤相关性低血糖发生率和危险因素的研究 ----- | 陈芷妍,黄丹萍,李毓等 | 234 |
| PO-0155 | Clinical characteristics treatment options and prognosis of myeloid sarcoma: analysis using SEER database ----- | Jingjing Liang,Liu Yang,Bo Yang etc. | 235 |
| PO-0156 | 急性淋巴细胞白血病继发的弥漫性大 B 细胞 淋巴瘤 1 例报告及文献复习 ----- | 王璐璐,刘晓飞,唐雪等 | 235 |
| PO-0157 | PTCY 预防 GVHD 对 AML-CR1 患者预后的影响----- | 郑文灵,李乃农 | 236 |
| PO-0158 | 急性早幼粒细胞白血病缓解患者生活质量及影响因素分析 ----- | 陈美春 | 236 |
| PO-0159 | 急性早幼粒细胞白血病 13 年随访结果分析 ----- | 董毅,陶千山,沈元元等 | 237 |
| PO-0160 | 含阿扎胞苷化疗方案与常规化疗方案在急性髓系白血病 (非 M3) 初治及复发患者中的疗效和生存分析比较 ----- | 吴兰兰,郑静 | 238 |
| PO-0161 | SUMO2 介导的类泛素化修饰在 B 细胞急性淋巴细胞 白血病耐药形成中的作用及机制研究 ----- | 江佩芳,杨嘉婕,胡建达 | 238 |
| PO-0162 | 以心包填塞为首发症状的儿童急性髓系白血病: 一例病例报告和文献复习 ----- | 李统慧,王纓 | 239 |
| PO-0163 | 脑脊液流式细胞术检测微小残留病的临床意义 ----- | 罗燕飞,林婷,单惠庄 | 240 |
| PO-0164 | Prognosis Analysis and Validation of Fatty Acid Metabolism-Related Signature in Chronic lymphocytic leukemia ----- | Bihui Pan,Zhangdi Xu,Kaixin Du etc. | 240 |
| PO-0165 | XPO1 inhibitor Selinexor induces heme oxygenase-1 mediated p53-dependent ferroptosis in chronic lymphocytic leukemia ----- | Jiazhu Wu,Bihui Pan,Zhangdi Xu etc. | 241 |
| PO-0166 | 中性粒细胞缺乏的白血病患者并发多重耐药菌感染的危险因素分析 ----- | 贺秀梅 | 242 |
| PO-0167 | $\gamma \delta$ T17/Th17/Tc17 细胞在维吾尔族慢性淋巴细胞白血病患者 外周血中的比例及临床意义 ----- | 曾雪娇,谢仁古丽·阿力木,张瑞等 | 243 |
| PO-0168 | $\gamma \delta$ T 细胞和 pmTOR/4EBP1 的表达在慢性淋巴 细胞白血病中作用及意义 ----- | 曾雪娇,谢仁古丽·阿力木,张瑞等 | 243 |
| PO-0169 | pmTOR 和 4EBP-1 蛋白在慢性淋巴细胞 白血病中的表达及临床意义 ----- | 曾雪娇,谢仁古丽·阿力木,张瑞等 | 244 |
| PO-0170 | VHEA 方案治疗 KMT2A 基因异常急性髓系白血病疗效观察 ----- | 陶善东,丁邦和,王春玲等 | 244 |
| PO-0171 | 放射治疗在髓外急性白血病的疗效和预后分析 ----- | 雷文彬,王季石,刘麾等 | 245 |
| PO-0172 | XPO1 抑制剂通过下调谷胱甘肽通路, 高效抗 DNMT3A 突变 AML 活性 ----- | 蔡晓亚,王雄,刘颖等 | 245 |
| PO-0173 | 不伴皮肤累及的母细胞性浆细胞样树突细胞肿瘤白血病期的诊断挑战 ——2 例临床和病理学对照研究 ----- | 张启国,傅文静,鲍文强等 | 246 |
| PO-0174 | 化疗患者 PICC 置管居家护理的干预研究现状与启示 ----- | 张慧玲,靳迎,卫晶晶 | 246 |
| PO-0175 | 急性巨核细胞白血病临床特征与诊治分析: 5 年回顾性研究 ----- | 刘彦权,曾敏娟,殷悦等 | 247 |
| PO-0176 | 罕见幼淋巴细胞白血病临床特征与诊治分析: 5 年回顾性研究 ----- | 刘彦权,曾敏娟,殷悦等 | 247 |
| PO-0177 | 毛细胞白血病临床特征与诊治分析: 五年回顾性研究 ----- | 刘彦权,曾敏娟,殷悦等 | 248 |

| | | | |
|---------|---|---|-----|
| PO-0178 | CXC 趋化因子配体 8 介导急性髓系白血病发生、发展的分子机制与临床意义 ----- | 刘彦权,曾敏娟,殷悦等 | 249 |
| PO-0179 | 靶向 CXCR1/2 联合 Ara-C 对急性髓系白血病恶性生物学特性的影响机制 ----- | 刘彦权,曾敏娟,殷悦等 | 249 |
| PO-0180 | Abnormal expression and clinical significance of CXC chemokine receptor 1/2 in acute leukemia ----- | Yanquan Liu,Min-Juan ZENG,Yue YIN etc. | 250 |
| PO-0181 | FAMLF-2 通过 DHX9-c-Myc 信号通路调控急性淋巴细胞白血病发生发展的作用及其分子机制的研究 ----- | 赖小林,黄源茂,蔡媛华等 | 251 |
| PO-0182 | BCL2 抑制剂维奈克拉联合 BTKi 泽布替尼清除骨髓微环境中 AML 细胞的分子机制研究----- | 林凯婷 | 252 |
| PO-0183 | 基于遗传学危险分型对于低危急性髓系白血病缓解后有效疗程数的探讨分析 ----- | 郭雪莹,吴勇 | 252 |
| PO-0184 | 成人 T 细胞白血病/淋巴瘤的临床特征分析 ----- | 林晓斌 | 253 |
| PO-0185 | 基于 PERMA 模式的积极心理干预在恶性血液病患者复发恐惧中的应用研究 ----- | 常春艳,崔岩 | 254 |
| PO-0186 | 急性早幼粒细胞白血病 (APL) 伴 ZBTB16-RARA 融合一例----- | 陈钦,于莹,陈诗丽等 | 254 |
| PO-0187 | ANG-1 诱导骨髓间充质干细胞成脂分化促进 CML 对 TKIs 抵抗的机制研究----- | 冉允盛,万俊钊,谢泰等 | 255 |
| PO-0188 | 阿扎胞苷联合维奈克拉、奥雷巴替尼治疗 T315I 突变 Ph 阳性急性淋巴细胞白血病 3 例----- | 林国强,黄赛兰,王力等 | 255 |
| PO-0189 | Outcomes of Second Anti-CD19 CAR T-Cell Therapy (CART2) in Acute B lymphoblastic leukemia and the Impact of Allo-HSCT on Efficacy ----- | Qianwen Xu,Yi Shi,Le Xue etc. | 256 |
| PO-0190 | METTL3 促进 AML 蒺环类耐药的研究 ----- | 温亚男,杨晶晶,焦一帆等 | 257 |
| PO-0191 | Ph+急性 B 淋巴细胞白血病行 CAR-T 细胞治疗后接受异基因造血干细胞移植或 TKIs 药物的疗效及安全性分析----- | 施艺,薛磊,许倩文等 | 257 |
| PO-0192 | 急性髓系白血病伴 CBF β :: MYH11 融合一例----- | 陈钦,于莹,陈诗丽等 | 258 |
| PO-0193 | 一例急性髓系白血病造血干细胞移植后合并癫痫发作患者的护理 ----- | 周彦,石振爽,刘贵英等 | 258 |
| PO-0194 | Genetic Mutation Signature for Relapse Prediction in Normal Karyotype Acute Myeloid Leukemia ----- | Lijie Han, Jiaying Wu, Jifeng Yu etc. | 259 |
| PO-0195 | Low level of serum albumin predicts a poor prognosis in de novo acute myeloid leukemia ----- | Xiangtao Huang, Shuangnian Xu | 259 |
| PO-0196 | Targeting PI4KA sensitizes refractory leukemia to chemotherapy by modulating the ERK/AMPK/OXPHOS axis ----- | Xiangtao Huang, Xiuxing Jiang, Shuangnian Xu | 260 |
| PO-0197 | 儿童肿瘤患者父母照顾准备度现状及影响因素研究 ----- | 刘新颖 | 260 |
| PO-0198 | SIL-TAL1 融合基因阳性的 T-ALL 一例----- | 陈钦,于莹,陈诗丽等 | 261 |
| PO-0199 | VSD 在 1 例急性 T 淋巴细胞白血病输液港患者伴局部皮肤严重感染的应用及护理 ----- | 喻新容,唐全希,王丽 | 261 |
| PO-0200 | 维奈克拉+索拉菲尼联合阿扎胞苷治疗伴有 FLT3-ITD 突变的成人急性髓系白血病安全性及有效性研究 ----- | 李志远,卞铁荣,刘倩等 | 262 |
| PO-0201 | 含塞利尼索的无化疗或低剂量化疗方案治疗复发难治性急性髓系白血病的真实世界经验 ----- | 同茜雯,金洁,徐斌等 | 262 |
| PO-0202 | Gilteritinib with chemotherapy in patients with newly diagnosed acute myeloid leukemia ----- | Jianxiang Wang, Masashi Sawa, Toshihiro Miyamoto etc. | 263 |

| | | |
|---------|--|-----|
| PO-0203 | Interim results from CLEVO: a non-interventional cohort study investigating the CLonal EVolution of FMS-like tyrosine kinase 3 (FLT3) mutations during disease progression in patients with acute myeloid leukemia----- Suning Chen,Cristina Papayannidis,Blanca Boluda etc. | 264 |
| PO-0204 | 核心结合因子相关成人急性髓系白血病患者总生存临床预测模型的建立 -----时璐瑶,王树娟,王冲 | 265 |
| PO-0205 | 氟马替尼与达沙替尼联合多药化疗治疗成人 Ph+急性淋巴细胞白血病的临床疗效及安全性对比 -----刘倩,李志远,卞铁荣等 | 265 |
| PO-0206 | Epidemiological characteristics of leukemia in China, 2005-2017: A log-linear regression and age-period-cohort analysis ----- Kangqian Lin,Yizhong Yan,Cao Miao etc. | 266 |
| PO-0207 | Exposure to air pollution and risk of haematological malignancies: A systematic review and dose-response meta-analysis of epidemiologic evidence-----Kangqian Lin,Yizhong Yan,Guoxiu Zhou etc. | 267 |
| PO-0208 | 成人 AML 初诊骨髓淋巴细胞亚群比例的预后意义-----孙恺,王君,王亚哲等 | 268 |
| PO-0209 | 急性早幼粒细胞白血病继发分化综合征的影响因素分析及列线图模型构建 -----姚一帆,郝李霞,杨林花 | 268 |
| PO-0210 | FLT3-ITD 和 NPM1 共突变状态对 AML 临床特征和预后的影响 -----余国攀,黄昌芬,尹昭等 | 269 |
| PO-0211 | 急性 B 淋巴细胞白血病伴 KMT2A 重排一例 -----陈钦,于莹,陈诗丽等 | 269 |
| PO-0212 | 急性髓系白血病伴 KMT2A-MLLT3 融合一例-----陈钦,于莹,陈诗丽等 | 270 |
| PO-0213 | 急性髓系白血病诱导治疗后噬血细胞综合征 1 例病例报告 ----- 何丽,鲍颖 | 271 |
| PO-0214 | 达雷妥单抗治疗急性白血病单中心真实世界研究 -----胡星星,王晖,高瑛等 | 271 |
| PO-0215 | Single-Institution Experience of Venetoclax Combined with Azacitidine in Newly Diagnosed Acute Myeloid Leukemia Patients ----- HONG YU,CHAOMENG WANG,YINGYING LEI etc. | 272 |
| PO-0216 | TLS-ERG 融合基因阳性的 AML 一例 -----陈钦,于莹,陈诗丽等 | 272 |
| PO-0217 | CD19+CD22+CAR-T 细胞治疗儿童难治/复发 B 淋巴细胞白血病后相关感染临床特征分析-----吴晓晨,曹展梦,陈子涵等 | 273 |
| PO-0218 | 儿童急性早幼粒细胞白血病并发弥散性血管内凝血的发生率及危险因素分析 -----张森林,杜智卓,李泊涵等 | 273 |
| PO-0219 | 贝林妥欧单抗治疗儿童难治/复发前体 B 细胞急性淋巴细胞白血病的临床分析 -----解皎,刘素香,刘雨秋等 | 274 |
| PO-0220 | LMO2 promotes the development of 1 AML through interaction with 2 transcription co-regulator LDB1 ----- Lihui Lu,Jianwei Wang,Fang Fang etc. | 275 |
| PO-0221 | 儿童急性 T 系淋巴细胞白血病基因突变谱及预后分析 -----孟娜,褚欣然,张晓等 | 275 |
| PO-0222 | 儿童急性 T 系淋巴细胞白血病初诊-复发克隆演变的初步分析 -----孟娜,褚欣然,张晓等 | 276 |
| PO-0223 | 急性 T 淋巴细胞白血病中 HOXB 簇基因表达的临床特征及预后 -----张晓,褚欣然,孟娜等 | 276 |
| PO-0224 | 两种化疗方案对于 ETV6::RUNX1 融合基因阳性儿童急性淋巴细胞白血病的疗效比较 -----李胡琨,王宇轩,卢俊等 | 277 |
| PO-0225 | ETV6 基因受累的儿童急性 B 淋巴细胞白血病中的临床特征及预后分析 -----李胡琨,王宇轩,卢俊等 | 277 |
| PO-0226 | Case report: Treatment of central nervous system relapse in PLZF::RARA-positive acute promyelocytic leukemia by venetoclax combined with arubicin and cytarabine ----- Zhonghao Zhou,Feng Zhu,Hui Wang etc. | 278 |
| PO-0227 | PDE3A 高表达儿童 AML 的预后及潜在治疗靶点的研究 -----杨晨唯,田园园,高莉等 | 279 |

| | | | |
|---------|---|--|-----|
| PO-0228 | 急性 T 淋巴细胞白血病中 HOXC 簇基因表达的临床特征及预后 ----- | 张晓,褚欣然,孟娜等 | 279 |
| PO-0229 | 儿童 ALL 患者注射门冬酰胺酶导致局部皮肤不良反应的护理观察 ----- | 王彩云 | 280 |
| PO-0230 | 白血病患者凝血异常植入 PICC 后预防渗血的护理 ----- | 樊鹏飞,赵文娟 | 280 |
| PO-0231 | LAPTM4B 在费城染色体阳性急性 B 淋巴细胞白血病 和泛癌中的综合预后和免疫分析 ----- | 周慧,易煜尧,何巍等 | 281 |
| PO-0232 | 米托蒽醌脂质体联合依托泊苷、阿糖胞苷联合方案治疗新诊断 急性粒单核白血病或急性单核细胞白血病 9 例疗效分析 ----- | 叶少杰,郭慧梅,徐建梅等 | 281 |
| PO-0233 | Efficacy and safety of flumatinib in patients with B-cell acute lymphoblastic leukemia who are insensitive or intolerant to dasatinib after allo-HSCT: two case reports ----- | Kexin Chen,Shan Zhang,Guangcui He etc. | 282 |
| PO-0234 | Direct inhibition of dioxygenases TET1 by the rheumatoid arthritis drug auranofin selectively induces cancer cell death in T-ALL ----- | haichuan Zhu | 282 |
| PO-0235 | 醋酸戈舍瑞林治疗化疗后骨髓抑制期严重子宫内膜出血患者 1 例 ----- | 王泉,孙浩平,张楠等 | 284 |
| PO-0236 | 基于单细胞测序筛选 B 细胞急性淋巴细胞白血病的治疗靶点 ----- | 莫状,刘格良,张书贤等 | 284 |
| PO-0237 | 急性系别不明白血病, 非特指型 (ALAL,NOS) 一例 ----- | 陈钦,于莹,陈诗丽等 | 285 |
| PO-0238 | 一例急性早幼粒细胞白血病患者全身多处压疮的个案护理 ----- | 陈颖 | 285 |
| PO-0239 | 伴 NPM1 突变的慢性粒-单核细胞白血病一例 ----- | 陈钦,于莹,陈诗丽等 | 286 |
| PO-0240 | 急性髓系白血病预后分层的多组学整合分析 ----- | 宋洋,王哲,张广吉等 | 286 |
| PO-0241 | 基于 SMART 原则的血液病患者口服小分子靶向试验药物的管理探索 ----- | 徐明月,崔岩 | 287 |
| PO-0242 | GD-ALL 2008 方案与 SCCLG-ALL 2016 方案 治疗儿童 ALL 的疗效观察及预后分析 ----- | 刘晓飞,麦惠容 | 288 |
| PO-0243 | T 细胞型幼稚淋巴细胞白血病 1 例并文献复习 ----- | 贾海鹏,张晓芬,王洁等 | 288 |
| PO-0244 | 塞利尼索联合去甲基化治疗难治/复发急性髓系白血病疗效及安全性分析 ----- | 张剑,刘吟,徐洋等 | 289 |
| PO-0245 | 奥密克戎时代慢性粒细胞白血病患者新冠感染率、 严重程度及心理健康状况的影响因素分析 ----- | 齐飞扬,宝梅,高汉林等 | 289 |
| PO-0246 | PTPN11 基因突变在成人初诊 AML 患者 (非 APL) 中的发生、临床特征及预后 ----- | 盛丽,朱迎迎,刘亚姣等 | 290 |
| PO-0247 | S100 蛋白家族在 AML 中塑造不同的免疫微环境模式, 靶向 S100A4 可望增强 TIM3 在 AML 免疫治疗的效果 ----- | 梁晓杰,赖宇洁,林炳昱等 | 291 |
| PO-0248 | lncRNA RMRP 调控复发难治急性髓系白血病 线粒体功能的分子机制研究 ----- | 赵玮婧,郭寒菲,牛丽婷等 | 292 |
| PO-0249 | ZNF384 融合基因转录本水平在成人急性 B 淋巴细胞 白血病患者微小残留病监测中的意义 ----- | 史宗焱,陈文敏,王旭等 | 292 |
| PO-0250 | MeRIP-qPCR 技术检测 RNA m6A 甲基化修饰对 t(8;21) AML 细胞中 KDM4B 基因表达的调控作用 ----- | 李雨晴,邵杨柳,李梦月等 | 293 |
| PO-0251 | Low CD19-MFI in BALL cells before CAR T infusion predicted a good response and longer MRD-negative maintenance time ----- | Ping Wang,Xiaojuan Deng,Yun Zhang etc. | 294 |
| PO-0252 | 评价奥雷巴替尼治疗 FGFR1 重排的髓系/淋系 肿瘤患者的探索性临床研究 ----- | 蔡文治,窦雪晴,王荧等 | 295 |
| PO-0253 | 93 例新诊断慢性淋巴细胞白血病患者的基因突变 与首次治疗时间的预后分析 ----- | 刘波,向茜茜,李甫等 | 295 |

| | | | |
|---------|---|--|-----|
| PO-0254 | Comparison of autologous, matched sibling, and alternative donor stem cell transplant outcomes for acute myeloid leukemia patients in first remission: a propensity score matching study----- | Mingyang Wang,Erjie Jiang | 296 |
| PO-0255 | 一例应用 B 细胞组库技术研究 CLL 合并发生 DLBCL 的病例----- | 朱广超 | 297 |
| PO-0256 | HIF1 α 通过 WTAP 介导 RNA 甲基化 (m6A) 修饰上调 PHF19 的表达 促进 t (8; 21) 急性髓系白血病细胞的增殖----- | 李雨晴,李梦月,周辉晟等 | 297 |
| PO-0257 | 儿童 iAMP21-ALL 细胞遗传学特征及预后分析----- | 刘建拓,李鸿瑞,贺艳丽等 | 298 |
| PO-0258 | 维奈克拉联合阿扎胞苷治疗初治急性髓系白血病的疗效分析----- | 王静雅,李振玲 | 298 |
| PO-0259 | Comprehensive analysis of ID genes reveals the clinical and prognostic value of ID3 expression in acute myeloid leukemia using bioinformatics identification and experimental validation----- | Jingdong Zhou,Tingjuan Zhang | 299 |
| PO-0260 | 肿瘤继发性治疗相关 MDS 和 AML 的临床特征及预后研究----- | 徐旭升,吴侯 | 300 |
| PO-0261 | CLAG+VEN 挽救治疗复发/难治急性髓系白血病的疗效和安全性研究----- | 余国攀,尹昭,张钰等 | 300 |
| PO-0262 | Homoharringtonine Enhances the Anti-leukemia Effect of Venetoclax in Acute Myeloid Leukemia with t(8;21)(q22;q22) via Regulation of c-Myc/Bim axis----- | Zhao Yin,Zurong Yao,Xiaqi Nie etc. | 301 |
| PO-0263 | Maintenance therapy with chidamide decreases the relapse in fusion gene-positive AML patients with MRD-positive or ELN-high risk----- | Zhao Yin,Jixian Huang,Huiqing He etc. | 302 |
| PO-0264 | 吉瑞替尼联合治疗在复发/难治的 FLT3-ITD 突变的急性髓系白血病患者中的研究----- | 陈念慈,潘佳佳,周一乐等 | 303 |
| PO-0265 | CD19 靶向免疫治疗急性 B 淋巴细胞白血病系别转化病例报告----- | 李静,郑晓云,杨小珠等 | 304 |
| PO-0266 | Pronator NMR-based metabolomics reveal potential metabolic disorders of drug-resistant acute lymphoblastic leukemia cells----- | Yang Chen,Alimire Abudureyimu,Chenchen Wang etc. | 304 |
| PO-0267 | Role of 4E-BP1-eIF4E-Mcl-1 axis in regulating inhibition effect of HHT and ATO on AML cells in microenvironment----- | Ping Chen,Kaiting Lin,Bicun Lin etc. | 305 |
| PO-0268 | AML 患者化疗后 PLT 计数与疾病预后的关系----- | 陈萍,肖启荣,林晓斌 | 306 |
| PO-0269 | Risk factors and predictive score for Stenotrophomonas maltophilia bacteremia in patients with hematologic diseases----- | Wenjing Guo,Sizhou Feng | 306 |
| PO-0270 | Flumatinib versus Imatinib as a Frontline Therapy for Patients with Chronic Myeloid Leukemia in Chronic Phase: A Propensity Score Matching Study from Real-World Data----- | Mixue Xie,Dan Li,Jie Jin etc. | 307 |
| PO-0271 | 急性髓系白血病的代谢特征分析和代谢脆性靶向治疗----- | 梁晓杰,林炳炅,杨裕农等 | 308 |
| PO-0272 | 脑脊液代谢组学标志物研究及其在血液肿瘤中枢神经系统浸润诊断中的价值----- | 王勉,唐古生 | 308 |
| PO-0273 | Low concentrations of hypomethylating agents enhance ferroptosis via the MAGEA6-AMPK-SLC7A11-GPX4 axis in acute myeloid cells----- | Shenmeng Gao,Yigang Yuan,Shuya Feng | 309 |
| PO-0274 | 利妥昔单抗联合硼替佐米逆转门冬酰胺酶致敏状态的临床研究----- | 陈长城,胡文婷,王卓等 | 310 |
| PO-0275 | dPCR 与 qPCR 检测慢性髓性白血病患者 BCR::ABL (P210) 转录本水平的比较性研究----- | 高汉林,郝玥,陈文敏等 | 310 |
| PO-0276 | 以发热、骨痛起病的伴嗜酸性粒细胞增多和 FGFR1 重排髓系/淋系肿瘤----- | 何敏,刘海玲,廉国利等 | 311 |
| PO-0277 | 激素对 CD19/22 双靶 CAR-T 治疗儿童 B-ALL 疗效影响的回顾性研究----- | 杨静,万欣宇,王天怡等 | 311 |
| PO-0278 | 新型冠状病毒疫情期间慢性髓性白血病患者心理健康研究----- | 高汉林,齐飞扬,江倩 | 312 |

| | | |
|---------|--|-----|
| PO-0279 | Bispecific CAR-T cells targeting both CD19 and CD22 for therapy of pediatric acute lymphoblastic leukemia patients with KMT2A rearrangements: a single-center retrospective study-----Liu Yang | 312 |
| PO-0280 | 罕见临床表型的 X 连锁淋巴细胞增生综合征 1 型 1 例病例报告 -----张晖,吉奇,张永平等 | 313 |
| PO-0281 | CSAMLdb: 全面的急性髓系白血病标志物数据库-----陈浩然,卢学春,王紫宁等 | 314 |
| PO-0282 | CX43-mediated Mitochondria Transfer Enhances the Stemness of Leukemia Stem Cells Though Metabolic Remodeling----- Huihui Fu,Xiaomei Zhang,Liuyue Zhai etc. | 314 |
| PO-0283 | 儿童 AML 骨髓来源 CD8+T 细胞功能鉴定及调控机制研究-----张永平,李胡珺,张晖等 | 316 |
| PO-0284 | USP24 在急性淋巴细胞白血病中的临床意义及作用机制研究 -----张陈越,褚欣然,胡绍燕 | 316 |
| PO-0285 | 数字 PCR 检测 KIT 突变转录本水平在 t(8;21)AML 患者 MRD 监测中的预后意义 -----孙媛,陈文敏,郝玥等 | 317 |
| PO-0286 | 罕见的 t (1; 12) (q21; p13) /ETV6::ARNT 阳性 儿童 T-ALL 病例报道及文献复习 -----洪礼义,王琴荣,陈苏宁 | 318 |
| PO-0287 | 小分子抑制剂 Adavivint 靶向 S100A9 逆转 AML 对 Bcl-2 抑制剂维奈克拉耐药的新分子机制研究 -----万峻钊,冉允盛,杨春霞等 | 318 |
| PO-0288 | 结合高通量测序分析早期死亡 AML 的临床特征-----黄继贤,黄喜儒,盘婉盈等 | 319 |
| PO-0289 | 急性髓系白血病分类的进展: 从 WHO-HAEM4R 到 WHO-HAEM5 和国际共识分类 (ICC) -----陈雪,袁丽莉,张阳等 | 320 |
| PO-0290 | 全光谱流式细胞术诊断急性白血病的 2 管 39 色方案的研究 -----马耀坤,熊力,覃磊等 | 320 |
| PO-0291 | 基于加权基因共表达网络分析急性髓系白血病预后相关标志物及生物信息学验证 -----智鹏 | 321 |
| PO-0292 | 塞利尼索联合 HAD 或 CAG 方案 对复发难治急性髓系白血病的疗效研究 -----王涛,隗佳,马梁明等 | 322 |
| PO-0293 | 血液肿瘤患者感染新型冠状病毒 Omicron 变异株 发生重型感染和不良预后的危险因素——一项中国单中心回顾性分析 -----叶丽,杨焱,张学武等 | 322 |
| PO-0294 | 2 例儿童唐氏综合征合并急性淋巴细胞白血病的临床分析 -----王雨娴,熊昊,陈智等 | 323 |
| PO-0295 | 磷酸化 STAT5 在急性 B 淋巴细胞白血病中的预后意义 -----许秀丽,蔡梓红,黄子聪等 | 323 |
| PO-0296 | Bcl-2 表达与 Bcl-2 抑制剂在急性髓系白血病中疗效的相关性研究 ----- 吴佳霏,李慧 | 324 |
| PO-0297 | FLT3-ITD 急性髓系白血病患者的诱导巩固与移植全流程管理研究 -----王涛,隗佳,马梁明等 | 325 |
| PO-0298 | 舒适化护理模式在有创操作治疗期间对儿童肿瘤患者家长护理满意度的提升效果 ----- 巩水莲 | 325 |
| PO-0299 | CD25 is an independent adverse prognostic factor and refines risk stratification in COG low-risk group in pediatric AML-----Dong Hu,Wen Du,Hui Yu etc. | 326 |
| PO-0300 | 嵌合抗原受体 T 细胞治疗后的巨噬细胞活化综合征 1 例报告并文献复习 ----马驭,张慧芳,姜慧娟等 | 327 |
| PO-0301 | 评价 ABCD 治疗血液病患者侵袭性曲霉病的疗效和安全性 -----庞爱明,高广勋,任金海等 | 327 |
| PO-0302 | 艾沙康唑治疗血液系统疾病患者侵袭性真菌病的有效性和安全性研究 -----潘攀,翟卫华,马巧玲等 | 328 |
| PO-0303 | NCTD 通过靶向 PPP5C 对人白血病细胞增殖、凋亡的影响及机制研究 -----张鑫,于国兴,崔冰洁等 | 328 |
| PO-0304 | 叶酸代谢途径通过调控 HO-1 诱导急性髓系白血病耐药的机制研究----- 成冰清 | 329 |
| PO-0305 | 职业性慢性苯中毒的外周血淋巴细胞亚群分析 -----唐君玲,牟玲,郑丽等 | 329 |
| PO-0306 | 伴 der(1;7)(q10;p10)血液肿瘤患者临床及实验室特征 -----张艳,曹巍,李志鹏等 | 330 |
| PO-0307 | 两例职业性铅中毒的外周血淋巴细胞亚群特征 -----张力,骆开兰,郑丽等 | 330 |
| PO-0308 | Identifying STRN3-RARA as a new fusion gene for acute promyelocytic leukemia-----Hongbing Ma,Qi Zhang,He LI etc. | 331 |

| | | | |
|---------|--|---|-----|
| PO-0309 | 急性早幼粒细胞白血病临床治愈后转化为急性髓系白血病 伴成熟型一例并文献复习 ----- | 张水生,张井珠,胡欢荣 | 331 |
| PO-0310 | WT1 阳性合并 FLT3-ITD 阳性儿童 急性 B 淋巴细胞白血病 1 例并文献复习 ----- | 刘文慧,吴涛,刘恒等 | 332 |
| PO-0311 | Development and validation of UHPLC-MS/MS method for simultaneous quantification of venetoclax and voriconazole in human plasma and its application in acute myeloid leukemia patients ----- | Ping Gao,Wen Zhang,Xiaosheng Fang etc. | 332 |
| PO-0312 | FAT1 enhances the sensitivity of AML cells to idarubicin via inhibiting autophagy ----- | Nan Zhang,Hao-ping Sun,Fang-yi Fan etc. | 334 |
| PO-0313 | “干白沙”、维奈克拉与阿扎胞苷循环应用 维持治疗 AML 疗效及安全性观察 ----- | 陈琳,王琳,米瑞华等 | 334 |
| PO-0314 | 维奈克拉联合减低剂量 HAD 方案治疗初诊急性髓系白血病的疗效观察 ----- | 阎嶂松,李洋,张斌等 | 335 |
| PO-0315 | 维奈克拉联合 HA (HAV) 治疗老年或不适合 强化疗的年轻初诊急性髓系白血病 (非 APL) 患者的临床疗效, 安全性分析 ----- | 刘凯奇,索晓慧,白观臣等 | 335 |
| PO-0316 | 维奈克拉联合高三尖杉酯碱、阿糖胞苷及阿克拉霉素 (HAAV) 方案作为年轻初诊 AML 诱导治疗的安全性和有效性分析 ----- | 周泽平,赵邢力,索晓慧等 | 336 |
| PO-0317 | 真实世界中贝林妥欧单抗治疗复发难治 急性淋巴细胞白血病的疗效及不良反应分析 ----- | 吴涛,石亚军 | 337 |
| PO-0318 | Characteristics and correlation of gene mutations in 134 patients with acute myeloid leukemia ----- | Tao Wu,Miao He,Fangqing Zhao | 337 |
| PO-0319 | SET-CAN/WT1 融合基因阳性的 T 细胞急性淋巴细胞白血病 1 例 ----- | 张研,张茜 | 338 |
| PO-0320 | TP53 突变对于接受儿童样化疗方案治疗的成人 急性淋巴细胞白血病的预后影响 ----- | 区家旺,许秀丽,周雅等 | 338 |
| PO-0321 | 使用儿童方案治疗急性淋巴细胞白血病 可改善初诊中枢神经系统白血病预后 ----- | 梁海梅,陈俊杰,刘启发等 | 339 |
| PO-0322 | “三药联合方案”在急性早幼粒细胞白血病中的应用 ----- | 房秋云,周春林,张俊平等 | 339 |
| PO-0323 | 奥雷巴替尼一线治疗 Ph 阳性急性淋巴 细胞白血病的单中心真实世界研究 ----- | 朱怿言,蔡文治,杨小飞等 | 340 |
| PO-0324 | 急性白血病患者院内感染的相关因素 ----- | 李兰兰 | 341 |
| PO-0325 | CD37 interacts with alpha4 integrins and regulates self-renewal of leukemic stem cells through PI3K-AKT pathway in MLL-AF9 induced acute myeloid leukemia ----- | Jin Yuan Lu,Yuting Ma,Zheng Li etc. | 341 |
| PO-0326 | 靶向 SIRT5 通过抑制线粒体代谢 与 venetoclax 协同治疗急性髓系白血病 ----- | 王默然,朱瑞琪,石威等 | 342 |
| PO-0327 | CRM1/XPO1 与 B 细胞急性淋巴细胞白血病的临床预后有关, 是抑制 Foxo1 通路的治疗靶点 ----- | 邓诗雨,区家旺,黄子聪等 | 343 |
| PO-0328 | 自制动漫视频宣教在血液科中的应用 ----- | 贾韵名,徐燕 | 343 |
| PO-0329 | AML 伴 CBF β ::MYH11 融合基因病例分享 ----- | 于莹,陈诗丽,李嘉燕等 | 344 |
| PO-0330 | Selinexor-based Combination Therapy could Induce Relapsed/Refractory Acute Myeloid Leukemia Patients to Remission Quickly ----- | Weida Wang,Jingxia Xu,Yuanbin Song etc. | 344 |

| | | |
|---------|--|-----|
| PO-0331 | Safety and efficacy of flumatinib in patients with chronic myeloid leukemia resistant or intolerant to imatinib ----- Yuntao Liu,yunfan yang,hui sun etc. | 345 |
| PO-0332 | 异基因造血干细胞移植在儿童样方案时代下仍能改善高危成人急性淋巴细胞白血病预后 -----陈俊杰,王治香,刘启发等 | 347 |
| PO-0333 | The pediatric-inspired regimen improved quality and quantity of life for patients with acute lymphoblastic leukemia, beyond age, risk stratification, and hematopoietic stem cell transplantation----- junjie chen,Zhixiang Wang,Qifa Liu etc. | 347 |
| PO-0334 | 贝林妥欧单抗治疗成人急性白血病的全过程护理 ----- 刘晓荣 | 348 |
| PO-0335 | 奥加伊妥珠单抗治疗 MRD 阳性及复发/难治性 ALL 单中心回顾性分析 -----张婷,蔡梓红,朱凯波等 | 348 |
| PO-0336 | BCR::ABL1 与 SET::NUP214 融合基因双阳的慢性粒细胞白血病急变期病例 1 例并文献复习 -----董晓燕,邬成业,李玉龙等 | 349 |
| PO-0337 | 贝林妥欧单抗治疗 1 例干细胞移植后复发儿童急性混合细胞白血病的护理 -----周小琴,吴芳芳,唐全希等 | 350 |
| PO-0338 | 一例复发难治急性淋巴细胞白血病患者合并假性动脉瘤切除的护理体会 ----- 刘畅 | 350 |
| PO-0339 | COVID-19 后造血干细胞移植患者化疗后相关性味觉改变的影响状况调查及其护理干预 ----- 曾梦莘 | 351 |
| PO-0340 | Estimated Glomerular Filtration Rate and Urinary Microalbumin to Creatinine ratio changes in chronic myeloid leukemia patients treated with Tyrosine Kinase Inhibitors ----- Sanmei Wang,Xiaoli Zhao,Yutian Lei etc. | 351 |
| PO-0341 | 骨髓微环境脂代谢异常与 MDS 发生发展的关系研究 ----- 李遇春,吕晓东 | 352 |
| PO-0342 | SLIT2 promoter hypermethylation-mediated SLIT2-IT1/miR-218 repression drives leukemogenesis and predicts adverse prognosis in myelodysplastic syndromes ----- Jingdong Zhou,Tingjuan Zhang,Zijun Xu etc. | 352 |
| PO-0343 | miR-1246: 骨髓增生异常综合征去甲基化治疗失败的耐药靶点 -----付晓研,姜俏,李虹等 | 353 |
| PO-0344 | B 淋巴细胞的分化异常与 MDS 的发生发展相关 -----任颜,崔燕妮,王宏伟 | 353 |
| PO-0345 | MDS 伴发噬血细胞综合征的 15 例单中心报道 ----- 何雪峰,宋悦 | 354 |
| PO-0346 | With ASXL1 mutation of the clinical features and prognosis of MDS-----Jie Zhang,rong gong,kun zhu etc. | 355 |
| PO-0347 | Water dissolvable arsenic sulfide nanoparticles induce multiple-lineage differentiation and post-differentiation apoptosis in leukemia and myelodysplastic syndromes----- Haiyan Xu | 355 |
| PO-0348 | The m6A methyltransferase METTL14 promotes myelodysplastic syndromes progression via SETBP1-mediated activation of PI3K-AKT signaling pathway ----- Lingxu Jiang | 356 |
| PO-0349 | 骨髓增生异常综合征对阿扎胞苷耐药靶向治疗新策略探索 -----耿杰,陈浩然,张昊军等 | 357 |
| PO-0350 | 寻找诊断骨髓增生异常综合征的生物标记物并对其进行功能分析和免疫浸润分析 ----- 王欣怡 | 358 |
| PO-0351 | 一项旨在评估塞利尼索序贯阿扎胞苷治疗新诊断的骨髓增生异常综合征 EB1 或 EB2 患者安全性和有效性的单中心、单臂、Ib/II 期的临床试验 -----马丽亚,羊文莉,周歆平等 | 358 |
| PO-0352 | Venetoclax 联合去甲基化药物治疗中高危 MDS 患者真实世界数据分析-----高清妍,赵金影,李冰等 | 359 |
| PO-0353 | Bcl-2 表达与 Bcl-2 抑制剂在高危 MDS 患者中疗效的相关性研究 ----- 吴佳霏,李慧 | 359 |
| PO-0354 | 罗特西普在骨髓增生异常综合征和原发性骨髓纤维化真实世界中的疗效和安全性分析 -----常豆豆,张睿娟,李丛池等 | 360 |
| PO-0355 | 重促红细胞生成素联合维 A 酸和十一酸睾酮治疗较低危骨髓增生异常综合征患者贫血有效性和安全性的前瞻性、开放标签、多中心临床研究中分析 -----梅琛,郑翠萍,谢亚萍等 | 360 |

| | | | |
|---------|---|---|-----|
| PO-0356 | 以 MDS 为表现的伴隐匿性 TNIP1::PDGFRB 重排的患者 1 例报道----- | 闫怡汝,曲世强,李承文等 | 361 |
| PO-0357 | MDS-SF3B1 亚型 WHO 2022 与 ICC 诊断标准的验证与比较----- | 刘琳琳,秦铁军,徐泽锋等 | 362 |
| PO-0358 | 伴 NPM1 基因突变的骨髓增生异常综合征及慢性 粒单核细胞白血病患者特征及预后----- | 龚婧晔,李冰,秦铁军等 | 362 |
| PO-0359 | 地西他滨----- | 卢育洪,刘晶 | 363 |
| PO-0360 | IL-1 β signaling and Treg subsets correlates with progression of myelodysplastic syndrome: a prospective study----- | Xiaoying Zhang, Chunyan Wang, Xingcheng Yang etc. | 364 |
| PO-0361 | 聚乙二醇干扰素治疗 60 例骨髓增殖性肿瘤的疗效及安全性评价----- | 马瑀,冷青,宁道华 | 364 |
| PO-0362 | 多发性骨髓瘤伴红细胞增多症患者一例并文献复习----- | 范澄璐 | 365 |
| PO-0363 | Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤临床护理实践指南的整合----- | 张倩倩,解文君,刘亚婷等 | 365 |
| PO-0364 | 伴 RUNX1-RUNX1T1 融合基因阳性肥大细胞白血病 1 例并文献复习----- | 刘渊博,朱尊民 | 366 |
| PO-0365 | 地西他滨联合造血干细胞移植治疗幼年粒单核细胞白血病 109 例结果----- | 彭智勇,高靖瑜,冯晓勤等 | 367 |
| PO-0366 | JAK2 Exon12 突变的真性红细胞增多症一例----- | 陈钦,于莹,陈诗丽等 | 367 |
| PO-0367 | 基于 PROMIS 框架的骨髓增殖性肿瘤患者口服药物治疗 期间健康困扰的质性研究----- | 刘亚婷,赵金影,张倩倩等 | 368 |
| PO-0368 | 地西他滨联合全反式维甲酸预防伴 TLS-ERG 阳性的儿童 原发性髓系肉瘤移植后复发 1 例----- | 王庆伟,高莉,张森林等 | 368 |
| PO-0369 | 奥密克戎时代骨髓增殖性肿瘤患者 罹患新型冠状病毒肺炎严重程度的影响因素分析----- | 齐飞扬,宝梅,高汉林等 | 369 |
| PO-0370 | 骨髓增生异常综合征/骨髓增殖性肿瘤伴 SF3B1 突变 和血小板增多患者的临床特征和预后研究----- | 李富慧,秦铁军,李冰等 | 369 |
| PO-0371 | MDS/MPN 伴中性粒细胞增多一例并文献复习----- | 李晶 | 370 |
| PO-0372 | 奥雷巴替尼对伴 FGFR1 重排的治疗效果探讨----- | 闫怡汝,曲世强,刘晋琴等 | 370 |
| PO-0373 | 儿童慢性粒细胞白血病慢性期的临床分析 及 ELTS 评分预测价值的初步探讨----- | 郑方圆,江倩,张乐萍等 | 371 |
| PO-0374 | 酪氨酸激酶抑制剂治疗的儿童慢性粒细胞白血病急变期的临床研究----- | 郑方圆,江倩,张乐萍等 | 372 |
| PO-0375 | The upregulation of the FBLN1 and HS3ST4 genes may represent a potential mechanism driving the fibrotic progression in primary myelofibrosis and leading to adverse prognosis.----- | Jian Huang, Qiutian Feng, Shiwei Hu etc. | 372 |
| PO-0376 | Clinical and genetic features by next-generation sequencing and RNA sequencing in Pre-fibrotic Primary Myelofibrosis Patients----- | Jian Huang, Shiwei Hu, Xiudi Yang etc. | 373 |
| PO-0377 | 血红蛋白浓度与 CML 初诊患者预后的相关性----- | 王燕 | 375 |
| PO-0378 | BCR/ABL 阴性 MPN 患者淋巴细胞亚群的临床意义研究----- | 陈紫薇,王诗轩 | 375 |
| PO-0379 | Ph-骨髓增殖性肿瘤患者单中心回顾性研究: 疫苗接种安全性评价与 COVID-19 感染----- | 王彬彬,王勉,郭方宇等 | 376 |
| PO-0380 | 真实世界中芦可替尼治疗 ph 阴性骨髓增殖性肿瘤 相关骨髓纤维化患者的疗效和安全性研究----- | 柳宁宁,徐泽锋,秦铁军等 | 376 |
| PO-0381 | 慢性粒细胞白血病患者 TKIs 减量治疗的真实世界研究----- | 李艳,刘兵城,魏辉等 | 377 |
| PO-0382 | Dhx15 缺失影响 Vav-Dhx15-KO 小鼠内源性造血----- | 王雪纯,蔡媛华,叶露雅等 | 377 |
| PO-0383 | 低剂量地西他滨治疗成人原发免疫性血小板减少症的核心基因 及关键通路的生物信息学分析----- | 徐前飞,朱爱萍 | 378 |

| | | |
|---------|--|-----|
| PO-0384 | AML 中 CMSS1::FLT1 重排导致 FLT1 酪氨酸激酶自主激活和细胞增殖-----葛雪苹,李希茜,杨小珊等 | 379 |
| PO-0385 | 抑制细胞自噬提高 CRM1 抑制剂抗套细胞淋巴瘤效应-----张可杰,陈昱涵,张永利 | 379 |
| PO-0386 | CEBPG 通过激活 EIF4EBP1 促进急性髓系白血病进展-----方芳,江优,潘健等 | 380 |
| PO-0387 | 电离辐射抑制人骨髓间充质干细胞增殖分化的蛋白质组学 和脂质组学分析-----韩冬梅,丁丽,郑晓丽等 | 380 |
| PO-0388 | 一例阵发性睡眠性血红蛋白尿靶向治疗的案例分析-----买买吐逊·台万古 | 381 |
| PO-0389 | Functional and mechanistic investigation of urolithin C on leukemia cell apoptosis and autophagy via the ERK/AMPK signaling pathway-----于国兴,张鑫,崔冰洁等 | 381 |
| PO-0390 | 血液肿瘤患者肛周感染护理质量评价指标体系的构建-----杜欣,唐露,曾荔等 | 382 |
| PO-0391 | 达妥昔单抗 β 治疗复发/难治神经母细胞瘤疗效及安全性分析-----刘红艳,房建铭,刘琦等 | 382 |
| PO-0392 | 以血小板减少性紫癜为首发症状的歌舞伎综合征 1 例并文献复习-----刘红艳,刘琦,张迎丽等 | 383 |
| PO-0393 | Research on Different Compound Combinations of Realgar-Indigo Naturalis Formula to Reverse APL Arsenic Resistance By Regulating Autophagy through mTOR Pathway-----Chengyuan Xue,Li Ruibai,Pan Yiming etc. | 383 |
| PO-0394 | 阿霉素通过增加细胞铁自噬导致心脏毒性-----余雅亭,牛海玥,张梦莹等 | 384 |
| PO-0395 | 1 例针对骨髓坏死治疗模式的探讨-----张晓芬,贾海鹏,王洁等 | 385 |
| PO-0396 | 筛选新型铁死亡抑制剂杀伤高级别 B 细胞淋巴瘤的基础研究-----李泓毅,卢学春 | 385 |
| PO-0397 | 抑制雌激素通路对高级别 B 细胞淋巴瘤杀伤作用的基础研究-----李泓毅,卢学春 | 386 |
| PO-0398 | TP53 突变在成人 t 细胞白血病/淋巴瘤中的临床意义-----许瑶 | 386 |
| PO-0399 | 整合素 α IIb β 3 介导的信号通路对血小板活性的影响研究-----张娟 | 387 |
| PO-0400 | 育龄女性白血病患者患病后真实体验的质性研究-----江玉琳 | 387 |
| PO-0401 | 维奈克拉、阿扎胞苷联合地塞米松 (VAD) 方案一线 治疗初诊急性 T 淋巴细胞白血病-----雷雨田,赵晓丽,洪鸣等 | 387 |
| PO-0402 | 吉瑞替尼联合化疗一线治疗伴 FLT3 突变的急性髓系 白血病 (AML) 的疗效和安全性-----雷雨田,赵晓丽,洪鸣等 | 388 |
| PO-0403 | 伴 t(1;10;5;9;22)5 重染色体易位 CML 患者一例-----周静,陈祥俊,郑珊林等 | 389 |
| PO-0404 | 基于云平台的延续护理对白血病患者阈下抑郁影响的研究-----肖韶连,兰大华 | 389 |
| PO-0405 | 初诊血小板计数与基因突变的关系及对 AML 预后的影响-----苏静敏,王少元 | 390 |
| PO-0406 | 伴有 t(15;17)(q24;q21)和 t(9;22)(q34;q11.2)的 AML-M3 病例一例-----赵晶,李鸿瑞,蒋莉等 | 390 |
| PO-0407 | 一例 ins(17;15)隐匿型急性早幼粒细胞白血病实验室分析-----程琳,郑珊林,李鸿瑞等 | 391 |
| PO-0408 | 研究一例 AML 移植后骨髓染色体核型异常患者-----葛昱君 | 391 |
| PO-0409 | 塞来昔布缓解 CAR-T 治疗导致的细胞因子释放综合征机制研究-----何秀,李乃农,夏雪梅 | 392 |
| PO-0410 | 一例伴 t(4;11)易位的成人急性 B 淋巴细胞白血病患者实验室分析-----李锐,蒋莉,郑珊琳 | 392 |
| PO-0411 | 一例伴 t(9; 11)易位的 ph 遮蔽型慢性粒细胞白血病患者实验室分析---- 兰燕,李鸿瑞 蒋莉 郑珊林 | 393 |
| PO-0412 | PML/RAR α -FISH 伴 ider(17)(q10)t(15;17)的急性早幼粒细胞白血病-----刘旭强,蒋莉,李鸿瑞 | 393 |
| PO-0413 | QuANTUM-First Trial: FMS-like Tyrosine Kinase 3-Internal Tandem Duplication (FLT3-ITD)-Specific Measurable Residual Disease (MRD) Clearance Assessed Through Induction and Consolidation Is Associated with Improved Overall Survival (OS) in Newly Diagnosed (ND) FLT3-ITD+ AML Patients (pts)----- Jianxiang Wang,Alexander E Perl,Harry P Erba etc. | 394 |

| | | | |
|---------|---|--|-----|
| PO-0414 | QuANTUM-First: Safety by Treatment Phase and by Age in Newly Diagnosed (nd) Patients with FMS-Like Tyrosine Kinase 3–Internal Tandem Duplication (FLT3-ITD) Positive Acute Myeloid Leukemia (AML)----- | Sujun Gao,Harry P Erba,Hervé Dombret etc. | 395 |
| PO-0415 | Kinetics of Complete Remission (CR) and CR Duration with Quizartinib and Its Impact on Overall Survival (OS) and Event-Free Survival (EFS) in Patients with FLT3-ITD+ Newly Diagnosed Acute Myeloid Leukemia (ND-AML) in QuANTUM-First----- | Hao Jiang,Pau Montesinos,Alexander E Perl etc. | 396 |
| PO-0416 | A pediatric T-ALL patient with NUP214::ABL1 fusion gene accompanied by CDKN2A/B deletion: the reflections on the timing of TKI administration----- | Jiang Zhu,Xiangjun Chen,Cong Lu etc. | 397 |
| PO-0417 | 巩固化疗间隔期对急性髓系白血病复发的影响及其预后因素分析----- | 苏文娜 | 398 |
| PO-0418 | 低、中危 AML-CR1 患者行异基因造血干细胞移植的预后分析----- | 陈娉婷,吴勇 | 398 |
| PO-0419 | Identifies CD99+/CD69+ Cell Population Relevant to AML Disease Progression----- | Ruiting Wen,Juan Xia,Jingping Zhang etc. | 399 |
| PO-0420 | 一例 t(3;21)复杂核型的骨髓纤维化 (PMF) 继发性白血病患者实验室分析----- | 李慧玲,陈祥俊,李鸿瑞等 | 400 |
| PO-0421 | 一例伴 t(4;11)和 inv(16)的急性髓系细胞白血病患者实验室分析----- | 吴珍,李鸿瑞 蒋莉 郑珊林 | 400 |
| PO-0422 | Identification and validation of a prognostic risk-scoring model for AML based on m7G-associated gene clustering----- | Ruiting Wen,Chiyi Zhang,Guocai Wu etc. | 401 |
| PO-0423 | Clinical and molecular characteristics of acute myeloid leukemia and the dismal prognosis of TP53 mutations in a real-world setting----- | Hong Liu | 401 |
| PO-0424 | AHNAK 基因高表达与老年急性髓系白血病患者预后不良相关----- | 杜鑫,刘霞霞,张恬波等 | 402 |
| PO-0425 | VEN+HMA 方案治疗新诊断成人急性髓系白血病的临床回顾性研究----- | 陈梅玉,曹雅青,秦伟等 | 402 |
| PO-0426 | 一例 CRLF2::IGH 伴 PAX5::ZCCHC7 融合的儿童 ALL----- | 叶玉,蒋莉,郑珊林等 | 403 |
| PO-0427 | 伴 EBF1-PDGFRB 融合基因阳性 Ph 样急性淋巴细胞白血病----- | 陈绪佳,李鸿瑞,蒋莉等 | 404 |
| PO-0428 | APL 伴 ZBTB16::RAR α 变异型患者一例----- | 付菁菁,李鸿瑞,蒋莉等 | 404 |
| PO-0429 | 吉瑞替尼为基础的方案对复发/难治伴 FLT3-ITD 突变 AML 患者的疗效研究----- | 张剑,徐洋,薛胜利等 | 405 |
| PO-0430 | Features and prognostic significance of soluble TIM-3 and its ligands Gal-9 and CEACAM1 levels in the diagnostic bone marrows of adult acute myeloid leukemia patients----- | Zong-Yan Shi,Kai Sun,Dai-Hong Xie etc. | 405 |
| PO-0431 | 伴 MEF2D 基因重排的急性淋巴细胞白血病患者一例----- | 楚云,李鸿瑞,蒋莉等 | 406 |
| PO-0432 | 基于二代测序的 Ig 重排 MRD 检测可提前预测 儿童急性 B 淋巴细胞白血病复发及克隆演变----- | 常娇 | 406 |
| PO-0433 | Identification and Validation of Necroptosis-Related Gene Signatures to Predict Clinical Outcomes and Therapeutic Responses in Acute Myeloid Leukemia----- | xiangmei wen,zijun xu,jichun ma etc. | 407 |
| PO-0434 | 白血病患者化疗后血流感染的病原菌分布 及不良事件发生的危险因素分析和预测模型构建----- | 柳丽娟 | 408 |
| PO-0435 | CLL1 CAR-T 细胞疗法在急性髓性白血病 合并髓外浸润患者中应用的疗效和安全性分析----- | 赵一帆,白雪,郭妹婧等 | 408 |
| PO-0436 | 以风险预警模型构建为基础的 AL 白血病肛周感染风险评估预防策略----- | 孙琛,卢婷,张晓磊 | 409 |

| | | |
|---------|---|-----|
| PO-0437 | 一例伴 t(1;21;8)和 t(3;17)易位的急性髓系 白血病实验室分析 ----- 曾姗姗,李鸿瑞 蒋莉 郑珊林 付菁菁 | 409 |
| PO-0438 | 慢性白血病中医临床诊治体会 -----徐文江,乔子剑,杨淑莲等 | 410 |
| PO-0439 | 双 TKI 治疗伴有 ETV6::ABL1 的 AML 患者治疗经验分享 -----李会丹,王小蕊,杨隽 | 411 |
| PO-0440 | 中医病证结合辨治慢性白血病 ----- 徐文江,乔子剑 | 411 |
| PO-0441 | 共表达 IL-2 提高 FLT3-CAR- γ δ T 细胞 对急性髓系白血病的抗肿瘤作用 -----王晓娜,田孝鹏,游凤涛等 | 412 |
| PO-0442 | 一例 AML1/ETO 融合伴 BCR/ABL1 融合的 AML 成人患者分析 -----孙海,蒋莉,郑珊林等 | 412 |
| PO-0443 | 伴少见类型转录本的慢性髓性白血病及氟马替尼疗效特点 -----张启国,傅文静,金其川等 | 413 |
| PO-0444 | 靶向急性髓系白血病潜在新抗原 CAR-NK 细胞免疫治疗的临床前研究 ----张贝贝,黎亚洁,周一珉等 | 413 |
| PO-0445 | Flumatinib combined with chemotherapy for newly diagnosed adult with Ph-positive acute lymphoblastic leukemia: a single-center, retrospective observational study -----shuyu Han,yanan Wang,chao Liu etc. | 414 |
| PO-0446 | Pegylated liposomal doxorubicin combined with cytarabine and granulocyte colony-stimulating factor for treating newly diagnosed older and unfit acute myeloid leukemia patients: A prospective, single-center, single-arm, phase II study -----Bingqing Luo,Xiaoyan Tan,Yanfang Zhang etc. | 415 |
| PO-0447 | HDAC2-miRNA183 Epigenetic Circuit Contributes to the Growth of Philadelphia-Positive Acute Lymphoblastic Leukemia Via BCR-ABL/PTEN/AKT and c-MYC Signaling Pathways----- Shudao Xiong,Yangyang Ding | 415 |
| PO-0448 | Analysis of pre-chemotherapy platelet count, co-mutated genes and lymphocyte subsets in FLT3-mutated acute myeloid leukemia patients with normal chromosome karyotype----- Yang Chen,Jinning Shi | 416 |
| PO-0449 | POT1 基因突变对慢性淋巴细胞白血病预后 和端粒生物学功能的不良影响 -----潘必慧,张佳乐,许张娣等 | 417 |
| PO-0450 | IL-6 敲减修饰的 CD19 CAR-T 在治疗复发难治性急 B 性淋巴细胞白血病患者的安全性和有效性分析。-----马金凤,薛胜利,张海国等 | 418 |
| PO-0451 | 奥佳伊妥珠单抗治疗急性 B 淋巴细胞白血病的有效性: 一项单中心、单臂观察研究 -----刘林,王宇翔,郭涛 | 418 |
| PO-0452 | 探讨基于行为改变理论的远程营养干预 用于急性白血病化疗后患者营养状态的影响 -----涂璇 | 419 |
| PO-0453 | 真实世界中老年急性髓系白血病患者的生存分析 -----王媛媛,柳湘洁,黄丽芳 | 419 |
| PO-0454 | SLC27A2 通过脂肪酸转运在急性淋巴 细胞白血病的作用和分子机制的初步研究 -----芦丽华,李翔,吴伯衡等 | 420 |
| PO-0455 | 抑制 BRIP1 选择性杀伤 ALDH2 缺失型急性髓系 白血病细胞的合成致死机制研究 -----胡秀英,王季石 | 421 |
| PO-0456 | 伴 RUNX1::RUNX1T1 融合的急性髓系白血病 (AML) 免疫表型特点 -----岳佩琼,商芳影,马耀坤等 | 422 |
| PO-0457 | 一例骨髓移植患者的外周血染色体检测结果异常的报道 -----胡攀,袁爱芳,李鸿瑞 | 422 |
| PO-0458 | 一例伴 t(2;9;22)复杂易位的 CML-CP 白血病患者实验室分析 -----秦瑶,李鸿瑞,蒋莉 | 423 |
| PO-0459 | 一例 46,XY,add(7)(q22),t(15;17)(q24;q21)易位的 APL 患者实验室分析 -----邹庆玲,李鸿瑞,蒋莉等 | 423 |

| | | |
|---------|--|-----|
| PO-0460 | CBFβ::MYH11 and FIP1L1::PDGFRA double fusion in acute myeloid leukemia: a case report -----Liqun Yang,Cai zhu Wang,Fan Yang etc. | 424 |
| PO-0461 | 预见性护理在预防老年白血病患者合并糖尿病患者夜间突发低血糖症状的应用 ----- 康丽伟 | 425 |
| PO-0462 | 年轻急性髓系白血病（非 M3）患者的临床特征、疗效及预后分析 ----- 陈桂清 | 425 |
| PO-0463 | DHX15 基因在 AML 细胞焦亡中的调控作用及其机制 ----- 吴婉婷,王少元 | 426 |
| PO-0464 | An Immune Microenvironment Based Gene Signature with Prognostic Significance in Patients with Acute Myeloid Leukemia----- Zhixiang Chen,Shaoyuan Wang | 426 |
| PO-0465 | Identification of prognostic significance in Acute Myeloid Leukemia based on senescence-related genes----- 董毅,翟志敏 | 427 |
| PO-0466 | 贝林妥欧单抗治疗成人急性 B 淋巴细胞白血病的疗效及安全性分析 -----狐亚磊,李雨晴,王雨欣等 | 427 |
| PO-0467 | Effect of sustained measurable residue disease negativity and post-remission treatment selection on the prognosis of acute lymphoblastic leukemia in adults----- Jiechen Yu,Jian min Yang | 428 |
| PO-0468 | Clinical Significance of CEBPA bZIP In-frame Mutations in Non-M3 Acute Myeloid Leukemia Patients ----- 许晨韵,钱军 | 429 |
| PO-0469 | The effect of TIGIT and PD1 expression on T cell function and prognosis in adult patients with acute myeloid leukemia at diagnosis ----- Dai-Hong Xie,Kai Sun,Jun Wang etc. | 429 |
| PO-0470 | ELANE 基因在慢性髓系白血病中的表达及意义-----孙琼,陈莉,蒋林等 | 430 |
| PO-0471 | 多元化护理干预在急性白血病患者对预防患者感染的效果研究 ----- 王珂 | 430 |
| PO-0472 | Post-remission measurable residual disease directs the choice of treatment and improves outcomes for patients with intermediate-risk acute myeloid leukemia in CR1 ----- Lijie Han,Chen He,Mengmeng Zhang etc. | 431 |
| PO-0473 | 前 IDH 抑制剂时代 IDH 突变患者的真实世界生存情况 -----陈恩博,许飞,李岩等 | 431 |
| PO-0474 | Haploidentical transplants using low-dose ATG/PTCy as graft-versus-host disease prophylaxis may improve survival for patients ≥ 55 with hematologic malignancies----- Yannan Jia,Xianmin Song,Jun Yang etc. | 432 |
| PO-0475 | 单细胞分析揭示急性 B 淋巴细胞白血病不同疾病进程中免疫微环境的动态变化 -----梁晓杰,金志灏,卢伟祥等 | 433 |
| PO-0476 | 维奈克拉联合阿扎胞苷治疗新诊断急性髓系白血病的单中心真实世界研究 -----吴迪,陈智超,黎纬明 | 433 |
| PO-0477 | 全光谱流式细胞术单管 13 色 AML-MRD 方案的研究 -----杜雯,马斌,李娟等 | 434 |
| PO-0478 | 急性未分化白血病 1 例 -----李梦瑶,张晓红,李霄雨等 | 434 |
| PO-0479 | 急性早幼粒细胞白血病并发分化综合征 1 例 -----李梦瑶,张晓红,李霄雨等 | 435 |
| PO-0480 | 慢性淋巴细胞白血病 Richter 转化 1 例 -----李梦瑶,张晓红,李霄雨等 | 435 |
| PO-0481 | 伴 t(12;19)易位的儿童急性 B 淋巴细胞白血病一例 -----王兰兰,李鸿瑞,蒋莉等 | 436 |
| PO-0482 | 维奈克拉联合去甲基化药物及低剂量阿糖胞苷治疗复发/难治性急性髓系白血病的疗效及安全性分析 ----- 闵凯莉,郑璇,苏永锋等 | 436 |
| PO-0483 | 成人新诊断 APL 发生血栓栓塞的危险因素及预后分析 -----郝李霞,姚一帆,任娟等 | 437 |
| PO-0484 | PI3K 抑制剂对伴 DNMT3A 突变 AML 细胞的作用及机制探讨 ----- 黄桂琴,李登举 | 437 |
| PO-0485 | SLC22A3 表观沉默在急性髓系白血病治疗和预后中的意义 ----- 谷雨,徐子浚,周静东等 | 438 |
| PO-0486 | CD25 是儿童急性髓系白血病的独立不良预后因子 -----杜雯,余慧,陈鸿博等 | 439 |

| | | | |
|---------|---|---|-----|
| PO-0487 | Azacitidine combined with interferon- α for preemptive treatment of AML/MDS after allogeneic peripheral blood stem cell transplantation: a prospective phase II study ----- | Yannan Jia,Chongmei Huang,Xianmin Song etc. | 439 |
| PO-0488 | CD25 是儿童急性髓系白血病中的独立不良预后因子 ----- | 杜雯,余慧,陈鸿博等 | 440 |
| PO-0489 | 葡萄糖-6-磷酸脱氢酶对儿童急性 pre B 淋巴细胞白血病的预后预测作用及可能机制分析 ----- | 刘姗 | 440 |
| PO-0490 | Adding venetoclax or hypomethylating agents to induction chemotherapy as first-line treatment for adults with acute myeloid leukaemia: a retrospective case-cohort study.----- | Fangfei Xu,Wei Huang | 441 |
| PO-0491 | FLT3-ITD 突变在急性髓系白血病中的研究现状及临床进展 ----- | 钱军,杨倩 | 441 |
| PO-0492 | 慢性淋巴细胞白血病患者治疗前后外周血中 MDSC 和固有免疫 T 细胞含量变化及其与治疗敏感性之间的关系 ----- | 曾雪娇,曲建华 | 442 |
| PO-0493 | IL16 在急性髓系白血病发生发展中的作用及机制研究 ----- | 张恒,徐理华,黄振倩等 | 442 |
| PO-0494 | Unveiling the Distinctive Molecular, Clinical, and Prognostic Features of Infant Acute Myeloid Leukemia: an analysis study of pediatric AML datasets from the Children's Oncology Group ----- | Yu Tao,LI WEI,YU YOU | 443 |
| PO-0495 | 伴 MYC 基因重排的儿童急性淋巴细胞白血病的临床特征及预后分析 ----- | 吕惠,戚本泉,张小燕等 | 444 |
| PO-0496 | Prognostic and therapeutic implications of measurable residual disease during remission induction childhood acute lymphoblastic leukemia: results from the multi-center clinical trial (CCCG-ALL-2015) in China ----- | Weina Zhang,Jiaoyang Cai,Xiang Wang etc. | 444 |
| PO-0497 | 维奈克拉联合克拉屈滨、小剂量阿糖胞苷治疗复发/难治 Ph 阴性急性 B 淋巴细胞白血病的疗效及安全性的前瞻性、多中心、2 期临床研究 ----- | 黄斯漫,李岩岩,戴海萍等 | 445 |
| PO-0498 | A real-world analysis of pediatric acute B-lymphocytic leukemia treated with blinatumomab ----- | Xiaolan Li,Beibei Zhao,Yang Wan etc. | 446 |
| PO-0499 | 探究成人急性髓系白血病并发静脉血栓栓塞的预防护理 ----- | 陈新红 | 447 |
| PO-0500 | Wnt/ β -catenin 抑制剂联合维奈托克协同抗急性髓系白血病的作用和机制研究 ----- | 葛健,潘梦雅 | 447 |
| PO-0501 | 通过 G 蛋白偶联受体 (GPCR) 相关基因分析急性髓系白血病的预后特征和治疗特异性靶点 ----- | 张小平,陈文兰,陈雪星等 | 448 |
| PO-0502 | 贝林妥欧单抗治疗儿童难治/复发性 B 系急性淋巴细胞白血病的临床研究 ----- | 孙鸣,熊昊,唐素洁等 | 449 |
| PO-0503 | Network pharmacology and validation experiments reveal cryptotanshinone inhibits acute myeloid leukemia progression by activating endoplasmic reticulum stress ----- | Jie Wei,Rong rong Liu | 449 |
| PO-0504 | A telomere-related gene risk model for predicting prognosis and treatment response in acute myeloid leukemia ----- | Liping Wan,Huizhong Shi,Yusong Huang etc. | 450 |
| PO-0505 | 槐耳联合 TKI 对慢性髓系白血病细胞 K562 的作用研究 ----- | 陈怡琳,黎纬明 | 451 |
| PO-0506 | 不同预后分层的初诊急性早幼粒细胞白血病临床生物学特征研究 ----- | 程薇,李威,李翌博等 | 451 |
| PO-0507 | 急性未分化型白血病的免疫表型、分子及染色体核型特征分析 ----- | 程薇,朱尊民,窦蕊等 | 452 |
| PO-0508 | Genomic Mutation Patterns and Prognostic Value in De Novo and Secondary Acute Myeloid Leukemia: A Multicenter Study from China ----- | Xi Dou,Li Wang | 452 |
| PO-0509 | 以颅内出血为首发及复发症状的儿童急性早幼粒细胞白血病一例并文献复习 ----- | 夏忆,周敏 | 453 |
| PO-0510 | 儿童急性髓系白血病基因突变特征及不同诊断标准下的预后差异 ----- | 张然然 | 453 |
| PO-0511 | 高三尖酯碱提高 VA 方案治疗复发难治 AML-M4/M5 的疗效 ----- | 余国攀,陈意珊,尹昭等 | 454 |

| | | | |
|---------|--|--|-----|
| PO-0512 | 免疫荧光法定量检测 BCL-2、BCL-xL 及 MCL-1 表达 预测 VEN-based 方案治疗 AML 的疗效----- | 聂夏琪,尹昭,姚足容等 | 455 |
| PO-0513 | Venetoclax added to CLAG regimen improves the outcome of patients with relapsed/refractory acute myeloid leukemia----- | Guopan Yu,Yu Zhang,Zhao Yin etc. | 455 |
| PO-0514 | 急性白血病患者合并血流感染临床特点及影响患者预后的危险因素分析摘要----- | 刘蜀蓉 | 456 |
| PO-0515 | Activation of c-Myc confers resistance to venetoclax via inhibition of the transcription of Bim in t(8;21)-positive acute myeloid leukemia----- | Zhao Yin,Zurong Yao,Ya Gao etc. | 457 |
| PO-0516 | 111 例急性 B 淋巴细胞白血病融合基因特征分析----- | 陈钦,杨利群,何秋蓉等 | 457 |
| PO-0517 | 儿童急性髓系白血病不同诱导治疗方案的比较----- | 张傲利,宗苏玉,刘立鹏等 | 458 |
| PO-0518 | NUP98 融合基因阳性儿童急性髓系白血病的特征及预后----- | 张傲利,宗苏玉,刘立鹏等 | 459 |
| PO-0519 | Blockade of TIGAR Prevents CD8+ T Cell Dysfunction and Elicits Anti-AML Immunity----- | Qian Sun,Jialin Cui,Wenjie Liu etc. | 459 |
| PO-0520 | 复方浙贝颗粒基于 MDM2/p53 通路调节 MHC-II 逆转白血病多药耐药机制研究----- | 杨茜茹,李光达,张雅月等 | 460 |
| PO-0521 | 基于“赋能教育模式”对急性髓系白血病化疗患者 护理方案的构建及应用----- | 史丽君 | 461 |
| PO-0522 | RNA-Seq 助力 APL 中 RARA 新融合伴侣的发掘----- | 孙小娇,杨晓潼,徐海霞等 | 461 |
| PO-0523 | Comparable Efficacy and Safety of Generic and Branded Imatinib for Patients with Chronic Myeloid Leukemia in China----- | Fang Cheng,Weiming Li | 462 |
| PO-0524 | 分子核型(WGS)在血液肿瘤中的临床应用价值----- | 李小青,贺艳丽,陈祥俊等 | 462 |
| PO-0525 | WT1 基因表达量在 AML 患者 MRD 监测中的意义----- | 王芳,孙黎 | 463 |
| PO-0526 | LNA 结合 qPCR 方法用于 KIT 基因 D816V 突变检测----- | 王芳,孙黎 | 463 |
| PO-0527 | 核心结合因子阳性急性髓系白血病患者 接受不同化疗方案的预后特征分析----- | 张陆阳,阮敏,易美慧等 | 464 |
| PO-0528 | scRNA-seq 在 CAR-T 细胞治疗白血病/淋巴瘤中的应用----- | 董天慧,程宇,刘建勇等 | 465 |
| PO-0529 | 慢性粒单核细胞白血病中 SRSF2 基因突变分析----- | 晁红颖 | 465 |
| PO-0530 | The impact of obesity and its related underlying diseases on cytokine release syndrome and the efficacy of CAR-T therapy in treating B-cell malignancies----- | Mengyi Du,Heng Mei | 466 |
| PO-0531 | Single-cell profiling of IFITM1 up-regulation in Cytokine Release Syndrome After CAR-T-Cell Therapy----- | Mengyi Du,Heng Mei | 466 |
| PO-0532 | Enhanced antileukemia efficacy of costimulatory molecule gene-modified leukemia-derived exosome-targeted dendritic cells----- | 张涤凡 | 467 |
| PO-0533 | 慢性粒单核细胞白血病候选分子标记的筛选及鉴定----- | 晁红颖 | 468 |
| PO-0534 | 中国人群白血病患者融合基因类型特点分析----- | 王芳,孙黎 | 468 |
| PO-0535 | 骨髓增生异常综合征 PTPN11 基因突变的特征及预后意义----- | 晁红颖 | 469 |
| PO-0536 | 数字 PCR 检测儿童急性淋巴细胞白血病微小残留病的临床研究----- | 林硕,王凝,吕惠等 | 469 |
| PO-0537 | Efficacy and Safety of Flumatinib in Ph-Positive B-Cell Acute Lymphocytic Leukemia Patients with Insensitivity or Intolerance to Dasatinib after Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation: Two Case Reports----- | Kexin Chen,Shan Zhang,Guangcui He etc. | 470 |
| PO-0538 | ALKBH5 通过调控 PLK2 在 CML 中的作用及机制研究----- | 陈怡琳,边志磊 | 470 |

| | | | |
|---------|---|---|-----|
| PO-0539 | BM-MSCs 刺激白血病细胞过表达干扰素诱导蛋白 6 促进 ALL 病程进展的机理研究 ----- | 潘成云,郑琳,王季石 | 471 |
| PO-0540 | Venetoclax 联合阿扎胞苷治疗 急性髓系白血病移植后复发的髓系肉瘤 1 例 ----- | 宋红转,林婷,张思焱等 | 471 |
| PO-0541 | 基于二代全转录组测序技术探究 CML 加速期患者 骨髓组织中 RNA 的差异表达及功能注释分析 ----- | 杨幕 | 472 |
| PO-0542 | Impact of T-cell subsets on CD19 CAR-T efficacy in relapsed /refractory and measurable residual disease-positive B-ALL patients ----- | zhihuan Yang,huijun wang,shuning wei etc. | 473 |
| PO-0543 | Gpx4 蛋白对慢性粒细胞白血病小鼠模型中 白血病干细胞自我更新能力的影响 ----- | 聂鼎睿,姜中兴,刘琳等 | 474 |
| PO-0544 | 基于二代全转录组测序技术探究 CML 进展期患者 骨髓组织中 RNA 的差异表达及功能注释分析 ----- | 杨幕,郭鹏翔 | 474 |
| PO-0545 | 双硫仑抗 Ph+白血病作用的研究 ----- | 聂鼎睿,姜中兴,刘琳等 | 475 |
| PO-0546 | Gilteritinib Versus Salvage Chemotherapy in Mainly Asian Patients With Relapsed/Refractory FLT3-Mutated Acute Myeloid Leukemia: Regional sub-analysis of COMMODORE in China, South-East Asia, and Russia ----- | Benfa Gong,Jianxiang Wang,Bin Jiang etc. | 476 |
| PO-0547 | 靶向 R 通过激活 GRP78-ATF6-CHOP 通路 及 Mitophagy 增强 AML 对 FLT3 抑制剂的敏感性 ----- | 孙晓凡,杜鹃,曾辉 | 477 |
| PO-0548 | A Non-Interventional Cohort Study Investigating the Clonal Evolution of FMS-like Tyrosine Kinase 3 Mutations During Disease Progression in Patients with Acute Myeloid Leukemia: Second Interim Results ----- | Suning Chen,Cristina Papayannidis,Irina Amitai etc. | 478 |
| PO-0549 | NGS 与 Sanger 测序技术在 BCR::ABL1 激酶区耐药 突变检测中的应用比较 ----- | 王萍萍,孙小娇,徐海霞等 | 479 |
| PO-0550 | 二代测序在 FLT3-ITD 多样性位点分析中的探究 ----- | 聂杨,孙小娇,徐海霞等 | 479 |
| PO-0551 | Association between chemotherapy for nonmetastatic breast cancer and risk of secondary hematologic malignancies ----- | Wenjing Lang,Jian Hou | 480 |
| PO-0552 | 急性髓系白血病 FLT3-ITD 突变研究 ----- | 聂杨,孙小娇,徐海霞等 | 480 |
| PO-0553 | 基于公共数据库的白血病预后基因鉴定与功能分析 ----- | 董楷 | 481 |
| PO-0554 | CD56+急性髓系白血病合并噬血细胞综合征 1 例并文献复习 ----- | 付娴婕,刘传才,吴耀辉等 | 482 |
| PO-0555 | 多参数流式联合微滴式数字 PCR 监测多基因 MRD 预测急性髓系白血病患者复发风险: 单中心数据 ----- | 叶少杰,郭慧梅,徐建梅等 | 482 |
| PO-0556 | 靶向 T 通过激活内质网应激及 R 介导的内质网-线粒体 互作增强 AML 对 Venetoclax 的敏感性 ----- | 李悦,杜鹃,曾辉 | 483 |
| PO-0557 | 基于数据库挖掘 miR-17 家族成员在 AML 患者预后评估中的联合作用 ----- | 曹阳,刘月,刘佳宇等 | 483 |
| PO-0558 | PACMA31, a covalent and irreversible enzyme inhibitors, for the treatment of Acute myeloid leukemia. ----- | Li Lin,敬宇 张 | 484 |
| PO-0559 | Early Detection of Molecular Residual Disease and Risk Stratification for Children with Acute Myeloid Leukemia via Circulating Tumor DNA ----- | Lipeng Liu,Min Ruan,Xiaofan Zhu | 484 |

| | | | |
|---------|---|--|-----|
| PO-0560 | Case Report: Different Response to Methylprednisolone and Dexamethasone in a Case of Primary Acute Mast Cell Leukemia----- | Zhiping Guo | 485 |
| PO-0561 | Response to Combination of Venetoclax and Gilteritinib in Four Patients with Relapsed/Refractory Acute Myeloid Leukemia/myelodysplastic neoplasms without FLT3 Mutations ----- | Zhiping Guo | 485 |
| PO-0562 | 靶向 S100A8: S100A9 基因有效抑制 DNMT3A 突变 AML 细胞活性 ----- | 蔡晓亚,黄桂琴,李登举 | 486 |
| PO-0563 | ICC 诊断标准下维奈克拉联合去甲基化药物与传统化疗方案 治疗急性髓系白血病伴骨髓增生异常相关改变患者的疗效比较 ----- | 万超玲,薛胜利,刘芳彤等 | 487 |
| PO-0564 | 携带 TLR2 共刺激信号的第三代 CAR-T 细胞治疗 中枢神经系统白血病/淋巴瘤的安全性及疗效分析 ----- | 何柏林,林韧,许娜等 | 487 |
| PO-0565 | 基于 2022 年 ELN 急性髓系白血病诊治指南的更新: 不同诱导及巩固方案 对 60 岁以下成人急性髓系白血病患者生存和预后影响分析 ----- | 汪小钰,郑昌成 | 488 |
| PO-0566 | 92 例儿童急性髓系白血病预后因素分析 ----- | 高吉照,王文鹏,潘俞凤等 | 489 |
| PO-0567 | 急性淋巴细胞白血病儿童的分子生物学特点及预后分析 ----- | 高吉照 | 489 |
| PO-0568 | 基因突变、染色体核型和融合基因对儿童急性髓系白血病预后的影响 ----- | 高吉照,王文鹏,潘俞凤等 | 490 |
| PO-0569 | 儿童急性 B 淋巴细胞白血病预后因素分析 ----- | 高吉照,韩德祥 | 491 |
| PO-0570 | D19 MRD 与儿童 B-ALL 预后关系及分子生物学/细胞遗传学对 D19 MRD 的影响 ----- | 高吉照 | 491 |
| PO-0571 | 个体化健康教育在急性白血病护理中的有效应用分析 ----- | 惠晓培 | 492 |
| PO-0572 | 低剂量维奈克拉联合 CHG 预激方案治疗 不适合强烈化疗 AML 和高危 MDS 的近期疗效研究 ----- | 杨玉泽,周梅,许亚茹等 | 492 |
| PO-0573 | IM 药物代谢转运相关基因 SNP 与 CML 患者严重血液学不良反应相关 ----- | 周汶静,王念,林立等 | 493 |
| PO-0574 | 抑制溶酶体离子通道 CLN7 诱导髓系白血病细胞凋亡 ----- | 邬苗苗 | 493 |
| PO-0575 | IDH1/2 突变的急性髓系白血病患者临床特征及预后 ----- | 杨琬芳 | 494 |
| PO-0576 | NSUN2-FOSB reciprocity enhances leukemogenesis by regulating ribosome biogenesis and mitochondrial dysfunction in acute myeloid leukemia----- | Shenmeng Gao,Bin Zhou,Yigang Yuan etc. | 494 |
| PO-0577 | Selinexor synergistically promotes the antileukemia activity of venetoclax in acute myeloid leukemia by inhibiting glycolytic function and downregulating the expression of DNA replication genes ----- | Changcheng Zheng,Jiqian Jiang | 495 |
| PO-0578 | 伴罕见 BCR::ABL1 融合基因的 CML 患者的临床和实验室特征 ----- | 聂彦博,刘丽颖,王嫣等 | 496 |
| PO-0579 | 吉瑞替尼联合化疗治疗新诊断的 FLT3 突变急性髓系白血病 及不同化疗方案的疗效比较 ----- | 李雪瑶,童秀珍,苏畅等 | 496 |
| PO-0580 | 儿童亚二倍体核型前体 B 细胞 急性淋巴细胞白血病的临床特征及预后分析 ----- | 郑湧智,翁开枝,温红等 | 497 |
| PO-0581 | 儿童急性淋巴细胞白血病的治疗失败相关因素分析 ——福建省多中心真实世界数据分析 ----- | 郑湧智,温红,翁开枝等 | 498 |
| PO-0582 | 伴 IKZF1 缺失性突变儿童急性淋巴细胞白血病中 在两种治疗策略中的预后分析 ----- | 郑湧智,翁开枝,郭碧赞等 | 498 |
| PO-0583 | Blockade of PD-1 and TIM-3 ameliorates CD8+ T cell exhaustion in a mouse model of chronic myeloid leukemia----- | Ting Jin,Fei Gao,Li Wang | 499 |
| PO-0584 | 急性早幼粒细胞白血病细胞形态分类体系及其与实验室检查 和 FLT3-ITD 突变的相关性分析 ----- | 何婉婷,陈佳琦,任雨悦等 | 499 |

| | | | |
|---------|---|--|-----|
| PO-0585 | 源于基因突变检测选择 Azacitidine+ Venetoclax +Chidamide 成功诱导缓解 2 例老年 AML ----- | 陈美薇,应晓杨 | 500 |
| PO-0586 | 减低剂量酪氨酸激酶抑制剂对 CML 患者分子缓解的影响 ----- | 李燕,邝璞,朱焕玲等 | 501 |
| PO-0587 | CD38 单抗联合化疗治疗复发/难治性 ph+急性 B 淋巴细胞白血病一例 ----- | 张霞,谢新生,王芳等 | 501 |
| PO-0588 | IDH1-R132Q mutation inhibits ferroptosis in T-cell acute lymphoblastic leukemia by up-regulating HSPA5 and stabilizing GPX4----- | Yonghua Liu | 502 |
| PO-0589 | 乳酸化修饰的 MCL-1 通过液-液相分离调节急性髓系 白血病细胞凋亡的机制研究 ----- | 孙涛,李明颖,叶静静等 | 502 |
| PO-0590 | T 淋巴母细胞淋巴瘤自体造血干细胞移植后继发 双特征性染色体 AML 1 例并遗传学分析 ----- | 傅媛媛,晏蓉,丁兀兀等 | 503 |
| PO-0591 | 氟马替尼联合地西他滨、维奈克拉诱导 治疗慢性髓系白血病急髓变 1 例 ----- | 郑方,刘春梅,周敬春等 | 503 |
| PO-0592 | 基于生物信息学数据分析 CXCL14 在 AML 中的表达及其临床意义 ----- | 程薇 | 504 |
| PO-0593 | 老年初诊 AML 患者接受 CAG 联合维奈克拉诱导 治疗的疗效和耐受性: 一项单中心经验 ----- | 孙梅,谢晓艳,何斌等 | 504 |
| PO-0594 | 慢性淋巴细胞白血病合并慢性粒细胞白血病及多系统实体肿瘤 1 例 ----- | 周刚,孙洪波,杨利群 | 505 |
| PO-0595 | M6A RNA MODIFICATION INITIATED BY METTL3 PROMOTES FOXO3 EXPRESSION TO INDUCE ANTHRACYCLINE RESISTANCE IN ACUTE MYELOID LEUKEMIA CELLS----- | Xiawei Zhang,Jingjing Yang,Liping Dou etc. | 505 |
| PO-0596 | 个体化健康教育在急性白血病护理中的应用效果及对护理满意度的影响 ----- | 任蒙蒙 | 506 |
| PO-0597 | 白血病化疗用预防性护理联合情绪疗法在自我效能、感染发生率应用效果评价 ----- | 邢伟 | 507 |
| PO-0598 | 基于蛋白质及磷酸化蛋白质组学的 CML 患者 TKI 疗效 预测标志物筛选及机制初探 ----- | 叶远馨,周文静,王念等 | 507 |
| PO-0599 | VAH 三药联合方案治疗急性髓系白血病的近期疗效和安全性的多中心回顾性分析米瑞华,陈琳,王琳等 | | 508 |
| PO-0600 | Safety and efficacy of low-dose venetoclax plus voriconazole in patients with acute myeloid leukemia unfit for intensive chemotherapy ----- | zhangbiao long,Xinyao Liu,Min Ruan etc. | 508 |
| PO-0601 | 急性髓系白血病患者 FAB 分型、年龄、性别与季节因素相关性分析 ----- | 万星煜,陶廷露,张静等 | 509 |
| PO-0602 | 在慢性髓性白血病慢性期患者中 达到主要分子反应后的伊马替尼减量研究。 ----- | 李宗儒,张小帅,赵祎婧等 | 510 |
| PO-0603 | PWWP2B 通过 UHRF1-BTG2 轴促进 AML1-ETO 阳性 AML 发生发展 ----- | 陈瑶,范会涛 | 510 |
| PO-0604 | 奥雷巴替尼联合化疗治疗伴高危遗传学改变 并发生 T315I 突变的 Ph 阳性急性淋巴细胞白血病 3 例并文献复习 ----- | 吴修进,余霞,姜薇等 | 511 |
| PO-0605 | 分析溶酶体基因对急性髓系白血病预后和免疫微环境影响 ----- | 李建植,李娟 | 511 |
| PO-0606 | 维奈克拉联合去甲基化药物治疗急性髓系 白血病的疗效及安全性分析 ----- | 热则耶·米吉提,童秀珍,周振海等 | 512 |
| PO-0607 | 儿童前体 B 细胞急性淋巴细胞白血病化疗后合并抗 DPPX 抗体相关脑炎 1 例 ----- | 郑湧智,郑浩 | 512 |
| PO-0608 | Venetoclax 增强 NK 细胞抗急性髓系白血病活性及其作用机制研究 ----- | 郑昌成,汪焱 | 513 |
| PO-0609 | 急性髓系白血病基因突变特点及其对预后的影响 ----- | 周迪,杨永公,欧阳建等 | 514 |
| PO-0610 | 护理干预对成人白血病鞘内注射治疗穿刺疼痛的应用效果。 ----- | 彭娟 | 514 |
| PO-0611 | MLL 基因重排急性髓系白血病转录组学特点 ----- | 周迪,杨永公,欧阳建等 | 515 |
| PO-0612 | 可溶性 CD40 配体通过长链非编码 RNA01234 影响 HL-60 细胞的生物学功能 ----- | 封忠昕 | 515 |

| | | | |
|---------|--|--|-----|
| PO-0613 | 儿童样方案可以减少成人急性淋巴细胞白血病的中枢复发 ----- | 梁海梅,周红升 | 516 |
| PO-0614 | CEBPA 基因突变特征及对 AML 预后的影响 ----- | 邬成业,李玉龙,董晓燕等 | 516 |
| PO-0615 | 急性早幼粒细胞白血病继发骨髓纤维化 1 例 ----- | 叶少杰,柳嘉,王静等 | 517 |
| PO-0616 | 血清 γ -谷氨酰转肽酶/白蛋白比值 (GAR): 急性髓系白血病预后评估的新视角 ----- | 宋敏,孙晓嫚,王鹏宇等 | 517 |
| PO-0617 | 慢性髓性白血病患者不同危险分层系统对预后预警效能的分析比较 ----- | 刘嘉榆,郝思国 | 518 |
| PO-0618 | Inhibition of CD38 enzymatic activity enhances CAR-T cell immunotherapeutic functions through CD38/cADPR/Ca ²⁺ axis and CD38/NAD ⁺ /SIRT1 signal ----- | Yue Huang,He Huang | 518 |
| PO-0619 | DCAG 方案联合脐血微移植治疗初诊老年急性髓系白血病 ----- | 洪鸣,刘文洁,孙倩等 | 519 |
| PO-0620 | 1 例达沙替尼治疗 Y253H 阳性慢性粒细胞性白血病致体液储留的护理体会 ----- | 姚培芬 | 520 |
| PO-0621 | mRNA-Laden Lipid-Nanoparticles-Enabled CAR-T Cells Engineering for the eradication of leukemic cells ----- | Zhaozhao Chen,Yu Hu,Heng Mei | 521 |
| PO-0622 | 接受含有维奈克拉方案治疗失败的急性髓系白血病患者 临床特征——一项单中心的回顾研究 ----- | 李霄雨,湛颖,张晓蕾等 | 521 |
| PO-0623 | BCAT1 介导支链氨基酸代谢重编程促进 儿童 AML 化疗抵抗的机制和功能研究 ----- | 雷奕辰,刘爱国 | 522 |
| PO-0624 | 氟马替尼治疗伴 ABL1 激酶 P-Loop 区 G250E 突变的慢性髓性白血病 2 例并文献复习 ----- | 宋斌,陈雁,张霞等 | 523 |
| PO-0625 | Efficacy and safety of maintenance therapy with azacitidine for AML and MDS ----- | Wensi Qian,Yanhui Xie,Lihua Sun etc. | 523 |
| PO-0626 | 真实世界中维奈克拉联合方案治疗 unfit-急性髓系白血病的回顾性分析 ----- | 岳婷,秦雪梅,袁成录等 | 524 |
| PO-0627 | NUP98 融合蛋白在髓系肿瘤中的临床特征和分子机制探索 ----- | 向昕蓉,吴俣,赵磊 | 524 |
| PO-0628 | 多参数流式细胞术动态监测老年急性髓系 白血病微小残留病灶的临床预后分析研究 ----- | 孙悦,钟华 | 525 |
| PO-0629 | HO-1 通过糖酵解代谢途径影响急性髓系白血病的耐药机制研究 ----- | 成冰清 | 525 |
| PO-0630 | Integrative single-cell Analysis of Longitudinal t(8;21) AML Reveals Heterogeneous Immune Cell Infiltration and Prognostic Signatures ----- | Xueping Li,Lu Jiang | 526 |
| PO-0631 | ETV6::RUNX1 探针筛查 532 例儿童急性 B 淋巴细胞白血病中 21 号染色体内部扩增(iAMP21) 的遗传学特征分析 ----- | 邓胜,程振、李永玲等 | 527 |
| PO-0632 | Large-Scale Screens Identify a 19-Gene mitochondrial Score for Improved Risk Assessment in Adults and Children Acute Myeloid Leukemia ----- | Yijing Zhao | 527 |
| PO-0633 | Metabolic Pathways and Chemotherapy Resistance in AML: Insights into ECHDC3 as a Potential Biomarker and Therapeutic Target ----- | Yijing Zhao,Hanfei Guo,Liting Niu etc. | 528 |
| PO-0634 | 慢性髓性白血病患者停用酪氨酸激酶抑制剂后 停药综合征和心理问题的研究 ----- | 原梦瑶,李宗儒,张小帅等 | 529 |
| PO-0635 | Ninjurin2 在急性 T 淋巴白血病中的表达 及对白血病干细胞自我更新维持作用机制研究 ----- | 陈红霞,吕敬龙,杨毅等 | 529 |
| PO-0636 | 1 例慢性粒细胞白血病急髓变伴 t(7;8)(q32;q13) 病例分享 ----- | 王显凤,邵萌,方志平等 | 530 |
| PO-0637 | 骨髓嵌合度检测对急性白血病患者复发及生存的预测价值 ----- | 黄丽芳,李春峰,孟凡凯等 | 530 |
| PO-0638 | 急性髓系白血病中不良预后风险因素预测 ----- | 黄娅丽 | 531 |
| PO-0639 | 不同 SF3B1 突变类型对血液恶性肿瘤患者的预后分析 ----- | 金慧敏,吴雨洁,朱雨等 | 531 |

| | | |
|---------|---|-----|
| PO-0640 | 一线治疗策略对骨髓增生异常相关急性髓系白血病患者预后的影响 -----何冬花,金钿,孟心宜等 | 532 |
| PO-0641 | 二硒桥联介孔硅纳米材料通过 p38 MAPK 信号通路 增强柔红霉素对 AML 细胞的杀伤作用-----李冬贝,程诚,崔玉等 | 532 |
| PO-0642 | 741 例华南地区儿童急性髓细胞白血病分子分型的特征及其疗效分析 --华南儿童 AML 协作组临床研究-----郑湧智,李健,麦惠容等 | 533 |
| PO-0643 | 儿童急性巨核细胞白血病的临床特征及预后分析 --华南儿童 AML 协作组临床研究-----陈以乔,冯晓勤,李春富等 | 534 |
| PO-0644 | ST2 与急性移植物抗宿主病的研究进展 -----吴涛,刘洋,刘文慧 | 535 |
| PO-0645 | PI3K δ 过度活化综合征治疗进展-----吴涛,刘文慧 | 535 |
| PO-0646 | FLT3 mediates the crosstalk between NOTCH and WNT/ β -catenin signaling in AML-----Dan Li,Tongjuan Li,Jue Wang etc. | 535 |
| PO-0647 | 基于二代测序技术分析急性髓系白血病患者 基因突变分布特征及预后影响 -----李芸芸,吴涛,张安安等 | 536 |
| PO-0648 | 骨髓活检在急性白血病患者移植后复发中的诊断价值 -----何苗 | 536 |
| PO-0649 | CD56、CD64 双表达急性髓系白血病的临床特征及预后分析 -----宋斌,常娟,陈雁等 | 537 |
| PO-0650 | 维奈克拉联合小剂量皮下地西他滨治疗复发难治 AML 一例-----常璐阳 | 537 |
| PO-0651 | Tigit: 它会成为下一个像 PD-1 一样的明星治疗靶点吗? -----刘洋 | 538 |
| PO-0652 | 异基因造血干细胞移植治疗 CSF3R 基因突变急性髓系白血病 M2 型一例并文献复习 -----刘洋 | 538 |
| PO-0653 | MLL 部分串联重复 (MLL-PTD) 在急性淋巴细胞白血病中的特征及预后分析 -----李亚飞,李涛,张舒 | 539 |
| PO-0654 | 新型 METTL3 抑制剂联合维奈克拉协同杀伤急性髓系白血病细胞 -----焦长青,葛健 | 539 |
| PO-0655 | High expression of GPX1 serves as an unfavorable prognostic biomarker in acute myeloid leukemia-----Yangjing Zhao,Yue You,Yan Pan etc. | 540 |
| PO-0656 | 急性髓系白血病患者化疗后血小板减少的 rhTPO 的疗效 分析及恢复预测模型构建 -----焦长青,崔建玲,葛健 | 541 |
| PO-0657 | Potential value of immunogenic cell death related-genes in refining European LeukemiaNet guidelines classification and predicting the immune infiltration landscape in acute myeloid leukemia ----- Changqing Jiao,Jian Ge | 542 |
| PO-0658 | 双表观多靶点方案治疗高危 T-ALL 的疗效及安全性研究-----郑博月,李慧 | 542 |
| PO-0659 | Adverse events (AEs) of immunotherapy versus conventional chemotherapy in the treatment of relapsed or refractory Precursor B-Cell Acute Lymphoblastic Leukemia: a systematic review and meta-analysis ----- Jiyi Fu,Boyue Zheng,Jiafei Wu etc. | 543 |
| PO-0660 | PD1 联合阿扎胞苷及维奈克拉用于高危 MDS 及 AML 患者疗效显著-----赵苗苗,张敏 | 544 |
| PO-0661 | 一例急性淋巴细胞白血病患者行异基因造血干细胞移植不明原因反复发热的护理 -----赵梦妍 | 544 |
| PO-0662 | YTHDC1 is a therapeutic target for B-cell acute lymphoblastic leukemia by attenuating DNA damage response through the KMT2C-H3K4me1/me3 epigenetic axis ----- Xinxin Li,Minhua Zheng,Shoubao Ma etc. | 545 |
| PO-0663 | 新发现的融合基因 PTPRC-CYRIB 在 T-ALL 中致耐药机制研究 -----李昕迪,尹乐,王志华等 | 546 |
| PO-0664 | 91 种炎症蛋白与急性髓系白血病全基因组测序的关联分析 -----安慧慧,吴涛,李芸芸 | 546 |
| PO-0665 | 骨髓增生异常综合征演变为伴 Ph+急性髓系白血病 1 例并文献复习 -----高铭敏,吴涛,刘文慧 | 547 |
| PO-0666 | 维奈克拉联合 CACAG 方案治疗难治/复发急性髓系 白血病的前瞻性单臂研究与历史对照 CDCAG 方案的对比研究 -----刘青阳,窦立萍 | 547 |

| | | |
|---------|---|-----|
| PO-0667 | Overexpression and clinical significance of PBX3 in acute myeloid leukemia-----Yangjing Zhao,Yue You,Jiixin Xu etc. | 548 |
| PO-0668 | 个体化健康教育在急性白血病护理中的应用价值分析 ----- 陈雪 | 549 |
| PO-0669 | 慢性髓系白血病患者不规范治疗情况及其治疗反应与结局 ----- 宝梅,江倩 | 549 |
| PO-0670 | 慢性髓系白血病急髓变患者接受第三代酪氨酸激酶抑制剂联合 阿扎胞苷治疗生物标志物探索性研究 -----宝梅,张小帅,王想等 | 550 |
| PO-0671 | Altered bile acid metabolomics at engraftment was associated with aGVHD occurrence ----- Lijie Han,Sun Xianlei,Kong Jingjing etc. | 550 |
| PO-0672 | T 细胞耗竭与白血病免疫疗法----- 周华蓉,庞燕昌 | 551 |
| PO-0673 | 一名丙肝感染供者在骨髓移植中的成功案例 -----郭宏伟,梁昌玖,董敏 | 552 |
| PO-0674 | 一例 AML 使用常规剂量阿糖胞苷导致急性呼吸困难病例报道-----卢聪,江慧雯,吴耀辉等 | 552 |
| PO-0675 | 可检测残留病 (MRD) 复发急性髓系白血病结局分析 ----- 宫本法,魏辉,王建祥 | 553 |
| PO-0676 | Identification of ELOVL6 as a Causal Factor and Potential Therapeutic Target for Acute Myeloid Leukemia -----Linhui Hu,Zhenjinag Li,Qingming Wang etc. | 553 |
| PO-0677 | 慢性髓系白血病患者的酪氨酸激酶抑制剂治疗模式 -----原梦瑶,张小帅,江倩 | 554 |
| PO-0678 | High Cumulative Exposure of Asparaginase may Bridge Chemotherapy and Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation as The Total Therapy in Treating Adult Acute Lymphoblastic Leukemia: A Ambispective Cohort Study----- junjie chen,Zhixiang Wang,Xuan Zhou etc. | 554 |
| PO-0679 | Overexpression and oncogenic role of RIPK3 in acute myeloid leukemia associated with specific subtypes and treatment outcome----- Yun Wang,Jingdong Zhou,Jun Qian | 555 |
| PO-0680 | 奥希替尼抗 T 细胞急性淋巴细胞白血病的效应及机制研究 -----徐茹霜,徐双年,曾东风等 | 556 |
| PO-0681 | 智能握力训练器在血液肿瘤 PICC 置管患者握力锻炼中的应用----- 喻新容 | 556 |
| PO-0682 | 伊曲康唑通过 TP53INP1 诱导急性髓系白血病细胞铁死亡 ----- 齐燕,韩昌浩,林毅漳等 | 557 |
| PO-0683 | 西达本胺联合化疗在 JAK-STAT 通路改变的费城染色体样急性淋巴细胞 白血病中的应用: 一项开放标签、单臂、II 期临床试验 -----黄子聪,蔡梓红,王治香等 | 557 |
| PO-0684 | 大颗粒淋巴细胞白血病诊断进展 ----- 林旻雯,钱军 | 558 |
| PO-0685 | 儿童 T 系急性淋巴细胞白血病单中心 10 年随访研究 -----朱嘉蔚,王丹,孙兴华等 | 558 |
| PO-0686 | 造血干细胞移植治疗一例急性髓系白血病 转化的急性 T 淋巴细胞白血病并文献复习 ----- 王萌,李秋洁 | 559 |
| PO-0687 | 通过一例造血干细胞移植后消化道出血的病例 达到学习如何护理消化道出血患者的目的 ----- 李芙蓉 | 560 |
| PO-0688 | 成人急性淋巴细胞白血病伴 FLT3 突变的预后分析 ----- 丁园艺 | 560 |
| PO-0689 | T-ALL: Pathogenetic Mechanisms and Molecular-targeting Therapeutic Approaches----- Tianci Wang | 561 |
| PO-0690 | XPO1 在急性 B 淋巴细胞白血病的预后意义及靶向治疗机制研究----- 邓诗雨,区家旺,黄子聪等 | 561 |
| PO-0691 | 优质护理对白血病化疗患者的预后分析 ----- 刘永静 | 562 |
| PO-0692 | “互联网+” 微信随访模式在白血病患者营养管理中的应用效果研究----- 肖韶连,兰大华 | 562 |
| PO-0693 | 熊果酸联合维奈克拉治疗急性髓系白血病的作用及其机制研究 ----- 李贺,陈智超 | 563 |
| PO-0694 | 急性白血病患者血清 CMTM6、CCN1 表达与临床疗效、预后的关系研究 ----- 杨志楠 | 564 |
| PO-0695 | Donor-derived CD7 chimeric antigen receptor T cells for T-cell polymphocytic leukemia: A case report-----Sihan Lai,Yi Su,Yanrong Shuai etc. | 564 |

| | | | |
|---------|---|---|-----|
| PO-0696 | Advances in drug resistance of leukemia BCL-2 inhibitor——Venetoclax----- | Mintian Ju,Jun Qian | 565 |
| PO-0697 | KDM6A 缺失白血病的靶向治疗及机制研究 ----- | 杨紫萱,张琪,刘玉 | 566 |
| PO-0698 | Tucidinostat plus pediatric-inspired chemotherapy as first-line therapy for newly diagnosed ETP-ALL/LBL: an open-label, single-arm, phase 2 trial ----- | Jieping Lin,Zicong Huang,Liyu Yang etc. | 566 |
| PO-0699 | 一体化纳米载体对 AML 细胞的靶向药物递送和药效定量同步评估----- | 艾思阳,刘四喜 | 567 |
| PO-0700 | 半量 CAG 方案联合地西他滨治疗高龄初诊急性髓系白血病患者的疗效分析 ----- | 段菲菲,刘峥嵘 | 568 |
| PO-0701 | nHO-1 通过调控乳酸代谢影响 NK 细胞功能的作用机制研究 ----- | 陈莹 | 568 |
| PO-0702 | 复发急性早幼粒细胞白血病中鉴定 PML::RARA 融合基因 p.G391E 突变 ----- | 王廷萱,苏湛,于伟等 | 569 |
| PO-0703 | 一线伊马替尼治疗下影响 MR4.5 获得的因素分析 ----- | 张鑫璐,黄健 | 569 |
| PO-0704 | 应用二代酪氨酸激酶抑制剂的慢性髓性白血病患者健康相关生活质量影响因素分析 ----- | 刘春水,李汶倬,王兴彤等 | 570 |
| PO-0705 | 12 例急性髓系白血病伴 t(7;11)(p15;p15)/NUP98::HOXA9 报告并文献复习 ----- | 王晓英,程建超,黄晓丽等 | 570 |
| PO-0706 | 含低剂量全身放疗 (TBI) 的预处理方案行脐带血造血干细胞移植治疗血液病 ----- | 施鹏飞,徐颖,陈灿等 | 571 |
| PO-0707 | 儿童早期前 T 淋巴母细胞白血病 1 例报道并文献复习 ----- | 窦蕊,程薇,李威等 | 571 |
| PO-0708 | 慢性粒细胞白血病患者生命质量的现况调查 ----- | 刘敏杰,黎纬明,方云 | 572 |
| PO-0709 | 儿童 B 细胞急性淋巴细胞白血病的分子特征和生物标志物鉴定 ----- | 杜宇,熊昊,张显凯等 | 572 |
| PO-0710 | 蛋白质组学和单细胞转录组学揭示 pDC-AML 中 pDC 相关异常分化及功能缺陷 ----- | 阳兴程,彭娟,张磊等 | 573 |
| PO-0711 | NAD Metabolism-Related Genes Provide Prognostic Value and Potential Therapeutic Insights for Acute Myeloid Leukemia ----- | Yuncan Cao,Shu Wenjing,Jin Peng etc. | 573 |
| PO-0712 | 维奈克拉治疗急性髓系白血病的最佳血药浓度 ----- | 阮业竣,刘红云,王婕妤等 | 574 |
| PO-0713 | 一例以全血细胞减少、黄疸、肾衰竭、外周血破碎红细胞升高为表现的初治急性早幼粒细胞白血病诊疗报告 ----- | 吴川,王芳 | 575 |
| PO-0714 | 评价西达本胺联合阿扎胞苷和维奈克拉治疗初治 MDS 和 AML 患者的疗效和安全性:一项前瞻性、开放标签、单组、多中心临床研究 ----- | 赵苗苗 | 575 |
| PO-0715 | Early Replacement of Reinduction Therapy Following Failed Intensive Induction Treatment Enhances the Therapeutic Efficacy of Newly Diagnosed Acute Myeloid Leukemia: A Single-Center Retrospective Analysis ----- | Jingchen Sui,Deng Pan,Xiaoqing Yan | 576 |
| PO-0716 | 急性髓系白血病患者化疗期间感染镰刀菌 1 例报告 ----- | 刘阳,王颖洁 | 576 |
| PO-0717 | 移植前骨髓单个核细胞端粒长度对急性髓系白血病异基因造血干细胞移植术后预后的影响 ----- | 邓博,赵鹏 | 577 |
| PO-0718 | 血清铁蛋白及微小残留病灶检测在 AML 患者预后中的应用价值 ----- | 胡伍悦,扈利红,赵思璐等 | 577 |
| PO-0719 | 一例伴 TFG-RARA 融合基因的罕见型急性早幼粒细胞白血病 ----- | 何静,邓君,徐健等 | 578 |
| PO-0720 | CLAG±DAC 方案治疗难治复发性急性髓系白血病的临床研究 ----- | 华雯玺,姚卫芹,周萌等 | 579 |
| PO-0721 | 慢性中性粒细胞白血病 (CNL) 的综合研究: 临床特征、分子诊断与治疗策略 ----- | 陈兰昕 | 579 |
| PO-0722 | PRL2 is essential for the maintenance of Leukemia Stem Cell in MLL gene rearrangement Acute Myeloid Leukemia via interacting with KDM2B ----- | Hongxia Chen,Jinglong Lv,Yi Yang etc. | 580 |

| | | |
|---------|---|-----|
| PO-0723 | 急性淋巴细胞白血病临床疗效及预后因素分析 -----汪雪莹,陈可欣,刘一岚等 | 580 |
| PO-0724 | CircHIPK3 在急性髓系白血病患者中的表达水平及预后相关性研究----- 魏鑫 | 581 |
| PO-0725 | 供者淋巴细胞输注联合阿扎胞苷治疗异基因干细胞移植后 复发急性髓系白血病的临床疗效观察 ----- 蒙延娜 | 581 |
| PO-0726 | 急性淋巴细胞白血病化疗与移植疗效对比分析 -----汪雪莹,陈可欣,刘一岚等 | 582 |
| PO-0727 | 微小残留病在异基因造血干细胞移植中的预后意义 -----汪雪莹,陈可欣,何光翠等 | 582 |
| PO-0728 | 接受新型药物治疗的原发性浆细胞白血病 (pPCL) 患者的生存结果分析----- 周士燕 | 583 |
| PO-0729 | Gilteritinib versus salvage chemotherapy in patients with relapsed/refractory FLT3-mutated acute myeloid leukemia in China: regional sub-analysis of COMMODORE trial-----Jianxiang Wang,Bin Jiang,Jian Li etc. | 583 |
| PO-0730 | HOXA6 在调节急性髓系白血病细胞增殖、迁移、 侵袭和凋亡中的作用及机制 -----秦伟,陈梅玉,刘洁等 | 584 |
| PO-0731 | Hyper CVAD 方案对急性淋巴细胞白血病诱导化疗的疗效及安全性分析-----于雪,李美玉,王莹等 | 585 |
| PO-0732 | 新型 PRL3 小分子抑制剂的发现及其抗 FLT3-ITD 阳性 AML 作用和机制研究-----王凤娟,潘志凌,周慧等 | 585 |
| PO-0733 | WTAP 的小分子抑制剂 ZR239 在 AML 治疗中的潜在作用 ----- 唐屿千,龚玉萍 | 586 |
| PO-0734 | 急性髓系白血病 BCL-2 抑制剂 venetoclax 的耐药机制研究 ----- 魏晓禹 | 587 |
| PO-0735 | 万古霉素漱口口水口腔护理结合健康教育在白血病患者口腔真菌感染中的应用 ----- 张天文 | 587 |
| PO-0736 | 中心静脉导管在急性淋巴细胞白血病贝林妥欧单抗居家治疗中的应用 -----刘小娜,王春艳,曹俐等 | 588 |
| PO-0737 | 循证护理对白血病患者化疗后引发口腔粘膜炎及生活质量的影响 ----- 张天文 | 588 |
| PO-0738 | 贝林妥欧单抗治疗急性淋巴细胞白血病后继发免疫相关性肺炎一例 -----周晓梅,易海,张绪湃 | 589 |
| PO-0739 | 具有抗白血病干细胞活性的新型 ABL1 抑制剂针 对高水平耐药突变型 BCR-ABL1 的 药效学及作用机制研究-----王凤娟,黄露义,黄申振等 | 589 |
| PO-0740 | 急性髓系白血病伴肥大细胞增多症 1 例报道并文献复习 ----- 窦蕊,程薇,李威等 | 590 |
| PO-0741 | BRG1 基因通过激活 PI3K/Akt 信号通路调控急性淋巴细胞白血病细胞增殖 ----- 亢倩,赵鹏,柴笑等 | 590 |
| PO-0742 | 高危急性髓系白血病不同生物学特性对异基因 造血干细胞移植后地西他滨维持治疗疗效的影响 -----刘嘉,朱丽丹,王路等 | 591 |
| PO-0743 | TDO2 在 DNMT3A-R882 及 FLT3-ITD 共突变急性髓系 白血病中的生存依赖作用及机制研究 -----王萍,亢倩,陈清振等 | 591 |
| PO-0744 | 间充质干细胞改善 CAR-T 治疗后细胞因子释放综合征并重塑肿瘤免疫微环境----- 胡彩东,杨婷 | 592 |
| PO-0745 | Low expression of miR-182 by DNA hypermethylation targets BCL2 to enhance the self-renewal of leukemia stem cells and miR-182 promoter methylation is a biomarker for the sensitivity of BCL2 inhibitor venetoclax ----- Shenmeng Gao,Danyang Li,Chen Meng etc. | 593 |
| PO-0746 | Targeting S100A8/S100A9: Effective Suppression of DNMT3A Mutant AML Cell Activity----- Xiaoya Cai,Guiqin Huang,Dengju Li | 594 |
| PO-0747 | 流式细胞术检测 CAR-T 细胞方法学性能验证-----姚林娟,方卉,何世波 | 594 |
| PO-0748 | 非典型 t(1;19)易位伴 MEF2D 重排的儿童 ALL 患者病例报道 -----刘建拓,李鸿瑞,蒋莉等 | 595 |
| PO-0749 | 综合性护理对白血病患者不良情绪及睡眠质量的影响 ----- 邓雅爽 | 595 |
| PO-0750 | 一项 78 例急性髓系白血病伴骨髓增生异常患者的单中心回顾性研究 ----- 曹淑云 | 596 |
| PO-0751 | 急性髓系白血病细胞分泌外泌体 hsa-miR-181-5p 通过 Nrf2/HO-1 信号轴改造骨髓微环境促进阿糖胞苷耐药 -----王力,黄傲霜,王季石 | 596 |
| PO-0752 | 急性髓系白血病患者的肠道菌群-宿主代谢物的时间变化及临床预测价值 ----刘婉莹,杨嘉婕,蔡青等 | 597 |

| | | | |
|---------|--|-----------------------------------|-----|
| PO-0753 | COVID-19 全面开放期间急性淋巴细胞白血病临床特征分析----- | 吴燕伶,刘洋,陈晓敏等 | 597 |
| PO-0754 | 维奈克拉联合阿扎胞苷初治急性髓系白血病的成本-效果分析 ----- | 杨永公 | 598 |
| PO-0755 | 米托蒽醌脂质体联合化疗方案治疗混合表型 急性白血病的安全性及有效性研究 ----- | 江慧雯,卢聪,何静等 | 598 |
| PO-0756 | 不同化疗药物对 K562 细胞 CYP3A5 基因转录、 蛋白表达及酶活性的影响 ----- | 钟济华,王婷,沈莉菁等 | 599 |
| PO-0757 | 血涂片中退化细胞的比例可作为慢性淋巴细胞白血病的预后指标 ----- | 崔续馨,扈利红,赵思璐等 | 599 |
| PO-0758 | TRA2B 表达在急性髓系白血病患者中的预后相关研究 ----- | 李宝丽,陈艳,黄佩 | 600 |
| PO-0759 | NLR、LMR 及 PLR 在儿童传染性单核细胞增多症 合并支原体感染的相关性研究 ----- | 李宝丽,陈艳,黄佩 | 600 |
| PO-0760 | 地西他滨联合塞利尼索治疗 3 例老年复发难治急性髓西他滨联合塞利尼索 治疗 3 例老年复发难治急性髓系白血病 (AML) 临床观察并文献复 ----- | 陈荣华 | 601 |
| PO-0761 | 不同年龄组急性髓系白血病患者的临床和分子遗传学特征分析 ----- | 董晓燕,邬成业,李玉龙等 | 601 |
| PO-0762 | 核心结合因子相关急性髓系白血病的临床生物学特征和预后分析 ----- | 董晓燕,邬成业,李玉龙等 | 602 |
| PO-0763 | The clinical outcome on the prevention of relapse of acute B-lymphocytic leukemia after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation with pomalidomide ----- | Lidan Zhu,jia liu,lu wang etc. | 603 |
| PO-0764 | A 10-year follow-up analysis of single-center Mixed Phenotype Acute Leukemia ----- | 浣 姚,Xiaojuan Deng,Yimei Feng etc. | 604 |
| PO-0765 | A novel LC-MS/MS method for monitoring plasma L-asparaginase activity in pediatric patients with acute lymphoblastic leukemia receiving pegaspargase treatment ----- | Hengyi Yu,Qun Hu,Lu Liu etc. | 605 |
| PO-0766 | EZH2 抑制剂治疗 KMT2D 低表达急性髓系白血病的作用及机制研究 ----- | 徐菁,钟艾伶,陈崇等 | 605 |
| PO-0767 | 增强血液系统恶性肿瘤治疗: CIK 细胞与 HSP90 抑制剂的协同作用 ----- | 葛芳芳,姜中兴 | 606 |
| PO-0768 | Prognostic analysis of gene mutations on time-to-first treatment in 93 newly diagnosed chronic lymphoblastic leukemia patients ----- | xixi xiang,Fu Li,Bo Liu etc. | 607 |
| PO-0769 | A comprehensive prognostic and immune analysis of LAPT4B in pan-cancer and Philadelphia chromosome-positive acute lymphoblastic leukemia ----- | Hui Zhou,Yuyao Yi,Wei He etc. | 608 |
| PO-0770 | 米托蒽醌脂质体联合 CLAG 方案治疗难治复发急性髓系白血病 (非 M3) ----- | 万锴,文钦,张曦 | 608 |
| PO-0771 | 单细胞测序技术解析原发和 DLBCL CD19 CAR-T 治疗失败的继发慢性粒单核细胞白血病骨髓免疫微环境 ----- | 李梦佳,李旭东,张兵雷等 | 609 |
| PO-0772 | FOXP3-AS1: 急性髓系白血病的候选预后标记 和表观遗传靶点, 具有免疫治疗意义 ----- | 葛芳芳,姜中兴 | 609 |
| PO-0773 | LncRNA TTTY15 在急性髓系白血病中的表达及与其预后分析 ----- | 张露璐,闫玉洁,李娜等 | 610 |
| PO-0774 | 1 例急性髓系白血病 MLL-AF10 基因阳性伴 大面积皮肤浸润至硬结、破溃、渗液行造血干细胞移植的护理 ----- | 白雪丹 | 611 |
| PO-0775 | Identification of a m6A-immune-related risk model for pre-dicting prognosis, immune microenvironment, and drug re-sponses in Acute Myeloid Leukemia ----- | Lijie Wang,Yanliang Bai | 611 |
| PO-0776 | PD-1 单抗联合阿扎胞苷和 HAG 方案治疗复发难治性急性髓系白血病: 一项前瞻性、单臂、II 期临床研究 ----- | 蔡成森,王如菊,徐晓燕等 | 612 |

| | | | |
|---------|--|--|-----|
| PO-0777 | Efficacy and Infectious Complications of Venetoclax plus HMAs for AML/MDS: A Systematic Review and Meta-analysis----- | Yanliang Bai,Yuqing Chen | 613 |
| PO-0778 | 西达苯胺联合化疗治疗复发难治急性髓系白血病效果观察 ----- | 白俊俊,宋庆林 | 613 |
| PO-0779 | 贝林妥欧单抗桥接异基因造血干细胞移植治疗 高危急性 B 淋巴细胞白血病----- | 康慧珠,王如菊,周萌等 | 614 |
| PO-0780 | 系列未明的急性白血病 1 例报道并文献复习 ----- | 李威 | 614 |
| PO-0781 | 费城染色体阳性急性淋巴细胞白血病诱导治疗中低纤维 蛋白原血症的发生率及其转归 ----- | 冯俊,张路,张炎等 | 615 |
| PO-0782 | CEBPA 突变患者合并 MDS 突变对预后的影响 ----- | 艾子奇,张赟翔,朱勇梅等 | 615 |
| PO-0783 | 50 例急性淋巴细胞白血病患者使用培门冬酶药物过敏反应调查 ----- | 于程程,赵玲莉,党亚新 | 616 |
| PO-0784 | Identification of a prognostic gene signature for Relapsed/Refractory Acute Myeloid Leukemia based on altered circulating CircRNA profiles----- | Honggang Guo,Yuqing Chen | 617 |
| PO-0785 | EVI1 阳性 AML 患者的临床特征及治疗经过 ----- | 吴亚楠,蔡奕峰,毛琰杰 | 617 |
| PO-0786 | 儿童急性单核细胞白血病血清差异蛋白分析 ----- | 于润红 | 618 |
| PO-0787 | Clonal evolution defines risk stratification for central nervous system leukemia in adult acute lymphoblastic leukemia----- | Jia Li,Junjie Chen,Wang Qiang etc. | 619 |
| PO-0788 | Venetolax plus azacitidine is effective maintenance therapy after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation in patients with intermediate/high-risk acute myeloid leukemia ----- | Caixia Wang,Liangliang Wu,Shiyi Pan etc. | 619 |
| PO-0789 | PGRN 在急性髓系白血病中的表达及临床意义 ----- | 张平平,施晓琦,陈艳等 | 620 |
| PO-0790 | Wild-type IDH2 is a metabolic vulnerability for potential targeted therapy of acute myeloid leukemia ----- | Peiting Zeng,Yiqing Li,Liping Ma etc. | 620 |
| PO-0791 | BRD 抑制剂对白血病巨核细胞系 CHRF-288-11 的影响 ----- | 陈伟,高雯霞,赵欢欢等 | 621 |
| PO-0792 | PD-1 抑制剂替雷利珠单抗联合 HMA+HAG 治疗 老年 AML 的前瞻性临床研究----- | 姚蓝,李紫璇,殷华等 | 622 |
| PO-0793 | 氟达拉滨或克拉屈滨联合白消安和阿糖胞苷预处理方案相较于改良 BUCY 的预处理方案未能使难治愈急性髓系白血病患者获得更优的生存结局 ----- | 姜姗 | 622 |
| PO-0794 | 成人急性淋巴细胞白血病自发缓解后复发 1 例 ----- | 谢婷,杨永公 | 623 |
| PO-0795 | 1 例急性淋巴细胞白血病患者非计划性拆术后伤口感染的护理体会 ----- | 杨云舒 | 624 |
| PO-0796 | 35 例伴 EVI 高表达急性髓系细胞白血病的临床特性分析 ----- | 杜依纹,龚玉萍 | 624 |
| PO-0797 | 175 例初诊 AML 患者的临床特征和疗效分析 ----- | 杜依纹,龚玉萍 | 625 |
| PO-0798 | Daratumumab 治疗 CD38+复发/难治急性白血病的临床疗效及安全性----- | 张玉兰,郭荣 | 625 |
| PO-0799 | CD9 在急性髓系细胞白血病中的表达水平及临床意义----- | 张亚平,陆伟,尤学芬 | 626 |
| PO-0800 | 病例报告: 以肺栓塞为首表现且合并有 PROC 致病基因突变的急性早幼粒细胞白血病 (APL) 一例----- | 张菁倩,吴耀辉,胡俊斌等 | 626 |
| PO-0801 | 90 例复发急性髓系白血病患者基因突变克隆演变分析 ----- | 李昱琪,杨艳萍,谭业辉等 | 627 |
| PO-0802 | 基于机器学习对急性髓系白血病差异高危基因的识别及其敏感药物的研究 ----- | 吴凤霞,王信峰 | 627 |
| PO-0803 | PLA2G4A 抑制剂联合 PD-1 增强 AML 免疫治疗的疗效 ----- | 赵俊梅 | 628 |
| PO-0804 | CART 桥接异基因造血干细胞移植成功治疗 一例复发难治性 Ph+伴 T315I 突变急性淋巴细胞白血病 ----- | 何志鹏,占文琪,黄先豹等 | 628 |

| | | | |
|---------|---|--------------|-----|
| PO-0805 | m5C 修饰调节因子在急性髓系白血病发生发展中的相关作用机制研究进展 ----- | 吴凤霞,王信峰,刘海燕 | 629 |
| PO-0806 | 盐酸米托蒽醌脂质体联合阿糖胞苷一线诱导治疗初诊 AML 疗效与安全性分析 ----- | 符才波,吴肖志军,周威伦 | 629 |
| PO-0807 | 生物信息学分析急性髓系白血病中抗原加工和呈递机制相关预后基因的作用机制 ----- | 贲宇 | 630 |
| PO-0808 | 诱导化疗早期外周血流式细胞 MRD 检测指导下干预治疗对急性髓系白血病缓解率的影响 ----- | 谭业辉,戚舜尧,杨艳萍等 | 630 |
| PO-0809 | AML 中 FAT1 突变改善维奈克拉联合方案的疗效、预后 ----- | 龚玉萍 | 631 |
| PO-0810 | 1 例急性红白血病病例报道 ----- | 宗亚楠,陈绍倩 | 631 |
| PO-0811 | IKZF1 缺失通过影响 CD19 异常剪切介导 CAR19 耐药 ----- | 蔡梓红,骆栢维,何柏林等 | 632 |
| PO-0812 | AML 伴 t(8;21)变异易位基因组学异常的特征分析 ----- | 韩冰冰,聂彦博,张虹等 | 632 |
| PO-0813 | 血液病患者中孤立性 15 号染色体三体的临床价值探讨及其局限性 ----- | 李建伟 | 633 |
| PO-0814 | 沙利度胺、来那度胺和泊马度胺抗急性髓系白血病作用比较及机制研究 ----- | 崔玉,李冬贝,米瑞华等 | 633 |
| PO-0815 | VHAGA 方案治疗不适合 3+7 方案化疗的急性髓系白血病临床观察 ----- | 卢英豪,刘萍,李艳菊等 | 634 |
| PO-0816 | SRSF2P95H 调控的 lncRNA 的替代剪接和表达在慢性髓系白血病的作用研究 ----- | 陈怡琳,黎纬明 | 635 |
| PO-0817 | MICA 基因多态性与大颗粒淋巴细胞白血病相关性研究 ----- | 朱焕玲,林志美 | 635 |
| PO-0818 | 抑制 ID1 表达对急性髓系白血病耐药细胞的影响 ----- | 陈清振 | 636 |
| PO-0819 | 罕见病例报告: 以多处溶骨性病变为首表现的急性髓系白血病 ----- | 艾丽莎,吴耀辉,胡俊斌等 | 636 |
| PO-0820 | 与核心结合因子相关性急性髓系白血病不良预后相关的基因组学特征 ----- | 余顺杰,杨森,胡利娟等 | 637 |
| PO-0821 | 低血小板计数、非强化化疗和 IKZF1 突变与 CEBPA-bZip 突变的急性髓系白血病患者预后不良相关 ----- | 余顺杰,杨森,胡利娟等 | 637 |
| PO-0822 | 成人急性淋巴细胞白血病中枢复发的影响因素 ----- | 梁海梅,周红升 | 638 |
| PO-0823 | 无法缓解的复发/难治急性 B 淋巴细胞白血病一站式 CART 桥接移植诊治策略 ----- | 罗成娟,汤燕静,罗长缨等 | 638 |
| PO-0824 | 湖北地区慢性髓系白血病合并乙肝的治疗策略探讨 ----- | 余甜,黎纬明,余涛 | 639 |
| PO-0825 | 慢性髓系白血病的骨髓组织病理学及遗传学特点分析 ----- | 蒋孟,杨利群 | 640 |
| PO-0826 | 急性髓系白血病中糖代谢相关基因表达分析 ----- | 丁梅 | 640 |
| PO-0827 | PARD3 高转录水平—成人普通 B 系急性淋巴细胞白血病复发的潜在独立危险因素 ----- | 徐衍 | 641 |
| PO-0828 | PARD3 在急性白血病中的异常转录水平可能与长链非编码 RNA PARD3-AS1 的调控相关 ----- | 徐衍 | 641 |
| PO-0829 | 低深度基因组测序检测拷贝数变异评估 AML 患者预后的多中心临床试验 ----- | 朱尊民,宋庆林,李玉华等 | 642 |
| PO-0830 | 急性早幼粒细胞白血病新型融合基因 ANKRD34C-RARA 的鉴定 ----- | 陈悦,潘梦格,陈兰昕等 | 643 |
| PO-0831 | TKIs 联合去甲基化药物(阿扎胞苷)治疗进展期慢性髓系白血病的多中心临床研究 ----- | 杨竺铭,洪振亚 | 643 |
| PO-0832 | 急性髓系白血病患者应用维奈克拉联合阿扎胞苷门诊维持治疗的疗效和安全性分析 ----- | 聂子元,李霄雨,李梦瑶等 | 644 |
| PO-0833 | 数字 PCR 和高深度 NGS 方法在儿童 AML/ALL 患者中 MRD 监测的比较性研究 ----- | 曹静,刘嵘,郭素娟等 | 645 |
| PO-0834 | β -AR 在急性 T 淋巴细胞白血病上的表达及临床意义 ----- | 徐艳朋,罗艳,张平平等 | 645 |
| PO-0835 | 伯基特样的 B 细胞急性淋巴细胞白血病的特征分析 ----- | 钱宇,金洁 | 646 |

| | | | |
|---------|--|---|-----|
| PO-0836 | 基于急性髓系白血病单细胞转录组肿瘤微环境预后评分模型的构建和验证 ----- | 缪佩文,钱申贤 | 646 |
| PO-0837 | 维奈克拉联合多药化疗治疗初诊 未明系列急性白血病的疗效及安全性分析 ----- | 罗婷,方怡然,刘文洁等 | 647 |
| PO-0838 | 维奈克拉联合阿扎胞苷治疗急性系列不明白血病 (acute leukaemias of ambiguous lineage, ALAL)的疗效及安全性分析 ----- | 黄斯漫,张彤彤,万超玲等 | 648 |
| PO-0839 | HDAC9 在 MLL 基因重排阳性急性髓系 白血病中的临床意义----- | 周雨彤,金洁 | 648 |
| PO-0840 | Exploring Methionine Deficiency and Venetoclax Synergy in Overcoming Acute Myeloid Leukemia (AML) Resistance----- | Xuening Li,Wei Liu,Jia-Min Guo etc. | 649 |
| PO-0841 | 索拉非尼在 FLT3 野生型细胞系中协同维奈克拉凋亡作用 及逆转维奈克拉耐药性的机制探究 ----- | 罗婷,方怡然,刘文洁等 | 650 |
| PO-0842 | 西达本胺联合维奈克拉抗 IKZF1 缺失急性 B 淋巴细胞 白血病的作用与机制研究 ----- | 区家旺,邓诗雨,李嘉等 | 650 |
| PO-0843 | CARMA1 介导 Notch1 激活 NF- κ B 信号影响 T-ALL 细胞增殖 ----- | 牛铭山,徐开林 | 651 |
| PO-0844 | 芦可替尼联合维奈克拉及阿扎胞苷治疗伴 JAK1、JAK3、 STAT5B 基因突变的难治性 T-ALL 患者 1 例并文献复习 ----- | 周彤,徐岳一,彭苗新等 | 651 |
| PO-0845 | CD74+ LAMs 抑制 AML 中的 T 细胞免疫监视 并促进白血病细胞生长的机制研究 ----- | 邱果,徐曦,刘启发 | 652 |
| PO-0846 | Long-term outcome of children with acute promyelocytic leukemia: a randomized study of the treatment of cytarabine with the combination of all-trans retinoic acid and arsenic trioxide----- | Yingjin Zhang,Changwen Xue,Xiaofan Zhu etc. | 652 |
| PO-0847 | 维奈克拉联合阿扎胞苷治疗伴 KIT 突变的 AML1-ETO 阳性 AML 一例并文献复习 ----- | 吴亚敏,曹海峡 | 653 |
| PO-0848 | 急性髓系白血病患者肠道菌群特征及代谢组学的相关研究 ----- | 郝子怡,杨萧天,司叶俊等 | 653 |
| PO-0849 | 老年急性髓系白血病 (非 M3) 60 例临床观察 ----- | 张振会,郭星,李翠娜等 | 654 |
| PO-0850 | 穴位贴敷联合埋针治疗急性白血病化疗患者恶心、呕吐的临床观察 ----- | 郭星,雷秀荣,宋静园等 | 655 |
| PO-0851 | Bone marrow stromal cells mediate the immune escape mechanism of ALL cells through PI3-K/Akt----- | Lin Zheng,Chengyun Pan,jishi wang | 655 |
| PO-0852 | 探讨 m5C 甲基化相关调节因子在 t (8; 21) AML 早期复发中的作用 ----- | 余庆峰 | 656 |
| PO-0853 | 急性白血病鞘内注射的临床护理干预 ----- | 乔羽 | 656 |
| PO-0854 | 12 例儿童治疗相关性骨髓增生异常综合征/急性 白血病的临床疗效分析及基因图谱 ----- | 陈霞,竺晓凡 | 657 |
| PO-0855 | 1 例髓过氧化物酶染色阳性的急性 B 淋巴细胞白血病的实验室及临床特点 ----- | 李墨博,朱尊民 | 658 |
| PO-0856 | 急性髓系白血病伴浆细胞样树突细胞增生 1 例报告并文献复习 ----- | 裴智信,宋庆林,赵颖欣等 | 658 |
| PO-0857 | SLC25A21 通过下调 CXCL8 抑制白血病细胞的生长 并与成人急性髓系白血病的预后相关 ----- | 刘宇,杨璐,王树娟 | 659 |
| PO-0858 | 急性 T 淋巴细胞白血病/淋巴瘤细胞淋巴瘤应用培门冬酶后发生肝性脑病 1 例 ----- | 桑丽娜 | 659 |
| PO-0859 | 小剂量维奈克拉预防急性早幼粒细胞白血病分化综合征 ----- | 周红,张彦明,万艳等 | 660 |
| PO-0860 | DUX4 重排阳性急性 B 淋巴细胞白血病的临床特点及预后的研究 ----- | 扈小霜,肖佩芳,卢俊等 | 660 |
| PO-0861 | FLT3-ITD 突变阳性复发难治急性髓系白血病的单中心、回顾性研究 ----- | 李慧颖,戴海萍,薛胜利 | 661 |
| PO-0862 | GATA2-HOXA10 融合基因阳性急性髓系白血病 1 例报告 ----- | 熊若兰,张志奇,王庆伟等 | 662 |
| PO-0863 | CDKN2A/B 基因重排阳性急性 T 淋巴细胞白血病患儿临床分析 ----- | 熊若兰,张志奇,胡绍燕等 | 662 |
| PO-0864 | 单中心 72 例 BCR-ABL1(+)儿童急性淋巴细胞白血病临床分析 ----- | 张宜渊,卢俊,肖佩芳等 | 663 |

| | | | |
|---------|--|---------------------------------------|-----|
| PO-0865 | GALNT11 是位于染色体 7q 上新的 AML 肿瘤抑制基因 ----- | 邓馨童,刘玉 | 663 |
| PO-0866 | t(16;21)(p11;q22)/FUS::ERG 阳性急性髓系 白血病的基因突变谱和预后分析 ----- | 董晓燕,邬成业,李玉龙等 | 664 |
| PO-0867 | ASCIMINIB (ASC) PROVIDES BETTER EFFICACY AND FAVORABLE SAFETY AND TOLERABILITY VS INVESTIGATOR-SELECTED TYROSINE KINASE INHIBITORS (IS TKI) IN NEWLY DIAGNOSED CHRONIC MYELOID LEUKEMIA (CML) RESULTS FROM THE EAST ASIAN SUBGROUP ANALYSIS OF THE PIVOTAL ASC4FIRST STUDY ----- | Jianxiang Wang, Inho Kim, Xin Du etc. | 665 |
| PO-0868 | MDH1 通过抑制 p53 泛素化抑制 AML 发病 ----- | 吴博文 | 666 |
| PO-0869 | 维奈克拉、阿扎胞苷联合粒细胞刺激因子治疗 急性髓系白血病的疗效及安全性研究 ----- | 杨萧天,陈娟,林国强等 | 667 |
| PO-0870 | 化疗序贯预处理异基因造血干细胞移植治疗高危 及复发难治性急性白血病的疗效及安全性分析 ----- | 周亚雯,康志杰,李玉姣等 | 667 |
| PO-0871 | 骨髓增生异常相关基因突变 对年轻急性髓系白血病患者疗效及预后的影响分析 ----- | 董晓燕,邬成业,李玉龙等 | 668 |
| PO-0872 | 智慧化护理管理系统对血液疾病患者跌倒的应用 ----- | 赵菲 | 668 |
| PO-0873 | AdipoR1 表达对成人急性 B 淋巴细胞白血病患者预后的影响 ----- | 杨璐,王树娟 | 669 |
| PO-0874 | 中国慢性粒单核细胞白血病的临床特征和预后分析 ----- | 董培源,姜中兴 | 669 |
| PO-0875 | CD19 CAR-T 与贝林妥欧单抗治疗复发/难治性 B 细胞急性淋巴细胞白血病患者疗效和安全性比较 ----- | 王柯馨,江松福,胡永仙等 | 670 |
| PO-0876 | Hsa-circ-0002360 吸附 miR-145-5p 调控 IL-6R 在抑制 MDS 和 AML 疾病进展中的机制研究 ----- | 邓发滑,韦四喜,黄海等 | 671 |
| PO-0877 | 一例 CML 慢性期出现孤立性中枢急变患者的诊治经过病例报道 ----- | 李俊颖,张波,郭涛 | 671 |
| PO-0878 | CNN 结合迁移学习的白血病细胞形态学诊断 ----- | 邱雪冰 | 672 |
| PO-0879 | 相较于成人方案,儿童样方案可改善成人急性 淋巴细胞白血病合并原发中枢神经系统白血病的预后 ----- | 梁海梅,周红升 | 672 |
| PO-0880 | 单中心三代 TKI 时代慢性髓系白血病 急变期患者的临床特征及治疗转归 ----- | 何哲柔,刘晓力,王蕾等 | 673 |
| PO-0881 | Clinical features and prognostic factors in adult acute myeloid leukemia patients with FLT3-ITD and CEBPA gene co-mutation ----- | Rong hui Zhang, Rong rong Pei | 673 |
| PO-0882 | Targeting ID1 to promote senescent cell death transformation and reverse AML venetoclax resistance ----- | Yue You, Jiaxin Xu, Yan Pan etc. | 674 |
| PO-0883 | Fit-AML 接受 VEN-HMA 方案疗效及生存分析 ----- | 张露丹,隋京辰,颜晓菁等 | 675 |
| PO-0884 | 一项多中心回顾性研究:急性髓系白血病和急性淋巴细胞白血病患者 合并新型冠状病毒奥密克戎变异株感染的临床特征分析 ----- | 魏旭东,王琳 | 676 |
| PO-0885 | TKI 血药浓度监测指导下的剂量调整对 CML 疗效、 安全性和生活质量的影响 ----- | 何哲柔,张庆,周璇等 | 676 |
| PO-0886 | DDX21 在超级增强子驱动的 IGF2BP2 和 IGF2BP3 调控下促进急性髓系细胞白血病进展 ----- | 赵燕春,金洁 | 677 |
| PO-0887 | 基于网络药理学探讨莪术逆转人白血病多药耐药作用机制 ----- | 李灵犀 | 678 |
| PO-0888 | 7 例伴 t(6;9)(p23;q34)/DEK::NUP214 急性髓系白血病报道及文献复习 ----- | 程建超,孙媛,王晓英 | 678 |
| PO-0889 | 非静脉用药治疗 unfit-AML: CDK6 抑制剂与 BCL2 抑制剂的联合应用 ----- | 刘丹,李晓莉,白丽云等 | 679 |

| | | | |
|---------|--|---|-----|
| PO-0890 | 儿童 t(8;21)阳性急性髓系白血病基因组特征及预后相关研究 | 张雯,扈小霜,朱灵灵等 | 679 |
| PO-0891 | 髓外浸润儿童急性髓系白血病的临床特点及预后相关研究 | 李威亚,白炎亮 | 680 |
| PO-0892 | 整体护理干预在急性白血病化疗后患者的应用效果 | 黄乐乐 | 680 |
| PO-0893 | 急性髓系白血病复发伴皮肤浸润 1 例报道并文献复习 | 谭业辉,戴伊奇 | 681 |
| PO-0894 | MDS 相关基因突变对低危急性髓系白血病预后的影响 | 张露露,孙洁,翟志敏等 | 681 |
| PO-0895 | HAV 方案作为一线诱导方案治疗初治成人 AML 的临床研究 | 卢文艺,陈香丽,张文荟等 | 682 |
| PO-0896 | ACLY 调控慢性淋巴细胞白血病细胞中的脂代谢并促进其发生发展 | 王嫻,张娅,胡欣婷等 | 682 |
| PO-0897 | 细胞起源对 MLL::AF9 重排白血病的影响及机制研究 | 李之珩,李易真,杨晨唯等 | 683 |
| PO-0898 | 低水平初诊血小板计数与儿童急性 B 淋巴细胞白血病的高复发风险相关 | 李之珩,王玲珍,蔡骄阳等 | 684 |
| PO-0899 | 改良 Hyper-CVAD 方案治疗成人 Ph 阴性急性淋巴细胞白血病的疗效和安全性 | 兰惠玲,周合冰 | 685 |
| PO-0900 | 突破经济障碍: 为低收入 AML 患者寻找成本效益高的治疗方案 | 吕国庆,吕文婷 | 685 |
| PO-0901 | 骨髓靶向的工程化白血病细胞递药系统联合饥饿疗法和乏氧激活疗法治疗 AML 的作用研究 | 左华芹,谢晓艳,何斌等 | 686 |
| PO-0902 | 基于孟德尔随机化研究方法探讨炎症因子与急性髓系白血病的因果关联 | 周艳群,黄礼明 | 686 |
| PO-0903 | 肠道菌群与急性髓系白血病发病风险: 两样本双向孟德尔随机化研究 | 周艳群,赵世波,黄礼明 | 687 |
| PO-0904 | 减量化疗早期联合贝林妥欧单抗一线治疗成人 Ph-急性 B 淋巴细胞白血病疗效和安全性分析 | 李晨莹,王华锋,周一乐等 | 687 |
| PO-0905 | 相较于成人方案, 儿童样方案可以改善未移植的成人急性淋巴细胞白血病的预后 | 梁海梅,周红升 | 688 |
| PO-0906 | PAD 抑制剂 BB-CI-A 通过诱导内质网应激杀伤 AML 细胞 | 孙燕泥,李辉 | 688 |
| PO-0907 | PRMT1 靶向 ACSL1 调控 AML 细胞铁死亡敏感性的机制研究 | 周立昕,贾晓晴,刘纪锋等 | 689 |
| PO-0908 | 儿童样方案联合维奈克拉治疗成人 Ph 阴性急性淋巴细胞白血病的疗效与安全性研究: 前瞻、单臂、单中心临床研究的早期结果分析 | 弓晓媛,房秋云,顾闰夏等 | 689 |
| PO-0909 | 中性粒细胞诱捕网在急性白血病患者血浆中的表达及临床意义 | 施青青,陈祉悦,孙幸等 | 690 |
| PO-0910 | 早期化疗联合 14 天贝林妥欧单抗治疗第 46 天微小残留病阳性的儿童 B 细胞急性淋巴细胞白血病的安全性及疗效分析 | 薛长文,张赢今,陈玉梅等 | 690 |
| PO-0911 | 21 例 BPDCN 和 pDC-AML 患者的临床病例分析 | 杨晋军,余泓彬,邹超瑜等 | 691 |
| PO-0912 | NUP98 融合的成人急性髓系白血病患者的临床和遗传特征分析 | 李霞,金洁 | 691 |
| PO-0913 | A sandwich treatment of finite-duration venetoclax-azacitidine plus decitabine priming with cytarabine followed by umbilical cord blood infusion in unfit elderly patients with untreated AML: A single-center pilot study | Li Ye,Xie Mixue,Xu Gaixiang etc. | 692 |
| PO-0914 | 高白细胞急性白血病患者早期死亡相关因素分析 | 袁和锐 | 693 |
| PO-0915 | 慢性髓系白血病治疗后继发骨髓增生异常综合征、凝血功能异常一例 | 王奎,孙慧 | 693 |
| PO-0916 | 基于不同分类标准的髓系肿瘤实验室诊断及预后相关因素分析 | 丁静,李会丹,张春玲等 | 694 |
| PO-0917 | 8p11 骨髓增殖综合征研究进展 | 吕梦瑶,李锋 | 694 |
| PO-0918 | Comprehensive molecular characterization of methionine metabolism across hematological malignancies | Zi jun Xu,Xiang-mei Wen,ji-chun Ma etc. | 695 |
| PO-0919 | 基于临床实践的血液专科临床药师培训模式建设 | 周密,杨梦婕,朱增燕等 | 696 |
| PO-0920 | 76 例伴有 TP53 突变急性髓系白血病基因突变与临床特征分析 | 谭业辉,刘彤,杨艳萍等 | 696 |
| PO-0921 | 行 Car-T 治疗的血液恶性肿瘤患者报告结局影响因素的系统评价 | 李孟璇 | 697 |

| | | | |
|---------|--|--------------------------------------|-----|
| PO-0922 | 成人 T 细胞淋巴瘤/白血病的单细胞转录组特征和 RGS13 基因 参与疾病发展的分子机制研究 ----- | 罗璐婷,刘婉莹,杨嘉婕等 | 697 |
| PO-0923 | 探索伴有 RUNX1::RUNX1T1 融合基因急性髓系 白血病中肿瘤反应性 T 细胞的标志 ----- | 梅怡晗,刘钰,刘文兵等 | 698 |
| PO-0924 | Next-generation-sequence-based gene mutation detection and its clinical significance in patients with acute myeloid leukemia ----- | Jifeng Yu,Weijie Cao,Lijie Han etc. | 699 |
| PO-0925 | 以阴囊肿胀为首表现的急性双表型白血病 (高危) 1 例 ----- | 陈艳才,杨溯,王琳等 | 699 |
| PO-0926 | 氟达拉滨联合地西他滨及阿糖胞苷再诱导缓解 老年难治/复发性急性白血病 1 例 ----- | 陈艳才,杨溯,王琳等 | 700 |
| PO-0927 | 基于转录组分子分型发掘 t(8;21)型 AML 新治疗靶点 IKZF2 ----- | 刘钰,刘文兵,梅怡晗等 | 701 |
| PO-0928 | Evaluation of SLC25A37 as a prognosis biomarker and therapeutic target of acute myeloid leukemia by integrating TCGA and GEO datasets----- | Yang Li,Jiang Lin,Xiang-mei Wen etc. | 701 |
| PO-0929 | 急性 B 淋巴细胞白血病复发关键基因的筛选及验证 ----- | 王静,陈艳 | 702 |
| PO-0930 | 基于生物信息学对急性淋巴细胞白血病关键基因的筛选 ----- | 王静,陈艳 | 702 |
| PO-0931 | 维奈克拉联合阿扎胞苷与强化疗用于年轻初诊急性髓系 白血病患者的临床效果比较 ----- | 许雪珠,刘睿,杨若玉等 | 703 |
| PO-0932 | 年轻初诊急性髓系白血病患者维奈克拉联合阿扎胞苷 与强化疗诱导缓解后桥接异基因造血干细胞移植的疗效分析 ----- | 许雪珠,刘睿,杨若玉等 | 703 |
| PO-0933 | CAR-T 细胞治疗桥接异基因造血干细胞移植治疗复发/难治 儿童急性髓系白血病的疗效观察 ----- | 宗飒,彭智勇,汤浩然等 | 704 |
| PO-0934 | 对比成人方案, 儿童样方案可以改善急性淋巴细胞白血病中枢复发的预后 ----- | 梁海梅,周红升 | 704 |
| PO-0935 | 侵袭性 NK 细胞白血病合并噬血细胞综合征一例并文献复习 ----- | 尹俊杰,张胜楠 | 705 |
| PO-0936 | HDAC2 诱导的 DACT3 表观遗传沉默 促进急性髓系白血病进展和耐药 ----- | 蒋端凤,莫秋玉,邵海刚等 | 705 |
| PO-0937 | SLC7A11 通过精氨酸代谢抑制急性淋巴细胞 白血病铁死亡并促进肿瘤免疫逃逸 ----- | 李佳蒸,蔡青,刘婉莹等 | 706 |
| PO-0938 | 儿童急性髓系白血病接受异基因造血 干细胞移植后融合基因阳性的临床意义 ----- | 许秀文,熊昊,杨李等 | 706 |
| PO-0939 | Cx43/Rac1 maintains stemness of leukemia stem cells via Akt/GSK3b β pathway ----- | Rui Ji,Huihui An,Xiaoqi Wang etc. | 707 |
| PO-0940 | Abnormal expression of ATP6V0E2 is involved in acute myeloid leukaemia ----- | Mingqiang Chu,Jun Qian | 708 |
| PO-0941 | HDAC2 在急性髓系白血病中低表达并与预后不良相关 ----- | 刘翠 | 708 |
| PO-0942 | N-WASP 在急性髓系白血病中低表达并与预后不良相关 ----- | 刘翠 | 709 |
| PO-0943 | STAT3 在急性髓系白血病中高表达并与预后不良相关 ----- | 刘翠 | 709 |
| PO-0944 | 无机焦磷酸酶 PPA1 生物学特性及其 对急性 B 淋巴细胞白血病异常幼稚细胞增殖、凋亡的影响 ----- | 胡晨曦 | 710 |
| PO-0945 | ZNF622 在急性髓系白血病中低表达并与预后不良相关 ----- | 刘翠 | 710 |
| PO-0946 | 慢性髓系白血病中枢神经系统髓细胞危象误诊 为吉兰-巴雷综合征 1 例报告并文献复习 ----- | 陈慧玲,马成成,李静静等 | 711 |
| PO-0947 | 靶向 IDH1/IDH2 药物联合 RSL3 可增强抗肿瘤功效 ----- | 孔婧婧,郭荣群,张蒙蒙 | 711 |

| | | |
|---------|---|-----|
| PO-0948 | 奥雷巴替尼联合化疗或贝林妥欧单抗一线治疗 Ph+ 急性淋巴细胞白血病的临床疗效 -----朱凯波,陈俊杰,蔡梓红等 | 712 |
| PO-0949 | 慢性粒细胞白血病患者酪氨酸激酶抑制剂 治疗发生严重血液学毒性的真实世界研究 ----- 张良 | 712 |
| PO-0950 | 急性白血病患者有效预防及控制感染的护理研究 ----- 何惠贤,王静 | 713 |
| PO-0951 | 真实世界中氟马替尼与伊马替尼一线治疗初诊 慢性髓性白血病的疗效和安全性比较 ----- 张良 | 713 |
| PO-0952 | 应用培门冬酶后药物过敏 1 例报告 -----郝倩倩,王树娟,刘延方 | 714 |
| PO-0953 | FLT3-ITD 分子特征对初诊急性髓系白血病患者预后的影响 -----张凯楠,马晓航,陆晓萱等 | 714 |
| PO-0954 | 自分泌 CD33 双特异性抗体的 IL10R CAR-T 构建 及其抗急性髓系白血病作用研究 -----闫志峰,顾闰夏,马浩天等 | 715 |
| PO-0955 | 靶向 CD33/CD123 双靶点 Loop 结构 CAR-T 对急性髓系白血病治疗作用探索 -----马浩天,闫志峰,王珍珍等 | 715 |
| PO-0956 | 维奈克拉联合去甲氧柔红霉素/阿糖胞苷治疗 新诊断 fit 急性髓系白血病疗效及安全性分析 -----陈雪星,袁国林,李春芳等 | 716 |
| PO-0957 | 贝林妥欧单抗桥接脐血移植挽救性治疗 CART 细胞 治疗失败的儿童复发/难治性 B-ALL -----顾艳,王红美,林子云等 | 716 |
| PO-0958 | 以维奈克拉为基础的方案治疗高龄急性髓系 白血病患者 多中心回顾性研究 -----王素丽,杨莉,化范例等 | 717 |
| PO-0959 | IL-6 通过增强脂肪酸摄取促进急性髓系白血病化疗抵抗的作用及机制研究 ----- 张艳杰 | 718 |
| PO-0960 | CD36 敲除 AML 细胞的脂质组学分析 ----- 张艳杰 | 719 |
| PO-0961 | Stromal cells attenuate imatinib cytotoxicity on Philadelphia chromosome- positive acute lymphoblastic leukemia cells by activating Wnt/Ca2+/NFAT signaling via upregulating FZD8 -----huanxin zhang,Zhiling Yan,Zhenyu Li etc. | 719 |
| PO-0962 | 去甲基化药物联合维奈克拉方案治疗老年急性髓系白血病的疗效与安全性分析 ----- 张迪 | 720 |
| PO-0963 | 问题导向模式认知行为护理对白血病患者不良反应及生存质量的影响 ----- 喻霞 | 720 |
| PO-0964 | 维奈克拉治疗急性髓系白血病患者达 MLFS 后血象恢复情况的回顾性研究 -----帅晓,朱舜,唐明霞等 | 721 |
| PO-0965 | 新诊断慢性髓系白血病慢性期患者使用伊马替尼的疗效分析 ----- 李雨欣,马肖容 | 721 |
| PO-0966 | 维奈克拉联合去甲基化药物治疗初治 不适合强化疗 AML 患者的多中心真实世界研究 ----- 滕喆,杨新宇 | 722 |
| PO-0967 | 高白急性髓系白血病伴肛周脓肿自发缓解后治疗后再复发一例并文献复习 ----- 樊文娟 | 722 |
| PO-0968 | BLINATUMOMAB INDUCTION THERAPY FOLLOWING REDUCED-DOSE CHEMOTHERAPY IN NEWLY DIAGNOSED ADULT PHILADELPHIA CHROMOSOME-NEGATIVE B-CELL ACUTE LYMPHOBLASTIC LEUKEMIA: MULTICENTRE, SINGLE ARM, PHASE 2 STUDY ----- Jing Lu,Su Chen | 723 |
| PO-0969 | 密切监测下的急性早幼粒细胞白血病 (APL) 高白细胞阶段完全 无化疗缓解的一项单中心前瞻性临床研究 -----黄美娟,徐淑娟,田辉云等 | 724 |
| PO-0970 | Absolute neutrophil count after the first cycle of chemotherapy as a surrogate for outcome in older patients with first diagnosis of AML treated with the VA regimen ----- Yang Chen,YaPing Xie | 725 |

| | | | |
|---------|--|---|-----|
| PO-0971 | A Combined Tyrosine Kinase Inhibitor and Blinatumomab Approach in Philadelphia chromosome-positive or Philadelphia chromosome-like Acute Lymphoblastic Leukemia----- | Xiaoxia Wu,Zhen Yang,Shenqi Lu etc. | 725 |
| PO-0972 | 整合 IKZF1plus 基因分型和 MRD 结果有助于优化成人 BCR::ABL1 阳性急性淋巴细胞白血病的预后分层----- | 王成,李剑峰,刘炜洋等 | 726 |
| PO-0973 | 伴 CEBPA bZIP 框内突变的成人混合表型急性白血病 与急性髓系白血病的临床及预后分析----- | 王谦,张凤红,刘一字等 | 727 |
| PO-0974 | 基于多组学数据的急性髓系白血病分子亚型分析 及其精准治疗策略的探索与验证----- | 牛凡,杨润雨,张梦瑶等 | 728 |
| PO-0975 | A novel treatment regimen of microdose venetoclax plus azacitidine in elderly patients with acute myeloid leukemia and myelodysplastic syndromes----- | Jing Pan,Yun Ling,Liu Jia etc. | 728 |
| PO-0976 | 成人 BCR::ABL1 阳性急性淋巴细胞白血病中 IKZF1plus 高危 基因型的造血发育谱系----- | 王成,李剑峰,刘炜洋等 | 729 |
| PO-0977 | Coronary Artery Bypass Grafting in Patients with Hematological Neoplasms----- | Lixue Zhang,Yi Shi,Simeng Zhang etc. | 730 |
| PO-0978 | 克拉屈滨联合 CMG 方案对难治复发性急性髓系白血病的疗效观察----- | 齐默初,姜中兴 | 731 |
| PO-0979 | 靶向 CLL1 的通用型 CAR γ δ T 治疗急性髓系白血病的疗效及机制探究----- | 乔瑞雪 | 731 |
| PO-0980 | 急性白血病在不同季节发病的临床及免疫学特征----- | 李莉娟,张连生,郝正栋等 | 732 |
| PO-0981 | 急性髓系白血病化疗患者心理弹性状况研究分析----- | 胡光强 | 732 |
| PO-0982 | 复发难治型急性髓系白血病 CAR-T 治疗患者的心理评估及其干预模式的研究----- | 张倩 | 733 |
| PO-0983 | 基于 citespace 有关急性髓系白血病研究热点的可视化分析----- | 胡光强 | 733 |
| PO-0984 | 米托蒽醌脂质体在 R/R 急性髓系白血病的临床疗效及安全性----- | 朱凯波,杨文群,晁志等 | 734 |
| PO-0985 | Ph+ALL 合并巨细胞病毒感染眼部、消化道感染一例----- | 戴钰婷,孙京男,杨岩等 | 734 |
| PO-0986 | 一例异基因造血干细胞移植患者术后骨髓抑制期肛裂的护理----- | 华文静 | 735 |
| PO-0987 | The mechanism of PARP inhibitor enhance decitabine function in TET2-deficient myeloid leukemia----- | Junjie Wang,Yimei Feng,Rui Wang etc. | 735 |
| PO-0988 | 阶梯式心理干预联合罗伊适应模式护理对白血病化疗 患者心理弹性及生存质量的影响----- | 唐弋茜,兰大华 | 736 |
| PO-0989 | 维奈克拉、阿扎胞苷联合低剂量阿糖胞苷治疗老年新诊断急性髓系白血病: 一项前瞻性、多中心、开放、随机对照试验研究----- | 韩潇,万锴,张梦芸等 | 737 |
| PO-0990 | 贝林妥欧单抗院外输注标准化管理方案的构建和应用----- | 许汇娟 | 737 |
| PO-0991 | Abnormal DNA damage response suggests novel fingerprint of relapse in acute monocytic leukemia post transplantation----- | Yukun Feng,Ke Sui,Zheng Wang etc. | 738 |
| PO-0992 | 超级增强子易位激活 IL3 导致 ETV6::ACSL6 急性淋巴细胞白血病患者 并发嗜酸性粒细胞增多症的研究----- | 徐雯芊,田丰,台晓露等 | 739 |
| PO-0993 | 一项单臂、前瞻性、单中心临床研究:海曲泊帕用于预防急性白血病患者 化疗所致的小血小板减少症----- | 卓定君,谭栩,陈果等 | 739 |
| PO-0994 | HDAC6 inhibitor ACY-738 induces ferritinophagy-mediated ferroptosis in leukemia----- | Jinyi Liu,Peijie Jiang,Shijie Yang etc. | 740 |
| PO-0995 | 急性早幼粒细胞白血病新融合基因研究进展----- | 胡文静 | 741 |

| | | | |
|---------|---|---|-----|
| PO-0996 | 急性早幼粒细胞白血病患者“去化疗”方案 治疗早期并发症和 MRD 清楚率的研究 ----- | 张高玲,刘秋菊 | 741 |
| PO-0997 | 维奈克拉联合全反式维 A 酸治疗变异型 急性早幼粒细胞白血病的真实世界研究 ----- | 李赫,向昕蓉,黄杰等 | 742 |
| PO-0998 | 成人 BCR::ABL1 阳性急性淋巴细胞白血病中 IKZF1plus 高危基因型的转录组谱特征 ----- | 李剑峰,王成,刘炜洋等 | 743 |
| PO-0999 | CD19 -CAR-T 细胞扩增对 B 系肿瘤患者体内 T 细胞重建的影响 ----- | 戴兰,梅仁,沈文红等 | 743 |
| PO-1000 | 维奈克拉血药浓度与治疗急性髓系白血病疗效的相关性 ----- | 杨昱霏,吴侯,赵磊 | 744 |
| PO-1001 | COVID-19 感染对血液病患者预后的影响: 一项单中心回顾性研究 ----- | 李志鹏,邓磊,于晓林等 | 744 |
| PO-1002 | CD19 CAR-T 细胞疗法治疗异基因造血干细胞移植后 复发 B-ALL 患者的多中心研究 ----- | 冯晶晶,胡永仙 | 745 |
| PO-1003 | 颅骨钻孔引流抢救急性早幼粒细胞白血病 合并脑水肿脑疝 1 例报告并文献复习 ----- | 李倩,王如菊,陈晓晨等 | 745 |
| PO-1004 | “六字诀”锻炼在血液科患者重症肺部感染后呼吸功能改善的影响 ----- | 刘畅 | 746 |
| PO-1005 | 缺氧诱导因子 HIF-1 α 可通过 miR-582-5p 抑制 AML 细胞增殖 ----- | 王夏曼,冯远栋,白菊等 | 746 |
| PO-1006 | 荧光原位杂交技术在 BCR-ABL210 阳性急性白血病诊断中的鉴别意义 ----- | 陈香丽,郭梦露 | 747 |
| PO-1007 | 氟马替尼与尼洛替尼一线治疗初治慢性髓系 白血病慢性期的疗效及安全性比较 ----- | 杨松凡,文钦,张曦 | 747 |
| PO-1008 | 经转录组测序诊断的 PICALM::MLLT10 融合基因阳性 急性非淋巴细胞白血病临床特征 ----- | 夏晶,胡晓慧,赵晔等 | 748 |
| PO-1009 | 急性淋巴细胞白血病诱导化疗后 MRD 水平 和缓解后治疗策略对预后的影响 ----- | 李沛沛,房孝生,孙雪等 | 748 |
| PO-1010 | 抢先应用 CXCR4 拮抗剂提高急性髓系 白血病自体造血干细胞动员效率 ----- | 陈果,谭栩,马影影等 | 749 |
| PO-1011 | 伴有 TP53 突变及复杂核型的 R/R-AML1 例治疗体会并文献复习 ----- | 陈香丽,李云凡 | 750 |
| PO-1012 | 昼夜节律相关基因对急性髓系白血病的预后意义 ----- | 金晶,封蔚莹 | 750 |
| PO-1013 | HDAC2-induced epigenetic silencing of DACT3 promotes tumor growth and drug resistance in acute myeloid leukemia ----- | Duanfeng Jiang,Qiuyu Mo,Haigang Shao etc. | 751 |
| PO-1014 | 慢性髓系白血病急变期基因突变与 BCR::ABL1 转录本下降速率相关性分析 ----- | 韩聪,姚瑶 | 752 |
| PO-1015 | TMEM217 棕榈酰化调控 AML 发生发展的机制研究 ----- | 夏治洲 | 752 |
| PO-1016 | 分级护理干预在急性白血病化疗后口腔溃疡患者中的应用 ----- | 贾韵名 | 753 |
| PO-1017 | Ningetinib 一种新型 FLT3 抑制剂 可以克服急性髓系白血病继发性耐药突变。 ----- | 王培鸿,胡楚红,王顺清 | 753 |
| PO-1018 | Chemotherapy-free treatment of VAF induces early and deep molecular response in patients with newly diagnosed Philadelphia chromosome-positive acute lymphoblastic leukemia: a prospective, single-center, single-arm, phase 2 trial ----- | Xiaowen Tang,Mengyun Li | 754 |
| PO-1019 | 利妥昔单抗联合 CAR-T 治疗可改善复发/难治性 B 细胞急性淋巴细胞白血病 (r/r B-ALL) 患者的临床结果 ----- | 李杨子,崔庆亚,刘思宁等 | 754 |
| PO-1020 | Sequential infusion of anti-CD19 and anti-BCMA chimeric antigen receptor T-cells for Refractory Immune-mediated Platelet Transfusion Refractoriness ----- | yunju ma,Qingya Cui,Chunxiu Yang etc. | 755 |

| | | | |
|---------|--|---|-----|
| PO-1021 | 叙事护理对白血病患者负性情绪及生活质量的影响 ----- | 娄欣霞 | 756 |
| PO-1022 | 面向间接 IF 和 FISH 的智能化病理染色技术----- | 刘智勇 | 756 |
| PO-1023 | Prognostic value of the co-stimulatory molecule OX40 expression in Extranodal Natural killer/T-cell Lymphoma----- | Ziyuan Shen,Wei Sang | 757 |
| PO-1024 | Clinicopathological analysis of immunohistochemical CD47 and signal-regulatory protein- α expression in Extranodal Natural killer/T-cell Lymphoma----- | Ziyuan Shen,Wei Sang | 757 |
| PO-1025 | Clinicopathological features and survival outcomes of CD30 expression in Extranodal Natural killer/T-cell Lymphoma----- | Ziyuan Shen | 758 |
| PO-1026 | 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤中 Ki67 最佳截断值的确定及预后价值分析: 一项淮海淋巴瘤协作组的多中心回顾性研究 ----- | 沈子园,张庆,李宇杰等 | 758 |
| PO-1027 | Burden of Lymphoma in China From 1990 to 2019: Comparison with Asia, Europe, and global----- | Ziyuan Shen,Wei Sang | 759 |
| PO-1028 | 脂质谱对成人噬血细胞 淋巴组织细胞病的预后价值 ----- | Wanying Cheng,Wanying Cheng,Lingling Wang 等 | 759 |
| PO-1029 | Outcome in patients with HIV-associated Hodgkin lymphoma treated with chemotherapy using Doxorubicin, Bleomycin, Vinblastine, and Dacarbazine in the combination antiretroviral therapy (cART) era: results of a multicenter study from China ----- | Chaoyu Wang,Yan Wu,Wei Zhang etc. | 760 |
| PO-1030 | Epidemiology, treatment pattern and survival of human immunodeficiency virus infection-associated lymphoma in China 2008-2021 ----- | Chaoyu Wang,Yan Wu,Haiyan Min etc. | 761 |
| PO-1031 | 正念疗法对恶性淋巴瘤化疗期间焦虑情绪及生活质量的影响 ----- | 魏芙蓉 | 761 |
| PO-1032 | Gp350-Targeted CAR-T Therapy in EBV-Positive Burkitt Lymphoma: Pre-Clinical Development of Gp350 CAR-T ----- | Yan-Li Li,Jia-Jia Wang,Hui-Ping Wang etc. | 762 |
| PO-1033 | T 细胞的内在缺陷影响 CAR-T 疗法在弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的疗效----- | 赵金荣,魏冲,王树青等 | 763 |
| PO-1034 | 一款新型国产 CD20 单抗 (瑞帕妥单抗®) 在 B-NHL 中的疗效和安全性: 一项单中心回顾性研究----- | 李军,刘怡,张小梅等 | 763 |
| PO-1035 | BCKDK Coupled CAR-T Cells as Live Drug by Reprogramming Branched Chain Amino Acid Metabolism in Cancer Micro-environment----- | 杨全军 | 764 |
| PO-1036 | Azacytidine plus rituximab-gemcitabine-oxaliplatin as salvage treatment in patients with relapsed/refractory diffuse large B-cell lymphoma----- | Fanqiao Meng,Xiang Maoyuan,Peng Cuicui etc. | 765 |
| PO-1037 | 右胸壁弥漫大 B 细胞淋巴瘤 1 例并文献复习----- | 黄敏 | 765 |
| PO-1038 | 肺部弥漫大 B 细胞淋巴瘤误诊为肺癌一例并文献复习----- | 李小鹏 | 766 |
| PO-1039 | The regulatory mechanisms of Mangiferin combined with Bortezomib on malignant biological behaviors of Burkitt lymphoma and its effect on expression of C-X-C motif chemokine receptors----- | Yanquan Liu,Jian-Zhen SHEN,Xiao-Jun CHEN etc. | 767 |
| PO-1040 | 美罗华治疗恶性淋巴瘤过敏一例护理 ----- | 刘艳 | 768 |
| PO-1041 | Socioeconomic status, individual behaviors and risk for Lymphomas: A Mendelian randomization study ----- | Ziyuan Shen,Wei Sang | 768 |
| PO-1042 | 外周血淋巴细胞亚群检测在淋巴瘤不同 EBV 感染状态中的价值研究----- | 沈子园,桑威 | 769 |

| | | | |
|---------|--|--|-----|
| PO-1043 | 美罗华治疗恶性淋巴瘤过敏的一例护理 ----- | 刘艳 | 769 |
| PO-1044 | 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤失巢凋亡相关基因预后模型的建立及评估 ----- | 王锦华,赵华,官明泽等 | 770 |
| PO-1045 | 一例 Cyclin D1 阴性套细胞淋巴瘤患者实验室分析并文献学习 ----- | 刘建拓,李鸿瑞,邱学奎等 | 770 |
| PO-1046 | 1 例复发/难治弥漫性大 B 细胞淋巴瘤伴带状疱疹 行 CAR-T 治疗患者的全程管理的护理 ----- | 赵娜 | 771 |
| PO-1047 | 川楝素通过抑制 PI3K 和 PLK1 多靶点治疗复发 和难治性弥漫大 B 细胞淋巴瘤的药效和机制研究 ----- | 胡倩,王梦瑶,陈萌等 | 771 |
| PO-1048 | 非霍奇金血管免疫母性 T 细胞淋巴瘤合并嗜血细胞综合征一例 ----- | 吴宁夏,汪梅花 | 772 |
| PO-1049 | 人工智能在胃肠道弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床 病理特征、疗效及预后分析 ----- | 赖沁巧,赵艳,张清洋等 | 772 |
| PO-1050 | Molecular heterogeneity of CD30+ peripheral T-cell lymphoma with prognostic significance and therapeutic implications ----- | Yujia Huo,Weili Zhao,Shu Cheng etc. | 773 |
| PO-1051 | 集束化护理对 HIV 合并弥漫大 B 细胞淋巴瘤化疗所致口腔黏膜炎的影响研究 ----- | 冉欣 | 774 |
| PO-1052 | 延续性护理对降低 PICC 并发症发生率的效果分析 ----- | 刘芳,余艳丽,张莹等 | 774 |
| PO-1053 | 自体造血干细胞移植治疗高侵袭性淋巴瘤的临床疗效及影响因素 ----- | 刘栋林,张旭东 | 775 |
| PO-1054 | 基于思维导图的护理模式在美罗华治疗淋巴瘤并发带状疱疹患者中的应用效果 ----- | 陈莹莹 | 775 |
| PO-1055 | 老年人群原发头颈部淋巴系统肿瘤的流行病学分布及生存结果 ----- | 郑焱华,刘利 | 776 |
| PO-1056 | Bing-Neel 综合征合并 MOG-抗体相关疾病一例伴文献复习 ----- | 吕成兰,王晶,许景艳等 | 776 |
| PO-1057 | PTPN1 基因突变对弥漫大 B 细胞淋巴瘤细胞生物学行为影响的初步研究 ----- | 黄素蓉,沈建箴 | 777 |
| PO-1058 | Significance of serum beta-2 microglobulin for survival and relapse in patients with diffuse large B-cell lymphoma in the rituximab era ----- | Yuze Yang,Yaru Xu,Mei Zhou etc. | 778 |
| PO-1059 | 症状隐匿的一例华氏巨球蛋白血症报告 ----- | 王树叶 | 778 |
| PO-1060 | MCP-1-CCR2-M2 macrophages axis contributes to diffuse large B-cell lymphoma progression and inhibits antitumor immune response ----- | Yan-Li Li,Zhao-Feng Wen,Qi-Tang Huang etc. | 779 |
| PO-1061 | Construction and validation of prognostic scoring models to risk stratify patients with acquired immune deficiency syndrome -related diffuse large B cell lymphoma ----- | Hua You,Han Zhao,Rongqiu Liu etc. | 779 |
| PO-1062 | Clinical characteristics and outcomes of AIDS-related Burkitt lymphoma in China ----- | Hua You,Rongqiu Liu,Han Zhao etc. | 780 |
| PO-1063 | 一致性骨髓受累对弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者预后的影响 ----- | 左华芹,孙幸,谢晓艳等 | 781 |
| PO-1064 | 不同化疗方案联合沙利度胺治疗初诊 HIV 相关弥漫性 大 B 细胞淋巴瘤的有效性及其安全性: 一项回顾性分析 ----- | 陶鹏飞,钱川,周奇文等 | 782 |
| PO-1065 | 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤患者中 CD30 的表达及其临床意义 ----- | 屈阳,贾祝霞,卢绪章 | 782 |
| PO-1066 | 外周血 T 淋巴细胞亚群计数及 CD4/CD8 比值 在艾滋病相关淋巴瘤患者中的预后分析 ----- | 周奇文 | 783 |
| PO-1067 | 营养状态对艾滋病相关淋巴瘤预后的研究 ----- | 刘婷婷 | 783 |
| PO-1068 | HIV 相关淋巴瘤自体造血干细胞移植的护理及 9 例体会 ----- | 罗琴 | 784 |
| PO-1069 | 淋巴瘤患者静脉血栓栓塞危险因素的 Meta 分析 ----- | 蒋翠婷 | 784 |
| PO-1070 | 循证护理对 HIV 相关性淋巴瘤化疗患者生活质量和心理情绪的影响实践探究 ----- | 雷波 | 785 |
| PO-1071 | 全方位护理用于血液肿瘤患者对其护理满意度的影响分析 ----- | 张媛 | 785 |
| PO-1072 | 可调节式手臂支撑装置在 PICC 置管术中的应用 ----- | 王霞,吕静,刘婷婷等 | 786 |

| | | |
|---------|--|-----|
| PO-1073 | 200 例 B 细胞慢性淋巴增殖性疾病患者的临床特征及预后 -----徐成波,许华琴,郑瑞玟 | 786 |
| PO-1074 | Impact of initial chemotherapy cycles and clinical characteristics on outcomes for HIV-associated diffuse large B cell lymphoma patients -----Chaoyu Wang,JUN LIU,JIEPING LI etc. | 787 |
| PO-1075 | 肠道弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床特征与预后分析 -----陈晓君,沈建箴 | 787 |
| PO-1076 | MEK1/2 抑制剂 U0126 对 CAR T 细胞引起的 CRS 的抑制作用及机制研究 -----王迎香,王兴兵 | 788 |
| PO-1077 | CD19-CAR-T 细胞治疗 B 细胞恶性肿瘤的纵向血清蛋白质组学特征 -----王有名,孙瑞,葛伟刚等 | 789 |
| PO-1078 | The regulatory mechanisms of Mangiferin combined with Bortezomib on malignant biological behaviors of Burkitt lymphoma and its effect on expression of CXCL chemokine receptors -----Yanquan Liu,Min-Juan ZENG,Yue YIN etc. | 789 |
| PO-1079 | 延续性护理在恶性淋巴瘤 PICC 置管出院患者中的应用 -----邓于宏 | 790 |
| PO-1080 | HIV 相关性淋巴瘤患者的静脉管理 -----浦小燕 | 790 |
| PO-1081 | PET-CT 对初治滤泡性淋巴瘤骨髓浸润的诊断及预后评估价值 -----赵育,沈建箴,刘庭波等 | 791 |
| PO-1082 | CT 影像学鉴别淋巴瘤和淋巴结炎的应用研究 -----张可杰,钟华,叶丽婷等 | 791 |
| PO-1083 | 基于循证理念构建综合护理方案在 HIV 相关性淋巴瘤患者中的应用 -----吕静,刘婷婷 | 792 |
| PO-1084 | 以症状管理为核心的淋巴瘤患者全程管理模式的应用 -----徐禄香 | 792 |
| PO-1085 | 单克隆抗体靶向治疗致急性肿瘤溶解综合征 2 例并文献复习 -----吴修进,姜薇,魏立 | 793 |
| PO-1086 | The Role of Radiotherapy in Patients with Refractory Hodgkin's Lymphoma after Treatment with Brentuximab Vedotin and/or Immune Checkpoint Inhibitors -----Ruizhi Zhao,Han Shao,Guiqing Shi etc. | 793 |
| PO-1087 | Circulating tumor DNA in clinical application for malignant lymphoma -----Xuerong Zhou,Xuejiao Xia,Xiaoxue Wang | 794 |
| PO-1088 | Prompt assessment of tumor load and treatment response in patients with lymphoma by a blood-based multi-omics approach -----Xinhua Wang,Zhiming Li,Yu Chang etc. | 795 |
| PO-1089 | 优质护理干预措施在预防高龄淋巴瘤化疗患者下肢静脉血栓的干预效果 -----冯婷婷,郭彩利 | 796 |
| PO-1090 | 淋巴瘤患者恐惧疾病进展的现状及其影响因素分析 -----董妍妍,常靓,王雯 | 796 |
| PO-1091 | 自体造血干细胞移植联合 CD19/22 CAR-T 细胞免疫疗法 ——治疗复发/难治性中枢神经系统淋巴瘤的优化策略 -----余秋霞,戴紫港,黄亮等 | 797 |
| PO-1092 | 多发性骨髓瘤患者自我报告焦虑、抑郁现状调查 -----李雪雪,兰大华 | 797 |
| PO-1093 | Novel targeted agents in combination with R-ICE (R-ICE-X) based on genotyping in relapsed/refractory DLBCL -----Yige Shen,Yiwen Cao,Shu Cheng etc. | 798 |
| PO-1094 | Qin Huang formula protects the circulating CD4+ T cell immunity of post-chemotherapy diffuse large B cell lymphoma patients via upregulated sphingosine 1-phosphate mediated by gut microbiota -----Weili Li,Shiyu Ma,Ming Ruan etc. | 798 |
| PO-1095 | 滤泡性淋巴瘤不同临床预后评分体系与不同分子异常相关 -----王楠,郑重,孙芮等 | 799 |
| PO-1096 | 睾丸弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的临床病理特征和疗效分析 -----王玥 | 799 |
| PO-1097 | 早期免疫化疗失败型 DLBCL 临床分子特征研究及预测模型建立 -----程莉莉 | 800 |
| PO-1098 | 流式细胞术检测骨髓累及在外周 T 细胞淋巴瘤的预后意义和临床应用价值 -----蔡铭慈,程澍,王黎等 | 800 |
| PO-1099 | 骨受累弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床生物学特征及预后分析 -----陈思远,赵维莅 | 801 |
| PO-1100 | CD47 related to oncogenic mutations and tumor microenvironment alterations in diffuse large B-cell lymphoma -----Yige Shen,Weili Zhao | 802 |
| PO-1101 | Nanocomplex-Mediated Chimeric Antigen Receptor-NK for PTCL in-vivo Therapy -----Rui Sun | 802 |

| | | | |
|---------|---|---|-----|
| PO-1102 | Multicolor flow cytometry to evaluate microenvironment of lymphoma. ----- | Rui Sun | 803 |
| PO-1103 | 滤泡性淋巴瘤微生物组与预后相关 ----- | 徐天圆,郑重,王楠等 | 803 |
| PO-1104 | 阿扎胞苷增强塞利尼索在 TET2/RHOA 双突变的外周 T 细胞淋巴瘤中的抗肿瘤作用 ----- | 徐婷婷,黄耀慧,赵维莅 | 804 |
| PO-1105 | 转录组水平弥漫大 B 细胞淋巴瘤中微生物检出分析 ----- | 付迪,赵维莅 | 804 |
| PO-1106 | 弥漫大 B 细胞淋巴瘤中微生物的组成与肿瘤预后 ----- | 赵良娟,赵维莅 | 805 |
| PO-1107 | A Nuclear NKRF Interacting Long Noncoding RNA Controls EBV Eradication and Suppresses Tumor Progression in Natural Killer/T-Cell Lymphoma ----- | Wenfang Wang | 805 |
| PO-1108 | 以 Tafasitamab 为基础的方​​案治疗中国弥漫大 B 淋巴瘤患者的疗效与安全性 ——真实世界数据初步分析 ----- | 游建华,王智,许彭鹏等 | 806 |
| PO-1109 | BCL2/MYC 蛋白双表达弥漫大 B 细胞淋巴瘤的分子异质性 ----- | 石子旸,房莹,许彭鹏等 | 807 |
| PO-1110 | Dual targeting PD-L1 and 4-1BB to overcome dendritic cell-mediated lenalidomide resistance in follicular lymphoma ----- | Zhong Zheng,Rui Sun,Nan Wang etc. | 807 |
| PO-1111 | 肿瘤微环境特征揭示滤泡性淋巴瘤不同的生物学亚型和临床结局 ----- | 王楠,郑重,孙芮等 | 808 |
| PO-1112 | 高龄 DLBCL 基因突变和免疫微环境特征研究 ----- | 诸粤 | 808 |
| PO-1113 | Simplified algorithm for genetic subtyping in diffuse large B-cell lymphoma----- | Rong Shen,Di Fu,Shu Cheng etc. | 809 |
| PO-1114 | Immunosuppressive tumor microenvironment contributes to tumor progression in diffuse large B-cell lymphoma upon anti-CD19 chimeric antigen receptor T therapy ----- | Zixun Yan,Li Li,Di Fu etc. | 810 |
| PO-1115 | Cholesterol efflux of M2 macrophage contributes to chimeric antigen receptor T cell therapy resistance: A phase I study of primary refractory diffuse large B-cell lymphoma (JWCAR029-003)----- | Zixun Yan,Yan Dong,Qiao Niu etc. | 811 |
| PO-1116 | 惰性淋巴瘤患者癌症复发恐惧现状及影响因素研究 ----- | 林荣桂 | 812 |
| PO-1117 | 西达本胺治疗外周 T 细胞淋巴瘤的预后标志物分析 ----- | 侯传东,卢学春 | 812 |
| PO-1118 | Zanubrutinib-Lenalidomide-Rituximab (ZR2) in Unfit Diffuse Large B-cell Lymphoma: Efficient and Tolerant ----- | yawen wang,Panpan Li, Jiadai Xu etc. | 813 |
| PO-1119 | 一例原发皮肤弥漫大 B 细胞淋巴瘤（腿型）病例分析 ----- | 张燕 | 814 |
| PO-1120 | 大剂量芦可替尼用于常规剂量无效的噬血细胞综合征部分有效 ----- | 何雪峰,宋悦 | 814 |
| PO-1121 | 非霍奇金血管免疫母性 T 细胞淋巴瘤合并嗜血细胞综合征一例探讨 ----- | 吴宁夏,汪梅花,李飞 | 814 |
| PO-1122 | 优质护理方案在淋巴瘤患者化疗中可行性分析。 ----- | 熊啸,王含 | 815 |
| PO-1123 | 心理护理对恶性淋巴瘤患者化疗后不良情绪的改善作用分析 ----- | 熊啸 | 815 |
| PO-1124 | Outcome and risk prediction of early progression in patients with extranodal natural killer/T-cell lymphoma in the CLCG study----- | Jiaying Li,Xiaorong Hou,Siyue Chen etc. | 816 |
| PO-1125 | 自体造血干细胞移植与自体造血干细胞移植序贯嵌合 抗原受体 T 细胞免疫疗法治疗恶性淋巴瘤造血重建的比较 ----- | 何丽,鲍颖,朱晓健等 | 817 |
| PO-1126 | Hemophagocytic lymphohistiocytosis and disseminated intravascular coagulation are underestimated, but fatal adverse events in chimeric antigen receptor T-cell therapy----- | Zhiqiang Song,Dingyuan Tu,Gusheng Tang etc. | 818 |

| | | | |
|---------|---|-----------------------------------|-----|
| PO-1127 | Effect of rituximab on incidence and subsequent outcome of histological transformation in follicular lymphoma: a systematic review and meta-analysis----- | Ziqi Wan,Xin Liu,Qiuzi Zhong etc. | 818 |
| PO-1128 | 结内边缘区淋巴瘤（NMZL）累及外周血一例----- | 陈钦,于莹,陈诗丽等 | 819 |
| PO-1129 | 初诊时外周血代谢组对难治性结外 NK/T 细胞淋巴瘤的 预测价值研究----- | 杨云帆,郑文,刘钦瑜等 | 820 |
| PO-1130 | HS006（新型人鼠嵌合型 CD20 单抗-泽贝妥单抗）联合 CHOP 对比 R-CHOP 在初治 CD20 阳性弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）中的疗效及安全性的多中心、随机、双盲 III 期临床试验----- | 李志铭,姜文奇,周辉等 | 821 |
| PO-1131 | 一例脾边缘区淋巴瘤继发冷凝集素综合征患者的护理----- | 景晓珊,李悦 | 822 |
| PO-1132 | 血液病患者 PICC 持续低速泵入液体预防导管堵塞的护理管理----- | 袁新伟,崔岩 | 822 |
| PO-1133 | 慢性淋巴细胞白血病/小淋巴细胞淋巴瘤伴 NOTCH1、JAK2 V617F 基因突变一例----- | 彭韵葢 | 823 |
| PO-1134 | 1 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤骨髓抑制期行 CD-19 自体 CAR-T 治疗患者的个案护理----- | 唐梦婷,杨晓慧 | 823 |
| PO-1135 | Spatial single cell analysis of tumor microenvironment remodeling pattern in primary central nervous system lymphoma----- | Tao Sun,Jingjing Ye,Chunyan Ji | 824 |
| PO-1136 | 新诊断血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤患者临床特征及预后分析----- | 胡影 | 824 |
| PO-1137 | Chi-REAC 预处理方案在高危、复发/难治 B 细胞淋巴瘤自体移植中的疗效及安全性研究----- | 黄顺桦,孟凡义 | 825 |
| PO-1138 | R-CHOP 方案序贯自体造血干细胞移植在初治中高危弥漫大 B 细胞淋巴瘤作用：一项来自中国感染免疫与微生态研究转化协作组多中心真实世界研究----- | 郭智 | 825 |
| PO-1139 | 基于赋能理论的护理干预在霍奇金淋巴瘤患儿主要照顾者中的应用----- | 麻彦 | 826 |
| PO-1140 | 非侵入式肠-脑轴纳米递送系统对中枢神经系统淋巴瘤的治疗研究----- | 龚颖,缪养宝 | 826 |
| PO-1141 | 以全身重度水肿为突出表现的继发性 HLH3 例----- | 廖丽昇,郑志海,林玲等 | 827 |
| PO-1142 | Simultaneous double expression intravascular large B-cell lymphoma and papillary thyroid carcinoma: rare case report----- | Yan Li,Jinxiang Liang,Jie Li | 828 |
| PO-1143 | 慢性淋巴细胞白血病的基因突变及预后分析----- | 田紫竹,李姮,彭宏凌 | 828 |
| PO-1144 | B 细胞淋巴瘤与肝功能指标之间可能的因果关系：一项孟德尔随机化研究----- | 何田田,卢学春 | 829 |
| PO-1145 | 兄妹两人同时罹患小 B 细胞淋巴瘤病例报道----- | 姜玉杰,袁代,王玉莹等 | 829 |
| PO-1146 | A novel prognostic model of DLBCL patients based on cuproptosis related genes----- | Fu Li,Jun Rao,Song Dong etc. | 830 |
| PO-1147 | Voltage-dependent anion channel 2 (VDAC2) drives rituximab resistance via inhibiting ferroptosis in diffuse large B cell lymphoma----- | Qiong Li,Jing Xia,Xinlei Li etc. | 831 |
| PO-1148 | 维泊妥珠单抗在弥漫大 B 细胞淋巴瘤诱导治疗后桥接移植中的初步疗效探讨----- | 李甫,饶军,李佳丽等 | 831 |
| PO-1149 | TNF γ 与 IL-17A 和 DLBCL 治疗效果的相关性----- | 唐书翰,饶军,李甫等 | 832 |
| PO-1150 | 奥布替尼联合化疗在初诊原发中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤诱导治疗中的初步疗效探讨----- | 周沙,饶军,曾韞璟等 | 833 |
| PO-1151 | 泊马度胺在高危 B 细胞淋巴瘤维持治疗的安全性、耐受性、有效性的单中心、非随机、开放性临床研究----- | 向茜茜,饶军,邓小娟等 | 833 |

| | | | |
|---------|--|--|-----|
| PO-1152 | Immune Infiltration Status is Associated with Prognosis in Patients with Early-Stage Extranodal Natural Killer-T Cell Lymphoma Treated with Radiotherapy----- | Yunpeng Wu,Yongsen Chen,Xin Liu etc. | 834 |
| PO-1153 | FRONTLINE BRENTUXIMAB VEDOTIN AND CHP (A+CHP) IN PATIENTS WITH PERIPHERAL T-CELL LYMPHOMA WITH LESS THAN 10% CD30 EXPRESSION: INITIAL SAFETY AND EFFICACY RESULTS FROM THE PHASE 2 STUDY SGN35-032 ----- | Iyer P. Swaminathan,Deepa Jagadeesh,Eva Domingo etc. | 835 |
| PO-1154 | FCGR3A 多态性对弥漫性大 B 细胞淋巴瘤治疗的指导意义----- | 钟旭妹 | 836 |
| PO-1155 | 真实世界中伴 HBV 感染的弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床特点及预后分析 ----- | 赵雪,吕曙力,龙艳红等 | 836 |
| PO-1156 | 多中心血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤的临床特征及生存分析 ----- | 田雅茹,陈艺卓,白斯君等 | 837 |
| PO-1157 | 罗伊适应模式对恶性淋巴瘤患者的护理干预 ----- | 唐弋茜 | 838 |
| PO-1158 | 1 例行自体造血干细胞移植联合嵌合抗原 T 细胞治疗的复发弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者并发神经毒性综合症的护理----- | 蒋平芳,陆茵 | 838 |
| PO-1159 | 淋巴瘤合并静脉血栓栓塞症患者的临床特征及危险因素分析 ----- | 万雨竹,刘春水 | 839 |
| PO-1160 | 现实世界中周围神经母细胞瘤儿童免疫接种的现状和安全性 ----- | 沈和萍 | 839 |
| PO-1161 | 真实世界中 BMI 与弥漫大 B 细胞淋巴瘤预后的相关性研究 ----- | 郭小艳,徐才刚,吕曙力等 | 840 |
| PO-1162 | 基于盐酸米托蒽醌脂质体的联合治疗在复发难治 NK/T 细胞淋巴瘤中的疗效及安全性分析 ----- | 王亮,杨晶,叶进等 | 840 |
| PO-1163 | Efficacy and Safety of BTK Inhibitors in Vitreoretinal Lymphoma: A Single-Center, Retrospective Analysis of 24 Patients ----- | Liang Wang,Jing Gao,Xiaoyan Peng | 841 |
| PO-1164 | 一例西达本胺、地西他滨、PD1 单抗联合 PI3K 抑制剂无化疗方案治疗老年复发难治 T 细胞淋巴瘤合并噬血细胞综合征 ----- | 李猛,胥灵敏,靖彧等 | 842 |
| PO-1165 | HIV-associated diffuse large B-cell lymphoma: A clinicopathologic, immunohistochemical and prognostic study of 81 cases in China ----- | Liang Wang,Lingzhen Chen,Yuanzheng Liang etc. | 843 |
| PO-1166 | 基于网络药理学及分子对接验证黄芩苷治疗 B 细胞淋巴瘤 的潜在作用靶点及机制 ----- | 卢铭,梁蓉 | 844 |
| PO-1167 | 1 例自体外周造血干细胞移植治疗恶性淋巴瘤的护理体会 ----- | 赖霄 | 844 |
| PO-1168 | Whole-genome DNA methylation landscapes and viral DNA integration in chronic active EBV infection in children ----- | Ran Wang | 845 |
| PO-1169 | A Novel Nomogram Predicting Rituximab-Associated Interstitial Pneumonia in Patients with Diffuse Large B Cell Lymphoma: A Retrospective Analysis of Single Center----- | Jia Guo,Chengji Wang,Yuanzheng Liang etc. | 845 |
| PO-1170 | A Prognostic Nomogram Survival Model for Newly Diagnosed Patients with AIDS-Related Diffuse Large B-Cell Lymphoma: A Multicenter Cohort Study in China----- | tao yang,haik lei,chaoyu wang etc. | 846 |
| PO-1171 | 泽布替尼联合 R-CHOP 治疗结外或 MYC/BCL2 双表达高危弥漫大 B 细胞淋巴瘤的回顾性分析----- | 付婉彬,刘佳,肖丹等 | 847 |
| PO-1172 | Central nervous system involvement in extranodal natural killer/T-cell lymphoma: a retrospective study of a consecutive 13-year case series ----- | Liang Wang,Lei Yang,Lijie Zeng etc. | 847 |
| PO-1173 | 基于人工神经网络的 EB 病毒相关淋巴瘤与鼻咽癌分子标志物预测及模型构建 ----- | 张力中,陈浩然,王程磊等 | 848 |

| | | | |
|---------|---|--|-----|
| PO-1174 | Autologous Hematopoietic Stem Cell Transplantation Combined with High-dose Chemotherapy as First-line Treatment for HIV-associated Lymphoma: A Retrospective Analysis ----- | Bingling Guo,Renzhi Hu,Xiping Liang etc. | 849 |
| PO-1175 | The Impact of Immune Function on Hematopoietic Reconstitution and Infection in Patients with Lymphoma after Autologous Hematopoietic Stem Cell Transplantation ----- | Renzhi Hu,Jun Liu,Xiping Liang etc. | 850 |
| PO-1176 | Cyclin D1-Positive Expression Associated with Prognostic Significance and Clinicopathological Characteristics By Paving the Way For Proliferation in Diffuse Large B-cell Lymphomas ----- | liangxiping liangxiping,Renzhi Hu,Chaoyu Wang etc. | 851 |
| PO-1177 | 不同治疗策略对结外 NK/T 细胞淋巴瘤生存的影响： 来自真实世界单中心 408 例病例分析 ----- | 王婕,杨云帆,徐娟等 | 852 |
| PO-1178 | Safety and Efficacy of Autologous HSCT in Nine Patients with AIDS-Related Non-Hodgkin Lymphoma ----- | jun liu,Yixing Zhou,Shunsi Liang etc. | 852 |
| PO-1179 | Treatment Pattern and Survival of Human Immunodeficiency Virus Infection-related Lymphoma in China 2008-2021 ----- | jun liu,Chaoyu Wang,Tao Yang etc. | 853 |
| PO-1180 | Clinical Analysis of 22 Cases of HIV-Associated Hodgkin Lymphoma in China ----- | Chaoyu Wang,Jun Liu,Tao Yang etc. | 854 |
| PO-1181 | Chidamide with Azacitidine and CHOP Treatment Plus Autologous Transplantation, Followed by Maintenance with Chidamide for Patients with Newly Diagnosed Peripheral T-Cell Lymphoma: Interim Analysis of a Prospective,Single Center,Single-arm, Phase 2 Trial ----- | chunyan xiao,Yao Ding,Chensi Zeng etc. | 854 |
| PO-1182 | Clinical Study on the Efficacy and Safety of PEG rhG CSF for Autologous Hematopoietic Stem Cell mobilization in Lymphoma and Multiple Myeloma: A Randomized Controlled, Multicenter Clinical Study ----- | Lingqian Zhang,Jun Li,Wenjun Zhang etc. | 855 |
| PO-1183 | Risk Factors of Venous Thromboembolism in Lymphoma Patients: A Meta-analysis ----- | Cuiting Jiang,Jing Lv,Luxiang Xu etc. | 856 |
| PO-1184 | HIV-related Diffuse Large B Cell Lymphoma Influences on T Cell Exhaustion ----- | Tingting Jiang,Yu Peng,Xnxi Tang etc. | 857 |
| PO-1185 | Treatment and Survival in patients with localized primary ocular adnexal MALT lymphoma: a large bicentric cohort study ----- | Linrui Gao,Li Xin,Ye-Xiong Li etc. | 858 |
| PO-1186 | TAFRO 综合征一例并文献复习 ----- | 王萌,孙楠楠,姜中兴 | 858 |
| PO-1187 | 老年淋巴瘤患者 COVID-19 感染多中心调研报告： 代表江苏老年淋巴瘤（JCLG） ----- | 路萧,朱华渊,张孝平等 | 859 |
| PO-1188 | 炎症因子水平在艾滋病合并非霍奇金淋巴瘤诊断中的预测价值 ----- | 陈星好,周奇文,陶鹏飞等 | 860 |
| PO-1189 | 中国 EBV 相关淋巴细胞增殖性疾病 住院儿童的流行病学和疾病负担 ----- | 迪拉热·迪力木拉提,王然,谢正德 | 860 |
| PO-1190 | Application of Comprehensive Nursing Program Based on Evidence-based Concept in Patients with HIV-related Lymphoma ----- | jing lv,Xiang Xu,Cuiting Jiang etc. | 861 |
| PO-1191 | High frequency mutant genes and prognosis value of HIV-related diffuse large B-cell lymphoma ----- | Yu Peng,Longrong Ran,Mingyu Zhao etc. | 862 |
| PO-1192 | 一例继发中枢神经系统淋巴瘤及噬血细胞综合征、 EB 病毒阳性的原发皮肤 DLBCL 的诊治及文献复习 ----- | 蒋端凤,张英辉,孟杰等 | 862 |

| | | | |
|---------|---|---|-----|
| PO-1193 | Cinobufagin Induces Apoptosis of DLBCL Cells By Targeting the Inhibition of G6PD Activity----- | Sanxiu He,Liuyue Zhai,Xiaomei Zhang etc. | 863 |
| PO-1194 | 放射治疗对弥漫性大 B 细胞淋巴瘤化疗后的总生存获益与无进展生存获益的相关性----- | 王婧男 | 864 |
| PO-1195 | Association of overall survival benefit of radiotherapy with progression-free survival after chemotherapy for intermediate and high risk diffuse large B-cell lymphoma----- | Jingnan Wang,Xin Liu,Fei Luo etc. | 864 |
| PO-1196 | Immuno-microenvironment features after successful treatment with anti-PD-1 antibody for an EBV-related extra-nodal NK/T-cell lymphoma with multiple skin involvement----- | Jingnan Wang,Xin Liu,Fei Luo etc. | 865 |
| PO-1197 | 外周 T 细胞淋巴瘤患者的异基因造血干细胞移植 ——一项单中心、回顾性研究----- | 高弘焜,王佳丽,姜尔烈 | 866 |
| PO-1198 | 应用 CD3/CD19 双特异性抗体治疗后发生 CRS 及 ICANS 护理探究----- | 程立杰,崔岩 | 867 |
| PO-1199 | POD24 在套细胞淋巴瘤中的预后意义----- | 陈伟,陈惠敏,桑威等 | 867 |
| PO-1200 | The prognostic significance of POD24 in peripheral T-cell lymphoma----- | Wei Chen,Huimin Chen,Wei Sang etc. | 868 |
| PO-1201 | Endothelial activation and stress index (EASIX) is a reliable predictor for overall survival in patients with peripheral T-cell lymphoma ----- | Wei Chen,Huimin Chen,Wei Sang etc. | 868 |
| PO-1202 | 四特异性抗体免疫治疗恶性血液病患者的护理对策----- | 袁新伟,崔岩 | 869 |
| PO-1203 | 基于生物信息学方法分析影响外周 T 细胞淋巴瘤发生发展的差异基因----- | 孟祥月,张蕊 | 869 |
| PO-1204 | 嵌合抗原受体 T 细胞治疗中枢神经系统淋巴瘤疗效持久性的 Meta 分析----- | 周静,曹阳 | 870 |
| PO-1205 | 血管免疫母 T 细胞淋巴瘤一线治疗中, 单纯化疗与西达本胺联合化疗的比较----- | 顾思梦,牛挺 | 870 |
| PO-1206 | 生物信息学方法筛选 c-MYC 重排的弥漫大 B 细胞淋巴瘤发病中的关键基因----- | 李泓毅,卢学春 | 871 |
| PO-1207 | Comparison of variety lymphodepletion preconditioning in immunocompetent mouse model undergoing anti-CD19 CAR-T cell therapy----- | Ying Wang,Li Zhang,Bin Pan etc. | 871 |
| PO-1208 | 抑制 MMP2 基因对高级别 B 细胞淋巴瘤结外侵袭影响的研究----- | 李泓毅,卢学春 | 872 |
| PO-1209 | ENKTCL PET 代谢影像组学模型的建立与验证----- | 朱英明,亓姝楠,李晔雄 | 872 |
| PO-1210 | “双打击”淋巴瘤预后不良相关基因探索----- | 智鹏 | 873 |
| PO-1211 | Predictive Modeling of Hematopoietic Stem Cell Mobilization and Collection Based on Peripheral Blood Marker----- | Longrong Ran,Yu Peng,Mingyu Zhao etc. | 873 |
| PO-1212 | Analysis of Influencing Factors of Positive Antiplatelet Antibody in Patients with Diffuse Large B-cell Lymphoma ----- | Wei Zhang,Longrong Ran,Mingyu Zhao etc. | 874 |
| PO-1213 | Stratified management based on surface antibody for prevention of hepatitis B virus reactivation in lymphoma patients----- | Hailing Liu,Lei Cao,Zhen He etc. | 875 |
| PO-1214 | 基于生物信息学分析方法探索霍奇金淋巴瘤一线治疗药物的优势与不足----- | 张昊军,卢学春 | 876 |
| PO-1215 | Tislelizumab combined with gemcitabine and oxaliplatin for extranodal NK/T-cell lymphoma failing L-asparaginase----- | Hailing Liu,Kaiyang Ding,Lixia Sheng etc. | 876 |
| PO-1216 | 基于生物信息学分析方法探索弥漫大 B 细胞淋巴瘤一线治疗药物的优势与不足----- | 李泓毅,Li | 877 |
| PO-1217 | Effectiveness and safety of Orelabrutinib with Rituximab and Lenalidomide in low KPS score and elder patients with newly diagnosis primary central nervous system lymphoma----- | ziyuan nie,Jin-Hai Ren,Xiao-Ling Guo | 878 |
| PO-1218 | 8 例侵犯骨髓的血管免疫母细胞性淋巴瘤免疫表型分析----- | 何雨蓉,黄林林,樊家梅等 | 878 |

| | | | |
|---------|--|--|-----|
| PO-1219 | 套细胞淋巴瘤患者骨髓中 CD34+造血干细胞的表达 及其克隆成球能力的分析 ----- | 张力,郑丽,王丽等 | 879 |
| PO-1220 | 基于生物信息学方法探讨铁死亡相关基因 在高级别 B 细胞淋巴瘤发病机制的研究 ----- | 李泓毅,卢学春 | 879 |
| PO-1221 | 普鲁士蓝纳米粒联合甲氨蝶呤/藤黄酸纳米胶束 对双表达淋巴瘤多模态治疗的实验研究 ----- | 王梦瑶,牛挺,钱志勇等 | 880 |
| PO-1222 | Prognostic and clinicopathological value of systemic immune-inflammation index in patients with diffuse large B-cell lymphoma: a meta-analysis----- | Zongxin Zhang | 881 |
| PO-1223 | 血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤游离 DNA 重现性突变 及预后分子标志物 ----- | 张春兰,牟必琴,徐娟等 | 881 |
| PO-1224 | 预后营养指数、控制营养状态评分在初诊弥漫性 大 B 细胞淋巴瘤患者中的预测价值 ----- | 谢凤阳,朱馨玉,李冰等 | 882 |
| PO-1225 | CD19/22 CAR-T 治疗 CD58 突变的复发/难治性 大 B 细胞淋巴瘤的安全性及有效性研究 ----- | 吕秋霞,杨漾,王高翔等 | 882 |
| PO-1226 | OX40 shapes an inflamed tumor immune microenvironment and predicts response to immunochemotherapy in diffuse large B-cell lymphoma ----- | Yaxiao Lu,Shen Meng,Jingwei Yu etc. | 883 |
| PO-1227 | Integrative genomic and transcriptomic analysis reveals genetic alterations associated with the early progression of follicular lymphoma ----- | Fenghua Gao,Hengqi Liu,Xianhuo Wang etc. | 884 |
| PO-1228 | 以眼部肿物首发套细胞淋巴瘤 1 例 ----- | 张研,张茜 | 884 |
| PO-1229 | 134 例慢性淋巴细胞白血病的分子细胞遗传学特征----- | 王晓英,孙媛,程建超等 | 885 |
| PO-1230 | 以自身免疫性溶血性贫血为首表现的华氏巨球蛋白血症临床特点 ----- | 李云凡,陈香丽 | 885 |
| PO-1231 | 奥妥珠单抗治疗 B 细胞淋巴瘤疗效与安全性分析 ----- | 赵杨祉,白鸥,国巍等 | 886 |
| PO-1232 | 一例皮肤 T 细胞淋巴瘤患者合并多重耐药菌的皮肤及导管护理 ----- | 刘晓荣,许梦 | 887 |
| PO-1233 | Clinical Study of the R-CDOP Regimen in Previously Untreated DLBCL with High Tumor Burden - An interim analysis of Multicenter, Prospective cilinical----- | Wei Guo,Ou Bai,Yangzhi Zhao etc. | 887 |
| PO-1234 | 维布妥昔单抗诱导后序贯西达本胺治疗 PTCL 的临床研究 ----- | 李朝霞,白鸥,国巍等 | 888 |
| PO-1235 | 来那度胺联合利妥昔单抗维持治疗在初治弥漫性 大 B 细胞淋巴瘤的疗效及安全性分析 ----- | 郭静,白鸥,国巍等 | 889 |
| PO-1236 | 以全血细胞减少为首要表现的 B 细胞慢性淋巴增殖性疾病患者的临床特征 ----- | 郭梦露,陈香丽 | 889 |
| PO-1237 | DLBCL 合并小 B 细胞淋巴瘤的诊断思路及临床意义 ----- | 李钦璐,张恒,邢树刚等 | 890 |
| PO-1238 | PD-1 抑制剂联合化疗序贯联合西达本胺维持治疗 单形性嗜上皮性肠道 T 细胞淋巴瘤疗效分析 ----- | 王兴彤,白鸥,国巍等 | 891 |
| PO-1239 | 来那度胺联合依托泊苷治疗 DLBCL 机制探索 ----- | 李佳,白鸥 | 891 |
| PO-1240 | 使用冷冻水垫对淋巴瘤发热患者的降温效果观察 ----- | 唐薇婷 | 892 |
| PO-1241 | 基于微信平台信息共享的多维照护策略 对淋巴瘤化疗患者恶心呕吐、心理应激的影响 ----- | 肖韶连,兰大华 | 892 |
| PO-1242 | Silencing CD38 enhances anti-CD38 CAR-T anti-lymphoma activity----- | Xiuying Liu,jianxun wang | 893 |

| | | | |
|---------|---|--|-----|
| PO-1243 | 联合 BTK 抑制剂诱导治疗提高原发中枢神经系统淋巴瘤患者的疗效及改善预后生存 ----- | 白斯君,杨林花 | 893 |
| PO-1244 | 93 例华氏巨球蛋白血症的临床特征及预后的单中心分析 ----- | 梁杰宏 | 894 |
| PO-1245 | 非霍奇金淋巴瘤伴骨髓纤维化的临床特征及发病机制的探索 ----- | 李燕,王俊暖,杨洁等 | 895 |
| PO-1246 | 一例终末期弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者疼痛及呕吐的安宁疗护 ----- | 杨澜 | 895 |
| PO-1247 | The causal effect of membranous nephropathy on Diffuse large B-cell lymphoma: a two-sample bi-directional mendelian randomization ----- | Jingjing Ma,Zhengmei He,Chunling Wang etc. | 896 |
| PO-1248 | CD19/BAFFR 全人源双靶点 CAR-T 的开发和临床前功能研究 ----- | 吴孙桂,骆倩,李飞雨等 | 896 |
| PO-1249 | 利妥昔单抗生物类似药与原研药在初治弥漫性大 B 细胞淋巴瘤中的疗效与安全性研究 ----- | 张杰,徐小红 | 897 |
| PO-1250 | Analysis of the Real-world Efficacy of Polatuzumab Vedotin Treatment in Diffuse Large B-cell Lymphoma ----- | Jianhong Wang | 897 |
| PO-1251 | Outcomes of Programmed Death Protein-1 Inhibitors Treatment of Chronic Active Epstein Barr Virus Infection: A Single Center Retrospective Analysis ----- | Yaxian Ma,Peiling Zhang,Yuhan Bao etc. | 898 |
| PO-1252 | 吡啶菁绿介导的海胆样羟乙基淀粉纳米载体的制备增强药物肿瘤 EPR 和深度渗透作用 ----- | 唐宇翔 | 899 |
| PO-1253 | CD58 genetic variations drive immune escape by inducing PD-L1 and IDO via the LYN/CD22/SHP1 axis in diffuse large B-cell lymphoma ----- | Yidan Zhang,Xiyue Xu,Yaxiao Lu etc. | 900 |
| PO-1254 | The causal effect of adipose tissue on Hodgkin's lymphoma ----- | Lihua Wu,Nainong Li | 902 |
| PO-1255 | 单形性亲上皮肠道 T 细胞淋巴瘤肿瘤微环境的单细胞空间转录组及临床病理分析 ----- | 王季诺,程飞,张忠民等 | 903 |
| PO-1256 | Consolidation therapy with autologous stem cell transplantation after remission of induction chemotherapy prolongs the survival of patients with peripheral T-cell lymphoma ----- | Lin Shen,Lipan Wu,Yanhui Xie | 903 |
| PO-1257 | APOC1 在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的表达及其对恶性生物学行为的影响 ----- | 梁京京,叶彤彤,陈文阳等 | 904 |
| PO-1258 | Imbalanced Expression of TACI Isoforms Regulated by TNFRSF13B variants promotes the progression of Epstein-Barr Virus-associated Lymphoproliferative Diseases ----- | Xinyue Deng,Qiang Gao,Kefeng Shen etc. | 905 |
| PO-1259 | Natural killer-cell recovery in patients received CD19 CAR T-cell therapy: dynamics and clinical significances ----- | Xindi wang,Heng Mei,Yu Hu | 906 |
| PO-1260 | 格菲妥单抗治疗复发/难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤的有效性及安全性: 一项真实世界观察研究 ----- | 刘林,崔国惠 | 906 |
| PO-1261 | 外周 T 细胞淋巴瘤患者基因突变谱及预后意义 ----- | 王玲玲,杨磊,管方舒等 | 907 |
| PO-1262 | 新型冠状病毒感染继发噬血细胞综合征 2 例报道并文献复习 ----- | 张雨,管俊 | 907 |
| PO-1263 | AP2M1 的高表达与弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的预后和耐药性相关 ----- | 刘辛迪,王亮 | 908 |
| PO-1264 | 一种基于铁蛋白和 Nomogram 风险指数的新型预后模型可以更好地对结外 NK/T 细胞淋巴瘤患者进行分层 ----- | 刘辛迪,王亮 | 908 |
| PO-1265 | 淋巴瘤 FFPE 与 ctDNA 样本一致性检测及临床应用探究 ----- | 徐海霞,柯蒙蒙,孙黎等 | 909 |

| | | | |
|---------|--|--|-----|
| PO-1266 | MEK1/2 抑制剂对 CAR-T 细胞疗法引起的 CRS 的抑制作用及机制研究 ----- | 李慧,王兴兵 | 909 |
| PO-1267 | 弥漫大 B 细胞淋巴瘤中基于机器学习整合免疫、基质和增殖特征的新风险分层: 来自国际多中心研究的单细胞和混合多组学数据 ----- | 梁晓杰,郭嘉,骆栢维等 | 910 |
| PO-1268 | 成人 T 细胞淋巴瘤/白血病 (ATLL) 流式病例两例并文献复习 ----- | 沈伟 | 911 |
| PO-1269 | 原发胃肠道 T 细胞淋巴瘤 1 例 ----- | 李梦瑶,张晓红,李霄雨等 | 911 |
| PO-1270 | 经脑组织立体定向活检诊断原发性中枢神经系统淋巴瘤 1 例 ----- | 李梦瑶,张晓红,李霄雨等 | 912 |
| PO-1271 | 探讨易被误诊为毛细胞白血病的脾边缘区淋巴瘤伴 KLF2 突变一例。 ----- | 杨利群,吴韞里,柯晴 | 912 |
| PO-1272 | 一例血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤在自体移植术后 继发急性前体 B 淋巴细胞白血病的病例报告 ----- | 张晏毓,孙秀丽,张丽芝等 | 913 |
| PO-1273 | “18F-FDG PET/CT metrics-based stratification of diffuse large B-cell lymphoma receiving CAR-T cell therapy: immunosuppressive tumor microenvironment as a negative prognostic indicator in patients with high tumor burden ----- | Lingshuang Sheng,Weili Zhao | 913 |
| PO-1274 | 利妥昔单抗治疗血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤化疗 所致自身免疫性血小板减少 1 例报道 ----- | 张洪勇,程志鹏,武盈盈等 | 914 |
| PO-1275 | Incidence of hemophagocytic lymphohistiocytosis after immunotherapy in hematological malignancies: A Systematic Review and Meta-Analysis ----- | Yinqiang Zhang,Wenjing Luo,Heng Mei | 915 |
| PO-1276 | Exploring the Role of lncRNA CHROMR in DLBCL Pathogenesis and Immune Modulation----- | Heyang ZHANG | 915 |
| PO-1277 | 白细胞介素-2 受体和预后营养指数在弥漫性 大 B 细胞淋巴瘤患者中的预测价值 ----- | 谢凤阳,马晓霞,朱馨玉等 | 917 |
| PO-1278 | 基于 PET 影像特征预测弥漫大 B 细胞淋巴瘤老年患者 在 R-CHOP 方案中的疗效及预后评估 ----- | 赵金城,戎剑,蒋冲等 | 918 |
| PO-1279 | 睾丸弥漫大 B 细胞淋巴瘤一例报告 ----- | 丘丹,卢育洪 | 918 |
| PO-1280 | Zanubrutinib in combination with R-CHOP (ZR-CHOP) for the treatment of newly diagnosed double-expressor lymphoma (DEL): A multicentre, prospective, single-arm, phase II clinical study ----- | Xia Yin,Qiang He,Linna Xie etc. | 919 |
| PO-1281 | 红细胞分布宽度/血小板计数对新诊断结外受累弥漫 大 B 细胞淋巴瘤预后的影响 ----- | 刘晓博,刘影,李威亚等 | 920 |
| PO-1282 | 基于 WGCNA 和机器学习分析弥漫大 B 淋巴瘤双疏死亡相关基因及初步验证 ----- | 何田田 | 920 |
| PO-1283 | 水蛭素调控巨噬血细胞极化状态对弥漫 大 B 细胞淋巴瘤细胞生物特性的影响 ----- | 裴强,李自回,胡芃等 | 921 |
| PO-1284 | 低蛋白血症在淋巴瘤或白血病患者使用大剂量甲氨蝶呤排除时间延长中的影响 ----- | 史丽君 | 921 |
| PO-1285 | Molecular heterogeneity of BCL2/MYC double expressor lymphoma underlies sensitivity to histone deacetylase inhibitor ----- | Ziyang Shi,Ying Fang,Pengpeng Xu etc. | 922 |
| PO-1286 | 中性粒细胞对 CAR-T 细胞体内扩增和 CRS 的评估和预测能力 ----- | 张曼 | 923 |
| PO-1287 | The importance of hepatic involvement for the diagnosis and treatment of hemophagocytic lymphohistiocytosis (HLH) associated with NK/T cell lymphoma: a single center retrospective study ----- | Yehua Yu,Haifang Hang,Yuyang Pang etc. | 923 |
| PO-1288 | 淋巴瘤患者应用泽贝妥单抗出现不良反应的预防和护理效果观察 ----- | 彭美玲 | 924 |
| PO-1289 | 泊马度胺为基础的新联合方案治疗 PCNSL 的临床研究 ----- | 陈菲菲,杨力 | 924 |

| | | | |
|---------|---|--------------------------------------|-----|
| PO-1290 | 潜在类别分析衍生的分类改善了淋巴瘤的癌症特异性死亡分层: 一项大型回顾性队列研究 ----- | 梁晓杰,吴煜哲,卢伟祥等 | 925 |
| PO-1291 | 原发性骨淋巴瘤患者的流行病学和生存率: 一项大型回顾性队列研究 ----- | 梁晓杰,李彤,吴煜哲等 | 926 |
| PO-1292 | 淋巴瘤患者全程管理信息化平台的构建与应用 ----- | 徐禄香 | 926 |
| PO-1293 | 以嗜血细胞综合征起病的弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 1 例病例报道----- | 林海燕,鲍颖 | 927 |
| PO-1294 | LymphGen 分型在二代测序技术中对 DLBCL 诊断分层的应用初探----- | 王萍萍,孙小娇,徐海霞等 | 927 |
| PO-1295 | 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤治疗过程中出现第二原发结肠腺癌 1 例----- | 林海燕,鲍颖 | 928 |
| PO-1296 | 散发性成人伯基特淋巴瘤的临床特征及预后分析 ----- | 董长明,邹鹤松,刘薇等 | 928 |
| PO-1297 | 四种自身免疫性疾病对六种淋巴瘤亚型的影响: 一项双样本孟德尔随机研究 ----- | 卢伟祥,梁晓杰,林炳昱等 | 929 |
| PO-1298 | 肾脏累及的弥漫性大 B 细胞淋巴瘤患者的临床 病理特征、基因突变谱与预后分析 ----- | 王博恩,许彭鹏 | 929 |
| PO-1299 | Survival Comparison of Relmacabtagene Autoleucl vs usual care in Relapsed/Refractory Follicular Lymphoma: A Matching-Adjusted Indirect Analysis ----- | Cong Sun,Xianhuo Wang,Huilai Zhang | 930 |
| PO-1300 | 以反复发热, 双下肢疼痛麻木为首发 表现的血管内大 B 细胞淋巴瘤 1 例并文献复习----- | 段小琼 | 931 |
| PO-1301 | 工程菌细胞外膜囊泡治疗淋巴瘤 ----- | 邹超瑜,余泓彬,周西坤等 | 931 |
| PO-1302 | 弥漫大 B 细胞淋巴瘤中 PD-L1 基因表达特征的研究 ----- | 周围,胡东,舒思敏等 | 932 |
| PO-1303 | CT 影像学鉴别淋巴瘤和淋巴结炎----- | 张可杰,钟华,叶丽婷等 | 932 |
| PO-1304 | 基于 CT 影像学模型预测弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者生存期 ----- | 张可杰,何婉艺,王勇 | 933 |
| PO-1305 | BCOR 基因突变抑制 PD-L1 的表达 导致 NKTCL 对 PD-1 免疫治疗耐受----- | 程琳娜,郭利群,张惠阳等 | 933 |
| PO-1306 | 靶抗原修饰细胞外囊泡定向投递细胞因子增强 CAR-T 细胞功能----- | 张元元,黄美娟,李登举等 | 934 |
| PO-1307 | 塞替派为基础的预处理方案用于中枢 淋巴瘤自体造血干细胞移植的疗效观察 ----- | 魏道林,郑雪倩,刘慧霞等 | 934 |
| PO-1308 | 以皮肤黄染为首发表现的 ALK+间变大细胞性淋巴瘤个案报道 ----- | 王晓英,马红玲 | 935 |
| PO-1309 | 大剂量 MTX 联合利妥昔单抗和奥布替尼治疗 初治原发中枢神经系统淋巴瘤 ----- | 赵世华,刘耀,贺建霞等 | 935 |
| PO-1310 | The effects of 5-Aza-dC and TSA on the function of EZH2-mutated DLBCL cells ----- | chengbo xu,min hu,enai yang etc. | 936 |
| PO-1311 | 大剂量甲氨蝶呤治疗原发性中枢神经系统淋巴瘤的护理研究 ----- | 孙培娟 | 937 |
| PO-1312 | A retrospective comprehensive analysis of mature T- and NK-cell lymphomas ----- | Junlei Jia,Xianhuo Wang,Huilai Zhang | 937 |
| PO-1313 | A retrospective analysis of mature T- and NK-cell lymphomas ----- | Junlei Jia,Xianhuo Wang,Huilai Zhang | 938 |
| PO-1314 | Associating Dynamic Changes in Metabolic Syndrome Components with Clinical Outcomes in Diffuse Large B-Cell Lymphoma----- | Dewan Zhao,He Xu,Fengrao Tang etc. | 939 |
| PO-1315 | 活化淋巴细胞因子在弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床应用----- | 唐书翰,黄德智,李甫等 | 940 |
| PO-1316 | TET2 突变在弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者中的临床意义分析----- | 胡雨菡,王杰浩,纪旭等 | 941 |
| PO-1317 | Marco+肿瘤相关巨噬细胞促进 T 细胞淋巴瘤进展的机制研究----- | 张兵雷,闫媚妹,高乐等 | 941 |

| | | | |
|---------|---|---------------------------------------|-----|
| PO-1318 | 单细胞测序技术解析 CD19 CAR-T 治疗 MCL 的骨髓微环境 ----- | 张兵雷,闫媚妹,高乐等 | 942 |
| PO-1319 | 一例霍奇金淋巴瘤 Richter 转化合并噬血综合征 1 例并文献复 ----- | 陈珍,苏梅芳,吴耀辉 | 942 |
| PO-1320 | 74 例血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤患者的临床特征及预后分析 ----- | 田雅茹,陈艺卓,白斯君等 | 943 |
| PO-1321 | 认知-行为干预在淋巴瘤患者化疗后癌因性失眠中的应用 ----- | 冯雪 | 943 |
| PO-1322 | 风险预警评分表在血液肿瘤心脏毒性药物输注管理中的应用 ----- | 冯雪 | 944 |
| PO-1323 | 人源化抗 CD19 CAR-T 细胞免疫原性对其疗效及预后影响研究 ----- | 黄钟霏,梅恒 | 944 |
| PO-1324 | 新一代 BTK 抑制剂联合利妥昔单抗、甲氨蝶呤、替莫唑胺 治疗初诊原发中枢神经系统淋巴瘤患者的探索性研究 ----- | 吴晨雪,薛磊,陈二玲等 | 945 |
| PO-1325 | XPO1 Inhibitor Enhances Radiosensitivity in Central Nervous System Lymphoma ----- | Yuchen Zhang,Bingzong Li | 945 |
| PO-1326 | 达雷妥尤单抗联合维奈克拉为基础的联合方案 治疗复发难治 T 淋巴母细胞白血病/淋巴瘤的疗效研究 ----- | 邵珊,刘慧霞,蒋瑛等 | 947 |
| PO-1327 | 基于糖酵解相关基因构建弥漫大 B 细胞淋巴瘤预后模型 ----- | 陈茵婷,李娟 | 947 |
| PO-1328 | 华氏巨球蛋白血症合并急性淋巴细胞白血病一例并文献复习 ----- | 黄磊,郭淑利 | 948 |
| PO-1329 | 金雀异黄酮对淋巴瘤荷瘤小鼠增殖与凋亡的体内外作用机制研究 ----- | 陈祉悦,孙幸,倪军等 | 949 |
| PO-1330 | ALK+间变性大细胞淋巴瘤合并噬血细胞综合征 2 例并文献复习 ----- | 李梦瑶,张晓红,李霄雨等 | 949 |
| PO-1331 | 探究伴包块弥漫大 B 细胞淋巴瘤的预后分析 ----- | 戴敏,苏畅 | 950 |
| PO-1332 | CAR-T 细胞治疗复发/难治性 CD5 阳性弥漫性 大 B 细胞淋巴瘤的治疗优势及安全性研究 ----- | 罗辉,李童娟,孟凡凯等 | 950 |
| PO-1333 | 对比 GDP 与 CHOP 方案在非特异性外周 T 细胞淋巴瘤中的治疗效果 ----- | 李英新 | 951 |
| PO-1334 | 评价和分析普拉曲沙对促进外周 T 细胞淋巴瘤患者预后改善所发挥的作用 ----- | 原现华 | 951 |
| PO-1335 | 伴 11q 异常的伯基特样淋巴瘤 8 例临床研究 ----- | 郭江睿,陈鹭珊,乐少华等 | 952 |
| PO-1336 | The m6A reader IGF2BP2 Regulates natural killer cell inhibition by attenuating cGAS-STING pathway ----- | Song Hu | 952 |
| PO-1337 | Baseline total lesion glycolysis of 18F-FDG PET/CT predicts clinical outcome in early-stage natural killer/T-cell lymphoma ----- | Xiao Gao,Jie Xiong,Xin-Yun Huang etc. | 953 |
| PO-1338 | EB 病毒过度激活 STING 通路抑制 CD8+T 细胞功能介导外周 T 细胞淋巴瘤免疫逃逸的机制研究 ----- | 黄耀慧,赵维莅 | 953 |
| PO-1339 | 经超声内镜引导细针穿刺联合辅助技术在淋巴瘤诊断及分型中的价值 ----- | 张涵,赵楠平,程桂莲等 | 954 |
| PO-1340 | 血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤的细胞来源特征研究 ----- | 仇昱然 | 954 |
| PO-1341 | 患者及其家庭成员对华氏巨球蛋白血症的知识、态度和实践 (KAP) 的研究 ----- | 杨杨,蔡真 | 955 |
| PO-1342 | Tislelizumab in combination with CPEL (Chidamide, Prednisone, Etoposide, Lenalidomide) followed autologous stem cell transplant (ASCT) in Patients with Relapsed or Refractory Hodgkin Lymphoma ----- | yawen wang,Hongwei Xue,Wei Song etc. | 955 |
| PO-1343 | Molecular mechanisms and therapeutic prospects of immunotherapy in primary central nervous system lymphoma ----- | Lin Zhong,Hong wei Wu | 956 |
| PO-1344 | ORP4/IP3R2 通过细胞内 Ca ²⁺ 信号维持 Oxphos DLBCL 线粒体能量代谢的机制研究 ----- | 崔杰克,王卫敏,李继伟 | 957 |
| PO-1345 | 外周血脂代谢活化反映了外周 T 细胞淋巴瘤的预后且 与肿瘤免疫抑制微环境相关 ----- | 秦瑶,夏盼慧,高晓等 | 957 |

| | | | |
|---------|--|---|-----|
| PO-1346 | Single-Cell Atlas of CD19 CAR-T Cells from 85 Patients with Relapsed/Refractory Large B-Cell Lymphoma: Unveiling Potential Resistance Mechanisms ----- | 梁晓杰,卢伟祥,骆栢维等 | 958 |
| PO-1347 | PD-1 抑制剂为基础的方案成功治疗淋巴瘤样 肉芽肿 1 例病例报告和文献复习 ----- | 刘晓艳,高琪,仵菲斐等 | 959 |
| PO-1348 | 米托蒽醌脂质体、吉西他滨和长春瑞滨联合或不联合 CD20 单抗 (GVM±R) 治疗复发难治侵袭性非霍奇金淋巴瘤的 I 期临床研究 ----- | 刘薇,黄文阳,徐燕等 | 959 |
| PO-1349 | Incidentally cured psoriasis in a patient with refractory diffuse large B cell lymphoma receiving CD19 CAR-T cell therapy: a case report ----- | Songyun Wang,Zhang Bin,Wang Zesong etc. | 960 |
| PO-1350 | 纳基奥仑赛注射液治疗复发或难治性大 B 细胞 淋巴瘤的 I 期临床试验长期随访结果 ----- | 刘薇,周可树,宋永平等 | 961 |
| PO-1351 | Clinical and Molecular Characteristics of Patients with Double/Triple Hit Diffuse Large B-Cell Lymphoma ----- | Yige Shen,Meng-Meng Ji,Qing Shi etc. | 961 |
| PO-1352 | The efficacy and safety of brentuximab vedotin for peripheral T-cell lymphoma: A systemic review and meta-analysis ----- | Jiarun Li,Xiaoqi Wang,Xi Zhang | 962 |
| PO-1353 | Endothelial Activation and Stress Index (EASIX) to predict survival in T or NK cell lymphoma-associated hemophagocytic lymphohistiocytosis----- | Yimin Ren,Yi Miao,Wenyu Shi etc. | 963 |
| PO-1354 | 淋巴瘤化疗患者发生口腔黏膜炎的相关因素的分析 ----- | 冉欣,黄秋萍,刘婷婷等 | 963 |
| PO-1355 | PI3K inhibitor combined with azacitidine for relapsed / refractory angioimmunoblastic T-cell lymphoma 5 cases and review of the literature ----- | Qin Yang,Jiaqi Li,Hongzhi Geng etc. | 964 |
| PO-1356 | 淋巴瘤相关噬血细胞综合征患者高密度脂蛋白及其动态变化的临床意义 ----- | 张菁,缪祎,施文瑜等 | 964 |
| PO-1357 | 贫血在初诊弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者中临床意义的研究 ----- | 邴梦利,李炳宗,姚梦苏等 | 965 |
| PO-1358 | CHOP 方案无法满足初治皮下脂膜炎样 T 细胞淋巴瘤的治疗需求: 一项 32 例患者的回顾性研究 ----- | 陈超,尹晶晶,王为等 | 966 |
| PO-1359 | Role of disulfidptosis-related genes in classification, immune microenvironment and prognosis of DLBCL ----- | Bingjie Fan,Wang Jishi | 966 |
| PO-1360 | 老年淋巴瘤相关噬血细胞综合征患者的临床病理 及预后特征: 一项多中心研究 ----- | 张菁,缪祎,施文瑜等 | 967 |
| PO-1361 | 中枢神经系统淋巴瘤患者的临床特征及预后分析 ----- | 吕成兰,王晶,许景艳 | 967 |
| PO-1362 | Degree of Stemness Educate Neutrophils to Reshape Tumor Microenvironment by RhoA-GTPase pathway in Chronic Lymphocytic Leukemia ----- | Fang Hu,Yang Liang | 968 |
| PO-1363 | 对 MCL 的诊断及生存影响因素进行综述。 ----- | 吴涛 | 969 |
| PO-1364 | 伴有骨髓侵犯滤泡性淋巴瘤临床特征与预后分析 ----- | 吕瑞,熊文婕,王婷玉等 | 969 |
| PO-1365 | 以心悸及呼吸困难为首发症状的华氏巨球蛋白血症 1 例报告 ----- | 张睿,吴涛,毛东锋等 | 970 |
| PO-1366 | 儿童母细胞性浆细胞样树突细胞肿瘤患者应用 甲氨蝶呤后诱发周围神经病 1 例 ----- | 刘文慧,吴涛,蕙瑞等 | 970 |
| PO-1367 | Clinical value of circulating cell-free DNA in cerebrospinal fluid and plasma in diffuse large B cell lymphoma ----- | Han Zhang,Lingfeng Liu,Xingping Lang etc. | 971 |
| PO-1368 | 淋巴瘤患者营养不良的风险预测模型构建 ----- | 蒋翠婷,吕静,刘婷婷 | 972 |
| PO-1369 | 非霍奇金淋巴瘤患者血浆细胞因子诊断模型的诊断价值 ----- | 孔丽萍,董圆,李莉等 | 972 |

| | | | |
|---------|---|--------------------------------------|-----|
| PO-1370 | Chemo-free Salvage Treatment Outperforms Traditional Chemotherapy in Relapsed/Refractory Subcutaneous Panniculitis-like T-cell Lymphoma----- | Chao Chen,Jingjing Yin,Wei Wang etc. | 973 |
| PO-1371 | 改良式腔内心电图定位技术联合体外测量法 在淋巴瘤患者 上臂输液港尖端定位的应用 ----- | 邓于宏,吕静,刘婷婷等 | 974 |
| PO-1372 | Time to lymphoma treatment within 24 months in "watch and wait" follicular lymphoma is associated with inferior outcomes ----- | Hengqi Liu,Jing Liu,Fenghua Gao etc. | 974 |
| PO-1373 | Zanubrutinib enhances CD19 CART killing of B-cell lymphoma by inhibiting BTK phosphorylation, regulating PI3K/AKT/mTOR pathway and promoting autophagy ----- | Hao Yao,Ling Qiu,Shi-hui Ren etc. | 975 |
| PO-1374 | 肝脾 T 细胞淋巴瘤 1 例报告并文献复习 ----- | 章美娟,齐燕,谢焕等 | 975 |
| PO-1375 | SENP1 promotes MCL pathogenesis through regulating JAK-STAT5 pathway and SOCS2 expression ----- | Yali Zhang,Yanni Ma,Xi Li | 976 |
| PO-1376 | Efficacy and safety of new anti-CD20 monoclonal antibodies versus rituximab for induction therapy of CD20+ B-cell NHL ----- | Chengxin Luo,Xi Li | 976 |
| PO-1377 | CAR-T 细胞治疗弥漫大 B 细胞淋巴瘤的迟发性血细胞减少 临床特征及预后分析 ----- | 朱慧颖,赵丹青,陈弘韵等 | 977 |
| PO-1378 | 15 例慢性粒单核细胞白血病患者临床特征及生存分析 ----- | 汪晓辉,苏梅芳,张磊磊等 | 978 |
| PO-1379 | A novel prognostic model combined with Ki67 index, CRP and albumin for non-Wechsler's ring involved Diffuse Large B-cell Lymphoma in Oral Cavity and Maxillofacial Region ----- | Yuyang Pang,Wei Lu,Yehua Yu etc. | 978 |
| PO-1380 | 艾滋病相关弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的列线图生存预测模型 ----- | 杨涛,雷海科,李军等 | 979 |
| PO-1381 | 血清游离轻链在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的预后意义 ----- | 贾祝霞,李瑾,卢绪章等 | 980 |
| PO-1382 | 原发中枢神经系统淋巴瘤治疗靶点新探索 ----- | 何杰,徐喜慧,许景艳 | 980 |
| PO-1383 | DLBCL-derived HMGB2 inhibits macrophage phagocytosis by up-regulating TRIM65 to promote NLRP3 ubiquitination ----- | Sanxiu He,Yi Liu,Yifeng Tang etc. | 981 |
| PO-1384 | Risk factors of pneumonia associated with COVID-19 in patients with lymphoma----- | Dan Liu,Xia Yin,Hui Wang etc. | 982 |
| PO-1385 | Impact of adjuvant modified dendritic cell-cytokine-induced killer cells (DC-CIK) therapy in R/R NKTL on progression-free and overall survival : A report of three cases ----- | Zeli Gao | 983 |
| PO-1386 | 磁共振图像一阶参数在 PCNSL 诊疗中的的价值研究 ----- | 张东阳,王树叶 | 984 |
| PO-1387 | 真实世界维泊妥单抗联合治疗方案的疗效及安全性研究 ----- | 何章雨霆,王为,庄喆等 | 984 |
| PO-1388 | 自体造血干细胞移植治疗艾滋病合并复发难治霍奇金淋巴瘤 1 例 ----- | 陈玲珍,张泳民,艾菁 | 985 |
| PO-1389 | CAR-T 治疗淋巴瘤患者心理韧性水平及其影响因素研究 ----- | 蒙娜 | 985 |
| PO-1390 | CHPF 调控 PI3K/AKT 信号通路促进 CD5+弥漫大 B 细胞淋巴瘤发展: 潜在治疗靶点及治疗效果探究 ----- | 林竞初,班莉,陈思慧等 | 986 |
| PO-1391 | 初诊时外周血代谢组对难治性结外 NK/T 细胞 淋巴瘤的预测价值研究 ----- | 杨云帆,刘钦瑜,唐文娇等 | 986 |
| PO-1392 | 中国淋巴瘤流行特征及预测研究 ----- | 林康倩,闫贻忠 | 987 |
| PO-1393 | 一例弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者癌性伤口的护理 ----- | 陈蔓丽 | 987 |
| PO-1394 | 淋巴瘤患者全程管理模式在区县级医院的运用 ----- | 徐子焱,胡鹏 | 988 |

| | | |
|---------|---|------|
| PO-1395 | 泽布替尼联合 R-CHOP 方案治疗初诊结外侵犯的弥漫 大 B 细胞淋巴瘤的疗效和安全性：一项单臂前瞻性 II 期临床试验-----杨涛,李军,胡重灵等 | 988 |
| PO-1396 | DLBCL 早期化学免疫治疗失败的临床和分子特征-----董滢宇 | 989 |
| PO-1397 | 细胞周期相关蛋白 ZYG11A 在弥漫性大 B 细胞淋 巴瘤中的不良预后作用-----赵丽丽,赵致佳,张丽娜等 | 990 |
| PO-1398 | 含有奥布替尼的方案治疗边缘区淋巴瘤的回顾性研究-----张洪勇,程志鹏,武盈盈等 | 990 |
| PO-1399 | SYK 高表达的 DLBCL 促进中性粒细胞外诱捕网形成 介导肿瘤细胞耐药机制的研究-----韩笑 | 991 |
| PO-1400 | CSNK1E 高表达促进弥漫性大 B 细胞淋巴瘤细胞干性和耐药的机制研究-----李想,王黎,赵维莅 | 991 |
| PO-1401 | 自拟 R-GOAD 方案治疗复发难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤 23 例临床观察-----王业生 | 992 |
| PO-1402 | 挽救性异基因造血干细胞移植后地西他滨联合西达本胺维持 治疗复发难治型 T-ALL 一例病例报告-----胡玥 | 992 |
| PO-1403 | HIV/AIDS 相关弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者临床实验室特征分析-----樊红丽 | 993 |
| PO-1404 | 一种双靶向 PI3K 和 HDAC 抑制剂 BEBT-908 对人复发难治 滤泡淋巴瘤细胞增殖、周期及凋亡的影响-----黄莉,李萌,徐菁等 | 993 |
| PO-1405 | R-MTO (利妥昔单抗、甲氨蝶呤、塞替派、奥布替尼) 诱导方案序贯自体干细胞 移植一线治疗初诊原发中枢神经系统淋巴瘤的初步结果。-----魏海臣,邢立杰,刘丹等 | 994 |
| PO-1406 | 淋巴瘤患者伴发血栓栓塞的高危因素分析和预警模型的建立-----林雯铮,刘庭波,潘丽丽等 | 995 |
| PO-1407 | 眼眶淋巴瘤的临床特征及预后因素探究：一项回顾性分析。-----周梦特 | 995 |
| PO-1408 | 西达本胺联合 REAC 预处理自体干细胞移植治疗高危、 R/R B 细胞淋巴瘤及 5 年随访-----黄顺桦,孟凡义,钟清秀等 | 996 |
| PO-1409 | HIV 合并淋巴瘤化疗患者人工智能随访系统的构建及应用-----王霞,蒋翠婷,徐禄香等 | 996 |
| PO-1410 | 一例经 Tafasitamab 联合来那度胺治疗后复发弥漫大 B 细胞 淋巴瘤接受 CD19 CAR-T 治疗后完全缓解-----董松,曾韞璟,高力等 | 997 |
| PO-1411 | 6 例原发骨弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床病理特征和预后分析-----邓婷芬,王培鸿,周薇等 | 997 |
| PO-1412 | 小分子 0712-3 抑制 ATR/ATM 诱导 mutp53 蛋白降解治疗 TP53 突变 DLBCL 的药效和机制研究-----王力,牛挺 | 998 |
| PO-1413 | TNFRSF9 突变的 CD137 缺陷的两例严重 EBV 阳性 淋巴组织增生性疾病患者报道-----沈克锋,汪佳晨,周匡果等 | 998 |
| PO-1414 | 普鲁士蓝纳米粒联合甲氨蝶呤/藤黄酸纳米胶束在淋巴瘤多模态治疗中的应用-----王梦瑶,牛挺 | 999 |
| PO-1415 | IL-10 自分泌型 CD19 CAR-T 细胞治疗复发/难治性 B 系 血液肿瘤患者的 I 期临床研究-----许倩文,薛磊,陈二玲等 | 1000 |
| PO-1416 | The Efficacy and Prognostic Indicators of Autologous Hematopoietic Stem Cell Transplantation in Managing Refractory/Recurrent Diffuse Large B-Cell Lymphoma-----Dandan Shan,Wenyang Huang,Huimin Liu etc. | 1000 |
| PO-1417 | 西达本胺联合阿扎胞苷治疗初治 TFH 来源外周 T 细胞淋巴瘤-----刘慧敏,山丹丹,黄文阳等 | 1001 |
| PO-1418 | Inter-observer agreement in immunohistochemical CD30 expression detected by different assays: Interim analysis of concordance study on CD30 IHC assays in Chinese lymphoma patients (CREDIT Study)-----Lushan Chen,Meifang Xu,Xiangnan Jiang etc. | 1002 |
| PO-1419 | 继发性弥漫大 B 细胞淋巴瘤伴血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤淋巴结及骨髓活检的诊断思考-----刘建勇,李艳春,张娟等 | 1003 |

- PO-1420 液-液相分离的 ZHX2 通过结合 SLC3A2 抑制铁死亡
介导 DLBCL 的发病机制的研究 -----张娟,王冬梅,卢菲等 1003
- PO-1421 An Anti-CD19-Exosome Delivery System Navigates the BBB for Targeting
of Central Nervous System lymphoma----- Meifang Zhao,Qi Li,Bingzong Li 1004
- PO-1422 来那度胺联合利妥昔单抗维持治疗对恶性淋巴瘤患者
疗效及免疫调节的研究 -----王晓果,孟凡义,黄顺桦等 1005
- PO-1423 以噬血细胞综合症为首表现的外周 T 淋巴瘤（非特指型）个案报道 ----- 李亚琦,马红玲 1006
- PO-1424 Targeting FEN1 enhances the chemotherapeutic efficacy and reshapes tumor microenvironment
in peripheral T-cell lymphoma -----Shunan Wang,Zhaoliang Zhang,Miao Zhong etc. 1006
- PO-1425 207 例 B 细胞淋巴瘤 Ig 基因重排特征 -----许周毅,高传书,张亮等 1007
- PO-1426 原发难治与超早期复发弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床特征分析 -----高泓浩,陈喜林,刘霞等 1008
- PO-1427 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤免疫化疗后复发及早期复发的相关因素探讨 -----宁夏,左素琼,卓俊宏等 1008
- PO-1428 活化淋巴细胞因子在 DLBCL 中的临床应用 -----唐书翰,黄德智,李甫等 1009
- PO-1429 血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤的临床分析及预后模型构建 -----左素琼,宁夏,卓俊宏等 1009
- PO-1430 NDGR2 低表达,受 MYC/MIZ-1 复合体和甲基化调控,
在弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者中预示不良结局 -----吴霜,张洁,陈姍等 1010
- PO-1431 滤泡性淋巴瘤发生弥漫大 B 细胞转化的临床、分子学特征及预后分析 -----卓俊宏,左素琼,宁夏等 1010
- PO-1432 靶向 YTHDC1 通过 m6A 修饰抑制 MYC 靶基因
mRNA 稳定性抑制套细胞淋巴瘤进展 -----周慧,王力,杨瑞诚等 1011
- PO-1433 贝林妥单抗联合化疗治疗弥漫大 B 细胞淋巴瘤 1 例并文献复习 ----- 王红霞,宋庆林 1012
- PO-1434 阿来替尼联合 VRCD 和 BV 单抗治疗 ALK 阳性大 B 细胞淋巴瘤 1 例并文献复习 --- 王红霞,宋庆林 1012
- PO-1435 应用基线 PET/CT 放射组学指标优化结内外周 T 细胞淋巴瘤预后评分体系 -----王聪,熊杰,王玥等 1012
- PO-1436 2 例奥妥珠单抗输液相关反应致患者血液降钙素原明显升高的病例分析 ----- 徐喜慧,潘洋 1013
- PO-1437 11 例自体外周造血干细胞移植患者的护理体会 ----- 段惠君 1013
- PO-1438 泽布替尼协同 Pracinostat 通过下调 HDAC7/BCL2
表达治疗弥漫大 B 淋巴瘤 -----魏婷,高冠论,张星等 1014
- PO-1439 套细胞淋巴瘤患者骨髓中造血干细胞的表达及其克隆成球能力的分析 -----陈荣荣,黄纯兰,唐君玲 1014
- PO-1440 ASCT 序贯 CD19 CAR-T 细胞治疗睾丸 DLBCL
继发中枢神经系统侵犯 1 例的护理* ----- 段惠君 1015
- PO-1441 新型 BTK 抑制剂增强利妥昔单抗对 ABC 型弥漫
大 B 细胞淋巴瘤的 CDC、ADCC 效应及其机制的初步探讨 -----李庆山,魏婷,张星等 1015
- PO-1442 泽布替尼联合 R-CHOP 治疗结外受累或 MYC/BCL-2
双表达的弥漫大 B 细胞淋巴瘤的回顾性分析 -----付婉彬,刘佳,肖丹等 1016
- PO-1443 Different large granular lymphocyte count drew distinguish characteristics
in large granular lymphocytic leukemia -----Yuxi Li,Ying Yu,Yanshan Huang etc. 1017
- PO-1444 慢性淋巴细胞白血病脂肪酸代谢的临床意义及免疫调控作用机制研究 -----张杨,马君,王嫚等 1017
- PO-1445 POD24 在套细胞淋巴瘤中的预后 -----陈伟,韩倩楠,高雯暇等 1018
- PO-1446 Clinical and imaging features of primary central nervous system lymphoma
versus high-grade glioma and metastatic brain tumor -----Wei Chen,Qian Hu,Fengyi Lv etc. 1018
- PO-1447 Endothelial activation and stress index (EASIX) is a credible predictor for overall survival
in patients with peripheral T-cell lymphoma ----- Wei Chen,Huimin Chen,Ruixue Ma etc. 1019

- PO-1448 Efficacy and safety of Zanubrutinib in Combination with chimeric antigen receptor T-cell therapy targeting CD19 in refractory/relapsed diffuse large B cell lymphoma ----- Jinhuan Xu,Miao Zheng,yicheng Zhang 1019
- PO-1449 PP2A 抑制剂 LB-100 联合克唑替尼在 ALK 阳性间变性大细胞淋巴瘤的作用研究 -----张亚平,周欢,施文瑜 1020
- PO-1450 商品化自体抗 CD19 嵌合抗原受体 (CAR) T 细胞疗法治疗复发难治性 B 细胞淋巴瘤疗效及安全性分析——单中心真实世界研究-----赵丹青,魏冲,阮菁等 1021
- PO-1451 边缘区淋巴瘤的 miRNA 相关进展 ----- 车冠男,张丽君 1021
- PO-1452 抗 MAG 抗体阳性 IgM 相关周围神经病 2 例病例报告伴文献复习 -----仵菲斐,余庆峰,甘思林等 1022
- PO-1453 西北单中心 121 例原发胃淋巴瘤患者的临床特征及预后分析-----王世雄,王健红,段晓晖等 1022
- PO-1454 TP53 蛋白对弥漫大 B 细胞淋巴瘤临床特征及预后的影响-----仵菲斐,曹莉,王亚楠等 1023
- PO-1455 盐酸米托蒽醌脂质体用于淋巴瘤 CAR-T 治疗前桥接的安全性及疗效研究-----吴佳,李春蕊,郑邈等 1023
- PO-1456 BRAF 突变在惰性淋巴增殖性疾病中的研究及进展-----徐婷,王婧婧,马骁 1024
- PO-1457 Mutation characteristics and prognosis of follicular lymphoma: an analysis of 80 cases ----- Tong Ge,Kefeng Shen,Qiang Gao etc. 1025
- PO-1458 慢性淋巴细胞白血病患者染色体异常分析及其临床意义 ----- 李建伟 1025
- PO-1459 Four-year Long-term Follow-up of CNCT19 CAR T-cell Therapy in Relapsed or Refractory Aggressive B-cell Lymphoma----- Ting Xie,Wei Liu,Wenyang Huang etc. 1026
- PO-1460 使用机器学习算法预测西达本胺在血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤患者中的疗效 -----张春兰,徐娟,徐才刚 1026
- PO-1461 HIV 感染者和艾滋病相关淋巴瘤患者外周血淋巴细胞颗粒酶 B 和穿孔素表达的临床价值研究 -----陈双,肖晴,李莲等 1027
- PO-1462 PD-1 蛋白表达对弥漫大 B 细胞淋巴瘤临床特征及预后的影响 -----曹莉,马杰,高琪等 1027
- PO-1463 联合维布妥单抗治疗血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤的疗效分析 -----国巍,王浩天,王兴彤等 1028
- PO-1464 Machine learning prediction of venous thromboembolism risk in hospitalized lymphoma patients undergoing chemotherapy: a multicenter, respective cohort study----- Tingting Jiang,Zailin Yang,Xinyi Tang etc. 1029
- PO-1465 PD-L1 蛋白表达对弥漫大 B 细胞淋巴瘤临床特征及预后的影响-----曹莉,马杰,仵菲斐等 1029
- PO-1466 首次诱导缓解后行异基因造血干细胞移植巩固治疗——肝脾 T 细胞淋巴瘤的潜在治愈策略 ----- 张卓新,邹德慧 1030
- PO-1467 基于维泊妥单抗的联合方案治疗弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的有效性: 一项单中心回顾性研究 -----张奥,刘林,武盈盈等 1030
- PO-1468 滤泡性淋巴瘤的治疗变迁与奥妥珠单抗治疗的优效性分析 -----国巍,李佳,赵杨祉等 1031
- PO-1469 MYD88 基因调控花生四烯酸代谢介导弥漫性大 B 细胞淋巴瘤多发结外器官 浸润的机制研究 -----董妍,许彭鹏,赵维莅 1032
- PO-1470 GSK-3 抑制剂 (9-ING-41) 联合 BCL2 抑制剂 (ABT-199) 协同杀伤双重打击淋巴瘤及分子机制研究 -----雷好好,张云霞,郭绪涛 1032
- PO-1471 184 例初诊边缘区淋巴瘤疗效分析----- 王浩天,白鸥 1033
- PO-1472 利妥昔单抗时代滤泡性淋巴瘤患者继发第二肿瘤风险及预后研究 -----杨婉滢,田颖,薛心雨等 1033
- PO-1473 真实世界中伴 HBV 感染的弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床特征及预后分析 -----杨婉滢,赵雪,徐才刚 1034
- PO-1474 Nanocomplex-Mediated Chimeric Antigen Receptor-NK for PTCL Therapy -----Rui Sun 1035

- PO-1475 Clinical efficacy and microenvironmental analysis of rituximab plus lenalidomide
in follicular lymphoma: a phase II study in China----- Zhong Zheng,Wei-Li Zhao 1035
- PO-1476 慢性淋巴细胞白血病患者 COVID-19 感染的单中心报告研究-----路萧,邱彤璐,钱思祺等 1036
- PO-1477 Public health insurance and cancer-specific mortality risk among patients
with lymphoma:A prospective cohort study
in Chongqing, Southwest China ----- chunyan xiao,YINGYU NAN,CHENSI ZENG etc. 1037
- PO-1478 Chidamide with azacitidine and CHOP treatment plus auto-ASCT for patients with newly
diagnosed Peripheral T-Cell Lymphoma:interim analysis of a prospective,single
center,single-arm, phase 2 trial ----- chunyan xiao,YINGYU NAN,YAO DING etc. 1038
- PO-1479 Different role of PET-CT evaluation in newly diagnosed follicular lymphoma upon
rituximab-based chemotherapy and chemo-free immunotherapy----- Nan Wang,Weili Zhao 1039
- PO-1480 Milk Exosome Delivery of KPT-330 Alleviates Gastrointestinal Adverse Effects
and Provides Effective Anti-DLBCL Therapy ----- Yali Chai,Bingzong Li 1039
- PO-1481 利妥昔单抗联合泽布替尼、维奈克拉治疗弥漫大 B 细胞淋巴瘤的疗效观察:
回顾性系列病例报道 ----- 苏于泰,郑伟燕 1041
- PO-1482 BeEAM 方案用于淋巴瘤患者自体造血干细胞移植预处理的疗效及安全性 ----- 胡人之,刘耀 1041
- PO-1483 HIF-1 α 抑制剂 IDF-11774 诱导弥漫大 B 细胞淋巴瘤凋亡的机制研究 ----- 徐林艳,徐开林 1042
- PO-1484 双功能 iRGD-Exo-DOX 可穿过血脑屏障并靶向中枢神经系统淋巴瘤 -----刘真瑜,杜颖,夏天等 1042
- PO-1485 Analysis of risk factors for infusion-related reactions
in B-cell lymphoma patients during Obinutuzumab treatment----- Zi Wang,Wei zhang 1043
- PO-1486 慢淋/小 B 细胞淋巴瘤伴组织细胞肉瘤病例报告 ----- 章敬成,陈燕 1043
- PO-1487 GATA3 reshapes the tumor infiltrating T cell populations
in diffuse large B-cell lymphoma microenvironment -----Fan Zhang,Jia-Ying Liu,Di Fu etc. 1044
- PO-1488 老年弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的临床结局和预后分析:
一项回顾性单中心研究 -----彭余,陈双,李莲等 1045
- PO-1489 泽布替尼联合 R-CHOP 样方案和 R-CHOP 样方案
在初治双表达弥漫性大 B 细胞淋巴瘤中疗效的回顾性对比分析-----张旻,武盈盈,程志鹏等 1045
- PO-1490 PD-1/PD-L1 抑制剂用于 NK/T 细胞淋巴瘤治疗疗效与安全性的 Meta 分析----- 杨娇,徐才刚 1046
- PO-1491 成熟阶段粒细胞 CD64 表达增强、降钙素原、细胞因子
EB 病毒感染与 EB 病毒感染在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的联系----- 姜昕宜 1046
- PO-1492 PD-1 单抗联合化疗治疗 PD-1/PD-L1
蛋白高表达的难治复发 DLBCL 临床疗效观察 -----张聪丽,曹莉,仵菲斐等 1047
- PO-1493 CD19 和 BCMA CAR-T 细胞疗法相关的高风险不良事件:
基于 FAERS 数据库的药物警戒研究 -----卢伟祥,梁晓杰,骆柏维等 1047
- PO-1494 骨髓中播散肿瘤细胞 CD3 的表达联合 LDH 及 HGB 可用于预测血管
免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤患者疾病的进展 ----- 岳保红,阎栋瑶 1048
- PO-1495 原发性胃淋巴瘤的流行病学特征和预后:
基于 SEER 数据库的回顾性队列研究-----卢伟祥,余铭凡,李彤等 1049
- PO-1496 Nomogram for predicting 24-month event-free survival in diffuse
large B-cell lymphoma patients with autologous stem cell
transplantation: a retrospective study ----- Lou Geng 1049
- PO-1497 发生组织学转化的边缘区 B 细胞淋巴瘤合并孤立性脾结核 1 例并文献复习----- 余庆峰 1050

- PO-1498 基于奥布替尼的联合方案治疗弥漫性
大 B 细胞淋巴瘤的疗效与安全性分析-----张钰奇,武盈盈,张奥等 1050
- PO-1499 以脂质体米托蒽醌为基础的方案治疗复发难治性淋巴瘤的疗效及安全性研究 ----- 盛开宇,黄海雯 1051
- PO-1500 利妥昔时代滤泡性淋巴瘤患者临床与分子特征与早期复发进展倾向 -----李锐驰,郑重,王楠等 1051
- PO-1501 非化疗诱导治疗桥接 ASCT 治疗 MEITL 长生存 1 例-----戴恺毅,方美云 1052
- PO-1502 染色体 17p 缺失减轻 myc 诱导的脂质应激-----顾凡,刘玉 1052
- PO-1503 淋巴增殖性肿瘤心脏累及 5 例并文献复习 ----- 张青萍,方美云 1053
- PO-1504 弥漫大 B 细胞淋巴瘤中 SOCS1 突变的分析 -----张心怡,华玮,梁金花等 1053
- PO-1505 BTK 抑制剂治疗华氏巨球蛋白血症临床分析 ----- 张燕 1054
- PO-1506 细胞焦亡相关新型模型在弥漫
大 B 细胞淋巴瘤中的预测价值及联合治疗策略-----吕烈媚,张玉,余卓雅等 1054
- PO-1507 长期生存系统性间变大细胞淋巴瘤患者的临床特点及预后分析 -----夏效升,张娜,高广勋等 1055
- PO-1508 Predicting the truly low-risk patients with TNFRSF14 mutation using machine learning algorithms
in diffuse large B cell lymphoma ----- Wei Hua,Xin-Yi Zhang,Kai-Xin Du etc. 1055
- PO-1509 一例基于多方法诊断高比例异常克隆性 T 淋巴细胞的 T 细胞淋巴瘤病例-----卢伟焯 1056
- PO-1510 淋巴瘤患者化疗前后体能状态与抑郁症状的交叉滞后分析 -----杨洁,吕萍萍,谢洪琼 1056
- PO-1511 利妥昔单抗治疗时代弥漫大 B 细胞淋巴瘤预后因素及 预测模型的建立 ----- 张竞文 1057
- PO-1512 泽布替尼联合 R-CHOP 方案治疗初治
双表达弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的前瞻性临床研究-----张奥,武盈盈,程志鹏等 1058
- PO-1513 Analysis of CCND3 mutations
in diffuse large B-cell lymphoma ----- Wei Hua,Xin-Yi Zhang,Yue Li etc. 1058
- PO-1514 在联合抗逆转录病毒治疗时代下 HIV 霍奇金淋巴瘤高侵袭性
与免疫功能缺陷相关: 来自中国多中心研究 -----梁喜平,王超雨,刘耀 1059
- PO-1515 靶向 CXCR4/CXCL12 通路对 CD19+CAR-T 细胞治疗 B 细胞淋巴瘤的影响-----于艺冰,赵明峰 1060
- PO-1516 原发性中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤临床特征
及预后因素分析--基于单中心回顾性研究 -----许能文,袁相贵,刘辉等 1060
- PO-1517 伴有合并症的弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的临床特征及预后分析-----杨莉莉,师锦宁,马永超等 1061
- PO-1518 EBV 阳性淋巴结 T 细胞及 NK 细胞淋巴瘤
合并噬血细胞综合征 一例并文献复习-----宋巧巧,葛仁英,熊婷 1062
- PO-1519 结合免疫趋化因子特征构建滤泡性淋巴瘤的预后风险标志物 -----龙再飞,王志红,赖毅婷等 1062
- PO-1520 一款新型 CD19、CD22 双靶点全人源环状 CAR-T 治疗
复发/难治性非霍奇金淋巴瘤的疗效与安全性 -----王晗妤,王高翔,李童娟等 1063
- PO-1521 Ocular adnexal marginal zone B-cell lymphoma:
a single center retrospective study-----CHONG ZHAO,Shaoxin Yang,Jun Shi 1063
- PO-1522 基于 SEER 数据库的原发性中枢神经系统弥漫
大 B 细胞淋巴瘤预后列线图的建设与验证-----许能文,袁相贵,刘辉等 1064
- PO-1523 来那度胺联合利妥昔单抗及甲氨蝶呤治疗新诊断原发性
中枢神经系统淋巴瘤的单中心、单臂、探索性临床研究 -----许能文,袁相贵,刘辉等 1065
- PO-1524 ORELABRUTINIB, RITUXIMAB, AND THIOTEPA COMBINED
WITH OR WITHOUT HIGH-DOSE METHOTREXATE
IN UNTREATED PRIMARY CENTRAL
NERVOUS SYSTEM LYMPHOMA-----Wenjuan Yu,Chunmei Yang,Juying Wei etc. 1065

- PO-1525 rWTC-MBTA Vaccine Induces Potent Immune Responses Against Central Nervous System Lymphoma----- Yaping Zhang,Wenyu Shi,Herui Wang etc. 1066
- PO-1526 Real-world analysis of orelabrutinib in patients (pts) with chronic lymphocytic leukemia (CLL)/small lymphocytic lymphoma (SLL) ----- Wenjuan Yu,Xuewu Zhang,Haitao Meng etc. 1068
- PO-1527 CAR-T cell therapy targeting BCMA for relapsed/refractory plasmablastic lymphoma-----Liang Wang,Liwei Lv,Jia Cong etc. 1069
- PO-1528 Advances in the multi-omics landscape of follicular lymphoma ----- Tianyuan Xu,zhong zheng,rui sun etc. 1070
- PO-1529 心理护理干预对恶性淋巴瘤患者遵医行为和负性情绪的影响 ----- 袁海 1070
- PO-1530 38 例肠病相关 T 细胞淋巴瘤的临床特征及治疗结局的回顾性分析 ----- 丁心 1071
- PO-1531 Clinical implications of CSF-ctDNA positivity in newly diagnosed diffuse large B cell lymphoma----- Yifan Wu,Jinhua Liang,Haorui Shen etc. 1072
- PO-1532 脾脏浸润为初发表现的淋巴瘤患者临床特征及预后分析 -----叶琇锦,李黎,熊梦琦等 1073
- PO-1533 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤基因遗传学特征 -----杨利群,潘兆东,杨凡 1073
- PO-1534 拟素化抑制剂 MLN4924 在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的耐药机制及联合干预策略-----鲁田歌,余卓雅,丁梦飞等 1074
- PO-1535 伴有不同 TP53 异常改变的弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的临床预后特征及分子机制探索 -----房莹,王黎,赵维莅 1074
- PO-1536 TdT 阳性、MYC 重排阳性的高级别 B 细胞淋巴瘤患者 1 例 ----- 侯梦佳,徐婷 1075
- PO-1537 来那度胺联合利妥昔单抗 (R2) 方案一线维持治疗伴不良预后因素弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的探索-----郭静,李佳,白鸥 1075
- PO-1538 Brentuximab vedotin in combination with lenalidomide and rituximab in patients with relapsed/refractory diffuse large B-cell lymphoma: results from the phase 3 ECHELON-3 study ----- Jeong Kim,Uwe Hahn,Won Seog Kim etc. 1076
- PO-1539 新型 STAT3 抑制剂 SMY002 在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的抗肿瘤作用及机制研究 -----王颖,郭淑利,徐学军等 1077
- PO-1540 Frontline brentuximab vedotin and CHP (A+CHP) in patients (pts) with peripheral T-cell lymphoma with less than 10% CD30 expression: results from the phase 2 SGN35-032 study ----- Swaminathan P. Iyer,Deepa Jagadeesh,Eva Domingo Domènech etc. 1078
- PO-1541 Safety and Feasibility of a 41BB Co-stimulated CD19 CAR-NK Cell Therapy in Refractory/relapsed Large B-cell Lymphoma-----Wen Lei,Hui Liu,Wenhai Deng etc. 1079
- PO-1542 CD27-Armored BCMA CAR T Cell Therapy (CBG-002) for Relapsed and Refractory Multiple Myeloma: A Phase I Clinical Trial----- Yang Xu,Xuzhao Zhang,Wen Lei etc. 1080
- PO-1543 118 例原发中枢神经系统淋巴瘤多中心回顾性分析 ----- 吴少杰,邓燕妮,赖名耀等 1081
- PO-1544 氨基酸代谢相关基因 KYNU 在弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的预后和免疫特征中的预测价值 -----张玉,吕烈媚,孔冉等 1081
- PO-1545 一例罕见的 T 细胞淋巴瘤为特征的慢性淋巴细胞增殖性疾病病例 ----- 卢伟焯 1082
- PO-1546 基于机器学习预测滤泡性淋巴瘤患者的早期复发和进展风险 -----刘莺玥,詹琳荃,何梦媛等 1082
- PO-1547 肿瘤微环境免疫评分在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的预后价值 -----刘冰玉,胡顺凤,余卓雅等 1083

- PO-1548 新型糖基化相关风险评分及生物标志物
在合并糖尿病的弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的预后价值-----孙文月,胡顺风,乔琪琪等 1083
- PO-1549 伴发浆膜腔积液的 T 细胞淋巴瘤患者中新型预后
模型的建立及分子标志物探索 -----尚娟娟,胡顺风,周晓丽等 1084
- PO-1550 真实世界奥布替尼联合 R-CHOP 方案治疗 MCD 亚型
弥漫大 B 细胞淋巴瘤疗效及安全性分析-----尹华,华玮,申浩睿等 1085
- PO-1551 自体造血干细胞移植治疗血管免疫母细胞性 T 细胞
淋巴瘤 23 例临床疗效及预后影响因素分析 ----- 黄正华,宋永平 1085
- PO-1552 Two-Sample Mendelian Randomization Analysis for Predicting
Causal Factors in Lymphoma ----- Jian-Di Li,Zhi-Guang Huang,Rong-Quan He etc. 1086
- PO-1553 Identifying Potential Biomarkers for Cutaneous T Cell Lymphoma through Single
Cell RNA Sequencing Analysis----- Jian-Di Li,Zhi-Guang Huang,Rong-Quan He etc. 1087
- PO-1554 Overexpression of Keratin 10 in Cutaneous T-Cell Lymphoma:
Implications for Molecular Mechanisms
and Therapeutic Targeting----- Jian-Di Li,Zhi-Guang Huang,Rong-Quan He etc. 1088
- PO-1555 Cyclin D1-Positive Expression Associated with Aggressive Clinical Behavior By pave the way
of Abnormal Cell cycle Transition
in Diffuse Large B-cell Lymphomas ----- liangxiping liangxiping,Renzhi Hu,Yao Liu 1088
- PO-1556 ZBR 治疗 TP53 突变及 BCL2/MYC 双表达高龄 DLBCL 及文献复习 -----江小瑜,杨娜,吴春平等 1089
- PO-1557 NK/T 细胞淋巴瘤移植瘤小鼠模型的建立----- 李孝东 1090
- PO-1558 单中心浆母细胞淋巴瘤的临床特征及预后 ----- 郭冰凌,李杰平 1090
- PO-1559 华氏巨球蛋白血症继发血液系统第二肿瘤的单中心诊治经验 -----王玲玲,黄永芬,徐浩等 1091
- PO-1560 预见性护理干预在淋巴瘤病人化疗后口腔感染预防中的效果 ----- 曾佳玉 1091
- PO-1561 慢性淋巴细胞白血病/小 B 细胞淋巴瘤
相关肾损害的临床特征及随访结果 -----王冰洁,赵一明,梁颀隐等 1092
- PO-1562 弥漫大 B 细胞淋巴瘤异常胆固醇代谢
促进肿瘤微环境中髓源性抑制细胞浸润机制研究 -----刘梦珂,王黎,赵维莅 1092
- PO-1563 淋巴细胞/单核细胞及其与乳酸脱氢酶比值
对 CAR-T 细胞治疗 B 细胞非霍奇金淋巴瘤疗效及预后的影响 -----王莹,李娜,邱婷婷等 1093
- PO-1564 A novel prognostic nomogram based on imaging and molecular parameters
for newly diagnosed extranodal natural
killer/T-cell lymphoma patients -----Dezhi Huang,Fu Li,Shijia Lin etc. 1094
- PO-1565 Predictors and Response in Varying Duration of BTK Inhibitor Bridging Therapy
before Anti-CD19 CAR T cell Treatment
for relapsed/refractory DLBCL ----- Jia Wang,Rui Cui,Yao Qi etc. 1095
- PO-1566 A case report of T-cell prolymphocytic
leukemia and literature review ----- Fengdi Wang,Jianming Yu,Chun Zhang 1095
- PO-1567 基于 LC-MS/MS、网络药理学及分子
对接的固本消瘤方抗弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的作用机制研究-----战昕卓,薄毅文,倪海雯 1096
- PO-1568 基于靶点-配体分析和 LC-MS/MS 探究芪苓
白头翁汤治疗弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的机制----- 战昕卓,倪海雯 1097

- PO-1569 利妥昔单抗和奥妥珠单抗治疗滤泡性淋巴瘤致急性重症血小板减少一例报告 -----张旻玥,肖菲,黄洪晖 1097
- PO-1570 聚乙二醇修饰白细胞介素-2 通过重塑抑制性免疫微环境延缓 B 细胞淋巴瘤进展 ----- 孙顺容,谢彦晖 1098
- PO-1571 华氏巨球蛋白血症向弥漫大 B 细胞淋巴瘤同源转化的诊治分享 ----- 叶艳艳,袁国林 1099
- PO-1572 淋巴结边缘区淋巴瘤向弥漫大 B 细胞淋巴瘤转化的诊治分享 ----- 叶艳艳,袁国林 1099
- PO-1573 原发性膀胱黏膜相关淋巴组织淋巴瘤 1 例并文献复习 ----- 韩书雯,李嘉欣 1099
- PO-1574 RMO 方案在初治原发中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤诱导治疗中的初步疗效探讨 -----周沙,向茜茜,曾韞璟等 1100
- PO-1575 1 例胃弥漫大 B 细胞淋巴瘤化疗后消化道大出血患者的护理体会 ----- 赵永莉 1100
- PO-1576 复发难治性淋巴瘤患者预期性悲伤现状及影响因素研究 -----谭楚霞,李成媛,李媛媛 1101
- PO-1577 环孢霉素拯救多线治疗失败伴噬血细胞综合征皮下脂膜炎 T 细胞淋巴瘤一例报告附文献复习 ----- 胡青,向兵 1101
- PO-1578 维泊妥珠单抗联合二线方案化疗治疗复发/难治原发纵隔大 B 细胞淋巴瘤 -----黄赛,刘要伟,董丽丽等 1102
- PO-1579 含静脉马法兰预处理方案联合自体外周血造血干细胞移植治疗弥漫大 B 细胞淋巴瘤: 无进展生存单中心临床分析 ----- 赛比亚·艾克巴尔,袁海龙 1102
- PO-1580 Efficacy and safety of CD19-specific CAR-T cell-based immunotherapy in central nervous system lymphoma----- huanxin zhang,Zhiling Yan,Ying Wang etc. 1103
- PO-1581 肾上腺淋巴瘤的临床分析 ----- 张蒙蒙 1103
- PO-1582 IM2 regimen is effective and safety for relapsed or refractory T-cell lymphoblastic lymphoma/leukemia-----Shixuan Tang,Chongmei Huang,HuiYing Qiu etc. 1104
- PO-1583 18F-FDG PET/CT 显像在眼眶淋巴瘤中的临床应用----- 陈涛 1105
- PO-1584 一种以 CD31 为切入点的非血缘脐血干细胞输注对 auto-HSCT 肿瘤杀伤功能的研究 ----- 何正昌,贾永前 1105
- PO-1585 Pola based Framework Regimen Treating DLBCL in Real World at RenJi Hospital of China----- JUN DU,JUE WANG,ZIYU FENG etc. 1106
- PO-1586 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 BN2 亚型的异质性及预后治疗分析 ----- 杜祉珊,许彭鹏 1107
- PO-1587 老年原发中枢神经系统淋巴瘤预后因素探究与模型建立: 一项基于 SEER 数据库的临床研究----- 杨润雨,贺鹏程 1107
- PO-1588 利用弥散加权成像和动态对比增强磁共振成像对高灌注的原发性中枢神经系统淋巴瘤和非典型胶质母细胞瘤进行鉴别的研究 ----- 余兰,余淑杰 1108
- PO-1589 4 例伴 t(11;14)(q13;q32)/IGH::CCND1 并 MYC 基因重排 B 细胞淋巴瘤病例报告----- 常雨桐,毛翠 1108
- PO-1590 自体干细胞移植联合 CAR-T 细胞: 治疗复发/难治性弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的一种优越治疗方法 -----张晓颖,王珏,王娜等 1109
- PO-1591 非血缘脐血干细胞来源的 CD31+CD8+T 细胞能够弥补 HDT/auto-HSCT 缺乏的肿瘤杀伤功能 ----- 何正昌,贾永前 1109
- PO-1592 非血缘脐带血干细胞输注后微嵌合状态对 HDT/auto-HSCT 患者外周血的影响 ----- 何正昌,贾永前 1110
- PO-1593 Circulating exosomal vWF is an independent prognostic biomarker for survival in patients with newly diagnosed diffuse large B-cell lymphoma----- Fen Ye,Ting Wang 1111
- PO-1594 鼻腔共生菌调控结外 NKT 淋巴瘤的作用及机制探究 -----刘蕾,马娜丫,马世勇等 1111

- PO-1595 基于 SRM/MRM 技术检测外周 T 细胞淋巴瘤患者血清能量相关代谢产物的临床分析 -----段一硕,夏菁,饶军 1112
- PO-1596 化痰散结法结合常规西药治疗华氏巨球蛋白血症 -----刘清池,马兵,张丽红等 1113
- PO-1597 L3 腰大肌指数对弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者营养风险的预测价值-----朱玉珍,孙春红,王晓宁等 1113
- PO-1598 非血缘脐带血干细胞输注促使 auto-HSCT 患者 TCR 多态性恢复-----何正昌,贾永前 1114
- PO-1599 To explore a novel research model of clonal evolution in mantle cell lymphoma at single-cell genomic level ----- Junling Tang,yongsheng liu,liang wang etc. 1114
- PO-1600 不同来源的非血缘脐带血干细胞输入后 HDT/auto-HSCT 患者外周血 T 细胞亚群的变化 -----何正昌,贾永前 1115
- PO-1601 T 细胞淋巴瘤西达本胺维持治疗的临床研究-----彭浩洋,高力,张曦 1116
- PO-1602 淋巴瘤患者出院后的持续护理与感染预防研究 -----袁海 1116
- PO-1603 SBAR 模式下的心理护理在弥漫大 B 细胞淋巴瘤化疗患者中的应用 -----冯娜,陶俊,张天文等 1117
- PO-1604 融合基因参与的弥漫性大 B 细胞淋巴瘤分子分型-----田爽,赵维莅 1117
- PO-1605 女性淋巴瘤化疗患者自我倡权能力现状及影响因素分析 -----陈蔓丽,陶俊 1118
- PO-1606 KTH 整合护理干预在 CAR-T 治疗复发难治 B 细胞淋巴瘤病人中的应用效果-----冯娜,陶俊,张曦等 1118
- PO-1607 原发结外弥漫大 B 细胞淋巴瘤临床特征及预后分析-----易思,贾永前 1119
- PO-1608 边缘区淋巴瘤的临床特征及预后分析——单中心长期真实世界研究 -----李赫,王婕,刘家卓等 1119
- PO-1609 高截留量血液透析在多发骨髓瘤伴急性肾损伤患者中的研究进展 -----邢彦 1120
- PO-1610 基于免疫球蛋白及常规实验室指标的多发性骨髓瘤鉴别诊断模型的建立 -----李曼宁,武晗,寿纯宜等 1120
- PO-1611 多发性骨髓瘤患者诱导化疗期营养波动及影响因素的纵向研究 -----周倩,王黎红,何华等 1121
- PO-1612 Molecular mechanisms of Mangiferin inhibiting malignant biological characteristics of multiple myeloma and exerting anticancer effect-----Yanquan Liu,Jian-Zhen SHEN,Xiao-Jun CHEN etc. 1122
- PO-1613 接受 BCMA 特异性 CAR-T 治疗后进展的多发性骨髓瘤患者行挽救治疗的结局分析 -----杨瑞,刘睿,许雪珠等 1122
- PO-1614 多发性骨髓瘤骨痛患者实行护理干预的临床疗效研究 -----宋丽娟 1123
- PO-1615 Impact of Bortezomib on 1q21 gain in multiple myeloma: a meta-analysis of treatment outcomes and prognostic implications -----Xiaona Zheng,Siyu Lin,Kejie Lu etc. 1123
- PO-1616 多发性骨髓瘤患者自我报告焦虑、抑郁现状分析 -----李雪雪,兰大华 1124
- PO-1617 多发性骨髓瘤患者新冠病毒抗体产生的影响因素及抗体水平的纵向随访 -----谢焕,曾东风 1124
- PO-1618 IgG 型多发性骨髓瘤患者初诊时 IgG 水平与疗效及预后的相关性分析 -----吴宁夏,汪梅花 1125
- PO-1619 全身低剂量 CT 区分发性骨髓瘤患者四肢骨髓腔内病灶良恶性的研究-----张科民,赵云晴,李英 1125
- PO-1620 Clinical Observation of Daratumumab Based Immunochemotherapy in the Treatment of Light Chain Amyloidosis-----JUN DU,Xiao-Ran Gu,Jia Liu etc. 1126
- PO-1621 Comparison of tandem and single autologous stem cell transplantation in multiple myeloma: a retrospective propensity score-matching study -----Shunquan Wu,Li Xiao-Fan,Qiu Zong-Jian etc. 1127
- PO-1622 雷帕霉素联合 2-DG 对多发性骨髓瘤细胞增殖和凋亡的影响-----郑焱华 1128

- PO-1623 Liquid extramedullary disease in multiple myeloma strongly predicts a poor prognosis and is associated with bortezomib resistance gene upregulation ----- Jiamei Ji,Rui Guo,Jie Ma etc. 1128
- PO-1624 泊马度胺联合方案治疗复发难治多发性骨髓瘤的临床疗效及安全性 -----马瑀,冷青,宁道华 1129
- PO-1625 The molecular mechanisms of Mangiferin inhibiting malignant biological characteristics of multiple myeloma and exerting anticancer effect ----- Yanquan Liu,Min-Juan ZENG,Yue YIN etc. 1129
- PO-1626 塞利尼索联合螺旋断层放疗 (TOMO) 预处理方案对复发性/难治性 髓外多发性骨髓瘤的病例研究 -----王涛,马梁明,隗佳等 1130
- PO-1627 Whole-genome sequencing for copy number abnormalities in multiple myeloma supersedes karyotype analysis and fluorescent in situ hybridization -----Jiali Li,Shaobing Gao,Zhenling Li etc. 1131
- PO-1628 多发性骨髓瘤继发头颈部肿瘤 2 例报道 -----程珍,李欣然,严敏等 1132
- PO-1629 以泊马度胺为基础的方案对高危多发性骨髓瘤早期疗效观察 ----- 李丛池,张睿娟 1132
- PO-1630 基于机器学习方法的多发性骨髓瘤诊断模型建立 -----李曼宁,武晗,王莹等 1133
- PO-1631 血红蛋白、白蛋白及血小板分布宽度对多发性骨髓瘤患者的最佳临界值及诊断价值的探讨 -----李曼宁,武晗,王莹等 1133
- PO-1632 多发性骨髓瘤新预后模型的建立 -----侯方圆,王珊珊,赵建昊等 1134
- PO-1633 依托泊苷+阿糖胞苷方案高效动员干细胞在多发性骨髓瘤中的应用-----王洁,贾海鹏,张晓芬等 1134
- PO-1634 单克隆免疫球蛋白血症 (MGUS) 继发获得性血管性血友病(aVWD)伴免疫性血小板减少症(ITP)1 例----- 胡影 1135
- PO-1635 全骨髓照射联合减量美法仑预处理造血干细胞移植治疗多发性骨髓瘤自体 10 例小结 ----- 钟清秀,孟凡义 1136
- PO-1636 Nutritional status indicators and monoclonal gammopathy of undetermined significance risk in the elderly population: Findings from NHANES-----Linfeng Li,Mengri Wu,Zhengyu Yu etc. 1136
- PO-1637 医护一体化护理改善多发性骨髓瘤患者疼痛的影响分析 ----- 吕小春 1137
- PO-1638 Flow Cytometric Analysis of Bone Marrow Particle Cells for Measuring Minimal Residual Disease in Multiple Myeloma -----Duanfeng Jiang,Yanan Zhang,Shiming Tan etc. 1137
- PO-1639 8 例 BCMA-CART 治疗 R/R MM 后复发给予 GPRC5D-CART 治疗后再次缓解 -----齐昆明,李晓倩,祁娜等 1138
- PO-1640 非靶向代谢组学揭示多发性骨髓瘤患者的代谢紊乱和用于诊断、预后评估和复发预测的新型生物标志物 -----王涵可,王广洲,张艳艳等 1138
- PO-1641 Characterization and application of a lactate and branched chain amino acid metabolism related gene signature in a prognosis risk model for multiple myeloma -----Zhengyu Yu,Bingquan Qiu,Hui Zhou etc. 1139
- PO-1642 基于常规实验室指标的初诊伴髓外病变多发性骨髓瘤预后模型 -----李雅婷,陈洁,崔云起等 1140
- PO-1643 多发性骨髓瘤中的细胞粘附功能与肿瘤预后及药物治疗的生物信息学分析 -----胡倩,王梦瑶,汪金金等 1141
- PO-1644 外周血中血液炎症指标与初诊多发性骨髓瘤患者预后的相关性分析 -----刘佳悦,廖云,魏梦宇等 1141
- PO-1645 传统细胞遗传学异常的复杂程度与多发性骨髓瘤预后的关系研究 -----李玉龙,马嘉翎,赵梦萍等 1142

- PO-1646 血小板闭合时间对复发/难治性多发性骨髓瘤
CAR - T 细胞治疗疗效的预测作用-----陈伟,马瑞雪,李振宇等 1142
- PO-1647 病毒感染后出现异常免疫球蛋白的临床意义探讨 ----- 陈瑜,杨敏 1143
- PO-1648 BASAL FEATURES AND TREATMENT APPROACH IN MULTIPLE MYELOMA (MM)
AND AL AMYLOIDOSIS PATIENTS IN SPAIN:
INTERIM ANALYSIS OF DORIAN STUDY----- Lin Shi, Montes-Gaisan C, Buendía B etc. 1143
- PO-1649 IN-CLASS TRANSITION FROM PARENTERAL BORTEZOMIB TO ORAL IXAZOMIB
IN NEWLY DIAGNOSED MULTIPLE MYELOMA BY AGE AND FRAILTY STATUS:
UPDATED SUBGROUP ANALYSES FROM
THE FULLY ACCRUED US MM-6 COHORT----- Lin Shi, Habte A. Yimer, Sudhir Manda etc. 1144
- PO-1650 基于铁死亡相关 lncRNA 的生物信息学分析构建多发性骨髓瘤预后模型----- 智鹏 1145
- PO-1651 新诊断多发性骨髓瘤自体造血干细胞移植术后
达雷妥尤单抗维持治疗的临床观察 -----马艺,肖秀斌,袁顺宗等 1146
- PO-1652 大剂量环磷酰胺动员多发性骨髓瘤患者
外周血干细胞失败后的大剂量依托泊苷挽救动员 -----肖秀斌,王玥琦,陈喜林等 1146
- PO-1653 ITGB7 下调介导多发性骨髓瘤的抑癌作用 ----- 郑东,景红梅 1147
- PO-1654 单细胞测序技术探索多发性骨髓瘤 XPO1 抑制剂耐药机制的研究 ----- 崔云起 1147
- PO-1655 基质金属蛋白酶及其抑制剂在多发性骨髓瘤中的作用 ----- 张娟 1148
- PO-1656 1q21+新诊断多发性骨髓瘤患者不同诱导方案的比较-----刘佳,钟璐,徐岚等 1148
- PO-1657 多发性骨髓瘤预后诺莫图的建立 -----武晗,李曼宁,陈一瑞等 1149
- PO-1658 多发性骨髓瘤肾功能不全与糖尿病肾病鉴别诊断模型的建立 -----武晗,李曼宁,陈一瑞等 1149
- PO-1659 二代测序基因检测在新诊断多发性骨髓瘤的预后意义分析 -----胡雨菡,林全德,闫艳等 1150
- PO-1660 59 例 MM 患者 MYC、IGH 基因重排及 MYC/IGH 易位情况-----白晶,张烨,韩薇等 1151
- PO-1661 初治多发性骨髓瘤 1 号染色体异常的预后价值 ----- 郭光耀 1151
- PO-1662 初诊多发性骨髓瘤伴肾损害患者预后和肾脏反应因素分析 -----史敏,刘若茹,金媛媛等 1152
- PO-1663 达雷妥尤单抗治疗复发/难治多发性骨髓瘤的疗效与预后分析 ----- 蔡钦云 1152
- PO-1664 基于综合老年评估及临床因素构建老年
初诊多发性骨髓瘤患者临床预后模型 -----金媛媛,刘若茹,陈丽娟 1153
- PO-1665 II 型铁死亡诱导剂是 t(4;14)阳性多发性骨髓瘤的新型治疗方法-----张佳思,刘羽西,赵菲等 1153
- PO-1666 NF- κ B 抑制剂 SN50 增强 BCMA CAR-T 细胞疗效-----龙金兰,谢树峰,窦伟瑜等 1154
- PO-1667 The clinical significance and prognostic value of Tregs in newly diagnosed multiple myeloma
in the era of bortezomib and lenalidomide ----- qiaolin zhou, Fang Xu, Jingjing Wen etc. 1154
- PO-1668 免疫检查点受体及其配体在多发性
骨髓瘤患者髓外病变微环境中的表达变化 -----张鲜,王旭,杨建柱等 1155
- PO-1669 单克隆免疫球蛋白分泌状态与多发性骨髓瘤患者临床特征及预后分析 ----- 陈洁,黄红铭 1156
- PO-1670 核糖体蛋白 S3 介导蛋白酶体抑制剂的耐药性
在多发性骨髓瘤治疗中的潜在应用 -----陈格格,高学洁,贾新颜等 1156
- PO-1671 ROS 介导 AMPK/SIRT1 信号通路对多发性骨髓瘤肿瘤
微环境中间充质干细胞双重异质性的功能调控研究 ----- 李艳菊,王季石 1157
- PO-1672 多学科协作治疗延伸护理服务在多发性骨髓瘤患者中的应 用效果体会----- 刘代梅 1157
- PO-1673 荧光原位杂交技术在多发性骨髓瘤中的应用研究 -----姜胜华,曹鑫,刘红等 1158
- PO-1674 CART 细胞治疗多发性骨髓瘤发生 CRS 与凝血功能异常的观察性研究----- 徐宏慧,郭丹 1158

- PO-1675 Growth differentiation factor 15 promotes the proliferation and metastasis of multiple myeloma mediated by CXCR4 and MMP9 through PI3K/Akt/NF- κ B pathway ----- Hongjie Fan,Min Li,Kui Song 1159
- PO-1676 XPO1 抑制剂为基础方案治疗多发性骨髓瘤中枢神经系统浸润 1 例 ----- 董毅,翟志敏 1159
- PO-1677 STAT3 inhibitors inducing DNA damage in multiple myeloma cells and enhancing the anti-tumor effects of NK cells -----Zhaoyun Liu,xianghong zhao,rong fu 1160
- PO-1678 CAR-Tscm cells as an effective immune treatment to multiple myeloma patients ----- Zhaoyun Liu,xintong xu,rong fu 1160
- PO-1679 Enhancing Immunotherapy through Metabolic Modulation in Humanized Multiple Myeloma Mice----- Zhaoyun Liu, hao wang, jingtian zhang etc. 1161
- PO-1680 自体造血干细胞移植对伴 1q21 扩增的新诊断多发性骨髓瘤患者的预后影响 ----- 饶悦瑄,李振宇 1162
- PO-1681 骨髓可溶性 B 细胞成熟抗原表达在多发性骨髓瘤患者中作为 BCMA CAR-T 细胞疗效预测指标的研究 ----- 高舒荃,邓琦 1162
- PO-1682 米托蒽醌脂质体联合方案治疗高危/髓外多发性骨髓瘤的有效性及安全性 -----高紫婷,黄红铭,郭丹等 1163
- PO-1683 应用单细胞转录组解析多发性骨髓瘤克隆演变和耐药机制 -----崔健,李晓云,邓书会等 1163
- PO-1684 Genetically detectable minimal residual disease is associated with poor prognosis in multiple myeloma ----- Jian Cui,Lugui Qiu,Gang An 1164
- PO-1685 Subclonal del(17p) at relapse but not at diagnosis confer inferior outcome in multiple myeloma ----- Jian Cui,Lugui Qiu,Gang An 1164
- PO-1686 Fluorescence in situ hybridization reveals the evolutionary biology of minor clone of gain/amp(1q) in multiple myeloma -----Jian Cui,Lugui Qiu,Yan Xu etc. 1165
- PO-1687 复发难治性多发性骨髓瘤伴多病灶髓外浸润合并肺腺癌 1 例报道并文献复习 ----- 杜芳,陈海飞 1166
- PO-1688 以卡非佐米为基础的化疗方案治疗多发性骨髓瘤的真实世界研究 -----郑博月,李慧,付积艺 1166
- PO-1689 EMM 在多发性骨髓瘤预后评估中的单中心回顾性研究----- 严婕,陈兵 1167
- PO-1690 初诊多发性骨髓瘤患者外周血 γ δ T 细胞及淋巴细胞亚群的表达分析 -----徐子真,濮娉婷,王绪等 1167
- PO-1691 单倍体造血干细胞移植治疗原发性浆细胞白血病一例 ----- 田文亮,卢润青 1168
- PO-1692 FADD 通过上调 SOX2/OCT4/NANOG 表达促进多发性骨髓瘤细胞干性的分子机制 -----孙文瑞,张春燕,田彪等 1168
- PO-1693 卡非佐米与来那度胺在复发难治性多发性骨髓瘤维持治疗中的比较研究 ----邢海洲,桑丽娜,张聪丽 1169
- PO-1694 MajesTEC-1 I/II 期研究: 特立妥单抗(TEC)治疗三重暴露复发/难治性多发性骨髓瘤(RRMM)患者中国队列的研究结果 -----蔡真,夏忠军,何爱丽等 1169
- PO-1695 H 通过转录因子 E3 引起溶酶体介导的多发性骨髓瘤细胞死亡 -----杨年会,杜鹃,曾辉 1170
- PO-1696 盐酸表柔比星对多发性骨髓瘤细胞的作用及机制研究 ----- 南祯,房佰俊 1170
- PO-1697 尽管同时存在染色体异常, Del(1p32)仍然是一个重要的预后因素 ----- 王环,李菲 1171
- PO-1698 赣南地区多发性骨髓瘤诊断和治疗模式的变化及预后分析 ----- 黄走方,肖琪 1172
- PO-1699 初诊多发性骨髓瘤患者伴额外轻链条带的生物学特征及预后意义探讨 -----黄洲风,程薇,李玉龙等 1172
- PO-1700 多发性骨髓瘤贫血患者的预后因素 ----- 黄昊 1173
- PO-1701 髓外病变和调节性 T 细胞对嵌合抗原受体 T 细胞治疗多发性骨髓瘤有效性的影响 ----- 董毅,翟志敏 1173
- PO-1702 新型多发性骨髓瘤患者衰弱评估模型的构建与验证 ----- 田彪,唐海龙,高广勋 1174

- PO-1703 BCMA-targeted CAR-T Therapy Associated Adverse Events in Multiple Myeloma: A Systematic Review and Meta-analysis----- Xuehang Fu,Jingwen Yang,Dandan Yu etc. 1174
- PO-1704 高骨髓浆细胞百分比 (BMPC%) 可改善新诊断多发性骨髓瘤 患者的 R-ISS 风险分层 -----孙晓嫻,王鹏宇,宋敏等 1175
- PO-1705 High-dose intravenous melphalan combined with autologous peripheral blood hematopoietic stem cell transplantation on the treatment of multiple myeloma: a single-center clinical analysis on PFS -----Mengyuan Chen,Hailong Yuan 1176
- PO-1706 单核细胞 THP-1 摄取 H929 外泌体后形成有利于 MM 细胞转移的肿瘤微环境 -----孙玉莹,张娟,程宇等 1177
- PO-1707 sBCMA 作为多发性骨髓瘤的监测指标 -----舒思敏,胡东,陶文庭等 1177
- PO-1708 1 例多发性骨髓瘤患者输注达雷尤单抗以意识障碍为首发症状的护理 -----周盼,杜欣,曾荔等 1178
- PO-1709 多发性骨髓瘤新预后模型的构建与验证 -----侯方圆,段衍超,赵建昊等 1178
- PO-1710 基于疼痛自评表的个性化护理干预对多发性骨髓瘤疼痛护理中的应用 -----杜金叶 1179
- PO-1711 来那度胺治疗多发性骨髓瘤中耐药机制的研究 -----董照 1179
- PO-1712 多发性骨髓瘤患者 NLR 水平与 T 淋巴细胞亚群的相关性及对肾功能的影响 -----凌逸鹏,陈兵,曾慧等 1180
- PO-1713 适合移植 NDMM 患者的治疗模式演变--单中心 17 年随访结果----- 李晓哲,李娟 1180
- PO-1714 新诊断多发性骨髓瘤不同高危细胞遗传学及其组合对预后的差异影响 -----卢晓微,李娟 1181
- PO-1715 口服与静脉美法仑预处理在多发性骨髓瘤移植中的比较 -----何智彬,刘俊茹,李娟 1181
- PO-1716 雷公藤内酯醇调控 miR-381/HMGB1 对多发性骨髓瘤细胞增殖的影响 -----徐成波,胡敏,杨恩爱等 1182
- PO-1717 嵌合抗原受体 T 细胞和双特异性 T 细胞接合器治疗复发/难治性多发性骨髓瘤的疗效及安全性比较: 系统回顾和荟萃分析 -----安慧华,李娟 1182
- PO-1718 多发性骨髓瘤患者运动干预的范围综述 -----李佳遥,于姗姗,彭映等 1183
- PO-1719 CD56 表达在新诊断多发性骨髓瘤患者中的预后意义分析 -----马梦姣,房佰俊,王耀美 1183
- PO-1720 多发性骨髓瘤伴随外病变单中心回顾性分析 -----李伟,王耀美,房佰俊 1184
- PO-1721 靶向泛素 C 端水解酶 L1 杀伤 MM 的机制研究 -----刘月,顾伟英,曹阳 1184
- PO-1722 全基因组拷贝数变异在新诊断多发性骨髓瘤的预后意义分析 -----颜可泰,胡雨菡,纪旭等 1185
- PO-1723 二代测序基因检测在新诊断多发性骨髓瘤中的预后意义分析 -----胡雨菡,颜可泰,纪旭等 1186
- PO-1724 多发性骨髓瘤与前列腺癌的孟德尔随机化研究 -----王晶,吕成兰,周东明等 1186
- PO-1725 G3BP1 是多发性骨髓瘤患者预后不良的独立预测因素 -----王晶,吕成兰,周东明等 1187
- PO-1726 基于奥马哈系统的延续护理在老年多发性骨髓瘤患者中的应用 -----毛瑞 1187
- PO-1727 流式细胞术检测多发性骨髓瘤微小残留病 -----周敏,刘锦雯,徐勇等 1187
- PO-1728 COMMD3 通过调控细胞铜代谢促进多发性骨髓瘤转移的机制研究 -----王亚君,孙春艳,胡豫 1188
- PO-1729 Development and validation of a simple, scoreable model to predict the risk of secondary extramedullary disease in patients with multiple myeloma----- Shengke Tu,Min Li,Kui Song 1189
- PO-1730 基于真实世界数据探讨中国多发性骨髓瘤相关静脉血栓栓塞症的预防现状及相关风险评分系统的预测价值 -----王萌,张波,李群等 1190
- PO-1731 多参数流式细胞术检测多发性骨髓瘤外周血循环肿瘤浆细胞 -----刘锦雯,周敏,徐勇等 1190
- PO-1732 多发性骨髓瘤患者化疗期间感染宣教的意义 -----钟佳 1191

- PO-1733 多发性骨髓瘤免疫治疗新靶点 LILRB4 的发现及临床转化研究-----龚莉欣,马静远,孙浩等 1191
- PO-1734 PCD 与 PDD 方案治疗新诊断多发性骨髓瘤合并肾功能不全患者的临床分析 ----- 崔静,王巍 1192
- PO-1735 Exploring the Effects of Multiple Myeloma-Derived Exosomes
on Macrophage Polarization and Potential Treatment Strategies-----Qi Li,Bingzong Li 1192
- PO-1736 总生存期 ≥ 3 年的高危 MM 患者的临床特点及预后模型的建立 ----- 陈少欣,李娟 1194
- PO-1737 移植的功能性高危多发性骨髓瘤患者的临床特征分析及预测模型建立 ----- 余彤泳,李娟 1194
- PO-1738 非移植功能性高危多发性骨髓瘤患者的临床特点 ----- 李延娟,李娟 1195
- PO-1739 BCMA 靶向免疫治疗多发性骨髓瘤的疗效和安全性分析-----张丹凤,周奕炜,姜中兴 1196
- PO-1740 生存期超过 10 年的多发性骨髓瘤患者的特点 ----- 章洪宁,李娟 1196
- PO-1741 新药诱导序贯自体外周血造血干细胞移植可以
改善新诊断多发性骨髓瘤患者 1p32 缺失在的不良预后 ----- 侯丽琼,李娟 1197
- PO-1742 新药时代下快速治疗反应对新诊断
多发性骨髓瘤患者不良预后的预测价值 ----- 王鹏宇,孙晓嫚,宋敏等 1197
- PO-1743 Compound13 调控 Pim1/2 介导的线粒体稳态
增强硼替佐米杀伤骨髓瘤细胞的机制研究 ----- 方志鸿,林艺芹,钟怡婷等 1198
- PO-1744 Deubiquitinase USP7 attenuates selinexor-induced
myeloma suppression by impeding ubiquitination
dependent-XPO1 degradation ----- Junying Wang,Mengping Chen,JingXing Jiang etc. 1198
- PO-1745 Selinexor inhibits SREBPs-dependent lipogenesis
in myeloma cells by nuclear accumulation
of transcription cofactor Lipin1 ----- Junying Wang,MengPing Chen,YiKe Wan etc. 1199
- PO-1746 18F-FDG PET/CT 图像分型对多发性骨髓瘤患者预后判断的价值 ----- 倪蓓文,陈虞梅,侯健 1200
- PO-1747 罗沙司他在伴有肾功能不全的多发性骨髓瘤贫血
治疗中的应用: 一项真实世界的研究 ----- 李姝婵,韩晓雁,何静松等 1200
- PO-1748 Enhanced expression of TAGLN2 predicts negative
prognosis in multiple myeloma ----- Mengping Chen,Jian Hou 1201
- PO-1749 TRPV1/NCX1 抑制骨髓瘤细胞 HIF-1 α
泛素化降解促进破骨分化的机制研究 ----- 李婷婷,李启英,刘俊等 1202
- PO-1750 In Multiple Myeloma PRUNE1-IGF2BP3 forms a positive feedback loop
by stabilizing SOX4 mRNA in an m6A-dependent manner
and enhances the HIF-1 signaling pathway ----- yawen wang, Jiadai Xu, Panpan Li etc. 1202
- PO-1751 血清脂质水平对于新诊多发性骨髓瘤患者预后价值 ----- 李林峰,唐文娇,刘香等 1203
- PO-1752 CD27 和 CD56 表达在多发性骨髓瘤中的预后意义----- 黑肖飞,卢绪章 1203
- PO-1753 血清炎症标志物在新诊断多发性骨髓瘤患者预后中的研究 ----- 杨丽萍,卢馨怡,王鑫炜等 1204
- PO-1754 Metformin Augments GPRC5D in Multiple Myeloma
and Enhances the Efficacy of GPRC5D-CAR T Cells-----Xiaoli Hu,Xinyi Zhou,Qian Zhao etc. 1205
- PO-1755 全身低剂量 CT 在多发性骨髓瘤患者中的疗效分析及意义----- 陈星宇,王巍 1205
- PO-1756 USP28 通过 KIF20B 调控骨髓瘤发生发展的作用及机制研究----- 陈梦,李菲 1206
- PO-1757 从两项 III 期研究 LEPUS 和 OCTANS 中探究
达雷妥单抗静脉给药转换为皮下给药的可行性和安全性 ----- 傅卫军,李薇,黄洪晖等 1206
- PO-1758 靶向 BCMA 的 CAR $\gamma \delta$ T 与传统 CAR T
抗多发性骨髓瘤的体外功能对比研究 ----- 洪阳,吴孙桂,张翠玲等 1207

- PO-1759 中药熏洗联合针灸对多发性骨髓瘤患者化疗相关周围神经病变的干预效果 ----- 王璇,郭树霞 1208
- PO-1760 多参数流式细胞术检测循环骨髓瘤细胞用于多发性骨髓瘤病情评估的可行性探索 ----- 何琛 1208
- PO-1761 达雷妥单抗为基础方案治疗复发难治多发性骨髓瘤疗效和安全性研究 ----- 艾尚怡,田卫伟 1209
- PO-1762 CAR-T 治疗后血小板活化因子促进多发性骨髓瘤复发的作用研究 ----- 郭丹,苏文峰,卢金凤等 1209
- PO-1763 改良培养方法对多发性骨髓瘤染色体核型检出率的影响 ----- 袁翠英,陈兵,董海波 蒋如如 周敏 1210
- PO-1764 探索意义未明的单克隆免疫球蛋白血症 (MGUS)
向多发性骨髓瘤 (MM) 转化的分子机制 ----- 傅源菁,刘琰,顾伟英等 1210
- PO-1765 R2-ISS 分期、BARD1 突变对多发性
骨髓瘤的预后分析及 nomogram 模型构建 ----- 徐欣,林玲,杨彤等 1211
- PO-1766 Causal associations between the gut microbiota and multiple myeloma: A two-sample
Mendelian Randomization study----- Chunyan Zhang,Shan Gao,Wenrui Sun etc. 1212
- PO-1767 基于 CO 呼气试验检测多发性骨髓瘤患者
红细胞寿命缩短与预后相关性研究 ----- 肖婉婷,张春燕,高广勋 1212
- PO-1768 三重/四重耐药复发难治性多发性骨髓瘤患者的临床特征
及生存期分析: 山西多中心回顾性研究 ----- 安静,赵洁,马爻芳等 1213
- PO-1769 Lipid Levels and Multiple Myeloma Risk: Insights
from Meta-analysis and Mendelian Randomization----- Linhui Hu,Weiwei Zhu,Zhimin Zhai 1214
- PO-1770 血清游离轻链和尿轻链检测在多发性骨髓瘤患者疗效监测和预后评估中的意义 ----- 姚梦苏 1214
- PO-1771 全反式维甲酸增效 BCMA-CS1 双靶点 CAR-T 治疗多发性骨髓瘤----- 吴卓琳 1215
- PO-1772 全反式维甲酸逆转 CAR-T 治疗中肿瘤相关成纤维细胞的免疫抑制----- 吴卓琳 1216
- PO-1773 与多发性骨髓瘤相关的铜死亡相关 LncRNA 评分----- 时璐瑶,王树娟,王冲 1216
- PO-1774 初诊多发性骨髓瘤患者细胞遗传学特征分析
及 1q21 异常患者预后模型建立 ----- 白琬芮,王华 1217
- PO-1775 IgA 型多发性骨髓瘤临床特征及预后分析 ----- 高帆,李菲 1217
- PO-1776 以 CRAB 症状为表现的成人起病免疫缺陷症一例并文献回顾 ----- 安然,陈玉宝,刘之茵等 1218
- PO-1777 含达雷妥单抗的联合方案治疗多发性骨髓瘤的疗效和安全性分析 ----- 高帆,李菲 1218
- PO-1778 染色体 1q21+对新诊断多发性骨髓瘤患者的影响 ----- 刘佳,付婉彬,张懿伟等 1219
- PO-1779 R2-ISS 新分期系统下多发性骨髓瘤在真实世界中的预后分析 ----- 高帆,李菲 1219
- PO-1780 复发多发性骨髓瘤患者对运动恐惧的看法: 一项定性研究 ----- 蒙娜 1220
- PO-1781 “干沙方案”维持治疗多发性骨髓瘤自体造血干细胞移植后长生存一例 ----- 郭树霞,王璇,张景 1220
- PO-1782 BCMA CAR-T 一线治疗高龄高危虚弱双克隆型多发性骨髓瘤一例 ----- 方怡,沈莉菁,倪蓓文等 1221
- PO-1783 BCMA 靶向的嵌合抗原受体 T 细胞治疗
初诊多发性骨髓瘤的有效性及其安全性研究 ----- 韦卫萍,费小明,王丽霞等 1221
- PO-1784 A Prospective, non-interventional Study of the Efficacy and Safety Overview
of Ixazomib in Chinese Relapsed and refractory multiple myeloma
Patients - INFINITE Study----- Chengcheng Fu,Song Jin,Junling Zhuang etc. 1222
- PO-1785 巴弗洛霉素 A1 抑制自噬通量并通过激活 I 型
干扰素通路及伊沙佐米发挥协同抗骨髓瘤效应 ----- 徐莉,翁艳霞,孙文瑞等 1223
- PO-1786 硼替佐米对多发性骨髓瘤患者免疫功能、肾功能等的影响 ----- 武金日 1224
- PO-1787 达雷妥单抗治疗复发/难治性多发性骨髓瘤 疗效及安全性分析 ----- 周芮,吴涛 1224
- PO-1788 TMI 靶向照射骨髓 AHSCT 治疗多发性骨髓瘤及其随访 ----- 孟凡义,钟清秀,陈虹羽等 1225
- PO-1789 骨髓瘤细胞诱导单核细胞表型改变, 具有免疫抑制特性 ----- 左依凡 1225

| | | | |
|---------|--|--|------|
| PO-1790 | 248 例 MM 患者 MYC、IGH 基因重排及 MYC/IGH 易位情况 ----- | 白晶,张烨,韩薇等 | 1226 |
| PO-1791 | Ho-1 通过抑制 IL-12 分泌来抑制多发性骨髓瘤中 NK 细胞的活性 ----- | 黄傲霜 | 1226 |
| PO-1792 | NLR、MLR、PLR 对多发性骨髓瘤患者的预后影响因素分析 ----- | 卢英豪,王季石,张燕等 | 1227 |
| PO-1793 | 中国复发/难治性多发性骨髓瘤患者接受 GPRC5D×CD3 双特异性抗体 Talquetamab 治疗的疗效和安全性—I/II 期 MonumentAL-1 研究数据 ----- | 安刚,邱录贵,盖雪 | 1228 |
| PO-1794 | MM 患者中 CAR-T 细胞输注前预防性 使用 PEG-rhG-CSF 的疗效及安全性分析 ----- | 许锦涛,郭丹,黄红铭 | 1228 |
| PO-1795 | 基于效能理论的护理方案联合营养干预 对多发性骨髓瘤合并肾衰竭患者的影响研究 ----- | 刘婷婷,刘耀,蒋翠婷等 | 1229 |
| PO-1796 | TFAM 通过调控 mtDNA 触发的自噬抑制多发性骨髓瘤细胞铁死亡 ----- | 惠娟,高广勋 | 1229 |
| PO-1797 | 澳洲茄边碱靶向 HDAC2(Ser394)诱导 自噬抑制多发性骨髓瘤细胞增殖 ----- | 李飞雨,张苏文,韩巧燕等 | 1230 |
| PO-1798 | 验证 IMWG、IMPEDE、SAVED 血栓风险评估模型对中国 MM 患者血栓的预测能力 及提出 IMWG 和 IMPEDE 评分对中国患者的血栓风险分层系统 ----- | 黄越,傅琤琤,金松等 | 1230 |
| PO-1799 | 靶向 DNA 聚合酶 θ 协同美法仑抗多发性骨髓瘤的作用及机制研究 ----- | 李群,马驰,孙春艳 | 1231 |
| PO-1800 | 探讨多发性骨髓瘤 (MM) 患者中的细胞遗传学异常 与国际分期系统 (ISS) 的关系 ----- | 董海波,袁翠英,蒋如如 | 1232 |
| PO-1801 | 以大量血性心包积液为首发症状的多发性骨髓瘤 1 例 ----- | 张银银,姜中兴,汤平等 | 1232 |
| PO-1802 | Real World Analysis Over 15 Years of Newly Diagnosed Multiple Myeloma in China ----- | Jingyu Xu,Lingna Li,Yuntong Liu etc. | 1233 |
| PO-1803 | Diagnostic Value of Echocardiography in Multiple Myeloma Complicated with Cardiac Amyloidosis ----- | Hongmiao Shen,Xingyue Wu,Yue Huang etc. | 1234 |
| PO-1804 | 达雷妥尤单抗联合方案治疗多发性骨髓瘤的疗效及安全性分析 ----- | 唐俐伶,郭丹,黄红铭 | 1235 |
| PO-1805 | 维奈克拉联合地塞米松治疗初治 t(11;14)阳性的原发性 轻链型淀粉样变的疗效及安全性 ----- | 关艾,沈恺妮,吴俣等 | 1235 |
| PO-1806 | 原发性轻链型淀粉样变中血清游离轻链的从头测序方法及序列结构特征 ----- | 关艾,沈恺妮,马斌等 | 1236 |
| PO-1807 | Patient-reported outcomes (PROs) from the DREAMM-7 randomized phase 3 study comparing belantamab mafodotin, bortezomib, and dexamethasone (BVd) vs daratumumab, bortezomib, and dexamethasone (DVd) in patients with relapsed/refractory multiple myeloma (RRMM)----- | Vania Hungria,Pawel Robak,Marek Hus etc. | 1237 |
| PO-1808 | 全人源 BCMA CAR-T (CT103A) 细胞免疫疗法 治疗复发/难治性多发性骨髓瘤的长期随访研究 ----- | 余秋霞,王迪,李喆等 | 1238 |
| PO-1809 | 复发性/难治性多发性骨髓瘤接受全人源抗 BCMA CAR-T 进展后的风险因素与预后之间的关系 ----- | 安宁,王迪,余秋霞等 | 1238 |
| PO-1810 | 来那度胺难治的多发性骨髓瘤: 试验和现实证据的系统 文献综述 ----- | Monique A. Hartley-Brown,Katja Weisel,Jacopo Bitetti 等 | 1239 |
| PO-1811 | 单细胞测序解析多发性骨髓瘤骨髓微环境低密度中性粒细胞的异质性 ----- | 陈斌贞,周易,华燕妮等 | 1240 |
| PO-1812 | 多发性骨髓瘤肾功能不全患者血清白蛋白水平与肾脏可逆性的相关性 ----- | 刘影,刘晓博,李威亚等 | 1240 |
| PO-1813 | 在一项新诊断多发性骨髓瘤的 VRD+/- ASCT 研究中 探讨肾功能损伤患者的有效性和肾脏反应 ----- | 吴星玥,尤红英,沈红苗等 | 1241 |
| PO-1814 | 长疗程伊沙佐米为基础治疗方案在多发性 骨髓瘤患者中的疗效和安全性评估 ----- | 王廷萱,王辉,石辰宇等 | 1242 |

- PO-1815 新诊断多发性骨髓瘤患者 VRD 联合或不联合 ASCT 中进行简化虚弱评估的真实世界研究-----吴星玥,尤红英,沈红苗等 1242
- PO-1816 ENO1 在多发性骨髓瘤患者中的表达特点、预后意义及治疗应用 -----董佳晖,徐嘉轩,董晓庆等 1243
- PO-1817 真实世界中多发性骨髓瘤 MRD 阴性未达 CR 患者的特征分析 -----卢静,何海燕,强琬婷等 1243
- PO-1818 Leveraging diverse cellular stress patterns for predicting survival outcomes and therapeutic sensitivity in patients with multiple myeloma ----- Jiaxuan Xu,Xiaoqing Dong,Bing Chen 1244
- PO-1819 BCMA CAR-T 细胞挽救治疗浆母细胞转化多发性骨髓瘤 -----施雁词,李肃,蒋瑛等 1244
- PO-1820 原发性免疫性血小板减少症脾切除术后出现多发性髓外浆细胞瘤 1 例 ----- 梁国豪,张茜 1245
- PO-1821 一线 VRD 治疗新诊断多发性骨髓瘤患者早期进展风险因素研究-----程莉莉,王为,李辉等 1245
- PO-1822 CCL3/CCR5 promotes macrophage towards M2 polarization and mediates multiple myeloma progression via PI3K/AKT/RhoA signaling-----Xiaotao Wang,Huiye Yang,Qu Fujun etc. 1246
- PO-1823 CD56-多发性骨髓瘤患者临床特征及预后分析----- 张荣耀,张露璐 1247
- PO-1824 HNRNPC 通过重塑抑制性免疫微环境参与 MM 发生发展 -----仇钰,曹正意,李洋等 1247
- PO-1825 蛋氨酸在多发性骨髓瘤进展中的机制研究 -----马驰,徐傲霜,左李平等 1248
- PO-1826 多发性骨髓瘤多程化疗后合并慢性肾功能不全尿毒症期患者血液透析中低血压的有效应对的个案护理 ----- 李亚军 1248
- PO-1827 CD8+T 细胞表面 PD-1 及 TIGIT 可作为多发性骨髓瘤患者重症 COVID-19 预后生物标记物-----李紫平,赫慧文,张富婧等 1249
- PO-1828 血小板闭合时间对复发/难治性多发性骨髓瘤 CAR-T 疗效的预测作用-----陈伟,马瑞雪,赵欢欢等 1249
- PO-1829 嵌合抗原受体 T 细胞治疗复发/难治性 IgD 型多发性骨髓瘤的长期随访结果 -----陈伟,高雯霞,赵欢欢等 1250
- PO-1830 EASIX score prior to lymphocyte depletion therapy as a reliable prognostic indicator for patients with relapsed/refractory multiple myeloma treated with chimeric antigen receptor T cells ----- Wei Chen,Ruixue Ma,Wenxia Gao etc. 1251
- PO-1831 利用伊维菌素克服多发性骨髓瘤耐药的研究 -----罗红梅,米紫玥,牛挺等 1251
- PO-1832 YM155 通过 Myc/BBC3 激活 P53 信号通路体外抗骨髓瘤作用机制研究 -----金相红,张富婧,赫慧文等 1252
- PO-1833 合并肾功能损害的多发性骨髓瘤患者临床特征和预后分析 ----- 周璇 1252
- PO-1834 达雷妥尤单抗联合 VRd 治疗适合自体干细胞移植但未接受移植的非高危新诊断多发性骨髓瘤患者的初步安全性和疗效 -----傅琤琤,王婧,颜灵芝等 1253
- PO-1835 FISH analysis of 347 multiple myeloma patients -----Di Zhu,Guoqiang Zhang,Yiwei zhang etc. 1254
- PO-1836 HSPA9 调控多发性骨髓瘤发展和对硼替佐米耐药的机制研究 -----江仕骏,左李平,范凤娟等 1254
- PO-1837 不同 AIGC 大模型在血液病国际指南解读过程中的对比分析应用 ----- 祁麟,林翹楚,张莉娟等 1255
- PO-1838 Extracellular ubiquitin induces the macrophage polarization to promote myeloma progression through CXCR4-JAK/STAT3 feedback loop ----- Haiyan He,Dongjian Chen,Zhongyuan Feng etc. 1255
- PO-1839 诱导疗效不佳且适宜移植多发性骨髓瘤患者的临床特点与生存预后 ----- 杨光忠 1256
- PO-1840 新药时代,警惕骨髓瘤患者深度缓解后的“假复发”(临床病例分享及文献复习) ----- 杨光忠 1256
- PO-1841 COVID-19 合并多发性骨髓瘤患者免疫力的变化-----赵宇,刘洋,陈晓敏等 1257

- PO-1842 Ho-1 suppresses NK cell activity in Multiple myeloma by inhibiting IL-12 secretion-----Ya Li 1258
- PO-1843 初诊 RAB3B 基因转录水平可预测多发性骨髓瘤的疾病进展风险 -----王子龙,刘扬,路瑾等 1258
- PO-1844 初诊 RAB3B 基因高转录水平可促进 AL 型淀粉样变性疾病进展 -----王子龙,刘扬,赵晓甦等 1259
- PO-1845 铁死亡相关基因在骨髓增生异常综合征中的表达及治疗靶点研究 -----郭佳丽,常伟 1259
- PO-1846 多发性骨髓瘤合并肾损伤患者的临床特征及危险因素分析 -----胡人之,刘耀 1260
- PO-1847 CD138 磁珠分选结合 1q21/1p36 探针及染色体筛查
208 例初诊多发性骨髓瘤患者中 1q21 的遗传学特征分析 -----程振,李永玲,王健学等 1261
- PO-1848 自体造血干细胞移植治疗伴肾脏损伤的初诊多发性骨髓瘤 -----马艺,赵瑞青,鲁云等 1261
- PO-1849 MTCH1 介导铁死亡抵抗引起多发性骨髓瘤塞利尼索耐药机制研究 -----孙正旭,李雅婷,崔云起等 1262
- PO-1850 筛查 125 例初诊多发性骨髓瘤患者中 IGH 信号模式
与 t(4;14), t(6;14), t(11;14), t(14;16), t(14;20) 易位发生率 -----邓胜,程振,李永玲等 1262
- PO-1851 通过集成微阵列分析鉴定多发性骨髓瘤中的新型生物标志物和潜在药物 -----乔冰 1263
- PO-1852 多发性骨髓瘤 173 例染色体核型分析 -----辛晓丽,苏小丽,王家璇等 1263
- PO-1853 多发性骨髓瘤遗传学异常的回顾性分析 -----王家璇,高山,苏小丽等 1264
- PO-1854 隐丹参酮通过调控 AKT/Nrf2/HO-1 通路诱导多发性骨髓瘤细胞铁死亡 -----方柳圆,钱申贤 1264
- PO-1855 Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation for relapsed/refractory
multiple myeloma after CAR T cell therapy ----- Shasha Lu,Lijing Shen,Jian Hou etc. 1265
- PO-1856 The aberrantly activated AURKB regulates cell growth and maturation in CALR
mutated MARIMO cell line ----- Xueting Hu,Xiangru Yu,Liwei Zhang etc. 1265
- PO-1857 阿达帕林抗骨髓瘤的作用及机制研究 -----柏桦,徐勇,陈兵 1266
- PO-1858 Halting Multiple Myeloma with MALT1 Inhibition: Suppressing BCMA-Induced NF- κ B
and Inducing Immunogenic Cell Death ----- Mei Yuan,Min Shi,Wenyu Li etc. 1266
- PO-1859 靶向 CLK2/SRSFs 通过无意义降解机制下调 RAE1 抑制多发性骨髓瘤 -----刘阳,赖淑萍,廖娅平等 1267
- PO-1860 以胸腔积液起病的多发性骨髓瘤 1 例 -----张聪丽,马杰,陈胜梅 1268
- PO-1861 FISH 结合 SNP-A 检测新技术分析初诊
多发性骨髓瘤患者的细胞遗传学异常 -----尤红英,姚卫芹,严治等 1268
- PO-1862 PHF19 通过调控 CD38 表达介导 CD38 单克隆抗体治疗耐药 -----孙洗月,于滕滕,张晓雨等 1269
- PO-1863 基于循环克隆性浆细胞水平优化多发性骨髓瘤 R2-ISS 分期系统的研究 -----唐文娇,张丽,潘峻等 1269
- PO-1864 HLA-mismatched stem cell microtransplant prolonged overall survival
and promoted immunological reconstitution
for multiple myeloma----- Yangyang Lei,Bo Cai,Zhiqing Liu etc. 1270
- PO-1865 初诊多发性骨髓瘤血小板减少患者临床特征及预后分析 -----秦小琪,夏玲,牛园满等 1271
- PO-1866 Clinical characteristics and prognostic factors of patients with solitary plasmacytoma:
A Multicenter Retrospective Study -----Xuxing Shen,Wenmin Han,Lina Zhang etc. 1271
- PO-1867 泊马度胺、硼替佐米、地塞米松联合治疗初诊合并肾损伤多发性骨髓瘤的临床研究 -----纪国超 1272
- PO-1868 多发性骨髓瘤移植后动态监测微小残留病的临床意义——长期随访结果 -----杨光忠 1272
- PO-1869 In-class transition from parenteral bortezomib (V) to oral ixazomib in newly diagnosed
multiple myeloma (NDMM): Updated analysis of US MM-6 overall and by patient (pt)
subgroups of interest ----- Leon Bernal-Mizrachi,Murtaza Bhuriwala,Ralph Boccia etc. 1273
- PO-1870 罗伊适应模式护理干预在多发性骨髓瘤化疗患者中的效果及满意度分析 -----齐明珠 1274
- PO-1871 Absence of progression within three years may identify a subset of long-term survivors
with multiple myeloma----- Shuangshuang Jia,Biao Tian,Lulu Wang etc. 1274

- PO-1872 Advantage of Tolerability following Arsenic Trioxide-VTD vs VRD in NDMM patients:
a prospective, open-label study-----Xinyu Zuo,Apeng Yang,Pingping Chen etc. 1275
- PO-1873 回顾性对照分析多发性骨髓瘤
合并心肌淀粉样变患者的诊断、疗效及预后评价 -----边天月,刘华胜,陈颖等 1276
- PO-1874 基于泊马度胺的方案对初治高危多发性骨髓瘤早期疗效观察 ----- 陈黎 1277
- PO-1875 外周血单个核细胞中 MYBL2 的表达水平
在新诊断的多发性骨髓瘤中的临床意义 -----刘佳悦,廖云,陈荣荣等 1277
- PO-1876 VCD 诱导化疗方案序贯来那度胺治疗区域内初治
多发性骨髓瘤患者疗效分析 -----刘虹辰,闫金松,王睿等 1278
- PO-1877 调控基因组稳定性基因 NORAD
对多发性骨髓瘤细胞调控作用及机制研究 -----李莉娟,张连生,郝正栋等 1278
- PO-1878 真实世界中自体干细胞移植后 MRD 阴性
在双打击高危多发性骨髓瘤患者中的优势与挑战 ----- 陶怡,糜坚青 1279
- PO-1879 HIST1H1E 基因通过组蛋白去乙酰化酶 6 促进淀粉样变轻链的分泌 -----黄栩带,张春兰,赵浩等 1280
- PO-1880 1 例复杂的骨髓瘤病例报道-----袁代,刘新 1280
- PO-1881 The incidence and clinical significance of monoclonal and oligoclonal protein bands
in multiple myeloma patients after BCMA-CAR-T cell therapy:
a retrospective study based on LEGEND-2----- Gongzhizi Gao,Rui Liu,Hongli Chen etc. 1281
- PO-1882 达雷妥尤单抗联合硼替佐米、地塞米松 (DVD) 方案
治疗初治多发性骨髓瘤疗效及安全性 -----蔡宜诺,张旗,王晓波等 1282
- PO-1883 ELAVL1 在多发性骨髓瘤中的表达及临床意义-----贾亚春,万冰洁,缪吉玉等 1282
- PO-1884 小分子化合物组合提高骨髓瘤 CAR-T 细胞治疗疗效----- 周易 1283
- PO-1885 小分子化合物组合重编程增强多发性骨髓瘤 CAR-T 细胞抗肿瘤效应----- 周易 1283
- PO-1886 硼替佐米治疗多发性骨髓瘤发生重度肺动脉高压病例 1 例 -----张旗,蔡宜诺,高欣等 1284
- PO-1887 初诊多发性骨髓瘤患者 CD56、CD117、CD27 表达水平
及与临床分期、遗传学相关性分析 -----施青青,孙幸,倪军等 1284
- PO-1888 年龄相关多发性骨髓瘤临床特征及预后分析 ----- 霍研锟 1285
- PO-1889 骨髓增生异常综合征并伴有孤立 Del(5q)
合并意义未明的单克隆免疫球蛋白血症一例并文献复习 ----- 张阳,姜中兴 1285
- PO-1890 Results from the randomized phase 3 DREAMM-8 study of belantamab mafodotin
plus pomalidomide and dexamethasone (BPd) vs pomalidomide plus bortezomib
and dexamethasone (PVd) in relapsed/refractory
multiple myeloma (RRMM)----- Susanne Trudel,Meral Beksac,Ludek Pour etc. 1286
- PO-1891 Incidence, risk factors and modified risk assessment model of venous
thromboembolism in non-Hodgkin lymphoma patients -----Wen Li,Rui Liu,Ying Shen etc. 1287
- PO-1892 多发性骨髓瘤患者运动认知和态度的质性研究 -----张颖,于姗姗,彭映 1287
- PO-1893 普乐沙福或化疗联合 G-CSF 在多发性骨髓瘤
外周血干细胞动员中有效性及安全性比较 ----- 徐明明 1288
- PO-1894 炎症指数与多发性骨髓瘤预后的相关性分析及列线图预测模型构建 ----- 廖云,黄纯兰 1288
- PO-1895 Planning Ahead: Leveraging Machine Learning Algorithms
to Predict Short-Term Treatment Response in Multiple Myeloma----- Jiadai Xu,Peng Liu 1289

- PO-1896 SNHG15 通过调节 R-loop 介导的 DNA 损伤修复
在多发性骨髓瘤中促进药物耐药的机制研究 -----姚蓝,李婷婷,吴秋玲 1290
- PO-1897 Identification of the genetic basis of extramedullary disease in multiple
myeloma through targeted next-generation sequencing ----- Yanfang Zhang,Yun Luo 1290
- PO-1898 MRP 评分和 FIRST 简化版虚弱评分在真实世界
新诊断多发性骨髓瘤患者中的预后价值 -----姚琼,杨丽萍,王鑫炜等 1291
- PO-1899 多发性骨髓瘤患者既往或继发第二恶性肿瘤的临床特征及预后转归分析 ----许雪珠,刘睿,何爱丽等 1292
- PO-1900 既往有恶性肿瘤病史的多发性骨髓瘤患者的临床特征及预后转归分析 -----许雪珠,刘睿,何爱丽等 1292
- PO-1901 重组人血小板生成素联合血小板生成素受体激动剂
可促进多发性骨髓瘤自体造血干细胞移植后造血重建 -----许雪珠,刘睿,赵万红等 1293
- PO-1902 累及中枢神经系统多发性骨髓瘤患者的临床特征、
治疗结局及预后影响因素 -----李林宇,赵洁,高志林等 1293
- PO-1903 基于孟德尔随机化分析研究静脉炎及血栓性静脉炎
与多发性骨髓瘤的因果关系及血管生成素-1 受体水平的中介作用 -----张辉,吴婧亚,卢学春 1294
- PO-1904 伴 t(11;14)初诊多发性骨髓瘤的生存分析 ----- 刘昀彤,安刚 1295
- PO-1905 t(11;14)多发性骨髓瘤患者的疗效动力学分析 ----- 刘昀彤,安刚 1295
- PO-1906 伴有 MAF 易位的多发性骨髓瘤患者预后不良 ----- 刘昀彤,安刚 1296
- PO-1907 DREAMM-7 更新:玛贝兰妥单抗 (belamaf) + 硼替佐米和地塞米松 (BVd) 对比达雷妥尤单抗
+硼替佐米和地塞米松 (DVd) 在治疗复发/难治性多发性骨髓瘤 (RRMM) 中的
3 期试验的亚组分析 -----María Victoria Mateos Manteca,Pawel Robak,Marek Hus 等 1297
- PO-1908 2 例超高龄虚弱的高危多发性骨髓瘤患者
BCMA CAR-T 治疗的临床治疗体会 -----杨涵善,向茜茜,高力等 1298
- PO-1909 一例多发性骨髓瘤患者自体干细胞移植期间耐碳氢霉烯肺炎克雷伯杆菌脓毒症
合并播散性皮肤软组织脓肿的诊断和治疗 -----孙慧猛,王冰洁,梁颀隐等 1298
- PO-1910 多发性骨髓瘤患者的焦虑抑郁状况及影响因素分析 -----付蓉,高梦冉,张薇等 1299
- PO-1911 1 例 IgE- κ 型多发性骨髓瘤临床检验诊断并文献复习 -----王显凤,朱颖,陈春英等 1299
- PO-1912 POEMS 综合征 31 例临床特征及诊治分析 -----邵晓雁,沈凯,贲宇等 1300
- PO-1913 PCDH10 inhibits proliferation, migration and angiogenesis
of multiple myeloma cells via PI3K/AKT -----Chensi Zeng,ChunYan Xiao,Yao Ding etc. 1300
- PO-1914 CAR-T 治疗复发难治性多发性骨髓瘤中早期生物学标志物
对 CRS 发生及严重程度预警的研究 -----闫志凌,徐海浪,孙乾等 1301
- PO-1915 NCX1/Ca²⁺ promotes autophagy and decreases bortezomib activity in multiple myeloma
through non-canonical NF κ B signaling pathway----- Tingting Li,Jun Liu,Yao Liu 1301
- PO-1916 多发性骨髓瘤合并糖尿病患者肾功能不全病因的早期鉴别模型构建 -----武晗,李曼宁,陈一瑞等 1302
- PO-1917 通过抑制硫氧还蛋白可以促进多发性骨髓瘤细胞铁死亡事件的发生 -----刘家希,刘睿,缪吉玉等 1303
- PO-1918 PD-1 敲减通过维持 CAR-T 细胞的记忆亚型、减少细胞耗竭
来增强 CAR-T 细胞抗肿瘤效能-----欧阳皖雁,金诗炜,徐南等 1303
- PO-1919 Clinical outcomes and microenvironment profiling in relapsed/refractory multiple
myeloma patients with extramedullary disease
receiving anti-BCMA CAR T cell-based therapy ----- Yuekun Qi,Kailin Xu 1304
- PO-1920 胆固醇稳态与多发性骨髓瘤耐药性的相关性研究 ----- 校嘉翼 1305

- PO-1921 基于纳米抗体改造的单价或双价 BCMA-VHH-CAR-T
对多发性骨髓瘤细胞的杀伤作用研究 ----- 王远丽 1305
- PO-1922 趋化因子受体 CCR4 在多发性骨髓瘤细胞上的表达及作用-----邹沙沙,冯永怀,刘波 1306
- PO-1923 CART 细胞治疗 5 例复发难治性骨髓瘤伴髓外病变临床疗效分析 ----- 周莉莉 1306
- PO-1924 调节性 B 细胞及相关细胞因子在多发性骨髓瘤中的表达及意义-----李莉娟,张连生,郝正栋等 1307
- PO-1925 多发性骨髓瘤患者 T 细胞亚群 TIGIT
及相关细胞因子的表达水平与意义 -----李莉娟,张连生,郝正栋等 1308
- PO-1926 多发性骨髓瘤肾损伤患者免疫损害回顾性分析 -----刘亦菲,边天月,袁仕会等 1309
- PO-1927 BCMA CAR-T 细胞治疗肾功能储备不足的复发/难治
多发性骨髓瘤患者的安全性及有效性研究 ----- 吕雨琦,王林钦,黄莹等 1309
- PO-1928 LGR4 通过 TGF- β 1/Smad 信号通路调控
多发性骨髓瘤细胞生物学行为的机制研究 -----李莉娟,张连生,郝正栋等 1310
- PO-1929 多发性骨髓瘤 MCL-1 及 IL-6、IL-8、TNF- α 的表达及相关性分析-----李莉娟,张连生,郝正栋等 1310
- PO-1930 多发性骨髓瘤肾损害的免疫学特征及预测模型的构建 -----李莉娟,张连生,郝正栋等 1311
- PO-1931 多发性骨髓瘤患者免疫学指标与骨髓瘤骨病相关性及其预测价值 -----李莉娟,张连生,郝正栋等 1312
- PO-1932 塞利尼索联合苯达莫司汀、硼替佐米和地塞米松方案
治疗伴髓外病变的多发性骨髓瘤 ----- 曾毓璟,向茜茜,刘红云等 1312
- PO-1933 骨髓间充质干细胞对多发性骨髓瘤的影响机制研究 -----杨娟,王飞清,李艳菊等 1313
- PO-1934 多发性骨髓瘤患者自我管理现状调查及影响因素分析 -----赵孟利,赵鲜珺,黄蓉等 1314
- PO-1935 Absolute Lymphocyte Count Prior to Lymphodepletion Impacts
Outcomes in Multiple Myeloma Patients Treated
with Chimeric Antigen Receptor T Cells ----- Yang Liu,Yan zhiling,chen wei etc. 1314
- PO-1936 A combination of pre-infusion serum ferritin, CRP and IL-6 predicts outcome
in relapsed/refractory multiple myeloma patients
treated with CAR-T cells ----- Yang Liu,zhu feng,chen wei etc. 1315
- PO-1937 疼痛评估的及时准确性在多发性骨髓瘤患者中的应用及影响研究 ----- 杜严兴,陶俊 1316
- PO-1938 减低剂量 Pcd 方案治疗虚弱 RRMM
患者的多中心、开放标签临床研究 -----赵洁,田卫伟,刘文华等 1316
- PO-1939 异常蛋白条带在治疗后多发性骨髓瘤患者中的临床意义 ----- 周涵,肖晗 1317
- PO-1940 以专科护士为主导的医护联合一体化全程管理模式
在多发性骨髓瘤患者中的应用研究 ----- 林欢 1317
- PO-1941 多发性骨髓瘤患者基于硼替佐米联合方案治疗后
网织红细胞成熟参数的变化及与免疫和临床指标的相关性研究 -----李莉娟,张连生,郝正栋等 1318
- PO-1942 多发性骨髓瘤 IL-18 及相关细胞因子、
 β 2-微球蛋白的表达水平及意义-----李莉娟,张连生,郝正栋等 1319
- PO-1943 维奈克拉治疗 14 例 t(11;14)阳性浆细胞疾病患者的回顾性分析----- 刘昀彤,安刚 1319
- PO-1944 靶向抑制自噬增强伊布替尼的体内外抗骨髓瘤效应 ----- 冯娟,陈协群 1320
- PO-1945 多发性骨髓瘤中循环正常浆细胞和肿瘤浆细胞的临床特征及意义 -----蔡梦洁,朱明清,白霞等 1320
- PO-1946 塞利尼索联合美法仑预处理治疗多发性骨髓瘤的疗效及安全性初步探索 ----李佳丽,饶军,向茜茜等 1321
- PO-1947 eGFR 年变化率对多发性骨髓瘤患者死亡风险的预测作用----- 刘香 1321
- PO-1948 Evaluation of therapeutic safety and efficacy of UC-MSc therapy for Critical limb ischemia:
a single-arm single-center and open-label clinical trial----- Ruiyu Yang 1322

- PO-1949 靶向肝素辅因子 II 的 RNA 干扰作用
促进血友病的止血治疗在比格犬中的实验 -----张雨阳,林文熠,胡豫等 1322
- PO-1950 作为新型抗凝靶点的因子 XIa 抑制剂: 最新临床研究进展 -----夏云晴,唐亮,胡豫 1323
- PO-1951 Anxiety and health-related quality of life in patients with immune thrombocytopenia:
a longitudinal multi-scales survey -----Jing Zhang,Renchi Yang 1323
- PO-1952 DPN 抗体降低小鼠缺血性脑卒中再灌注损伤血栓-炎症的机制研究 ----- 赵益明,钱爽 1324
- PO-1953 Machine Learning–Driven Immune Thrombocytopenia Prediction for Glucocorticoids Treatment
Response: a Prospective NICHE Cohort ----- Jia Chen,Ting Sun,Yunfei Chen etc. 1325
- PO-1954 Integrating chemokines and machine learning algorithms for diagnosis
and bleeding assessment in primary immune thrombocytopenia
patients: a prospective cohort study ----- Qing Wen,Ting Sun,Jia Chen etc. 1326
- PO-1955 Alfalfa-inpatient-CAT 评估模型:
属于住院肿瘤患者的血栓风险评估模型 -----吴桂兰,陈文君,牛培广等 1327
- PO-1956 预测服用抗凝药物患者发生颅内出血的新评分 -----马福新,吴桂兰,常思洁等 1327
- PO-1957 Reduced doses of emicizumab achieve good efficacy: results from a national-wide
multicenter real-world study in China----- Yuan Xu,Ying Wang,Runhui Wu etc. 1328
- PO-1958 重组人血小板生成素治疗儿童和青少年慢性原发性免疫性血小板减少症的疗效与安全性:
一项多中心、随机、双盲、安慰剂对照的 III 期临床试验 -----马静瑶,张晓莉,赵立波等 1329
- PO-1959 罗沙司他作为缺氧诱导因子-1 α 调节剂在免疫性血小板减少症
治疗中的潜在应用: 一项孟德尔随机化研究 ----- 马静瑶,吴润晖 1330
- PO-1960 在流体剪切力作用下凝血因子 VIII 及血小板
对 ADAMTS13 酶切 vWF 的影响 -----陈露阳,赵艺鸿,王佩等 1331
- PO-1961 使用直接口服抗凝药的非瓣膜性房颤患者
合用地尔硫卓的有效性和安全性分析 -----黄新海,吴桂兰,马福新等 1331
- PO-1962 中国血友病 A 患者使用 Octocog Alfa 治疗临床结局:
国际 AHEAD 研究 1 年随访 -----吴润晖,李振宇,孙竞等 1332
- PO-1963 AAV 载体介导的遗传性蛋白 C 缺乏症基因治疗研究 ----- 吴婷婷,唐亮 1332
- PO-1964 流体剪切力下中性粒细胞胞外诱捕网、血小板
对 ADAMTS13 裂解 vWF 的研究 -----王佩,陈露阳,张金玲等 1333
- PO-1965 Caprini 评分高危严重血小板减少的血液肿瘤患者
出血与血栓事件的临床分析 -----王静,许芳,苟敏等 1333
- PO-1966 Thalidomide induce response in patients with corticosteroid-resistant or relapsed ITP
by upregulating Neuropilin-1 expression ----- Ruiting Wen,Guocai Wu,Huimin Pan etc. 1334
- PO-1967 血友病 A 合并巨大假性肿瘤的多学科协作治疗 -----王帅,崔维顶,王勇等 1335
- PO-1968 分娩季节与住院分娩期间静脉血栓栓塞症风险关联的队列研究 -----李倩,王宏飞,王华芳等 1335
- PO-1969 神经肌肉电刺激预防低危 VTE 患者发生下肢深静脉血栓的临床研究 ----- 王珂,郭学军 1335
- PO-1970 一个新的缺失突变导致遗传性 FX 缺陷症的家系分析及致病机制研究 ----- 付栋彦 1336
- PO-1971 190 例静脉血栓栓塞症住院患者临床资料分析 -----崔藏月,王宏飞,唐亮等 1336
- PO-1972 妊娠合并血栓性血小板减少性紫癜 (TTP) 1 例并文献复习 -----孙楠楠,汤平,姜中兴 1337
- PO-1973 血栓形成与深静脉血栓在临床中的研究 ----- 周喆 1337
- PO-1974 西罗莫司治疗原发免疫性血小板减少症的临床疗效
观察及有关发病机制的研究 -----孟海涛,张利东,刘喜等 1338

- PO-1975 催产素调节中性粒细胞胞外陷阱改善深静脉血栓形成 -----谢沁颖,魏求哲,梅恒等 1338
- PO-1976 Mim8 在血友病 A 患者中的安全性、耐受性、药代动力学和药效学:
FRONTIER1 扩展研究----- 杨仁池,Pratima Chowdary,Steven R. Lentz 等 1339
- PO-1977 广东省 ITP 患儿和照料人生活质量及其影响因素的初步研究 ----- 林慧玲,叶铁真 1340
- PO-1978 Genetically predicted plasma metabolites mediate the causal relationship
between gut microbiota and primary immune
thrombocytopenia (ITP)----- Yang Hong,Kai Shen,Cuiling Zhang etc. 1340
- PO-1979 一个遗传性出血性毛细血管扩张症家系的致病变异分析 -----王润发,孙小娇,徐海霞等 1341
- PO-1980 新型高效 PDI 抑制剂通过靶向 b' x 区域高效抑制血栓形成 -----张丽丽,吕珂玉,王浩等 1342
- PO-1981 FXIII-C3 联合自身抗体和感染相关自身免疫性 FXIII 缺乏症----- 邓君,罗珊珊,王雅丹等 1343
- PO-1982 ADAMTS13 抑制血栓性血小板减少性紫癜补体异常激活机制研究----- 邓君,罗珊珊,丁雅洁等 1343
- PO-1983 治疗性血液成分单采快速降脂的临床应用 (附 209 例高脂血症的观察) ----- 许惠利 1344
- PO-1984 血清白蛋白、遗传易感性和静脉血栓栓塞的风险:
一项基于人群的队列研究 -----孙玉阳,邓君,胡豫 1344
- PO-1985 Chemokine CXCL13 facilitates anti-FVIII inhibitory antibody development in hemophilia
A patients and murine models----- Yingyu Chen,Liping Luo,Xing An etc. 1345
- PO-1986 Anti-mCD20 in combination with α -mCXCL13 monoclonal antibody inhibits anti-FVIII antibody
development in hemophilia A mice ----- Yingyu Chen,Qiaoyun Zheng,Na Zhang etc. 1345
- PO-1987 儿童低凝血酶原血症-狼疮抗凝物综合征 6 例报告并文献复习 ----- 全美洁 1346
- PO-1988 1 例 F8 基因大片段缺失及断裂点确认的血友病 A 家系遗传学分析 -----刘丽琼,钟瑾,徐海霞等 1346
- PO-1989 Peripheral blood lymphocyte subsets in factor VIII inhibitor-positive patients
with severe hemophilia A: A case-control study----- Zhiping Guo 1347
- PO-1990 Interaction of protein S and Mer contributes to the reduced protein S levels
in uncomplicated pregnancy----- Yanyan Shao,Yang Xu,Qian Liang etc. 1347
- PO-1991 一例获得性凝血因子 V 缺乏症及文献复习 ----- 陈美薇,应晓杨 1348
- PO-1992 儿童原发性免疫性血小板减少症慢性病程的高危因素及预后情况分析 -----徐倩,周敏,史美龄 1349
- PO-1993 TMPRSS9 基因突变与静脉血栓栓塞疾病的相关性研究 -----夏云晴,唐亮,胡豫 1349
- PO-1994 747 例出血、血栓和血小板异常患者的诊断性高通量测序结果分析-----蔡耀华,胡豫,唐亮 1350
- PO-1995 重组 ADAMTS13 用于遗传性血栓性血小板减少性紫癜患者的预防治疗:
3b 期继续研究的中期分析 -----Paul Coppo,Parth Patwari,Björn Mellgård 等 1350
- PO-1996 An Innovative Approach for Estimating FVIII Level and Designing
Personalized Dosing in the Prophylactic Treatment
of Hemophilia A ----- Zipeng Wei,Jianxing Zhou,Wei Huang etc. 1351
- PO-1997 一例携带 VWF Gly1609Arg 突变的 2A 型血管性
血友病家系出血表现严重的病因及机制研究 -----张子琪,丁秋兰,王学锋 1352
- PO-1998 血液肿瘤并发静脉血栓栓塞症的相关危险因素分析 ----- 王佩 1352
- PO-1999 住院血液肿瘤患者静脉血栓栓塞预警信息化系统的构建与应用 ----- 吕静,刘婷婷,蒋翠婷等 1353
- PO-2000 糖皮质激素联合不同类型促血小板生成药
治疗重症 ITP 的短期疗效、安全性比较 ----- 李仁霞,周泽平 1353
- PO-2001 间充质干细胞治疗肿瘤化疗所致全血细胞减少 1 例 -----刘超,王卫敏,王亚楠等 1354
- PO-2002 慢性粒细胞白血病合并重度出血 1 例 -----刘超,王卫敏,王亚楠等 1354
- PO-2003 血浆 vWF 活性对急性肺栓塞的预测价值----- 王晶,吕成兰,周东明等 1355

- PO-2004 Surgical experience in people with hemophilia A or B with and without inhibitors receiving fitusiran ----- Alok Srivastava, Pencho Georgiev, Toshko Lissitchkov etc. 1355
- PO-2005 Safety and efficacy of the fitusiran revised antithrombin-based dose regimen (AT-DR) in people with haemophilia (PwH) A or B, with or without inhibitors (ATLAS-OLE) ----- Guy Young, Kaan Kavakli, Robert Klamroth etc. 1356
- PO-2006 Met343Val 突变导致活化蛋白 C 呈现低活性构象并引发血栓形成 ----- 周世界, 赖哲, 吴希等 1357
- PO-2007 A Single-center Study of Patients with Rare Isolated Acquired Clotting Factor Deficiencies other than acquired Hemophilia A ----- Dandan Yu, Feng Xue, Xiaofan Liu etc. 1358
- PO-2008 TLR-9 激动剂通过 Caspase -11- GSDMD 介导 TF 活性升高激活噬血细胞综合征中的凝血级联反应 ----- 吕柯冰, 李菲 1358
- PO-2009 F8 IVS22 INV 杂合变异致女性血友病 1 例报告 ----- 郑湧智, 乐少华 1359
- PO-2010 4 例血友病 B 基因治疗护理体会 ----- 李珍珍, 杨林花, 武瑞红等 1360
- PO-2011 Increasing FVIII expression in hemophilia A with CRISPR-Cas9 ----- Lidong Zhao, Duanyang Wang, Yanchun Ma etc. 1360
- PO-2012 芦曲泊帕治疗复发难治原发免疫性血小板减少症疗效观察 ----- 陈亚丽, 姜中兴 1361
- PO-2013 KNG1 基因 c.618T>G 错义突变和 c.1165C>T 无义突变引起 Cys206-Cys218 二硫键断裂和 HMWK 蛋白 D5 结构域截断导致遗传性高分子量激肽原缺陷症 ----- 张福勇 1361
- PO-2014 香附酮 (Alpha-Cyperone) 对血小板活化功能的影响 ----- 张钊, 周向慧, 程志鹏等 1362
- PO-2015 PDE 抑制剂改性血液净化膜的构建及其抗血小板和血液相容性研究 ----- 府晓 1362
- PO-2016 基于 ABO 血型的 VWF 抗原和活性检测在深静脉血栓形成风险评估中的应用 ----- 闫彬, 胡天喜, 杜伟鹏 1363
- PO-2017 Structural instability of antithrombin caused by SERPINC1 p.Met313Thr variant is associated with venous thromboembolism ----- Changming Chen, Xi Wu, Lei Li etc. 1364
- PO-2018 间断小剂量醋酸泼尼松维持治疗原发免疫性血小板减少症疗效观察 ----- 彭弦薇, 陈婉琴, 刘安贵等 1365
- PO-2019 干扰整合素 β 3/Src 相互作用的小分子化合物的抗血栓与抗肿瘤双重效应 ----- 陈嘉宜, 刘双, 阮铮等 1365
- PO-2020 Src SH3 结构域 E97 突变的抗血栓效应及相关生物学功能研究 ----- 刘双, 陈嘉宜, 阮铮等 1366
- PO-2021 Pleiotropic effects of different exonic nucleotide changes at the same position contribute to hemophilia B phenotypic variation ----- Huayang Zhang, Changming Chen, Qiulan Ding 1366
- PO-2022 遗传性凝血因子 XI 缺乏症基因突变分析及分子机制研究 ----- 于雅琳 1367
- PO-2023 79 例获得性血栓性血小板减少性紫癜患者临床特点总结及分析 ----- 卢聪, 江慧雯, 吴耀辉等 1367
- PO-2024 血小板表面 GP Ib α 的粘蛋白样区域与 Siglec-9 顺式结合从而发挥抑制血小板活化的作用 ----- 摄渊婷, 李瑾, 刘红梅等 1368
- PO-2025 Lower Proportion of Double-negative T cells Predicted Better Outcomes of Immune Tolerance Induction in Hemophilia A Patients with High-titer Inhibitors ----- Zhengping Li, Runhui Wu 1368
- PO-2026 Causal Inference for the Recommendation Model to Assign Immunosuppressants to Low-dose Immune Tolerance Induction Individualized in Severe Hemophilia A Patients with Inhibitors ----- Zhengping Li, Runhui Wu 1369
- PO-2027 血小板参数对原发免疫性血小板减少症患者疗效的指导作用 ----- 崔代政, 叶絮 1370
- PO-2028 Kabuki Syndrome Complicated by Severe Immune Thrombocytopenia: Identification of a Novel Pathogenic Mutation ----- Xinmiao Qu, Feng Xue, Wei Liu etc. 1371
- PO-2029 FIX 信号肽致病突变通过多种机制导致 B 型血友病 ----- 沈国民, 高蒙, 陈龙等 1371

- PO-2030 Regulating Coagulation Homeostasis through Size-dependent Specific Binding of Negatively Charged Gold Nanoparticles to VKDPs ----- Shixin Li,Zhenyu Hao 1372
- PO-2031 成人原发性免疫性血小板减少症不同治疗方案的选择和疗效：
一项中国多中心回顾性研究 ----- 屠玲榕,黄健 1373
- PO-2032 凝血功能异常与 T/NK 细胞淋巴瘤相关噬血细胞综合症早期高死亡率相关 ---叶琇锦,李黎,汪露露等 1373
- PO-2033 利妥昔单抗治疗获得性血友病 A 的疗效及影响因素：
河南省多中心病例回顾性分析 -----刘艳慧,雷平冲,包丰昌等 1374
- PO-2034 DNA 过甲基化抑制巨核细胞生成在造血干细胞移植后
血小板重建不良发病的机制研究 -----唐雅琼,宋晓斐,张紫妍等 1374
- PO-2035 HMGB1-TLR4 通路通过 BMSCs 调节 ITP 患者巨噬细胞极化状态-----梁子杨,张国扬,刘晓燕等 1375
- PO-2036 Characterization of the antibodies from a patient
with Hypoprothrombinemia-Lupus Anticoagulant----- Haoyang Wu,Qiulan Ding,Xuefeng Wang 1375
- PO-2037 Notch1 regulates hepatic thrombopoietin production----- Yueyue Sun,Yingying Li,Xiang Chu etc. 1376
- PO-2038 Recurrent CVST occurred in a ALL child with mutated lipoprotein
lipase gene during Asp therapy -----Shiyuan Wang,jun Li,xiaoming liu etc. 1377
- PO-2039 G6PD controls thrombopoiesis by monitoring
TMOD3-regulated actin reorganization ----- Min Xin,Yanyan Xu,Xuemei Fan etc. 1378
- PO-2040 Mechanism of Bile acid in regulating platelet function
and thrombotic diseases----- Xianghui Zhou,Xin Zhou,Zhao Zhang etc. 1378
- PO-2041 TLR-7 在免疫性血小板减少症发病机制中的研究 ----- 韩宇,周虎 1379
- PO-2042 Clinical and molecular characterization of 20 patients with (hypo)dysfibrinogenemia associated
with bleeding complications-----Liyang Zhou,Xuefeng Wang,Qiulan Ding 1380
- PO-2043 Molecular Analysis of F12 Gene in a Pedigree with Factor XII Deficiency:
Identification of a Novel Pathogenic Mutation ----- Xinmiao Qu,Xiaofan Liu,Yujiao Jia etc. 1381
- PO-2044 5-羟色胺受体 7 (5-HTR7) 在免疫性血小板减少中
对巨核细胞生成的作用及机制探究 -----周萌,韩好好,戚嘉乾等 1381
- PO-2045 The role and function of enhanced hemostatic efficacy of cryogel
with copper ion-loaded mesoporous bioactive glasses for acute
and persistent bleeding and wound repair -----Qixiu Hou,Mengting Guo,Xueqian Li etc. 1382
- PO-2046 一例免疫性血小板减少症患者病例报告 ----- 王冉 1383
- PO-2047 预处理巨噬细胞膜包裹的载 bFGF 金纳米笼用于动脉粥样硬化的治疗研究 ----- 林文熠 1383
- PO-2048 AIGC 大模型在血液病专业文献阅读中的高效应用 -----张莉娟,林翹楚,祁麟等 1384
- PO-2049 蛋白 C 中 Trp83Ser 突变引发血栓的机制研究 -----袁珺唯,周世界,赖哲等 1384
- PO-2050 蛋白磷酸酶 2A 及其亚型对血小板功能的影响 -----刘泰瑜,徐旭林,普敏等 1385
- PO-2051 凝血因子 V 两种新的杂合突变导致的凝血因子 V 缺陷症 -----周荣富,周东明,邵晓雁等 1385
- PO-2052 抗凝血酶基因 c.1316delC 杂合突变致
多部位静脉血栓 1 例及文献复习 -----周荣富,邵晓雁,周东明等 1386
- PO-2053 胞外蛋白质二硫键异构酶精准调控凝血反应的分子机制 ----- 吕珂玉,陈帅,徐旭林等 1386
- PO-2054 A novel complex interchromosomal rearrangement between F8 and chromosome
10 causing moderate hemophilia A with a family history
of inhibitor development -----Yinqi Mao,Huayang Zhang,Guangming Chen etc. 1387
- PO-2055 跨膜蛋白 16F 对 LPS 诱导的人脐静脉内皮细胞促炎及促凝活性的影响 -----徐明辉,闫美杉,陈丽等 1388

- PO-2056 虾青素抗血栓药理学研究 -----罗雅丹,张丽丽,项慧琴等 1388
- PO-2057 RNAi Targeting LMAN1-MCFD2 Complex:
A New Anticoagulant Strategy-----Siqian Ma,Miao Jiang 1389
- PO-2058 VPS33B 基因变异合并 GP1BA 突变致血浆 VWF 水平严重降低-----马思倩,江淼,白霞等 1389
- PO-2059 KD025 调节 Treg 与 GITR 表达诱导 ITP 免疫耐受的作用 -----宋娟娟,刘新光,周虎 1390
- PO-2060 应用高活性凝血酶及氧化纳米纤维素制备新型止血制剂 -----张可,吴希,张华阳等 1390
- PO-2061 Influence of antiphospholipid antibodies
on activated partial thromboplastin time ----- Na Zhang,Dongze Yu,Yang Zhang etc. 1391
- PO-2062 ACE2 参与急性肺损伤血管并发症的分子机制-----项慧琴,纪佳妮,徐旭林等 1391
- PO-2063 凝血及生化指标诊断老年髌部骨折患者急性小腿肌间静脉血栓的价值 -----梁翠莹,梁爽,董峰等 1392
- PO-2064 Characterization of two novel missense mutations in plasminogen
in Chinese population associated with thromboembolism -----Jingjing Guo 1392
- PO-2065 海曲泊帕治疗初诊免疫性血小板减少症 (ITP) 的临床观察-----纪国超 1393
- PO-2066 ATRA 联合应用恢复 ITP 患者对 TPO-RA 的持续应答 -----范文萱,王钰,张玉娇等 1393
- PO-2067 OxLDL enhances procoagulant activity of endothelial cells
by TMEM16F-mediated phosphatidylserine exposure ----- Meishan Yan,Yao An,chunyan Gao 1394
- PO-2068 Gut microbial metabolite butyrate alleviates the susceptibility
to septic DIC by suppressing caspase-11/ GSDMD-dependent
macrophage pyroptosis ----- Yingying Li,Zhong Wu,Zhaozhao Chen etc. 1395
- PO-2069 原发免疫性血小板减少症中 COX-2 降低
与巨核细胞生成和血小板生成受损相关 -----庄喜兵,徐鹏程,欧阳等 1396
- PO-2070 海曲泊帕联合激素治疗原发免疫性血小板减少症的疗效和安全性 -----杨晓煜,王盼盼 1396
- PO-2071 低剂量地西他滨通过增强 KLF4 与 PPAR γ 启动子的结合
促进原发免疫性血小板减少症患者中 M2 巨噬细胞极化-----邵霞,徐鹏程,季丽莉等 1397
- PO-2072 Oxtr and Zbtb20 as potential biomarkers of hemophilic arthropathy: a study based
on weighted gene correlation network analysis, immune infiltration analysis
and machine learning----- Angui Liu,Xianwei Peng,Yiting Zhang etc. 1397
- PO-2073 Hotspots and frontiers in hemophilic arthropathy research: a bibliometric and visualization
analysis from 2003 to 2023 -----Angui Liu,Xiuyuan Lu,Yiting Zhang etc. 1398
- PO-2074 Lipoprotein lipids and apolipoproteins in primary immune thrombocytopenia:
Results from a clinical characteristics and causal relationship
verification, potential drug target identification
by Mendelian randomization analyses -----Yang Ou,Yanxia Zhan,Xia Shao etc. 1399
- PO-2075 A bibliometric analysis of primary immune
thrombocytopenia from 2011 to 2021----- Yang Ou,Yanxia Zhan,Xibing Zhuang etc. 1399
- PO-2076 循环蛋白质组学孟德尔随机化分析鉴定出 IFN- γ
为再生障碍性贫血的潜在治疗靶点 -----欧阳,秦闪闪,姜瀛昕等 1400
- PO-2077 应用蛋白 A 免疫吸附技术治疗免疫性血栓性血小板减少性紫癜的临床研究 -----李云,殷杰,田斌等 1400
- PO-2078 Mutation Ter462GlnextTer17 introduces a tail to C-terminus of protein C
and causes venous thrombosis -----Zhe Lai,jiaming Li,shijie Zhou etc. 1401
- PO-2079 一例重症免疫性血小板减少症患者血小板输注无效 -----王骏,金楠,李秀文等 1401
- PO-2080 ITGA2B 基因的新发突变导致血小板无力症 -----杨文,周泽平 1402

- PO-2081 抗 Xa 监测在终末期肾病患者血液透析抗凝监测中的应用 -----沈连军,孙幸,吉薇等 1402
- PO-2082 血栓弹力图指标联合血浆 D-D、VWF 预测多发性
骨髓瘤患者合并静脉血栓栓塞的价值分析 -----吉薇,吴蔚,沈连军等 1403
- PO-2083 艾美赛珠单抗治疗儿童血友病 A 疗效及安全性分析 -----徐慧娟,孙立荣 1403
- PO-2084 血小板功能检测在急性冠脉综合征患者个体化抗血小板治疗中的应用研究 -----王林 1404
- PO-2085 Heterozygous prothrombin mutations associated thrombophilia --- Xi Wu,Lei Li,Zhengjing Lu etc. 1404
- PO-2086 脐间充质干细胞在化疗后血小板减少中的应用 -----郭冰凌,刘耀 1405
- PO-2087 高分子量激肽释放酶原 (PK) 缺乏症 1 例并文献复习 -----陈胜梅 1405
- PO-2088 腺病毒介导的 B 型血友病基因治疗研究 -----孙庆云,闫振宇 1406
- PO-2089 贝利尤单抗联合环孢素治疗激素难治性免疫性
血小板减少症探索性研究初步结果 -----李会婷,李晓燕,毕慧 1406
- PO-2090 狼疮样抗凝物 (LA)阳性患儿体内凝血因子水平变化的研究-----李长钢,王缨,付笑迎等 1407
- PO-2091 基于孟德尔随机化探究肠道菌群与免疫性血小板减少症的相关性 -----刘娟,黄莉评,尹薇等 1408
- PO-2092 以风湿标志物阳性和血栓为首表现的恶性肿瘤 1 例并文献复习 -----胡靖晗,王芳 1408
- PO-2093 DDAVP 联合 IL-4 对小鼠单核巨噬瘤细胞 LPCAT
和 PAF-AH mRNA 的表达影响 -----谢燕燕,闫振宇 1409
- PO-2094 Health-Related Quality of Life in Immune Thrombocytopenia Patients:
A Bidirectional Mendelian Randomization Study ----- JIENI YU,Chao Xu,Feidan Gao etc. 1409
- PO-2095 Immune Thrombocytopenia Increases the Risk of Thrombosis:
A Two-Sample Mendelian Randomization Study ----- JIENI YU,Chao Xu,Feidan Gao etc. 1410
- PO-2096 Anemia Increases the Risk of Venous Thromboembolism? Insights
from Genome-Wide Association Studies ----- JIENI YU,Jingli Li,Leihua Fu etc. 1411
- PO-2097 自噬相关蛋白在原发免疫性血小板减少症中的表达 -----刘清池,马兵,张丽红等 1411
- PO-2098 焦亡相关蛋白在原发免疫性血小板减少症患者外周血中的表达意义 -----刘清池,张振钟,马兵等 1412
- PO-2099 A study on the unique molecular mechanisms of abnormal bleeding caused by gene mutations
in FVII non-functional domain ----- Luju Chen,Yuan Zhao,Xiaomei Xu etc. 1412
- PO-2100 High-throughput screening of coagulant drugs
for VKCFD1-targeting GGCX mutation ----- Minwen Hong,Kang Liu,Dan Liang etc. 1413
- PO-2101 A study of clinical characteristics and Pathogenesis
of 20 female hemophilia patients from a multi-centers of China----- Lei Wang,Linhua Yang 1414
- PO-2102 从 mRNA-seq 探究 ITP 外周血单个核细胞基因表达变化 -----洪佳乐,郭新红,王秀娟等 1414
- PO-2103 单中心先天性纤维蛋白原病临床特征分析 -----谢燕燕,闫振宇 1415
- PO-2104 ABO 血型不合血小板输注的有效性与安全性研究 -----庄金木,周世乔 1415
- PO-2105 Real-world experience of Hetrobopag
in immune thrombocytopenia treatment ----- Yimei Feng,zhang xi 1416
- PO-2106 Dynamic Changes in Platelet Counts and Psychological State
in ITP Patients after COVID-19 Infection ----- Yimei Feng,xiaoli chen,xi zhang 1416
- PO-2107 促血小板生成素受体激动剂治疗难治性血小板减少的临床研究 -----王丹,冯一梅 1417
- PO-2108 去甲肾上腺素与凝血酶冻干粉棉球填塞对鼻出血的止血效果比较 -----彭美玲 1417
- PO-2109 大剂量地塞米松治疗新发 SLE 相关免疫性
血小板减少患者早期疗效分析 -----刘红云,阮业竣,梁子扬等 1418
- PO-2110 血浆置换治疗时不同血浆制剂对患者凝血功能影响的差异 -----李静娴,李江萍,常伟 1418

- PO-2111 重组 ADAMTS13 及其突变体在人 BOECs 细胞中表达的研究 -----马珍妮,殷杰,谢丽倩等 1419
- PO-2112 Influence of F8 gene mutation on outcome in immune tolerance induction
of hemophilia A children with inhibitors----- Zekun Li,Zhenping Chen,Jialu Zhang etc. 1419
- PO-2113 The Alternative Splicing Of LCK in Treg Induction
In Immune Thrombocytopenia----- ,Shaoqiu Leng,Jun Peng 1420
- PO-2114 咖啡酸片联合地塞米松对比地塞米松治疗新诊断 ITP 的前瞻性,
多中心, 随机对照临床研究 -----王茹婷,刘洋,黄冰倩等 1421
- PO-2115 RNA 测序在 PDGFRA 基因重排检测中的应用 -----陈龙,沈熠,杨少斌 1421
- PO-2116 Sex-Specific Impact on Disease Outcome and the Mutational
Landscape in Essential Thrombocythemia----- Jia Chen,Huan Dong,Renchi Yang etc. 1422
- PO-2117 Decitabine in combination with idarubicin within a modified busulfan/cyclophosphamide
conditioning regimen for patients with advanced myelodysplastic syndrome:
A prospective multicenter clinical cohort study----- Yigeng Cao,Mingyang Wang,Erlie Jiang 1423
- PO-2118 TIGIT 过表达促进骨髓增生异常综合征免疫逃逸机制的研究 -----孟凡桥,刘瑜,曾东风 1424
- PO-2119 外周血 TIM-3 与骨髓增生异常综合征红细胞输注患者铁过载的关系研究 -----干定云,吴军,周曼等 1425
- PO-2120 奥雷巴替尼治疗一、二代 TKI 耐药的慢性髓系
白血病一例报告及文献复习 -----齐南南,王艳,牛志云等 1425
- PO-2121 骨髓增生异常综合征疾病进展和白血病转化过程中基因突变动态变化研究 -----严欣,田雨露,顾岩等 1426
- PO-2122 Mutations associated with age-related clonal hematopoiesis in essential thrombocythemia
with rapid progression to myelofibrosis ----- Jia Chen,Huan Dong,Lei Zhang 1426
- PO-2123 一例 PH+伴 46,XX,t(9;22;13;17)复杂异位的 CML 患者实验室分析 ----- 戚蕾,李鸿瑞 蒋莉 郑珊林 1427
- PO-2124 伴 der (6) t (1; 6) 的原发性骨髓纤维化患者一例 -----王兰兰,李鸿瑞,蒋莉等 1428
- PO-2125 雷公藤内酯醇联合三氧化二砷通过抑制 NF- κ B 信号
通路诱导骨髓增生异常综合征细胞凋亡 -----盛丽,朱迎迎,温智尧等 1428
- PO-2126 瘦素、内脂素等脂肪细胞因子在骨髓增生异常综合征中的临床意义研究 ----- 吕晓东 1429
- PO-2127 The correlation between VEXAS syndrome
and myelodysplastic syndrome -----Ye Jin,Jun Qian,Jiang Lin 1429
- PO-2128 PDE6G 在骨髓纤维化贫血中作用机制的研究 ----- 罗哲晗,吴勇 1430
- PO-2129 A novel high-effective diagnostic model of Chronic Myelogenous Leukemia
by Flow Cytometry ----- Yaokun Ma,Wen Du,Fangying Shang etc. 1430
- PO-2130 BCR::ABL1 融合基因阴性骨髓增殖性肿瘤临床病理学及基因遗传学特征 -----杨利群,陈钦,于莹等 1431
- PO-2131 ASXL1 基因突变在骨髓增生异常综合征中的临床结果和分子谱 -----彭娟,贡蓉,张婕等 1432
- PO-2132 高水平血清可溶性 ST2 预测初治骨髓增生异常综合征的进展和不良预后 -----彭娟,阳兴程,乾虎等 1432
- PO-2133 JAK2V617F 阳性伴 ASXL1、TET2 突变经典
骨髓增殖性肿瘤患者的临床特征及生存分析 ----- 张阳,姜中兴 1433
- PO-2134 维奈克拉联合阿扎胞苷治疗骨髓增生异常综合征
伴原始细胞增多型的疗效及安全性评估 ----- 姜立彩 1433
- PO-2135 儿童进展期骨髓增生异常综合征基因突变特征及其临床意义分析 -----刘晨梦,陈云龙,汪星辰等 1434
- PO-2136 Efficacy and Prognostic Assessment of Chemotherapy-Bridged Transplantation in Pediatric
Patients with Advanced Myelodysplastic Syndromes -----Xingchen Wang,Wenyu Yang 1435
- PO-2137 TNF- α 对骨髓纤维化的影响及其机制探索 -----王镇灏,杨竺铭,徐皓等 1436

- PO-2138 不同去甲基化药物在治疗伴原始细胞增多的骨髓增生异常综合征的有效性及安全性—1 项真实世界回顾性研究 -----陶玉,郭晓玲,聂子元等 1436
- PO-2139 Prophylactic Intervention for Relapse after Allogeneic Peripheral Blood Stem Cell Transplantation Improve the Survival of adult patients with Myelodysplastic Syndrome based on IPSS-M stratification ----- Huixian Wu,Xianmin Song 1437
- PO-2140 High expressions of checkpoint receptors in T cells subsets of myelodysplastic syndromes patients with TP53 mutations -----Lingxu Jiang,Xin Huang,Li Ye etc. 1438
- PO-2141 罗特西普治疗骨髓增生异常肿瘤的长期随访研究 -----张籽新,胡青林,王乐宇等 1439
- PO-2142 非输血依赖型骨髓增生异常综合征患者接受罗特西普治疗的真实世界回顾性研究：一项医疗索赔数据库研究 -----Leslie A. Andritsos,Kirollos S. Hanna,Enrico Zanardo 等 1439
- PO-2143 抑制 EZH2 通过 RHA/S100A9 信号通路诱导 MDS 细胞焦亡 -----张琪,罗颖婉,叶丽等 1440
- PO-2144 骨髓增生异常综合征伴骨髓纤维化患者基因突变分析 ----- 马洪霞 1441
- PO-2145 分子遗传学对于接受去甲基化治疗的 MDS-EB 患者疗效评估及生存的意义 ----- 钟婷,李冰 1441
- PO-2146 ADAM10 介导的 vWF 分子解聚在骨髓增殖性肿瘤出血倾向中的机制研究 -----梅宇,徐皓,王镇灏等 1442
- PO-2147 慢性粒单核细胞白血病治疗后骨髓坏死并急变 2 例 -----杨颖莹,吴耀辉,胡俊斌 1442
- PO-2148 骨髓增生异常综合征合并自身免疫性疾病的特征及预后分析 ----- 严萌萌 1443
- PO-2149 合并 PNH 克隆的原发性骨髓纤维化 ----- 杨艳,甘思林 1443
- PO-2150 多灶性髓外造血被误诊为原发性肝癌伴转移 1 例 -----杨艳,黄玉敏,孙玲 1444
- PO-2151 阿伐曲泊帕联合罗沙司他治疗一例血液透析状态下 MDS-f 并慢性乙型病毒性肝炎的动态观察 ----- 陈美薇,应晓杨 1444
- PO-2152 骨髓增生异常综合征患者化疗间隔与进展急性白血病的相关性分析 -----姚雪,王惠,杨林花 1445
- PO-2153 新型 STAT3 抑制剂 SMY002 在骨髓增生异常综合征中的作用及机制研究 ----- 武天娇,王慧睿 1446
- PO-2154 MPL 和 CALR 双驱动伴 ASXL1 基因突变的 MPN 病例特征分析 -----达珍珍,张颖,李妍等 1446
- PO-2155 Identifying INPP5D-JAK2 as a novel fusion gene for myeloproliferative neoplasm-unclassifiable----- Yijing Zhao,Ye Li,Yuanya Zhang etc. 1447
- PO-2156 罗特西普治疗难治性骨髓纤维化伴贫血：中国多中心研究 -----王乐宇,方力维,石红霞等 1448
- PO-2157 TQB2618 联合去甲基化药物在不适合强化疗的初诊 MDS 患者的 I 期临床研究 -----杨晋军,魏旭东,刘蓓等 1448
- PO-2158 胎儿血红蛋白与骨髓增生异常综合征 (MDS) 的临床特征和预后的相关性分析 ----- 张昕,吴侃 1449
- PO-2159 JAK2V617F 突变的 MPN 患者炎症因子表达与纤维化进程的相关性研究 ----郝壮辉,李硕,冯劲宜等 1450
- PO-2160 骨髓增生异常综合征后继发第二肿瘤 1 例 ----- 李芸芸,吴涛,毛东锋 1450
- PO-2161 降阶梯剂量策略的聚乙二醇干扰素治疗 JAK2 阳性的真性红细胞增多症的疗效与安全性：一项单中心的回顾性研究 -----常龙,蔡昊,段明辉 1451
- PO-2162 Epigenetic gene mutations associated with the progression of myelodysplastic neoplasms in IPSS-M model ----- Yangjing Zhao,Yue You,Ying Wang etc. 1451
- PO-2163 UBA1 突变骨髓增生异常综合征的临床表现 -----李鸣鸿,余昌云,周旭等 1452
- PO-2164 NLR、LMR、PLR 及 MPV 在 MPNs 血栓形成中的临床意义 ----- 张小东,王梅芳 1452
- PO-2165 单中心 MF 患者的临床特征及预后影响因素分析 ----- 张小东,王梅芳 1453
- PO-2166 骨髓增生异常综合征转化为急性髓系白血病的机制研究 -----李硕,李佩春,郝壮辉等 1453
- PO-2167 骨髓增生异常综合征伴纤维化患者的骨髓病理学特征及预后分析 ----- 刘钰,高娟 1454

- PO-2168 中性粒淋巴比值、血淋比、淋单比及衍生粒淋比
在 Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤纤维化程度的效能 ----- 刘钰,高娟 1454
- PO-2169 CD36 和 CD71、CD235a 在骨髓增殖性肿瘤
有核红细胞中的表达及其临床意义 ----- 梁雪兰,王宏伟 1455
- PO-2170 评估骨髓纤维化对于 2022WHO 分型下骨髓增生
异常综合征患者生存的影响 ----- 许改香,张瑜妮,王威等 1455
- PO-2171 罗特西普对比阿法依泊汀用于未接受过红细胞生成刺激剂 (ESA) 治疗的输血依赖的 (TD)
较低危骨髓增生异常综合征患者的疗效和安全性: COMMANDS
临床试验的完整分析 -----Guillermo Garcia-Manero,Uwe Platzbecker,Valeria Santini 等 1456
- PO-2172 骨髓增殖性肿瘤患者基因突变与临床特征分析 ----- 扈利红,赵思璐,曹宇琛等 1457
- PO-2173 费城染色体阴性骨髓增殖性肿瘤单核细胞免疫表型及其临床相关性 ----- 梁雪兰,王宏伟 1457
- PO-2174 经典 Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤患者第二原发肿瘤流行病学特征分析 ----- 蔡亚楠,王月波,张萍等 1458
- PO-2175 性别对经典 Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤患者临床特征影响分析 ----- 蔡亚楠,王月波,张萍等 1458
- PO-2176 性别对经典 Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤患者
第二原发肿瘤流行病学特征影响分析 ----- 蔡亚楠,王月波,张萍等 1459
- PO-2177 二代测序技术在骨髓增生异常综合征诊断中的应用 ----- 姜雨婷,邓君,洪梅 1460
- PO-2178 Machine learning approach identifies a novel ferroptosis - related gene model
in aberrant DNA methylation for predicting the progressive risk
of primary myelofibrosis-----Bingbing Wen,Jian Huang 1460
- PO-2179 阿扎胞苷联合罗特西普治疗较高危骨髓增生异常综合征老年患者 ----- 颜红菊,文钦,张诚等 1461
- PO-2180 基于机器学习的慢性粒单核细胞白血病新分子亚型鉴定
及其诊断模型的构建 ----- 张芷钰,鲍协炳,陈苏宁 1462
- PO-2181 去甲基化药物治疗骨髓增生异常/骨髓增殖性肿瘤
伴环形铁粒幼细胞和血小板增多 ----- 卢润青,谢甜甜,朱科昕等 1462
- PO-2182 α -酮戊二酸脱氢酶 OGDH 介导谷氨酰胺
代谢重编程在调控 MDS 药物敏感性中的作用机制研究 ----- 徐晓燕,戚嘉乾,王虹等 1463
- PO-2183 IPSS-M 在接受异基因造血干细胞移植的骨髓增生异常综合征患者中的危险分层作用 ----- 陈红如 1463
- PO-2184 The research of the number and dysfunction of bone marrow endothelial progenitor
cells in myelodysplastic syndromes----- Xiaofang Chen 1464
- PO-2185 IKZF1 基因突变在骨髓增生异常综合征中的临床及分子学特征 ----- 于润红 1465
- PO-2186 一项基于小鼠骨髓增殖性肿瘤模型的微创型
骨髓纤维化评价体系的研究 ----- 顾笑赫,宋旭光,曾令宇 1466
- PO-2187 聚乙二醇干扰素- α 2b 治疗骨髓增殖性肿瘤患者
妊娠期的疗效及安全性研究 ----- 温紫玉,周璇,何哲柔等 1466
- PO-2188 骨髓微环境中 NLRP1 在骨髓增殖性肿瘤/骨髓纤维化中的作用及机制研究 ----- 原轲,曾令宇 1467
- PO-2189 基因突变与骨髓增殖性肿瘤的发生发展及预后 ----- 潘峻,高健,杨云帆等 1467
- PO-2190 整合多组学分析初步探索促进 MPN 进展的关键靶点 ----- 许明丽,李学东,罗小华等 1468
- PO-2191 增殖性肿瘤中原发性和继发性骨髓纤维化患者临床特征的比较研究 ----- 李瑞,刘华胜,陈颖等 1468
- PO-2192 JAK2V617F 变异等位基因频率与骨髓增殖性
肿瘤患者临床特征关系研究 ----- 苏小丽,辛晓丽,王家璇等 1469
- PO-2193 骨髓增生异常综合征患者中分子核型与传统核型检测的比较研究与相关性分析 ----- 王雪 1469
- PO-2194 22 例慢性粒-单核细胞白血病结果分析 ----- 章国强,钟济华 1470

- PO-2195 阿扎胞苷联合短疗程维奈克拉治疗初诊
及 HMAs 治疗后的 MDS 患者的疗效及安全性 -----张梦芸,韩潇,刘学等 1470
- PO-2196 XPO-1 联合芦可替尼治疗加速期/白血病期骨髓纤维化真实世界研究-----刘柳,宋雪雯,丁冰洁等 1471
- PO-2197 系统性红斑狼疮继发骨髓纤维化个案报道 -----张贝,白俊俊,古晶晶等 1471
- PO-2198 6MW3211 注射液治疗复发/难治性急性髓系白血病(AML)或骨髓增生异常综合征(MDS)
患者的初步有效性和安全性: 多中心、开放性的 Ib 期临床试验 -----刘柳,宋雪雯,丁冰洁等 1472
- PO-2199 异基因造血干细胞移植治疗骨髓增生异常性/骨髓增殖性肿瘤(MDS/MPN) 的临床分析 ----- 齐默初 1472
- PO-2200 I3MO 治疗 JAK2V617F 阳性骨髓增殖性肿瘤的研究-----魏晓晶,滕广帅,段依璠等 1473
- PO-2201 一例 JAK2 V617F 后检测到 BCR-ABL 融合基因的患者病例文献复习 ----- 赵江珊,石琳 1473
- PO-2202 MSH6 mutation cooperates with TET2 mutation
to promote the progression of MDS/MPN -----Yangpeng Chen,Qifa Liu 1474
- PO-2203 Clinical and Genetic Profiles and HSCT Outcomes in Secondary
Myelodysplastic Syndrome Following Aplastic Anemia -----Jia Li,Sizhou Feng 1475
- PO-2204 BCR-ABL1 阴性骨髓增殖性肿瘤患者的临床特征与血栓事件分析 -----方玉,师锦宁,马永超等 1475
- PO-2205 骨髓增生异常综合征基因突变的临床特点及预后分析 -----丁玲玲,张文慧,赖毅婷等 1476
- PO-2206 BCR-ABL 合并 JAK2 突变阳性的骨髓增殖性肿瘤 1 例-----延擷颖,王晓,戴钰婷等 1476
- PO-2207 单中心儿童骨髓增生异常性肿瘤临床与预后回顾性分析 -----薛婉婷,孙伊娜,缪洁等 1477
- PO-2208 基于 WHO 2022 版分型骨髓增生异常综合征的临床特征及预后分析 ----- 黄玉敏,王蕊 1478
- PO-2209 维奈克拉在 MDS 中疗效研究 ----- 黄玉敏,王蕊 1478
- PO-2210 JAK2V617F 突变骨髓增殖性肿瘤患者发生房颤的危险因素分析 -----滕广帅,张宇卉,段依璠等 1479
- PO-2211 IFITMs 过表达促进髓系肿瘤继发噬血细胞性淋巴组织细胞增生症 -----尚可,滕广帅,张宇卉等 1479
- PO-2212 TET2 突变促进 JAK2V617F+MPN 纤维化的作用研究 -----王艳,张宇卉,滕广帅等 1480
- PO-2213 SCAR11 在 JAK2V617F 驱动的骨髓增殖性肿瘤疾病进展中的作用 -----胡新,张宇卉,马金玉等 1480
- PO-2214 基于全外显子测序探索特发性红细胞
增多症的胚系变异基因与疾病相关性 -----段依璠,张宇卉,尚可等 1481
- PO-2215 塞利尼索联合 APR-246 对骨髓增生异常综合征的治疗价值和机制----- 马子薇,王颖 1482
- PO-2216 TP53 阳性的骨髓增生异常综合征(MDS)转化
急性髓系白血病 (AML) 并发血性胸水的诊疗探索 -----连晓岚,徐珍珍,赵小琴等 1482
- PO-2217 Double Trouble: Coronary Aneurysm and Löffler Endocarditis in Hypereosinophilic Syndrome
with STAT5B N642H somatic mutation----- Chen Yang,Siqi Tang 1483
- PO-2218 骨髓增生异常综合征治疗进展 ----- 王蕊 1484
- PO-2219 罗特西普治疗较低危骨髓增生异常综合征的疗效分析 -----周华,徐丹,毛燕燕等 1484
- PO-2220 Ph 阴性 MPN 驱动基因共突变患者临床实验室特征分析-----王占龙,田欣,刘恩彬等 1485
- PO-2221 JAK-2 基因 R228X 突变与血小板减少症的关联性研究-----邢海洲,桑丽娜,李威等 1486
- PO-2222 全反式维甲酸联合地西他滨对比地西他滨单药治疗
骨髓增生异常综合征伴原始细胞增多的随机对照临床研究 -----周歆平,林艳娟,高燕等 1486
- PO-2223 Combination of decitabine and etoposide is highly effective
in treating TP53 mutated MDS/AML via activating Notch signaling-----JIEXIAN MA 1487
- PO-2224 罗特西普联合重组人促红细胞生成素治疗较低危初发骨髓增生异常综合征患者贫血有效性和
安全性的前瞻性、单臂、多中心临床研究中分析 -----胡超,张敏,曾玲琪等 1488
- PO-2225 Monocytes convert from proinflammatory to anti-inflammatory states during fibrotic progression
in myeloproliferative neoplasms -----Wen Xing,Yining Liu,Chao Chen etc. 1488

- PO-2226 塞利尼索联合阿扎胞苷治疗成人初治骨髓增生异常综合征伴有原始细胞增多 (MDS-EB1 或 EB2) 患者有效性和安全性的前瞻性、单臂、Ib/II 期临床研究-----马丽亚,羊文莉,周歆平等 1489
- PO-2227 海曲泊帕治疗成人较低危骨髓增生异常综合征伴血小板减少患者有效性和安全性的前瞻性、单臂、多中心临床研究 -----梅琛,欧阳桂芳,林艳娟等 1490
- PO-2228 Innovative Phase 1/2 Trial: Combing Unrelated Umbilical Cord Blood Stem cell microtransplantation with hypomethylating Therapy for Advanced MDS ----- Fei Huang,Zhongxun Shi,Yu Chen etc. 1490
- PO-2229 阿扎胞苷联合塞利尼索方案治疗骨髓增生异常综合征患者的临床疗效分析 -----张馨慧,陆琴琦,吴小霞等 1491
- PO-2230 骨髓增生异常综合征患者外周血 LAG-3、PD-1 及相关细胞因子的表达水平及意义 -----李莉娟,张连生,郝正栋等 1491
- PO-2231 骨髓增生异常综合征患者外周血 CD4+T、CD8+T 及 Treg 细胞 TIGIT 表达及意义-----李莉娟,张连生,郝正栋等 1492
- PO-2232 真假”慢粒“ -----于莹,杨凡,廖丹等 1493
- PO-2233 伴有 TET2 基因突变的骨髓增生异常综合征患者的特征分析 ----- 秦伟哲,贡蓉 1493
- PO-2234 PCBP1 抑制铁死亡在骨髓增生异常综合征贫血中的作用机制研究----- 张梦莹,王化泉 1494
- PO-2235 免疫指标对 MDS 患者预后判断的临床价值研究 -----刘召云,徐昕彤,付蓉 1495
- PO-2236 自体造血干细胞移植还是化疗? AML 临床选择的荟萃分析 -----张帆,葛宋钰,王洪涛 1496
- PO-2237 改变小儿急性髓细胞白血病治疗的格局: 一个简便的 SCT 临床决策支持工具-----杨画,寻阳,陶玉等 1497
- PO-2238 Pneumonia after hematopoietic stem cell transplantation in patients with thalassemia major: incidence, risk factors, and a predictive nomogram----- Hongwen Xiao,Gaohui Yang,Zhaoping Gan etc. 1498
- PO-2239 心理护理应用在造血干细胞移植护理的临床效果研究 ----- 刘艳 1498
- PO-2240 心理护理的应用在造血干细胞移植护理的临床效果研究 ----- 刘艳 1499
- PO-2241 造血干细胞移植患者口腔黏膜炎变化的纵向研究 ----- 陈梅华 1499
- PO-2242 Prospective Clinical Analysis of Gastrointestinal Endoscopy in Pediatric Patients with Acute Gastrointestinal Graft-Versus-Host Disease After Hematopoietic Stem Cell Transplantation----- Yuqing Jiao,Hao Xiong,Yuxia Zhao etc. 1499
- PO-2243 重型再生障碍性贫血儿童接受异基因造血干细胞移植前铁过载的临床研究 ----- 晏黎,熊昊 1500
- PO-2244 优质护理服务联合医学科普视频在造血干细胞患者移植中的效果影响 -----周卓妮,张春风,徐燕芳等 1501
- PO-2245 Efficacy and survival outcome of allogeneic stem-cell transplantation in multiple myeloma: meta-analysis in recent ten years -----Siyu Lin,Kejie Lu,Xiaona Zheng etc. 1501
- PO-2246 应用机器学习评估患者造血干细胞移植后免疫重建——来自 1838 例移植病例的回顾性分析结果 ----- 曹易耕,冯雅慧,竺小凡等 1502
- PO-2247 二次造血干细胞移植患者心理状态调查及影响因素分析 ----- 颜澄贇,汪靖 1502
- PO-2248 免疫功能紊乱与淋巴瘤自体移植患者造血重建延迟相关 -----全茜,冉隆荣,李杰平等 1503
- PO-2249 ASCT 序贯 CD19 CAR-T 细胞治疗睾丸 DLBCL 继发中枢神经系统侵犯 1 例的护理 ----- 段惠君 1504

- PO-2250 含西达本胺联合改良 BuCy 的预处理方案
在异基因造血干细胞移植治疗淋巴瘤/白血病的临床研究 ----- 葛冬雪 1504
- PO-2251 Ruxolitinib combined with glucocorticosteroid as first-line therapy for acute GVHD did
not increase the risk of CMV infection----- Shuangyi Xing,Kun Qian,Fei Li etc. 1505
- PO-2252 含地西他滨加强预处理方案的异基因造血干细胞移植治疗 AML 的临床研究----- 张夏玮,窦立萍 1505
- PO-2253 首次行异基因造血干细胞移植患者出院准备度的量表编制 ----- 赵娇 1506
- PO-2254 异基因造血干细胞移植后 EB 病毒感染的临床分析 ----- 辜晶航,郑志宏 1506
- PO-2255 比较强化免疫抑制剂和造血干细胞移植两种措施
治疗重型再生障碍性贫血疗效 ----- 郭秋玉,祝亮方 1507
- PO-2256 自体造血干细胞移植与自体造血干细胞移植序贯嵌合抗原
受体 T 细胞免疫疗法治疗淋巴瘤造血重建的比较 -----何丽,鲍颖,朱晓健 1507
- PO-2257 艾滋病相关性淋巴瘤自体造血干细胞移植护理进展研究 ----- 黄秋平 1508
- PO-2258 骨髓增生异常综合征患者移植前不同治疗方式对移植后结局影响的网络 Meta 分析----- 李楠 1509
- PO-2259 芦可替尼联合激素一线治疗急性移植
抗宿主病的多中心前瞻随机对照研究 ----- 窦立萍,李菲,金香淑等 1509
- PO-2260 血液病患者异基因造血干细胞移植后弓形虫感染两例 ----- 翟卫华,张利宁,王佳丽等 1510
- PO-2261 免疫治疗在高危急性 B 淋巴细胞白血病自体移植中的应用 ----- 翟卫华,王佳丽,何祎等 1510
- PO-2262 髓系来源抑制细胞在 JAK1/2 抑制剂治疗
急性移植抗宿主病的作用及机制研究 ----- 曹易耕,王佳丽,韩明哲等 1511
- PO-2263 Evaluation of Platelet Parameters in Patients With Secondary Failure of Platelet Recovery
and Cytomegalovirus Infection After Hematopoietic
Stem Cell Transplantation ----- Yigeng Cao,Aiming Pang,Erlie Jiang 1512
- PO-2264 The Efficacy and Safety of Modified Melphalan and Busulfan-based
Conditioning Regimen for Allogeneic-HSCT in refractory/relapsed
or persistent MRD positive AML patients -----shulian chen,xiaoyu zhang,weihua zhai etc. 1513
- PO-2265 Post-remission measurable residual disease directs the choice of treatment
and improves outcomes for patients with intermediate-risk
acute myeloid leukemia in CR1 ----- Lijie Han,Chen He,Mengmeng Zhang etc. 1514
- PO-2266 Haematopoietic stem cell transplantation for hepatitis-associated aplastic anaemia:
clinical characteristics, outcomes and risk factors ----- Jia Li,Sizhou Feng 冯 1514
- PO-2267 Comparison of total body irradiation-based with chemotherapy-based
myeloablative conditioning regimens in patients
with B-cell acute lymphoblastic leukemia
in first complete remission-----Mengnan Lv,Yi He,Donglin Yang etc. 1515
- PO-2268 造血干细胞移植患者相关性腹泻的观察与护理 -----徐妍妍,张娜,姜晓 1516
- PO-2269 靶向人 CD40L 的核酸适配体抗 aGVHD 效应的实验研究及机制探索 -----许晶晶,陈达兵,孙佳齐等 1516
- PO-2270 The Efficacy of Modified Melphalan and Busulfan-based
Conditioning Regimen for Autologous-HSCT in low-risk
and intermediate-risk AML patients -----Weihua Zhai,Shulian Chen,Xiaoyu Zhang etc. 1517
- PO-2271 贝林妥欧单抗+TMI 序贯异基因造血干细胞移植
治疗儿童难治/复发性 B 系急性淋巴细胞白血病的临床研究 ----- 唐素洁,熊昊 1518

- PO-2272 6例儿童异基因造血干细胞移植术后EB病毒
相关淋巴组织增殖性疾病的临床分析 ----- 唐素洁,熊昊 1519
- PO-2273 24例恶性血液病患者异基因造血干细胞移植术后发生巨细胞病毒病的临床分析 ----- 唐素洁,熊昊 1519
- PO-2274 异基因造血干细胞移植治疗 T-ALL/LBL 单中心临床疗效观察-----王权杰,张学军,温树鹏等 1520
- PO-2275 造血干细胞移植患者价值共创行为现状及影响因素研究 -----杜欣,唐露,曾荔等 1520
- PO-2276 一个简便的儿童 AML 患者 SCT 临床决策支持工具 -----游华,杨画,陶玉等 1521
- PO-2277 Mutations of TP53 gene in acute lymphoblastic leukemia
do not affect the survival outcomes after haploidentical
stem cell transplantation -----Cuiyan Zhou,Fengmei Zheng,Lanping Xu etc. 1521
- PO-2278 FLT3-ITD Allelic Ratio and NPM1 Mutation Do Not Impact Outcomes in Acute Myeloid
Leukemia Patients with FLT3-ITD after Allogeneic Hematopoietic Stem Cell
Transplantation: A Retrospective Propensity
Score- Matching Study -----Cuiyan Zhou,Fengmei Zheng,Lanping Xu etc. 1522
- PO-2279 自体干细胞移植治疗视网膜母细胞瘤疗效及安全性分析 -----刘红艳,刘琦,张迎丽等 1523
- PO-2280 造血干细胞移植后早期采用数字化 PCR 监测 non-DTA 基因的 MRD
能有效预测原发病复发: 一项双中心回顾性研究 -----赵妍敏,陈玮颖,黄静涛等 1523
- PO-2281 异基因造血干细胞移植治疗对 RUNX1 突变的急性髓系白血病患者预后影响----- 冉炜杰,王昱 1524
- PO-2282 儿童异基因造血干细胞移植后预防接种建议及临床特征分析 -----蔡娇阳,陈文娟,张桦等 1525
- PO-2283 Exploration of efficacy and safety of combined therapy of basiliximab with ruxolitinib
for grade 3-4 steroid-refractory acute graft-versus-host disease:
A Registered Clinical Trial (NCT05021276)----- Fei Zhou,Xuefeng He,Suning Chen etc. 1525
- PO-2284 Safety and efficacy of combination dose-adjusted ATG and anti-CD25 antibody
in patients with haplo-HSCT ----- Lidan Zhu,Shichun Gao,Lu Wang etc. 1526
- PO-2285 Efficacy and Safety of Azacytidine Combined with Low-Dose Lenalidomide in Measurable
Residual Disease-Guided Preemptive Treatment of Acute Myeloid Leukemia after Allogenic
Hematopoietic Stem Cell Transplantation ----- Lu Wang,Lei Gao,Yimei Feng etc. 1527
- PO-2286 Decitabine combined with FB3 as conditional regimen for elderly/frail acute myeloid
leukemia patient with allo-HSCT-----Shichun Gao,lidan Zhu,Jia Liu etc. 1528
- PO-2287 The outcomes and risk factors of late-onset hemorrhagic cystitis
after allogeneic hematopoietic transplantation for acute leukemia:
a prospective, single-center observational study ----- 澹 姚,Ting Chen,Ruihao Huang etc. 1529
- PO-2288 泊沙康唑肠溶片预防造血干细胞移植患者
肺侵袭性真菌病的血药浓度分布和疗效评价 ----- 曹佳欣,庞爱明 1530
- PO-2289 Consolidation therapy pre-transplantation does not benefit AML CR2 patients who underwent
allogeneic hematopoietic stem cell transplantation ----- ting huang,yu wang 1530
- PO-2290 老年恶性血液病患者异基因造血干细胞移植的单中心回顾性研究 -----孔欣,宋宝全,唐晓文等 1531
- PO-2291 Comparison of clinical outcomes between peripheral blood stem cells
and peripheral blood stem cells plus bone marrow
in T acute lymphoblastic leukemia/lymphoma
patients with haploidentical transplantation -----Mengqian Chu,Yang Xu,Depei Wu 1532
- PO-2292 强化的预处理方案在异基因造血干细胞移植治疗 ALL 中的疗效分析 -----王萌,张靖岚,孙楠楠等 1533

- PO-2293 甲氨蝶呤基因多态性与恶性血液病儿童单倍型造血干细胞移植后围植入综合征及急性移植物抗宿主病的相关性研究 ----- 吉奇,李泊涵,董弈等 1533
- PO-2294 造血干细胞移植患者移植期间并发 PICC 机械性静脉炎预测模型的构建及验证 ----- 张丽雪,刘玉秋,解文君 1534
- PO-2295 小剂量环磷酰胺预防供者淋巴细胞输注后重度急性移植物抗宿主病的初步探索 ----- 郑欣慧,陈欣,姜尔烈 1535
- PO-2296 AML 患者接受造血干细胞移植后早期造血重建状况对 aGVHD 的指示意义 ----- 冯丹,姜尔烈 1535
- PO-2297 Efficacy of allogeneic hematopoietic stem cell transplantation in young and high-risk multiple myeloma patients ----- Pan Pan, Weihua Zhai, Qiaoling Ma etc. 1536
- PO-2298 儿童再生障碍性贫血同胞全相合供者造血干细胞移植术后迅速减停免疫抑制剂配合供体淋巴细胞输注治疗早期植入率嵌合状态预后良好 ----- 王希楠,覃霞,罗成娟等 1537
- PO-2299 探究成人急性淋巴白血病患者造血干细胞移植与传统化疗的生活质量和不良反应 ----- 李嘉,区家旺,蔡梓红等 1537
- PO-2300 饮食因素对异基因造血干细胞移植结局的影响 ----- 陈裕平 1538
- PO-2301 PD-1 单抗联合 HMA 治疗非血缘脐血移植后急性髓细胞白血病早期复发 ----- 张心仪,耿良权,强萍等 1538
- PO-2302 移植相关血栓性微血管病的预后分析及血浆置换治疗疗效 ----- 徐一帆,李猛,高春记 1539
- PO-2303 1 例植入双腔耐高压 PICC 儿童患者发生 4 级皮肤 GVHD 的护理 ----- 周小琴,吴芳芳,王丽等 1540
- PO-2304 造血干细胞移植早期患者骨髓抑制期核心症状及症状群的识别 ----- 吴芳芳,王丽,唐全希等 1540
- PO-2305 正念干预对造血干细胞移植患者癌症复发恐惧的系统综述 ----- 王利秀,罗彦 1541
- PO-2306 正念减压对造血干细胞移植患者症状和健康相关生活质量的系统综述和 Meta 分析 ----- 罗彦,王利秀 1541
- PO-2307 叙事护理在造血干细胞移植患者中的应用效果研究 ----- 江玉琳 1542
- PO-2308 比较异基因造血干细胞移植和化疗对预后良好组急性髓系白血病患者的疗效分析 ----- 东汝娇,李乃农 1542
- PO-2309 西达本胺用于 T-ALL / T-LBL 患者异基因造血干细胞移植后维持治疗的安全性及疗效分析 ----- 王匡非,陈萍 1543
- PO-2310 新冠流行期间 allo-HSCT 术后患者早期肺炎影像库的建立及其新冠康复后 EB 病毒感染的临床分析 ----- 李欣桐 1543
- PO-2311 异基因造血干细胞移植治疗儿童重型再生障碍性贫血: 单中心回顾性研究 ----- 何敏,刘海玲,徐曼等 1544
- PO-2312 自体造血干细胞移植治疗复发毛细胞型星形细胞瘤 1 例随访 ----- 董秀娟 1545
- PO-2313 异基因造血干细胞移植术后皮肤慢性移植物抗宿主病的临床分析 ----- 王雨娴 1545
- PO-2314 非血缘不全相合异基因造血干细胞移植治疗伯基特淋巴瘤合并 HIV 感染患者 ----- 张娜 1546
- PO-2315 Low-dose anti-thymocyte globulin plus low-dose posttransplant cyclophosphamide-based regimen for prevention of graft-versus-host disease in Haploidentical Peripheral Blood Stem Cell Transplantation for pediatric patients with hematologic malignancies ----- Yanlu Du, Ying Zhang, Xiaowei Xu etc. 1547
- PO-2316 Pretransplantation risk factors for measurable residual disease after allogeneic stem cell transplantation in acute myeloid leukemia patients: A prospective study ----- Chunzi Yu, Siqi Li, Lanping Xu etc. 1548

- PO-2317 IEAC, CEAC and BEAM high-dose chemotherapy followed by autologous stem cell transplantation in non-Hodgkin's lymphoma patients: A single center comparative analysis of efficacy and safety----- Lanxiang Liu, Yu Zhu, Jing Wang etc. 1549
- PO-2318 艾灸护理干预在造血干细胞移植术后并发胃肠道 GVHD 患者护理中的应用 ----- 任文娟 1549
- PO-2319 单中心异基因造血干细胞移植术后临床特征及植活时间危险因素分析 ----- 梁国豪, 张茜 1550
- PO-2320 儿童异基因造血干细胞移植后可逆性后部脑病综合征的临床分析 ----- 李佐峰, 熊昊 1550
- PO-2321 Haploidentical hematopoietic stem cell transplantation as first-line therapy for aplastic anemia in children: A single-center experience ----- Zuofeng Li, Hao Xiong 1551
- PO-2322 The Effect of ABO Blood Group Incompatibility on Hematopoietic Stem Cell Transplantation in Children with Aplastic Anemia ----- Zuofeng Li, Hao Xiong 1551
- PO-2323 已妊娠女性供体可能是低剂量抗胸腺细胞球蛋白联合低剂量移植后环磷酰胺方案预防单倍体外周血干细胞移植后移植物抗宿主病的最佳供体 ----- 李星颖, 蔡宇, 杨隽等 1552
- PO-2324 BMI 对健康供者外周血造血干细胞动员的影响 ----- 梁秀丽, 朱静静, 韩丽等 1552
- PO-2325 血浆生物标记物水平与儿童异基因造血干细胞移植术后的临床相关性研究 ----- 杨微, 朱光华, 秦茂权等 1553
- PO-2326 儿童异基因造血干细胞移植术后病毒感染的临床分析 ----- 唐素洁, 熊昊 1554
- PO-2327 The clinical influence of complete remission with incomplete count recovery (CRI) on single-unit umbilical cord blood transplantation in patients with acute leukemia ----- Yue Wu, Xiaoyu Zhu, Guangyu Sun etc. 1554
- PO-2328 Ruxolitinib plus basiliximab therapy for steroid-refractory acute graft-versus-host disease in unrelated cord blood transplantation: a large-scale study ----- Yue Wu, Xiaoyu Zhu, Guangyu Sun etc. 1555
- PO-2329 AI 提升造血干细胞移植患者疼痛管理自我效能的创新应用 ----- 何业艳, 陈小丽, 张曦 1555
- PO-2330 Large-Scale Mediator MR Analysis Identifies Multiple Immune Cells Mediating the Causal Link Between Gut Microbes and Chronic Graft-Versus-Host Disease Risk ----- Yiyin Chen, Xinghao Yu, Yiming Cai etc. 1556
- PO-2331 Epstein-Barr virus reactivation after haplo-peripheral blood stem cell transplantation in patients with hematological malignancies: immune reconstitution and influence on survival ----- Ling Ma, Ying Zhang, Ting Wang etc. 1557
- PO-2332 现代移植技术结合移植前状态改善提高了青少年与成人重型地中海贫血移植结果 ----- 廖建云, 卜朝可, 何兰等 1558
- PO-2333 抗 HLA 抗体对骨髓增生异常综合征异基因造血干细胞移植预后的影响 ----- 谢甜甜, 郭荣 1558
- PO-2334 异基因造血干细胞移植治疗 ASXL1 突变的急性髓系白血病的疗效分析 ----- 石雅洁, 谢新生 1559
- PO-2335 Efficacy of Letermovir Prophylaxis in Preventing CMV Infection Following Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation: A Comparative Observational Study. ----- 梦阳 朱 1560
- PO-2336 异基因造血干细胞移植后合并巨细胞病毒肺炎的临床分析 ----- 张素平 1561
- PO-2337 异基因造血干细胞移植后化脓性髋关节炎两例 ----- 张素平 1561
- PO-2338 Successfully treatment with double unrelated umbilical cord blood transplantation in a donor specific antigen positive adult patient with very severe aplastic anemia: A Case Report and Review ----- Meng Lu 1562
- PO-2339 强化免疫抑制治疗与替代供者造血干细胞移植治疗极重型再生障碍性贫血的多中心回顾性临床研究 ----- 付安蝶, 陈苗, 黄丽芳等 1562

- PO-2340 Selinexor Combined with Helical Tomotherapy as a Conditioning Regimen for Relapsed/Refractory Extramedullary Multiple Myeloma by Haploidentical Haematopoietic Stem Cell Transplantation: A Case Report and a Review of the Contemporary Literature -----Bin Chen,Rong-rong Guo,Yan-yan Niu etc. 1563
- PO-2341 不同环孢素应用方式对重型再生障碍性贫血患者
异基因干细胞移植急性移植物抗宿主病的影响分析 -----郭伟,赵雅倩,马梁明等 1564
- PO-2342 Recombinant human coagulation factor VIIa combined with glacial-norepinephrine jejunal tube perfusion for severe gastrointestinal bleeding caused by aGVHD after Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation: a case report and literature review ----- Wei GUO,Tao Wang 1564
- PO-2343 Comparative study on the effect of different infusion frequencies of umbilical cord-derived mesenchymal stem cells on severe acute graft-versus-host disease after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation ----- Bin Chen,Rong-rong Guo,Liang-Ming Ma etc. 1565
- PO-2344 Using T-lymphocyte subsets at engraftment to predict the risk of acute graft versus host disease in patients with thalassemia major: development of a new predictive nomogram ----- Hongwen Xiao,Gaohui Yang,Rongrong Liu etc. 1566
- PO-2345 造血干细胞移植患者失眠的原因分析及护理对策 ----- 王晶 1566
- PO-2346 LncRNA NEAT1 通过调控 JNK 通路促进 M1
巨噬细胞极化调控 aGVHD 的发生 ----- 王莉,黄珍莉,姜中兴等 1567
- PO-2347 激活 PPAR δ 促进骨髓血管内皮祖细胞的造血支持能力-----梁密,吕中石,张圆圆等 1567
- PO-2348 造血干细胞移植相关的免疫效应细胞相关神经毒性综合征 -----王春静,王晓东,张瑜等 1568
- PO-2349 Multiple small-dose infusions of G-CSF-mobilized haploidentical lymphocytes after autologous haematopoietic stem cell transplantation for acute myeloid leukaemia-----Fei Yang 1569
- PO-2350 “宣教先行”在预防异基因造血干细胞移植后并发出血性膀胱炎中的应用 ----- 王创琦,王茜 1569
- PO-2351 Clinical characteristics and outcomes of overt gastrointestinal bleeding in children undergoing haploidentical hematopoietic stem cell transplantation: a single-center retrospective analysis ----- Shanshan Qi,Hao Xiong 1570
- PO-2352 MSCs 促进 SAA 患者 Allo-HSCT 术后的造血和免疫重建 -----陈达兵,许晶晶,朱浩杰等 1570
- PO-2353 间充质干细胞 (MSC) 重建移植后免疫增强抗 CMV 的作用研究 -----陈达兵,许晶晶,叶辰婧等 1571
- PO-2354 发热性中性粒细胞减少阻碍化疗动员及增加自体移植感染风险 -----乾虎,王鑫炜,彭娟等 1572
- PO-2355 移植前抑郁对自体造血干细胞移植患者的影响 ----- 谭逢梅 1572
- PO-2356 以病人需求为导向的健康教育对造血干细胞移植病人知信行、舒适度的影响 ----- 韦莹莹 1573
- PO-2357 血浆 sC5b-9 与儿童造血干细胞移植相关血栓性微血管病相关性的临床研究 ----- 罗琳琳,熊昊 1573
- PO-2358 异基因造血干细胞移植治疗 19 例高危多发性骨髓瘤患者临床分析 -----沈莉菁,余凤惠,倪蓓文等 1574
- PO-2359 一例 HLA-A 新型别的鉴定-----陈媛媛,孙小娇,徐海霞等 1574
- PO-2360 造血干细胞移植患者营养管理质量评价指标体系的构建 ----- 杨海丽,刘敏杰 1575
- PO-2361 造血干细胞移植膳食教育的循证护理实践 ----- 杨海丽,刘敏杰 1575
- PO-2362 造血干细胞移植患者入舱前多措施健康宣教的效果分析 ----- 李贵平 1575
- PO-2363 基于 LEARNS 模式的健康教育对造血干细胞移植后病人的影响----- 杜金叶 1576
- PO-2364 造血干细胞移植治疗湿疹-血小板减少-免疫缺陷病 2 例并文献复习 -----张萌萌,王颖洁,闫金松等 1576

- PO-2365 Haploidentical transplantation with modified post-transplant cyclophosphamide in patients with aplastic anaemia: Advantages of the combined application of Thiotepa ----- Zhengwei Tan,jia feng,xinhe zhang etc. 1577
- PO-2366 Comparison of autologous hematopoietic cell transplantation, matched sibling donor hematopoietic cell transplantation, and chemotherapy in patients with favorable- and intermediate-risk acute myeloid leukemia ----- Mingyang Wang,Shulian Chen,Junshi Zhang etc. 1578
- PO-2367 A simple and effective method for donor-specific anti-HLA antibody desensitization in allogeneic transplantation -----zhen li,jian zhou 1579
- PO-2368 叙事护理对造血干细胞移植患者的护理效果研究 ----- 高金洁 1579
- PO-2369 Fludarabine, busulfan, melphalan, and cytarabine as conditioning prior to allo-HSCT in patients with relapsed or refractory AML: a single-center experience from China----- Tong Cui,Huiyu Li,Qian Zhu etc. 1580
- PO-2370 自体造血干细胞序贯二次移植的护理体会 ----- 周赛 1581
- PO-2371 心理护理干预模式在造血干细胞移植护理的应用效果分析 ----- 彭雪铭 1581
- PO-2372 医院-社区-家庭一体化护理模式对造血干细胞移植后患者中的应用 -----周盼,杜欣,曾荔等 1581
- PO-2373 CD7 CAR-T 桥接 allo-HSCT 显著提高难治/复发 T 细胞急性淋巴细胞白血病/淋巴瘤的无病生存 -----李智慧,郑勤龙,杨可言等 1582
- PO-2374 TP53 突变恶性血液病行异基因造血干细胞移植后应用奥拉帕利的维持治疗 -----李智慧,徐腾,郭奕霏等 1582
- PO-2375 曲美替尼在 RAS 突变的恶性血液肿瘤维持治疗中可显著降低复发率改善预后生存 -----李智慧,王先选,温晓培等 1583
- PO-2376 以 MeCBA 方案预处理的挽救性异基因造血干细胞移植治疗非缓解状态难治复发急性髓系白血病的单中心回顾性研究 -----袁芳芳,李明会,王勇奇等 1584
- PO-2377 新型健康教育护理模式在造血干细胞移植后患者临床护理中的应用 ----- 余宗玉 1584
- PO-2378 Intensive Conditioning Regimens of Busulfan-Cyclophosphamide and Melphalan Followed by Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation for Patients with Acute Lymphoblastic Leukemia -----Meiqing Wu,Beicai Liu,Lianjin Liu etc. 1585
- PO-2379 罗特西普治疗异基因造血干细胞移植后贫血的临床观察 -----祖璿玲,桂瑞瑞,李珍等 1585
- PO-2380 以 TBI-ATG 为基础的预处理方案改善成人进展期外周 T 细胞淋巴瘤患者半相合异基因造血干细胞移植后生存 -----赵初娴,魏道林,刘慧霞等 1586
- PO-2381 异基因造血干细胞移植无关供者移植期心理体验的现象学研究 ----- 耿丽萍 1586
- PO-2382 RAP 无激素方案治疗异基因造血干细胞移植后中重度闭塞性细支气管炎综合征的单中心回顾性分析 -----杨曦,黄晓兵,李成龙等 1587
- PO-2383 亲缘单倍体造血干细胞移植治疗 KMT2A-r 婴儿急性白血病临床疗效分析 -----陈智,王卓,陶芳等 1587
- PO-2384 叙事护理联合健康教育对造血干细胞移植患者依从性的影响研究 ----- 刘娅,高磊,糜雅芬 1588
- PO-2385 自体脐血造血干细胞移植治疗获得性再生障碍性贫血的疗效: 一项回顾性队列研究及个体病例数据汇总分析 -----江超前,陈霞,郭晔等 1588
- PO-2386 人 CD34+细胞中外源性 EP4 基因的克隆及其鉴定 -----黄丽君,李萍,许多荣 1589
- PO-2387 造血干细胞移植后患者首次出院准备度现状及影响因素分析 ----- 韩松蓉,张静静 1589
- PO-2388 异基因造血干细胞移植前儿童卵巢组织冻存 36 例 -----陈皎,孙清政,刘周阳等 1589
- PO-2389 3 例淋巴瘤相关性噬血细胞综合征患者行单倍体造血干细胞移植的护理 ----- 范炯同,张秋会 1590

- PO-2390 4 例骨髓增生异常综合征伴发 Sweet 综合征
行异基因造血干细胞移植患者的护理 ----- 范炯同,张秋会 1591
- PO-2391 造血干细胞回输前 aGvHD 生物标志物的预后预测价值 -----董天,陈心传,季杰等 1591
- PO-2392 巴瑞替尼治疗激素难治性移植物抗宿主病的有效性及安全性研究 -----王泽蓉,陈心传,熊梓麟等 1592
- PO-2393 移植相关血栓性微血管病最新诊疗进展: 基于补体 ----- 朱科昕,郭荣 1593
- PO-2394 一例异基因造血干细胞移植后并发 EB 病毒
相关中枢神经系统淋巴增殖性疾病的护理 ----- 张京慧 1593
- PO-2395 两例血液病患者伴有腭痿行造血干细胞移植的护理 ----- 张桂丽,张秋会 1594
- PO-2396 白消安与大剂量伊达比星预处理方案联合自体
造血干细胞移植巩固治疗急性髓系白血病患者疗效分析 -----洪鸣,江兆清,刘文洁等 1594
- PO-2397 Treatment of central nervous system viral infections after allo-HSCT with intrathecal
donor lymphocyte infusion -----Ruirui Gui,Zhen Li,Juan Wang etc. 1595
- PO-2398 改良 ChiFAB 方案(西达本胺、氟达拉滨、阿糖胞苷和拆分白消安)改善未缓解急性髓细胞
白血病白血病和 MDS 患者异基因造血干细胞移植的预后 -----刘志刚,董天,邝璞等 1595
- PO-2399 Efficacy of modified melphalan and busulfan-based conditioning regimen for ASCT in patients
with low- or intermediate-risk AML ----- shulian chen,xiaoyu Zhang,yi He etc. 1596
- PO-2400 The efficacy and safety of cladribine involved dual-alkylating regimen for allogeneic
transplantation in patients with refractory/relapsed AML:
middle-term outcome of a multicenter trial ----- shulian chen,xiaoyu Zhang,weihua Zhai etc. 1597
- PO-2401 2 例白血病患者行异体周血干细胞移植后感染嗜肺军团菌致心衰的护理 ----- 王晓晗,张秋会 1598
- PO-2402 VLA-4 Agonist Promote Engraftment and Immune Reconstitution
of Allogeneic Hematopoietic Stem Cells ----- Qiaomei He,Xi Sun,Lin Chen etc. 1599
- PO-2403 自体造血干细胞移植患者居家未满足需求现状及影响因素 ----- 罗琴 1600
- PO-2404 一例急性髓性白血病患者行异体周血干细胞移植期间合并房颤的护理体会 ----- 韩俊英,张秋会 1600
- PO-2405 一例骨髓异常增生综合征患者行半倍体造血干细胞移植期间
消化道出血、血栓性外痔合并肛周感染的护理 ----- 张玲 1601
- PO-2406 入院准备核查表在造血干细胞移植患者中的应用 ----- 周文静 1601
- PO-2407 口腔低温治疗联合紫外线治疗仪照射防治高
剂量马法兰导致口腔粘膜炎症效果观察 ----- 王璇,郭树霞 1602
- PO-2408 淋巴瘤自体造血干细胞移植中含苯达莫司汀
预处理方案的疗效及安全性 -----赵德芳,邢宏运,何光凤等 1602
- PO-2409 儿童造血干细胞移植后胸腔漏气综合征
继发堪萨斯分枝杆菌肺病 1 例并文献复习 -----余嘉明,王晓东,杨莉莉等 1603
- PO-2410 肠内营养对儿童异基因造血干细胞移植患者肠道菌群的影响 ----- 宋欣平,刘四喜 1603
- PO-2411 健康教育路径在造血干细胞移植患者及家属心理护理中的应用 ----- 郭玉帅,刘玉秋 1604
- PO-2412 造血干细胞移植后的血液病患者 ICU 治疗及转归 -----王栋,梁佩淇,谢妍等 1604
- PO-2413 异基因造血干细胞移植术后合并神经系统
并发症的临床特征及危险因素分析 -----石亚军,汉英,王莹等 1605
- PO-2414 脐带间充质干细胞在儿童地贫 haplo-HSCT 中的临床应用研究 ----- 杨莉莉,刘四喜 1605
- PO-2415 色素上皮衍生因子抑制照射损伤内皮间质转化促进造血重建研究 -----鞠文,郝晓雯,李兴悦等 1606
- PO-2416 异基因造血干细胞移植治疗 ANKRD26 相关性
血小板减少症 1 例报告并文献复习 -----王向丽,吴涛,毛东锋等 1607

- PO-2417 TRB 多样性分析用于评估免疫缺陷患者 HCT 后
T 细胞重建质量及早期识别 aGVHD 和 CMV 感染风险-----朱光华,郑杰,王彬等 1607
- PO-2418 复发难治急性淋巴细胞白血病行第二次造血干细胞移植的护理 ----- 李悦 1608
- PO-2419 单倍体造血干细胞移植治疗急性白血病 PTCY 联合
小剂量 ATG 预防 GVHD 的研究-----曾凤,邢宏运,赵德芳·等 1608
- PO-2420 Cxcl10 和 Cxcr3 调节造血干细胞的自我更新和分化 ----- 刘芳舒,曾辉 1609
- PO-2421 无冻存一体化自体造血干细胞移植模式治疗新诊断
多发性骨髓瘤的回顾性临床研究 -----杨曦,黄晓兵,李成龙等 1609
- PO-2422 Oral cryotherapy by Kangfuxin for prophylaxis of
oral mucositis in patients undergoing autologous
hematopoietic stem cell transplantation ----- Dan Chen,Fangfang Li,Hao Yao etc. 1610
- PO-2423 中高危及髓系白血病异基因造血干细胞移植后
低剂量阿扎胞苷序贯交替递增剂量维奈克拉维持治疗疗效观察 -----张建华,齐凯,王黎媛等 1611
- PO-2424 肺泡灌洗液呼吸道病原体靶向检测在异基因造血干细胞移植患者
合并可疑感染性肺结节的诊断效能评估 -----张建华,齐凯,王黎媛等 1611
- PO-2425 采用个体化白消安联合氟达拉滨作为预处理方案
在儿童非恶性疾病异基因造血干细胞移植的临床疗效观察 -----孙熙木,张凯歌,贾晨光等 1612
- PO-2426 Selinexor was safe and effective in conditioning regimens
for allogeneic hematopoietic stem cell transplantation
in high-risk myeloid malignancies ----- Bingjie Wang,Qian Wang,Zeyin Liang etc. 1612
- PO-2427 低剂量芦可替尼治疗糖皮质激素耐药慢性移植物抗宿主病疗效观察 -----张建华,齐凯,王黎媛等 1613
- PO-2428 M 蛋白相关性杆状体肌病 4 例及文献回顾----- 董文灏,郭冬梅 1613
- PO-2429 甲氨蝶呤联合地塞米松鞘内注射治疗造血干细胞移植后
中枢神经系统移植物抗宿主病引起的癫痫: 病例报告和文献综述 -----郑瑞豪,周小辉,刘四喜 1614
- PO-2430 含地西他滨、克拉屈滨强化预处理方案与含地西他滨预处理方案
造血干细胞移植治疗 R/R AML 及高危 MDS 患者的疗效对比-----朱意,同茜雯,徐斌等 1614
- PO-2431 Comparisons of Modified Post-Transplantation Cyclophosphamide and Fludarabine plus
Cyclophosphamide / Antithymocyte Globulin Regimens for Allogeneic
Hematopoietic Stem Cell Transplantation
in Patients with Aplastic Anemia. ----- Zhengwei Tan,wenbin Liu,jia feng etc. 1615
- PO-2432 异基因造血干细胞移植术后合并脑炎临床分析并文献复习 ----- 石亚军,吴涛 1616
- PO-2433 异基因造血干细胞移植术后外周血淋巴细胞亚群的重建规律
及免疫球蛋白变化规律对临床预后的影响 ----- 卢英豪,王季石,张燕等 1617
- PO-2434 儿童异基因造血干细胞移植术后失禁相关性皮炎的危险因素
分析及 Nomogram 预测模型的建立 ----- 涂美娟 1617
- PO-2435 β 重型地中海贫血单倍体造血干细胞移植研究进展 ----- 陈冬艳 1618
- PO-2436 例造血干细胞移植患者骨髓抑制期局部感染耐药菌嗜水气单胞菌的护理体会 ----- 韩俊英,张秋会 1619
- PO-2437 五步叙事护理对造血干细胞移植患者心理状态及幸福指数的影响研究 ----- 邓巧玲 1619
- PO-2438 含 G-DAC 预处理对接受 allo-HSCT 铁过载 MDS 患者的影响-----赵文舒,曾祥宗,潘丹琪等 1620
- PO-2439 伊布替尼联合甲泼尼龙治疗两例重型地中海贫血
造血干细胞移植术后自身免疫性溶血 ----- 卜朝可,刘楠,冯宗信等 1620

- PO-2440 The addition of interferon- α to sorafenib maintenance therapy is associated with improved outcomes for relapsed acute myeloid leukemia patients after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation ----- Xiaoxia Chen,Qifa Liu 1621
- PO-2441 一例急性髓系白血病患者行异基因造血干细胞移植期间反复出现尿道口疼痛患者的护理 ----- 赵娜,张秋会 1622
- PO-2442 一例急性髓系白血病老年患者行全相合造血干细胞移植心功能不全的护理 -----赵娜,张秋会,张玲 1622
- PO-2443 同基因造血干细胞移植治疗重型再生障碍性贫血一例并文献复习 -----汤平,张银银,姜中兴 1623
- PO-2444 双歧杆菌四联活菌片及联合凝结芽孢杆菌活菌片对移植后患者粘膜炎的影响 -----韦若文,张奥,陈红如等 1623
- PO-2445 免疫残留与白血病相关基因检测伴单核细胞分化急性髓系白血病异基因造血干细胞移植后微小残留病的特点分析 -----尚亚可,常英军,秦亚溱等 1624
- PO-2446 异基因造血干细胞移植治疗伴 FUS::ERG 急性髓系白血病的疗效分析 -----赵小利,马润之,郝梦泽等 1624
- PO-2447 Whipple's disease meet hematopoietic stem cell transplantation ----- Kaige Zhang,gaunghua zhu 1625
- PO-2448 PI3K 基因敲除结合间充质干细胞在抑制淋巴细胞增殖及缓解移植物抗宿主病中的协同效应 -----邢海洲,桑丽娜,梁春艳等 1626
- PO-2449 血液病患者移植后发生眼部移植物抗宿主病相关因素的系统评价和 meta 分析 ----- 王媛媛,李锋 1626
- PO-2450 相位角联合生物电阻抗指标在拟行异基因造血干细胞移植的 β 重型地中海贫血儿童中评估营养状况的应用研究 -----张璐璐,尹艳,罗媛等 1627
- PO-2451 Thrombin receptor activating peptide-6 regulates T-cell mediated allogeneic reaction -----Cong Liu,Qiu Lan,Kexin Zhang etc. 1628
- PO-2452 造血干细胞移植患者口腔黏膜炎预测模型的构建 ----- 韩娜 1628
- PO-2453 Endothelial progenitor cells improve intestinal homeostasis after hematopoietic stem cell transplantation in mice-----Shengyun Zhu,Chaoran Lv,Pengjie Wu etc. 1629
- PO-2454 IL-33 调节 Treg 细胞内 HPGD/PGE2 通路减缓造血干细胞移植后 GVHD 进展的作用和机制 -----牛焯炜,杨金凤,金家民等 1629
- PO-2455 造血干细胞移植患者的肛周感染预防方案构建与应用 ----- 周雪梅,卿雅丽 1630
- PO-2456 聚乙二醇化重组人 G-CSF 在异基因造血干细胞移植后造血重建的效果及安全性 ----- 李丽 1630
- PO-2457 Free fatty acid receptor-4 regulates T-cell activation and decreases acute graft-versus-host disease ----- Jingyi Shen,Qiu Lan,Ying Wang etc. 1631
- PO-2458 Loss of NLRP6 expression increases the severity of intestinal injury after syngeneic hematopoietic cell transplantation-----Shengyun Zhu,Chaoran Lv,Pengjie Wu etc. 1632
- PO-2459 髓系来源的抑制性细胞中血红素氧合酶-1 的表达可降低异基因造血干细胞移植术后患者移植物抗宿主病的风险 ----- 倪明,王季石 1632
- PO-2460 利妥昔单抗联合硼替佐米为主的脱敏治疗对 DSA 阳性单倍体造血干细胞移植临床效果的影响 -----杨岩,孙越,王莹等 1633
- PO-2461 改良的减低剂量预处理方案联合单倍体造血干细胞移植治疗儿童原发性噬血细胞综合征的临床研究 -----阳兴程,肖娟,吴南海等 1634
- PO-2462 TBE 预处理方案在原发中枢神经系统淋巴瘤自体造血干细胞移植中的应用 -----陈俊丽,鲁云,马艺等 1634

- PO-2463 Post-transplant maintenance therapy with decitabine and donor lymphocyte infusion for pediatric high risk acute myelogenous leukemia and myelodysplastic syndrome -----Zhuo Wang,Hao Xiong,Li Yang etc. 1635
- PO-2464 Ixazomib for graft-versus-host disease:
A systematic review ----- Yue Zhang,Yajing Xu,Qiaoling Zhou etc. 1636
- PO-2465 儿童造血干细胞移植后合并眼眶脑型毛霉菌 1 例临床分析 -----夏梓婷,粟胜男,孙舒雯等 1636
- PO-2466 TPO 受体激动剂联合脐血输注治疗重型再生障碍性贫血的疗效分析 -----任柯全,周芳,李文君等 1637
- PO-2467 不同预处理方案对骨髓增生异常综合征造血干细胞移植患者预后的影响 -----张帆,葛宋钰,王洪涛 1637
- PO-2468 LETERMOVIR COMBINED WITH GANCICLOVIR AS A PREEMPTIVE OR TREATMENT FOR CYTOMEGALOVIRUS INFECTION FOLLOWING ALLOGENEIC HEMATOPOIETIC STEM CELL TRANSPLANTATION,
A SINGLE-CENTER RETROSPECTIVE REVIEW ----- 滢 姚,Yimei Feng,Cheng Zhang etc. 1638
- PO-2469 异基因造血干细胞移植治疗 27 例婴儿白血病的临床研究 -----粟胜男,夏梓婷,李东军等 1639
- PO-2470 来特莫韦预防异基因造血干细胞移植后
巨细胞病毒感染的疗效及安全性研究 -----李健,季杰,陈心传等 1639
- PO-2471 1 例极重型再生障碍性贫血重度粒缺期合并外鼻部、
肺部侵袭性真菌感染患者行单倍体造血干细胞移植围术期护理 -----张丽雪,刘玉秋,解文君 1640
- PO-2472 Efficacy and safety of TBI +ATG +Thiotepa based conditioning regimen for haploidentical HSCT in 5 cases of aggressive T-ALL combined CNS involvement -----Ying Jiang,Zhongjin Yang,Huixia Liu etc. 1641
- PO-2473 急性髓系白血病异基因造血干细胞移植患者突发室上性心动过速的个案护理管理 ----- 何洁 1641
- PO-2474 Eltrombopag promotes the engraftment of bone marrow failure syndrome patients who undergo allogenic hematopoietic stem cell transplantation ----- Meng Zhou,Huizhu Kang,Qian Zhu etc. 1642
- PO-2475 异基因造血干细胞移植治疗 FLT3-ITD 突变的 AML 患者的疗效分析-----刘正华,苏楠,蔡大利 1643
- PO-2476 人文关怀护理联合支持性心理治疗对干细胞移植后患者的影响 ----- 袁维鑫,陶俊 1643
- PO-2477 基于 Flow-FISH 技术和单细胞转录组测序解析
EB 病毒感染相关移植后 PTLD 的免疫微环境 -----彭英楠,王柏铮,李驰等 1644
- PO-2478 异基因造血干细胞移植患儿肛周感染用药护理的疗效观察 ----- 方锐旋 1644
- PO-2479 一项随机对照、单中心、III 期比较 AML 患者及 MDS 患者同种异体造血干细胞移植两种减低剂量预处理方案的研究 -----赵苗苗,石威,夏凌辉 1645
- PO-2480 Autoimmune disorder history as a more advanced risk factor for patients with diffuse large B cell lymphoma receiving autologous hematopoietic cell transplantation----- Fei Zhao,Jiangtao Li,Hui Liu 1645
- PO-2481 G-CSF 动员的外周血干细胞移植中的中性粒细胞亚群的变化
在 aGVHD 发生中的作用-----吴巧苑,张海燕,戴华娟等 1646
- PO-2482 血清和糖皮质激素调节蛋白激酶 1 (SGK1)
在异基因造血干细胞移植后慢性移植抗宿主病中的研究 -----卢润青,谢甜甜,朱科昕等 1647
- PO-2483 Efficacy of glucocorticoid therapy in Chinese patients with chronic graft-versus-host disease----- Xiaoqian Dong,Yundi He,Xiaoqi Wang etc. 1647
- PO-2484 ChatGPT 人工智能语言机器人在造血干细胞移植患者管理中的护理应用 ----- 赵粒吟 1648
- PO-2485 积极心理干预在中青年自体造血干细胞移植术患者照顾者创伤后成长中的应用研究 ----- 吕小春 1648

- PO-2486 造血干细胞移植患者住院费用分析 -----林婷,邝璞,牛挺等 1649
- PO-2487 复发难治急性髓系白血病异基因造血干细胞移植后
应用地西他滨的临床观察 -----李燕,卢英豪,李艳菊等 1649
- PO-2488 41 例次贝林妥欧单抗治疗急性 B 淋巴细胞白血病患者护理 -----主婷婷,张会娟,刘端等 1650
- PO-2489 在异基因移植后对糖皮质激素及钙调磷酸酶抑制剂治疗无效的闭塞性细支气管炎综合征患者中采用
尼达尼布联合低剂量芦可替尼的挽救治疗可显著改善病情 -----罗雅,刘竞,朱晓璐等 1651
- PO-2490 TMLI 脏器屏蔽优势使脏器功能衰竭高风险的恶性血液病患者
接受异基因造血干细胞移植成为可能 -----牟时代,冯英俊,吴要功等 1651
- PO-2491 造血干细胞移植后合并口腔严重感染病因分析及护理 -----朱洪梅 1652
- PO-2492 高剂量异基因移植联合硼替佐米和利妥昔单抗的无血浆置换 (PE-free) 替代性方案
在 DSA 强阳性血液病患者单倍体移植中的应用探索 -----牟时代,冯英俊,吴要功等 1652
- PO-2493 阿扎胞苷联合或不联合干扰素作为高危髓系肿瘤异基因
造血干细胞移植后维持治疗的安全性及有效性研究 -----沈莹,张鹏宇,白菊等 1653
- PO-2494 去铁胺治疗重型地中海贫血造血干细胞移植术后铁过载及肝功能异常的临床分析 -----石敏榆 1654
- PO-2495 微移植与非清髓移植治疗中危急性髓系白血病的对照研究 -----蔡博,石艳萍,余长林等 1654
- PO-2496 一例骨髓增生异常综合征患者行单倍体周血
干细胞移植期间出现休克、心功能不全的护理 -----蒋本佳,张秋会 1655
- PO-2497 造血干细胞移植期间患者发生肛周感染情况及相关影响因素 -----蒋本佳,张秋会 1655
- PO-2498 RFWD2,an E3 ubiquitin ligase induces cellular Apoptosis by mediating STAT3 ubiquitination
in Acute myeloid leukemia----- Ziyi Lu,Zhang Sen,Tian Yi Lu etc. 1656
- PO-2499 Quality-adjusted Time Without Symptoms or Toxicity Analysis of Haploidentical Related Donor
versus Identical Sibling Donor Hematopoietic Stem Cell Transplantation
in Acute Myeloid Leukemia-----Yuwen Wang,Xianli Gao,Ting Wang etc. 1656
- PO-2500 营养干预对造血干细胞移植患者并发症及预后的影响 -----岳梦园,郑贵菊,郝子怡等 1657
- PO-2501 VCAM-1 阳性间充质干细胞改善 aGvHD 的动物实验研究 -----叶辰婧,陈达兵,孔晖等 1658
- PO-2502 Prognostic Role of Serum Albumin Level in Patients with Lymphoma Undergoing Autologous
Stem Cell Transplantation----- Chengxin Luo,Shuangnian Xu 1659
- PO-2503 Comparison of the efficacy of hematopoietic stem cell mobilization
regimens: a systematic review and network
meta-analysis of preclinical studies ----- Chengxin Luo,Shuangnian Xu 1659
- PO-2504 序贯免疫治疗提高 TCRab 清除半相合移植治疗儿童难治/复发急性
淋巴细胞白血病 (R/R-ALL) 结果分析 -----陈德俊,刘华颖,王静等 1660
- PO-2505 米托蒽醌脂质体联合卡莫司汀、依托泊苷和阿糖胞苷 (BEA-PLM) 预处理方案
用于非霍奇金淋巴瘤患者自体造血干细胞移植的疗效与安全性 -----王钰琪,任娟,朱化超等 1661
- PO-2506 Efficacy of hematopoietic stem cell mobilization regimens
in patients with hematological malignancies:
a systematic review and network meta-analys ----- Chengxin Luo,Shuangnian Xu 1661
- PO-2507 Myeloablative conditioning regimens in adult patients with acute myeloid leukemia undergoing
allogeneic hematopoietic stem cell transplantation in complete remission:
a systematic review and network meta-analysis----- Chengxin Luo,Shuangnian Xu 1662

- PO-2508 Second-line therapy for patients with steroid-refractory aGVHD: systematic review and metaanalysis of randomized controlled trials ----- Chengxin Luo, Shuangnian Xu 1663
- PO-2509 多发性骨髓瘤自体造血干细胞动员方案效率对比 ----- 张娜, 刘欣蔚, 高广勋 1664
- PO-2510 构建重型β地中海贫血患者异基因造血干细胞移植后合并EBV感染风险的预测模型 ----- 韦馨湄 1664
- PO-2511 Study on the Association between NFκB1 Gene Polymorphism in Donors and Recipients and the Prognostic Impact of Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation ----- Xue Yan 1665
- PO-2512 地西他滨-Bu/Flu 预处理方案用于40岁以上高危AML/MDS患者异基因造血干细胞移植的疗效及安全性分析 ----- 张然, 廖妮, 谢雪琪等 1666
- PO-2513 合适非亲缘脐血移植治疗高体重成人恶性血液病的临床研究 ----- 姜开爽, 刘会兰, 耿良权等 1666
- PO-2514 基于SMOTE算法儿童白血病脐带血移植发生原发性植入失败预测模型的构建 ----- 张志奇, 熊若兰, 李泊涵等 1667
- PO-2515 异基因造血干细胞移植治疗儿童免疫出生错误疗效及并发症分析 ----- 张晖, 吉奇, 卢俊等 1667
- PO-2516 异基因造血干细胞移植中BK病毒与出血性膀胱炎的相关性分析 ----- 廖妮, 张然, 谢雪琪等 1668
- PO-2517 脐血/脐带间充质干细胞辅助单倍体造血干细胞移植治疗儿童重型再生障碍性贫血的临床观察 ----- 刘一丹, 胡绍燕, 肖佩芳等 1668
- PO-2518 METTL3介导的m6A修饰巨噬细胞极化在急性移植物抗宿主病中的作用 ----- 苏艳 1669
- PO-2519 复发/难治性Ph阴性急性B淋巴细胞白血病短程免疫治疗桥接异基因造血干细胞移植治疗模式探索 ----- 张娜, 夏效升, 刘欣蔚等 1669
- PO-2520 ATLG与rATG对重度再生障碍性贫血患儿单倍体造血干细胞移植的疗效对比 ----- 张森林, 肖佩芳, 李捷等 1670
- PO-2521 异基因造血干细胞移植治疗儿童T系急性淋巴细胞白血病疗效及预后分析: 单中心经验 ----- 张森林, 肖佩芳, 凌婧等 1670
- PO-2522 不同益生菌补充治疗对于干细胞移植患者感染的影响 ----- 黄梦婷, 石威 1671
- PO-2523 HLA进化分歧在造血干细胞移植预后中的应用 ----- 贺煜棋 1671
- PO-2524 单倍体+脐带血序贯移植中干细胞植入类型的影响因素分析 ----- 陈以乔, 李晓帆, 陈显凌等 1672
- PO-2525 内皮活化与应激指数在异基因造血干细胞移植后急性移植物抗宿主病中的预测作用 ----- 陈伟, 陆丰艺, 韩倩楠等 1672
- PO-2526 ph+急性淋巴细胞白血病应用氟马替尼进行造血干细胞移植后维持治疗的临床疗效分析 ----- 梁晨, 杨栋林, 何祎等 1673
- PO-2527 急性髓系白血病患者进行自体造血干细胞移植预处理期间并发急性胰腺炎的护理干预 ----- 金子钰 1673
- PO-2528 异基因移植患者移植前下呼吸道病原体定植调查 ----- 张航, 刘徽, 牛挺等 1674
- PO-2529 儿童异基因造血干细胞移植后女性生殖功能及其相关影响因素的探讨 ----- 杨丽, 李捷, 卢俊等 1674
- PO-2530 评价来特莫韦在地中海贫血造血干细胞移植中预防巨细胞病毒再激活作用 ----- 黄翠凤, 刘容容, 杨高晖等 1675
- PO-2531 脐血辅助亲缘单倍体造血干细胞移植在儿童难治/复发急性白血病中的临床观察 ----- 杨晓晨, 吴晓晨, 解姣等 1676
- PO-2532 移植前患者骨髓单个核细胞端粒长度对急性髓系白血病异基因造血干细胞移植术后预后的影响 ----- 薛明芳 1676
- PO-2533 来特莫韦可降低再障患者移植后活化T细胞的比例 ----- 周睿卿, 莫文健, 陈寅春等 1677

- PO-2534 造血干细胞移植患者心理护理干预的范围综述 -----王佳雪,靳彩云,刘玉秋 1678
- PO-2535 异基因造血干细胞移植治疗恶性血液病
中枢神经系统受累 83 例疗效分析 -----汪文静,费新红,顾江英等 1678
- PO-2536 1 例骨髓增生异常综合征(伴骨髓纤维化) 中老年患者持续 60 天粒缺期行二次单倍体
造血干细胞移植联合脐血以及供者血小板治疗初次移植后 DSA 抗体强阳性
致原发性植入失败的护理 -----刘玉秋,张丽雪,解文君 1679
- PO-2537 重组人血小板生成素对异基因造血干细胞移植后
造血重建的安全性及有效性的回顾性队列研究 -----宫蕾,秦大兵,徐双年等 1679
- PO-2538 大剂量美法仑预处理方案的潜在中枢神经系统危害: 两例 case 分享 -----葛佳颖,丁胜男,刘依等 1680
- PO-2539 Four-drug combination therapy for VOD prophylaxis after allogeneic
hematopoietic stem cell transplantation -----Qiang Gong,Dabin Qin,Shuangnian Xu etc. 1680
- PO-2540 脾体积对异基因造血干细胞移植治疗急性髓系白血病预后的影响研究 -----刘冰洁,马子薇,王颖 1681
- PO-2541 造血干细胞移植共患病指数预测单倍体移植治疗
重型再生障碍性贫血患者的临床结局 -----林铭浩,徐郑丽 1681
- PO-2542 自体脐带血移植治疗儿童获得性再生障碍性贫血 25 例 -----陈姣,刘周阳,孙媛等 1682
- PO-2543 造血干细胞移植治疗儿童肝炎相关再生障碍性贫血疗效分析 -----李洪娟,王红美,丁国玉等 1683
- PO-2544 临床护理路径干预对多发性骨髓瘤患者自体干细胞移植营养状况及并发症的影响 ----- 宾娟 1683
- PO-2545 Novel conditioning regimen in upfront auto-HSCT improves
survival of peripheral T cell lymphoma ----- Xinyu Zuo,Wensi Qian,Min Wu etc. 1684
- PO-2546 脐带间充质干细胞用于治疗急性移植物
抗宿主病的疗效及安全性研究 -----张凌风,杨秀秀,韩奇洋等 1684
- PO-2547 基于三维质量结构理论模型构建单人无菌室
开展自体造血干细胞移植病房管理质量评价指标体系 -----吴芳芳,王丽,杜欣 1685
- PO-2548 长效粒细胞集落刺激因子联合重组人促血小板生成素
在自体造血干细胞移植动员中的应用 ----- 肖月,邓明扬 1685
- PO-2549 宏基因组二代测序在异基因造血干细胞移植后耶氏肺孢子菌肺炎诊断中的意义 ----- 李岩 1686
- PO-2550 去甲基化药物在预防儿童高危急性髓系白血病异
基因造血干细胞移植后复发的研究 -----王庆伟,吉奇,程生钦等 1686
- PO-2551 间充质干细胞辅助治疗异基因造血干细胞移植后 CMV 肺炎 -----刘相辉,夏欣,卞凌云等 1687
- PO-2552 供者特征对异基因造血干细胞移植疗效的影响研究 -----付璐瑶,尼玛央金,王钰琪等 1687
- PO-2553 异基因造血干细胞移植后 CMV 血症抢先治疗时机的探索 ----- 李瑞旭 1688
- PO-2554 Cytology or multiparameter flow cytometry positivity in the
cerebrospinal fluid before transplantation is predictive
of poor outcomes after allotransplantation
in acute myeloid leukemia patients ----- Guomei FU,Li-juan Hu,Yuan-yuan Zhang etc. 1688
- PO-2555 儿童 allo-HSCT 后肠道 GVHD 合并 TA-TMA 的临床分析 ----- 焦余庆,熊昊 1689
- PO-2556 海曲泊帕治疗异基因造血干细胞移植后
血小板植入延迟的真实世界疗效和安全性 -----朱骏,楼芸,蒋瑛等 1689
- PO-2557 Modified Post-transplantation Cyclophosphamide in Alternative Donor Transplantation
for Pediatric Patients with Aplastic Anemia ----- Lingfeng Zhang,Yun Li,Na Wang etc. 1690
- PO-2558 异基因造血干细胞移植后中枢神经系统并发症原因分析及护理策略 ----- 王亚妮 1691

- PO-2559 Differential Efficacy of TPO Receptor Agonist Combined with rhTPO Versus Either Alone
in Platelet Reconstitution Following Autologous Hematopoietic Stem
Cell Transplantation in Lymphoma Patients ----- Jing Wu 1691
- PO-2560 基于 i-PARIHS 模式的造血干细胞移植术后皮肤排异患者
外观护理干预方案的构建及实证研究 ----- 闫琼,吴吉敏 1692
- PO-2561 艾曲波帕治疗异基因造血干细胞移植后血小板减少的单中心研究 ----- 王翔 1692
- PO-2562 新生儿期造血干细胞移植治疗重症联合免疫缺陷病一例报告 -----丁国玉,王红美,李洪娟等 1693
- PO-2563 造血干细胞移植后患者 picc 撕膜方法对比研究 ----- 郭娇,白雪丹 1693
- PO-2564 运动疗法联合营养支持护理方法对造血干细胞移植术后患者康复的影响 ----- 王宗慧 1694
- PO-2565 异基因造血干细胞移植后宏基因组二代测序
临床诊断耶氏肺孢子菌肺炎的单中心临床分析 ----- 周洋,袁海龙 1694
- PO-2566 异基因造血干细胞移植治疗 160 例儿童重型
再生障碍性贫血的单中心临床疗效分析 -----夏梓婷,陆晓茜,李东军等 1695
- PO-2567 基因造血干细胞移植术后感染多型疱疹病毒并发病毒性脑炎 1 例报告 ----- 周颖 1695
- PO-2568 受者供者来源 CD19 CAR-T 细胞治疗异
基因造血干细胞移植后复发 B-ALL 患者疗效的回顾性研究 -----刘丽超,黄瑞昊,张诚等 1696
- PO-2569 小剂量阿扎胞苷联合维奈克拉和供者淋巴细胞输注预防
儿童 AML 患儿造血干细胞移植后复发的 单中心回顾性研究 -----陆晓茜,景晓宇,李东军等 1696
- PO-2570 G1TR+CD4-CD8-T 细胞在唾液腺慢性移植物抗宿主病
发病机制中的作用研究 -----胡紫祎,许玉溪,贺钰轩等 1697
- PO-2571 非血缘脐带血二次移植治疗复发性急性白血病的疗效与安全性 ----- 刘菲婷 1697
- PO-2572 西达本胺+缙更昔洛韦成功治疗 EB 相关 PTLD-----吴要功,牟时代,冯英俊等 1698
- PO-2573 高通量药敏指导硼替佐米+维奈克拉精准治疗移植后复发急淋-----吴要功,冯英俊,牟时代等 1699
- PO-2574 Superior Survival with Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation
versus Chemotherapy for High-Risk Adult Acute Lymphoblastic
Leukemia in PDT-ALL-2016 Pediatric-Inspired Cohort ----- junjie chen,Hongsheng Zhou 1699
- PO-2575 抗人 T 细胞猪免疫球蛋白联合环磷酰胺后置
预防 AML/MDS 造血干细胞移植后 GVHD 的临床研究 ----- 肖云硕,尹晓林 1700
- PO-2576 Prediction model for CMV infection following hematopoietic stem cell transplantation
in patients with β -thalassemia major-----Lin Pan,Hongwen Xiao,Yanni Xie etc. 1700
- PO-2577 康复新的冷冻疗法对盐酸美法仑治疗的骨髓瘤患者
自体造血干细胞移植口腔黏膜炎防治的应用:一项前瞻性随机对照临床研究 ----- 王丽 1701
- PO-2578 基于 E-Coach 管理模式在造血干细胞移植后患者的应用 ----- 刘念,陈小丽 1701
- PO-2579 来特莫韦针剂、片剂序贯预防异基因
造血干细胞移植后 CMV 感染的临床观察 -----庞爱明,郑亚伟,陈书连等 1702
- PO-2580 造血干细胞移植护理的现代挑战与未来方向 ----- 周娜 1702
- PO-2581 两种肛周坐浴方法对造血干细胞移植患者化疗后发生败血症的影响 ----- 孙彦峰 1703
- PO-2582 High salt diet aggravated graft-versus-host disease
via mucus-degrading Akkermansia ----- chaoyang li,Suwen Li,Jun Peng 1703
- PO-2583 CAR-T 细胞和贝林妥欧单抗免疫疗法作为
急性 B 淋巴细胞白血病移植前治疗的疗效和安全性比较-----曹文悦,李柠汶,王娜等 1704
- PO-2584 自体造血干细胞移植治疗不同类型淋巴瘤的疗效及安全性分析 -----付玉,徐静,刘晓亮等 1704

- PO-2585 造血干细胞移植患者自我管理需求的质性研究 -----靳彩云,刘玉秋,解文君 1705
- PO-2586 A cross-sectional study on the status of chronic graft-versus-host
disease patient-reported outcome (PRO) ----- Shiqin Huang,Zhang Xi 1705
- PO-2587 肺泡灌洗液宏基因组二代测序在血液病异基因
造血干细胞移植后肺部感染患者中的应用 -----丁筱,刘晓亮,付玉等 1706
- PO-2588 Viral enteritis after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation: pathogens,
clinical characteristics, and outcomes-----Hailu Sun,Xiao-Su Zhao,Xiang-Yu Zhao etc. 1707
- PO-2589 预后营养指数与异体造血干细胞移植后 GVHD 发生的相关性分析 -----唐杰,陈小丽,冉凤等 1708
- PO-2590 含 9Gy 全身照射的预处理方案在异基因
造血干细胞移植患者中的放射相关毒性及疗效 -----刘相辉,姚升宇,万理萍等 1708
- PO-2591 T 细胞耗竭诱导造血干细胞移植后白血病复发-----陈尚钧,张凌风,张晓颖等 1709
- PO-2592 口服海曲泊帕与皮下注射重组人血小板生成素
用于单倍体造血干细胞移植促进血小板植入的疗效观察及护理体会 ----- 伍桂洁,陈小丽 1709
- PO-2593 蜂蜜联合蒙脱石散口腔外敷在造血干细胞移植患者口腔黏膜炎护理中的应用效果 ----- 孙旭 1710
- PO-2594 中性粒细胞/淋巴细胞比值、全身免疫炎症指数、
预后营养指数在异基因造血干细胞移植预后的相关性分析 -----陈小丽,唐杰,冉凤等 1710
- PO-2595 全身免疫炎症指数与异基因造血干细胞移植造血重建的相关性分析 -----陈小丽,唐杰,冉凤等 1711
- PO-2596 提高重组人血小板生成素剂量可以促进异基因
造血干细胞移植后血小板植入: 一项剂量探索性、对照研究 -----冯丹,刘庆珍,陈欣等 1711
- PO-2597 BeEAM/C 方案用于淋巴瘤患者自体造血干细胞移植
预处理疗效及安全性的多中心、回顾性研究 ----- 胡人之,刘耀 1712
- PO-2598 硒代甲基半胱氨酸通过肠道菌群改善小鼠 aGVHD 的机制研究 -----杜悦,冯慧,刘依等 1712
- PO-2599 泊马度胺联合阿扎胞苷用于移植后 MRD 阳性急性
白血病抢先治疗安全性和疗效分析 -----王路,孔佩艳,张曦等 1713
- PO-2600 STAT3 敲除供者 T 细胞通过 IL-22 调节肠道
微生态减低 GVHD 效应及机制研究 -----王筱淇,许玉溪,王瑞等 1713
- PO-2601 造血干细胞移植患者血清 tsRNA 表达变化
与急性移植物抗宿主病及预后的关系研究 -----曾韞璟,夏琳,杨程等 1714
- PO-2602 呼吸松弛训练联合三线放松法干预
对造血干细胞移植极期患者心理状态及血压水平的影响 ----- 任利娟 1715
- PO-2603 PHS/GPR120 促进糖酵解调控 T 细胞分化
维持 MSCs 治疗急性 GVHD 稳定性的作用机制研究 -----王瑞,许玉溪,王筱淇等 1715
- PO-2604 tRNA methyltransferase Dnmt2 modulates GVHD
process via tRNA m5C modification -----Shijie Yang,Huanping Guo,Chao Ma etc. 1716
- PO-2605 医护患共同决策方案在造血干细胞移植患者中
预防导管相关血行感染的应用效果 ----- 张天文,陶俊 1717
- PO-2606 基于预后营养指数的分级营养护理在造血干细胞移植患者中的应用 -----唐杰,冯一梅,冉凤等 1717
- PO-2607 循证护理路径干预对异基因造血干细胞移植患者的效果观察 ----- 封孝梅,陈小丽 1718
- PO-2608 在单细胞分辨率下探索间充质干细胞的基因组不稳定性和异质性 ----- 王峥 1718
- PO-2609 靶向 PI3K δ 功能治疗慢性移植物抗宿主病 -----许玉溪,胡紫祎,杨官翠等 1719
- PO-2610 Exploring genomic instability and heterogeneity
of mesenchymal stem cells at single-cell resolution ----- Zheng Wang,xi zhang 1719

- PO-2611 采用不同策略的抗胸腺细胞球蛋白方案在同胞全合移植中的疗效分析 -----颜灵妍,成倩,李昕 1720
- PO-2612 Pioneer study of thiotepa-based conditioning
for allo-HSCT in adult T-ALL ----- xi Zhang,Lu Zhao,Yuqing Liu etc. 1720
- PO-2613 低剂量 ATG 联合巴利昔单抗可有效控制单倍体
造血干细胞移植后 GVHD 和减少 CMV 感染 ----- 黄珍莉,夏凌辉 1721
- PO-2614 含塞替派预处理方案在异基因造血干细胞移植中的应用 -----李燕,董天,陈心传 1722
- PO-2615 Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation
promotes aGVHD via IL-33/IL-5/Foxp3 axis ----- Huachao Zhu 1722
- PO-2616 单中心 Allo-HSCT 治疗 45 例儿童重型地贫生存的经验总结 -----孔佩艳,赵璐,陈婷等 1723
- PO-2617 改良后置环磷酰胺和粒细胞集落刺激因子/抗胸腺细胞球蛋白方案
在儿童再生障碍性贫血患者单倍体造血干细胞移植中的比较 -----林漓,李赟,陈智等 1723
- PO-2618 互联网+信息化护理平台在白血病患者造血干细胞移植术后随访中的应用效果----- 张天文,陶俊 1724
- PO-2619 异基因造血干细胞移植后巨细胞病毒特异性 T 细胞的重建特征 -----王璐祥,李肃,黄佳瑜等 1724
- PO-2620 应用血细胞分离机行 DSA 抗体吸附的临床实践 ----- 林欢,郭彩利 1725
- PO-2621 弹力带抗阻训练在异基因造血干细胞移植术后患者
上肢肌力恢复中的应用价值 -----周小琴,吴芳芳,王丽等 1725
- PO-2622 Mega-Dose Decitabine Conditioning for Patients with Relapsed/Refractory AML
with Active Disease at the Time of Allogeneic Hematopoietic Cell Transplantation:
A Multicenter Prospective Phase II Study ----- Tong Su,MENG LV,Chenhua Yan etc. 1726
- PO-2623 造血干细胞移植后腺病毒感染的治疗和预后 -----申昱妍,陈书连,陈欣等 1726
- PO-2624 单倍体+脐带血序贯移植治疗恶性血液病的疗效分析-----陈以乔,李晓帆,陈显凌等 1727
- PO-2625 关于植入式静脉输液港输液不畅的原因分析及对策 ----- 范素君 1728
- PO-2626 新冠病毒流行期 CLL 患者感染和生存的影响因素及结局分析 -----王静,许芳,王书等 1728
- PO-2627 Aggressive clinical features and poor outcome may associate
with decreased immune function in HIV positive HL in the cART era:
A multicenter study from China ----- Chaoyu Wang,Xiping Liang,Yao Liu 1729
- PO-2628 血液肿瘤患者感染 Omicron 后发生肺炎的危险因素:
一项多中心、前瞻性临床研究 -----李军,刘怡,魏霞等 1729
- PO-2629 恶性血液病患者合并血流感染的病原学分析及 30 天内死亡率的预后研究 -----葛睿,黄炎青,葛峥 1730
- PO-2630 热毒宁注射液治疗老年急性肺炎的临床疗效及其对血清炎症因子的影响 -----郑宏,周怡彤,叶宁等 1730
- PO-2631 维生素 D 水平在脓毒症患者中与营养状况和炎症反应之间的关系-----郑宏,郑樱,周怡彤等 1731
- PO-2632 血清 25-羟基维生素 D 与成人脓毒症患者死亡风险的荟萃分析-----郑宏,郑天鹏,周怡彤等 1731
- PO-2633 耐甲氧西林金黄色葡萄球菌致 5 例 PICC 导管
相关性血流感染的血液肿瘤患者的护理分析 ----- 赵娜 1732
- PO-2634 CD3+CD4-CD8- T (DNT) 细胞铁死亡、功能紊乱
与 HIV 感染者免疫重建不良相关-----全茜,肖晴,刘耀 1732
- PO-2635 CD4/CD8 比值对长期抗病毒治疗的 HIV 患者 T 淋巴细胞功能的预测作用 ----- 肖晴,刘耀 1733
- PO-2636 Polatumumab vedotin/bendamustine/rituximab (pola-BR) in R/R diffuse large B cell lymphoma
with hemophagocytic lymphohistiocytosis-----Chaoyu Wang,耀刘 1734
- PO-2637 Increased Epstein-Barr virus reactivation but comparable post-transplant lymphoproliferative
disorders incidence following allogeneic hematopoietic cell transplantation
in letermovir era for cytomegalovirus prophylaxis -----Sisi Zhen,Li Liu,Xiaoyu Zhang etc. 1735

- PO-2638 血液病患者 PICC 导管相关血流感染和血栓形成风险----- 李冬 1735
- PO-2639 全血细胞减少伴颅内曲霉菌感染一例 -----刘芳洁,黄玉玲,许晓军等 1736
- PO-2640 血液肿瘤粒缺患者呼吸道感染预防和管理的最佳证据总结 ----- 吕小春 1737
- PO-2641 东垣二方治血液病发热 ----- 徐文江,乔子剑 1737
- PO-2642 老年 AML 患者使用维奈克拉联合去甲基化药物进行诱导治疗期间的感染因素分析:
感染率及严重程度较标准化疗组及低剂量化疗组明显下降 ----- 朱文杉,童娟 1738
- PO-2643 异基因造血干细胞移植术后 EB 病毒感染的临床研究-----刘兰香,汪晶,王利等 1738
- PO-2644 成人噬血细胞综合征临床特点及死亡影响因素分析: 单中心回顾性研究 -----高梦,李倩,梁佩淇等 1739
- PO-2645 ddPCR 检测 CMV cfDNA 在造血干细胞移植后患儿中的应用研究-----朱永冰,顾佳,张义成等 1739
- PO-2646 莱特韦非预防治疗时代下, EBV 感染发生率增加-----孔欣,徐梓益,吴艳珺等 1740
- PO-2647 Pseudoaneurysm Secondary to Cunninghamella bertholletiae Infection
in a Hematopoietic Stem Cell Transplantation Recipient :
Case Report and Review of the Literature ----- Zhiheng Ding,Sixi Liu 1740
- PO-2648 成功治疗重型再生障碍性贫血异基因
造血干细胞移植后脊柱骨感染 2 例 -----莫文健,许世林,黎宇苗等 1741
- PO-2649 胸部影像驱使的支气管肺泡灌洗液二代测序病原
检测对持续/反复发热血液肿瘤患者抗菌治疗的意义 ----- 陆雯萍,费小明 1742
- PO-2650 在伴有巨细胞病毒感染且对抗巨细胞病毒治疗不耐受的造血干细胞移植受者中评估治疗模式、
结局和医疗资源使用的多国研究 ----- Genovefa Papanicolaou,Robin Avery,María Laura Fox 等 1743
- PO-2651 宏基因组测序在血液疾病中的应用 -----傅廷娇,程宇,刘建勇等 1743
- PO-2652 PD-1 单抗在治疗移植后早期播散性腺病毒感染中的应用-----周斐,何雪峰,陈苏宁等 1744
- PO-2653 单倍体造血干细胞移植术后钩端螺旋体感染致多器官功能衰竭 1 例 -----韦振斌,邱国胜,邓勇丽等 1744
- PO-2654 宏基因组二代测序和血培养在血液病粒缺患者
革兰阴性杆菌感染中的对比研究 -----单若琪,黄赛,刘要伟等 1745
- PO-2655 紫外线消毒联合过氧化氢消毒机器人消毒模式在恶性肿瘤患者中的应用 -----周盼,杜欣,曾荔等 1745
- PO-2656 儿童急性白血病化疗后合并真菌血流感染的临床特征及预后分析 -----翁开枝,吴椿萍,庄树铨等 1746
- PO-2657 骨髓增生异常综合征合并鼻-眶-脑毛霉病一例 ----- 陈焯 1746
- PO-2658 20 例成人恶性血液病合并重症新型冠状病毒肺炎的治疗初探 -----吴修进,姜薇,余霞等 1747
- PO-2659 异基因造血干细胞移植后耶氏肺孢子菌肺炎临床特征分析 -----夏晶,蒋军红,赵晔等 1747
- PO-2660 出血性膀胱炎导尿困难患者导尿成功的护理 ----- 李兰兰 1748
- PO-2661 EB-IM 患儿淋巴细胞亚群、细胞因子水平变化以及临床意义分析 ----- 赵晶晶,刘建平 1748
- PO-2662 马立巴韦相比缙更昔洛韦治疗造血干细胞移植受者巨细胞病毒 (CMV) 感染的疗效
和安全性的 3 期、多中心、随机、双盲、阳性对照研究:
AURORA 研究中国人群亚组分析-----董琳,宣丽,黄河等 1749
- PO-2663 雾化吸入多黏菌素 B 联合治疗血液重症患者
多重耐药革兰阴性菌肺炎临床疗效分析 -----卢聪,江慧雯,吴耀辉等 1750
- PO-2664 2 例婴儿川崎病休克综合征成功救治报告并诊治进展 ----- 李晓,谭梅 1750
- PO-2665 恶性血液病伴血流感染患者在抗生素治疗后
病原学宏基因组二代测序技术诊断效能的研究 -----徐岳一,彭苗新,周彤等 1751
- PO-2666 依拉环素联合用药治疗恶性血液病
合并重症感染的临床疗效及安全性研究 -----卢聪,江慧雯,吴耀辉等 1751
- PO-2667 骨髓增生异常综合征并发肺孢子肺炎的 1 例报告并文献复习 ----- 王珊珊,唐家宏 1752

- PO-2668 全血细胞减少、发热患者 1 例—黑热病病例报道并文献复习 -----赵卓冉,李英梅,陈丹丹等 1752
- PO-2669 噬血细胞综合征 37 例临床特征分析 ----- 鱼玲玲,吴涛 1753
- PO-2670 PCT、PLT、D-D 在重症感染患者预后判断中的意义 ----- 丁琪,陈婧 1753
- PO-2671 1 例黑热病继发骨髓纤维化诊疗分析并文献复习 -----李娟,向保云,张志彪等 1754
- PO-2672 流行性呼吸道感染与成人血液系统恶性肿瘤患者非预期住院分析 -----夏玉雪,胡俊斌,王萌等 1754
- PO-2673 血液系统恶性肿瘤合并毛霉菌病患者的单中心回顾性分析研究 -----崔玉,米瑞华,陈琳等 1755
- PO-2674 儿童造血干细胞移植中心静脉导管相关血流感染病原菌相关危险因素分析 -----龙杰雯,王瑞,尹艳等 1755
- PO-2675 急性淋巴细胞白血病真菌预防的有效性和安全性临床研究 -----周洋,陈俊杰,蔡梓红等 1756
- PO-2676 2021-2023 年某医院常见细菌感染的病原学特征以及耐药性分析 -----张磊磊,胡俊斌,夏玉雪等 1756
- PO-2677 mNGS 对造血干细胞移植后复杂感染的诊断价值分析-----杨岩,闫金松,李婷等 1757
- PO-2678 药物联合治疗血液肿瘤播散的真菌感染 3 例 -----王科,吴耀辉,苏梅芳等 1757
- PO-2679 恶性血液肿瘤患者在化疗后粒缺发热时
血浆病原微生物游离 DNA 情况 -----彭苗新,许佩佩,徐岳一等 1758
- PO-2680 恶性血液病合并念珠菌血症患者血小板和凝血参数的评估:
一项回顾性研究分析 -----罗晓莉,毕宏晨,张浩志等 1758
- PO-2681 Incidence, Risk Factors, Microbiology and Outcomes of Bloodstream
Infection During Conditioning before Allogeneic
Hematopoietic Stem Cell Transplantation ----- Ling Pan,Jia Li,Xiaomeng Feng etc. 1759
- PO-2682 Efficacy of Short Course Antibiotic Therapy for Uncomplicated Staphylococcus
aureus bacteremia in Neutropenic Patients with Hematological Diseases:
A Retrospective Comparative Study ----- Nuobing Yang,Xiaomeng Feng,Sizhou Feng 1759
- PO-2683 两性霉素 B 脂质体挽救性治疗 80 例血液病患者
侵袭性真菌病临床疗效分析 -----吴源兵,姜珊珊,吴雅雪等 1760
- PO-2684 来特韦韦治疗及二级预防异基因造血干细胞移植后
巨细胞病毒感染的临床研究 -----徐婷,李东洋,马骁 1761
- PO-2685 新型 RIPK1 抑制剂治疗噬血细胞综合征的药效学与机制研究 -----朱晋冰,汪金金,赵艾琳等 1761
- PO-2686 1 例以噬血细胞综合征起病的非 HIV 患者感染马尔尼菲青霉菌治疗有效 ----- 朱俐 1762
- PO-2687 一例造血干细胞移植术后肺部感染患者的护理 ----- 马婷 1762
- PO-2688 一例急性 B 淋巴细胞白血病 CART 治疗后播散性镰刀菌感染的诊治 -----李猛,刘要伟,宋曼等 1763
- PO-2689 2016-2022 年儿童血液病
血流感染病原菌分布及耐药性--单中心回顾性分析 -----魏彰悦,黄莉莉,凌婧等 1763
- PO-2690 全程预见性护理干预对造血干细胞移植老龄患者
发生肺部感染的护理观察 -----张明琴,陈小丽,袁逸然等 1764
- PO-2691 The impact of the donors' COVID-19 status on the outcomes of allogeneic hematopoietic stem
cell transplantation: A multi-center retrospective study ----- 黄怡霏,林韧 1764
- PO-2692 儿童慢性粒细胞白血病急淋变造血干细胞移植后毛霉菌病 1 例 -----李洪娟,王红美,顾艳等 1765
- PO-2693 一例血型播散性结核感染继发噬血细胞综合征病例 ----- 雒雪萍,郑伟燕 1765
- PO-2694 异基因造血干细胞移植后合并鼻窦真菌感染 4 例 ----- 周栋 1766
- PO-2695 Clinical Characteristics and Treatment Response of Chronic Disseminated Candidiasis
in Patients with Hematological Disorders----- Zhangjie Chen,Xin Chen,Sizhou Feng 1767
- PO-2696 NK/T 细胞淋巴瘤合并侵袭性毛霉菌感染患者 1 例-----王婧婧,徐婷,马骁 1768
- PO-2697 肺泡灌洗液及血清样本 GM 试验在侵袭性曲霉菌感染中临床价值 -----沈连军,孙幸,吉薇等 1768

- PO-2698 关于造血干细胞移植后巨细胞病毒感染的分析 ----- 林湘涵 1769
- PO-2699 人类免疫缺陷病毒阳性合并自身免疫性溶血性贫血 6 例临床分析 ----- 王丹青, 闵海燕 1769
- PO-2700 Incidence of *Pneumocystis jirovecii* pneumonia in Patients with B-lineage Lymphoma
Receiving Chemotherapy Containing Rituximab ----- liangxiping liangxiping, Yao Liu 1770
- PO-2701 两性霉素 B 脂质体治疗难治及危重血液病患者
侵袭性真菌病的疗效与安全性 ----- 朱骏, 马盼盼, 赵初娴等 1770
- PO-2702 Plasma levels of Angiopoietin 2/Angiopoietin 1 and Angiopoietin 2/Tie2 ratios are potential
valuable biomarkers in patients with sepsis ----- Shu Yang, 袁彩, 江龙光 etc. 1771
- PO-2703 Circulating Exosomal miRNA Signature As a Potential Risk Factor
for DNA Virus Infection in Patients with Multiple Myeloma ----- Xin Chen, Xin Li 1772
- PO-2704 某三甲妇幼保健院儿童静注人免疫球蛋白使用情况及其合理性评价 ----- 刘晓娟 1773
- PO-2705 ICU 中心静脉导管相关血流感染研究的文献计量学分析 ----- 刘猛, 米元元, 尚晓辉等 1773
- PO-2706 血液系统恶性肿瘤患者粒缺发热时期宏基因组
二代测序技术分析病原微生物的临床研究 ----- 黄赛, 单若琪, 刘要伟等 1774
- PO-2707 Posaconazole enteric-coated tablets on the efficacy and tolerability
of secondary antifungal prophylaxis in haploidentical
allogeneic stem cell transplantation ----- xiaoning wang, Juan Ren, wang yuqi etc. 1774
- PO-2708 艾沙康唑治疗 67 例血液系统疾病患者
侵袭性真菌病的有效性和安全性研究 ----- 杨楠, 潘攀, 曹佳欣等 1775
- PO-2709 硒代甲基半胱氨酸通过重构巨噬细胞 GPX4
依赖的铁死亡治疗脓毒症的机制探索 ----- 冯慧, 牛凡 1775
- PO-2710 恶性血液病患者合并蜡样芽孢杆菌血流感染的临床特征及预后分析 ----- 陆琴琦, 张馨慧, 杨贞等 1776
- PO-2711 mNGS 检测血液病患者病原菌分布及临床特征分析 ----- 黄嘉瑜, 郑润辉 1776
- PO-2712 真实世界中后疫情时代芦可替尼对恶性血液病患者
合并新冠病毒感染重症患者安全性和有效性的回顾性研究 ----- 赵洁, 田卫伟, 许凯丽等 1777
- PO-2713 一例多发性骨髓瘤患者自体造血干细胞移植期间耐碳青霉烯肺炎克雷伯杆菌脓毒症
合并播散性皮肤软组织脓肿的诊断和治疗 ----- 王冰洁, 孙慧猛, 梁颀隐等 1777
- PO-2714 依拉环素治疗恶性血液病合并细菌相关感染
患者的疗效和安全性观察性研究 ----- 杨栋林, 李智慧, 陆铨等 1778
- PO-2715 联合应用染色体断裂试验和彗星试验技术诊断范可尼贫血四例 ----- 孙媛, 王晓英, 程建超等 1779
- PO-2716 童急性髓系白血病早期流式微小残留病检测与预后相关性的临床研究 ----- 卢文婕 1779
- PO-2717 CD2 在 AML 伴 CBF β ::MYH11 中的表达 ----- 覃磊, 马耀坤, 郑金娥等 1780
- PO-2718 流式细胞术行 PNH 检测粒细胞 CD24 阴性一例并文献复习 ----- 何珊, 熊力, 杜雯等 1780
- PO-2719 ADAMTS13 活性检测在血栓性
微血管疾病的分类筛查和辅助治疗中的应用 ----- 宁香雪, 徐守久, 李慧等 1781
- PO-2720 通过 RNAseq 技术检测白血病融合基因及染色体倍体异常 ----- 黄丙庆, 贾玉娇, 王慧君 1781
- PO-2721 微滴式数字 PCR 检测血液系统肿瘤中的 TP53 拷贝数变异 ----- 赵威, 姚冬明, 袁倩等 1782
- PO-2722 Rapid screening of acute promyelocytic leukemia in daily batch specimens:
A novel artificial intelligence-enabled approach
to bone marrow morphology ----- Yujun Xiao, Huang Zheng, Wu Jun etc. 1783

- PO-2723 Predicting RUNX1::RUNX1T1 genetic abnormalities
in acute myeloid leukemia from bone marrow smears:
Can artificial intelligence do better?----- Hui Cheng,Jing Ding,Juan Wang etc. 1784
- PO-2724 二代测序方法在血液肿瘤分类筛查中的优势 -----宁香雪,刘晓峰,崔西苓等 1784
- PO-2725 双突变 BCR::ABL1 融合基因阴性骨髓增殖性肿瘤临床实验室特征 -----杨利群,陈钦,于莹等 1785
- PO-2726 FLT3 基因的检测与意义-----王艳 1785
- PO-2727 50 例 BCR-ABL 融合基因阳性 B-ALL 的 C-MICM 特征分析 -----陈钦,杨利群,何秋蓉等 1786
- PO-2728 慢性髓细胞性白血病 BCR::ABL1 基因
p210 转录本 ddPCR 检测方法的性能确认-----韩聪,马娇,王继英等 1786
- PO-2729 1 例 JMML 病例的联合诊断 -----杨伟红,郑媛坤,孙黎 1787
- PO-2730 一例急性淋巴细胞性白血病通过 FISH 确诊 BCR/ABL 阳性患者-----赵江源 1787
- PO-2731 一例浆细胞伴 κ 和 λ 轻链限制性表达的淀粉样变病例并文献复习 -----邵萌,常伟,王显凤等 1788
- PO-2732 43 例伴 NPM1 突变的髓系肿瘤 C-MICM 特征分析-----陈钦,杨利群,于莹等 1788
- PO-2733 22 例 MLL 重排阳性 AML 的 C-MICM 特征分析-----陈钦,杨利群,何秋蓉等 1789
- PO-2734 66 例 PML-RARA 融合基因阳性 APL 的 C-MICM 特征分析 -----陈钦,杨利群,何秋蓉等 1790
- PO-2735 AML 伴 PML-RARA 融合、NPM1 突变、
MLL 重排三者 C-MICM 的比较 -----陈钦,杨利群,何秋蓉等 1790
- PO-2736 伴 SETD2::MYL3 和 EP300::ZNF384 双阳性
B-ALL 的实验室鉴定及临床特点 -----郭成业,董晓燕,李玉龙等 1791
- PO-2737 骨髓液直接涂片与抗凝后涂片瑞氏
染色后人工智能细胞识别结果的一致性分析 -----刘思恒,彭贤贵 1791
- PO-2738 血液学实验诊断在临床中的应用及意义 -----张焕腾 1792
- PO-2739 Study on the correlation between serum specific antibody levels of syphilis and immunoglobulin
levels in active syphilis patients----- Sheng Zhang,Yao Wang,Jie Ding etc. 1792
- PO-2740 血小板衍生值在儿童常见血小板减少症诊疗中的临床应用 -----闫彬,胡天喜,杜伟鹏 1793
- PO-2741 59 例儿童 EB 病毒相关嗜血细胞综合征临床特征分析-----李松 1794
- PO-2742 HCK 及 BACH2 基因甲基化在诊断儿童急性 B 淋巴细胞白血病中的作用 -----刘姗 1794
- PO-2743 Transcriptional Profile Investigation Identified Aberrant CD34 Isoforms
and APELA As a Hub gene in IGH-DUX4 subtype
B-cell Acute Lymphoblastic Leukemia----- Guangsi Zhang,Panxiang Cao,Fang Wang etc. 1795
- PO-2744 Extensive CXCR4-MAPK Signaling Activation in the Novel B Cell Acute Lymphoblastic
Subtype of CDX2/UBTF ----- panxiang cao,Mingyu Wang,Guangsi Zhang etc. 1796
- PO-2745 Relapse Analysis and Resistance Mutations of PML-RARA Fusion
Gene in Acute Promyelocytic Leukemia Patients Treated
with All-trans Retinoic Acid and Arsenic----- Jiaqi Chen,Fang Wang,Xue Chen etc. 1797
- PO-2746 多种实验室检测手段在血液肿瘤 MRD 监测中的应用 -----张修进,张娟,程宇等 1798
- PO-2747 NGS-based screening to comprehensively decipher TKIs resistant mutations
in BCR::ABL1 positive leukemias ----- Jiaqi Chen,Fang Wang,Jiancheng Fang etc. 1799
- PO-2748 成人 t 细胞白血病/淋巴瘤中 TP53 突变的临床意义 -----许瑶 1799
- PO-2749 Haploidentical stem cell transplantation in AML
with t(6;9)(p23; q34)/DEK::NUP214 shows a favourable outcome:
single center experience-----Xue Chen,Fang Wang,Xiaoli Ma etc. 1800

| | | | |
|---------|---|--------------------------------------|------|
| PO-2750 | Clinical and Molecular Characteristics of TCF3::HLF Gene Fusion-positive B-cell Precursor Acute Lymphoblastic Leukemia: a Series of 24 Cases From a Large Cohort of Leukemia Patients ----- | Xue Chen,Fang Wang,Yang Zhang etc. | 1801 |
| PO-2751 | Deciphering the Structural Variants in Acute Myeloid Leukemia and Myelodysplastic Neoplasms by Optical Genome Mapping ----- | Ming Liu,Yang Zhang,Xue Chen etc. | 1802 |
| PO-2752 | 中国 CLL 患者 IGHV 基因重排特征的单中心回顾性研究 ----- | 李小青,王硕文,张雨中等 | 1803 |
| PO-2753 | TAF15::ZNF384 融合基因阳性急性淋巴细胞白血病实验室检查和临床特征及预后分析 ----- | 王正,马小丽,王芳等 | 1804 |
| PO-2754 | 不同酶扩增建库的高通量基因测序方法监测白血病微小病灶残留的对比研究 ----- | 谭印成,马小丽,王芳等 | 1804 |
| PO-2755 | 用基因组光学图谱技术分析 B-ALL 中 PAX5 基因结构变异特征及疾病相关性 ----- | 张阳,刘铭,周晓苏等 | 1805 |
| PO-2756 | 异基因造血干细胞移植后患者指甲嵌合情况分析 ----- | 张阳,王芳,魏志杰等 | 1805 |
| PO-2757 | 基于 ARMS-PCR 的 BCR-ABL1 激酶区突变筛查方法的建立 ----- | 邓君,丁雅洁,罗珊珊等 | 1806 |
| PO-2758 | The Ingenious Multiple Efficacies of the Integrated Gene Fragment of Torque Teno Mini Virus in Orchestrating Promyelocytic Leukemogenesis via Hijacking RARA ----- | Xiaosu Zhou,Xue Chen,Jiaqi Chen etc. | 1807 |
| PO-2759 | ETV6::RUNX1 阳性 B-ALL 患儿遗传学特征评估 ----- | 孙媛,程振,李永玲等 | 1808 |
| PO-2760 | 血浆 mcfDNA 宏基因组二代测序揭示血液病与造血干细胞移植患者病原谱特征 ----- | 马秀娟,王芳,韩璐优等 | 1808 |
| PO-2761 | 外周血中出现破碎红细胞的患者的临床特征分析 ----- | 汪智琼,刘娴,隗佳等 | 1809 |
| PO-2762 | 血液系统疾病外周血细胞形态学检验的临床价值研究 ----- | 汪智琼,刘娴,隗佳等 | 1810 |
| PO-2763 | 数字 PCR 检测纳基奥仑赛 CAR-T 方法学的建立及临床检测意义的初步探讨 ----- | 王继英,马娇,王慧君等 | 1810 |
| PO-2764 | 由 APTT 延长纠正实验发现低凝血酶原血症-狼疮抗凝物综合征 1 例并文献复习 ----- | 王晶淼,姜中兴 | 1811 |
| PO-2765 | 儿童脑脊液中发现正常前体 B 淋巴细胞 1 例 ----- | 高风彩 | 1811 |
| PO-2766 | 流式细胞术检测急性 B 淋巴细胞白血病患儿的脑脊液对于诊断中枢神经系统白血病的临床意义 ----- | 唐雪,麦惠容,刘四喜等 | 1812 |
| PO-2767 | 常规核型分析和荧光原位杂交技术检测多发性骨髓瘤细胞遗传学异常 ----- | 蒋如如,董海波,袁翠英 | 1812 |
| PO-2768 | 恶性血液病患者外周血淋巴细胞亚群统计分析和临床意义 ----- | 章亚明 | 1813 |
| PO-2769 | 凝固曲线波形分析参数参考区间的建立及临床应用 ----- | 闫彬,胡天喜,翟素平等 | 1813 |
| PO-2770 | 新型荧光染料 DRAQ5 用于成人急性淋巴细胞白血病 DNA 含量分析的研究 ----- | 朱焕玲,肖蓉,蒋能刚 | 1814 |
| PO-2771 | 一种鉴别 SBDS 真假基因辅助诊断 Shwachman-Diamond 综合征的方法 ----- | 监立强,朱颖,赵咪等 | 1815 |
| PO-2772 | 免疫固定电泳在继发性单克隆免疫球蛋白血症诊断中的作用 ----- | 朱颖,黄蓉,王丹等 | 1815 |
| PO-2773 | KMT2A::MLLT3 融合基因阳性急性髓系白血病临床特征及预后研究 ----- | 胡瑞萍,石秀敏,李佩桐等 | 1816 |
| PO-2774 | 游离轻链动态监测在多发性骨髓瘤及 AL 淀粉样变性疾病管理中的重要性 ----- | 朱颖,黄蓉,李雅卓等 | 1816 |
| PO-2775 | 数字 PCR 检测 BCR::abl 融合基因在慢性髓系白血病 MRD 监测中的应用 ----- | 朱颖,程明,翟梓颖等 | 1817 |
| PO-2776 | 染色体核型分析在儿童急性淋巴细胞白血病诊断及预后判断中的价值 ----- | 陈春英,王妍,陈志青等 | 1817 |
| PO-2777 | 靶向建库应用于长片段测序的探索: 一项血友病的综合检测方案 ----- | 刘博言,马思倩,许瑞霞等 | 1818 |
| PO-2778 | nCounter 基因表达谱对弥漫大 B 细胞淋巴瘤的细胞来源分型的鉴定 ----- | 胡东,周围,舒思敏等 | 1818 |

- PO-2779 An early warning indicator of mortality risk in patients with COVID-19: the NETs/ neutrophilic segmented granulocyte ratio.-----Qiong Wang 1819
- PO-2780 成人胚胎性横纹肌肉瘤骨髓转移 1 例报道并文献复习 ----- 李威 1819
- PO-2781 新型冠状病毒感染对恶性血液病患者骨髓细胞发育的影响 ----- 张艳,王萍萍 1820
- PO-2782 T 大颗粒淋巴细胞白血病 T 细胞受体重排的特点及临床意义 -----朱莉颖,金慧敏,吴雨洁等 1820
- PO-2783 寡克隆实验室检测 1 例并文献复习 -----吴峰,张娟,徐守久等 1821
- PO-2784 范可尼贫血实验室常用检测方法比较 -----张娟,刘晓曼,程宇等 1821
- PO-2785 157 例急性早幼粒细胞白血病 PML-RARA 融合基因特征分析-----杨利群,陈钦,于莹等 1822
- PO-2786 多发性骨髓瘤 FISH 检测结合浆细胞标识的方法学对比研究分析 ----- 苏良焱 1822
- PO-2787 一种人工智能精准定位靶细胞辅助诊断慢粒急变的方法 -----陈思宇,彭贤贵,张静等 1823
- PO-2788 Characterization of missense mutations in the signal peptide and propeptide of FIX in hemophilia B by a cell-based assay ----- Minwen Hong 1823
- PO-2789 Detection of Hemophilia A genetic variants using third-generation long-read sequencing----- Xiaoting Ling,Liqu Pan,Linlin Li etc. 1824
- PO-2790 FISH 联合 RT-PCR 通过提高 ZNF384 重排的检出率进一步辅助 B-other ALL 的分型 -----李钦璐,邢树刚,张恒等 1824
- PO-2791 基于实验室参数的人工智能模型在辅助诊断血液系统疾病中的应用研究 -----刘静雅,苟阳,杨武晨等 1825
- PO-2792 髓系肿瘤合并克隆性 B 淋巴细胞增殖的实验室特征 ----- 姚静雅,侯晓巨 1825
- PO-2793 免疫组化检测 BCL2 蛋白辅助精准诊断急性髓系白血病及 BCL2 抑制剂用药指导研究 -----李佳,冯一梅,墙星等 1826
- PO-2794 FLT3-ITD 片段分析法和二代测序法检测的比较研究 -----万丽,贾玉娇,李艳等 1826
- PO-2795 细胞因子异常帮助判断嗜血细胞综合征的病因 -----熊梦琦,叶琇锦,李黎等 1827
- PO-2796 FISH 检测在诊断 BCL11B 基因异常白血病中的应用 -----李钦璐,邢树刚,张恒等 1827
- PO-2797 The diagnostic and prognostic value of hemostatic biomarkers in disseminated intravascular coagulation -----Qiuyu Guo,Fengjiao Han,Jing Wang etc. 1828
- PO-2798 Individual clinical study of patients with blood tumor hematopoietic stem cell transplantation based on the theory of TCM constitution ----- Yeyan He 1829
- PO-2799 血液恶性肿瘤周围神经病变中医药治疗现状 ----- 赵志芳 1830
- PO-2800 中西医结合护理干预在早期糖尿病肾病护理中的应用效果及对其生活质量的影响分析 ----- 项阳 1830
- PO-2801 基于 PP2A/AKT 信号通路探讨扶正祛毒汤对 AML-CR 患者 CD34+细胞源 DC 激发 T 细胞的影响-----彭名行,周伟,朱国庆等 1831
- PO-2802 基于 PI3K/Akt/Bcl-xl 信号通路探讨青蒿鳖甲汤对 AML-CR 患者骨髓 CD34+细胞源 DCs 生物学效应的影响及机制-----周艳群,肖雪,谭琴等 1831
- PO-2803 基于网络药理学分析金卷升板方治疗免疫性血小板减少症作用机制 -----刘清池,任欣怡,张丽红等 1832
- PO-2804 HMGB2 通过激活 PI3K/AKT/mTOR 通路增强 Warburg 效应促进 HIV 相关弥漫大 B 细胞淋巴瘤发生 ----- 李军,刘耀 1832
- PO-2805 使用事件触发光片显微镜对细胞免疫治疗中亚细胞毒性长时程动态成像和表型分析 -----陈丽婷,王兆飞,王婕等 1833
- PO-2806 Targeting lactate metabolism in multiple myeloma to enhance CAR-T cells antitumor function-----Zhaoyun Liu,chun yang,Rong Fu 1833

- PO-2807 Chidamide and orelabrutinib synergistically induce cell cycle arrest and apoptosis in diffuse large B-cell lymphoma by regulating the PI3K/AKT/mTOR pathway----- Chunyan Wu,Shaoling Wu 1834
- PO-2808 Genetically determined metabolites and metabolic pathways are causally related to the hematologic diseases: search for some novel biomarkers and potential mechanism ----- Lihua Wu,Nainong Li 1835
- PO-2809 血小板与补体的协同作用在抗白色念珠菌系统感染和微血栓形成中的作用及机理研究 ----- 罗珊珊,胡豫 1836
- PO-2810 The mechanism study of SIRP α - Fc fusion protein IMM01 targeting CD47/SIRP α signaling pathway combined CD24 monoclonal antibody IMM47 targeting CD24/Siglec-10 signaling pathway in the treatment of relapsed and refractory AML ----- Jifeng Yu,Song Li,Dianze Chen etc. 1837
- PO-2811 Role and mechanism of Pim-2 kinase inhibitors-induced immunogenic cell death in multiple myeloma -----Zhaoyun Liu,hongli Shen,Rong Fu 1838
- PO-2812 CD38 协同 PD-L1 的双特异性抗体在治疗多发性骨髓瘤中的疗效研究 -----王超凡,王默然,孙春燕等 1838
- PO-2813 住院血液病患者压疮的预防及护理体会 ----- 范素君 1839
- PO-2814 基于医院感染实时监控系统在血液透析感染控制管理中的应用分析 ----- 李婧 1839
- PO-2815 靶向 BRD4 在 T-ALL 精准治疗中的潜力研究 ----- 廖紫薇 1840
- PO-2816 POU3F2 基因在胶质母细胞瘤中的表达、功能及机制研究 ----- 林倩如,阮积晨 1840
- PO-2817 TRMT61B 基因多态性与中国儿童 Wilms 肿瘤易感性的关系 ----- 黄晓凯,阮积晨 1841
- PO-2818 利用耦合 scFv 及纳米抗体的工程菌靶向重塑肿瘤免疫微环境治疗 B 细胞淋巴瘤-----余泓彬,徐逸龙,邹超瑜等 1841
- PO-2819 医务人员再次献血意愿调查及影响因素分析 ----- 杨远芳 1842
- PO-2820 Tetrandrine 在 CAR-T 治疗后细胞因子释放综合症中的作用及机制探究 -----王有名,鄢苗苗,李慧等 1842
- PO-2821 In Situ Bioorthogonal Labeling for Non-invasive, Dynamic In Vivo Tracking of CAR-T Cells----- Zhaozhao Chen,Yu Hu,Heng Mei 1843
- PO-2822 Bio-orthogonally redirected bispecific lentiviral vectors for in vivo CAR-T cell generation ----- Zhaozhao Chen,Yu Hu,Heng Mei 1843
- PO-2823 基于抗 His 标签核酸适体构建的新型类“BITE”免疫治疗工具 ----- 杨黎婷,陈静 1844
- PO-2824 克拉屈滨、阿糖胞苷联合维奈克拉方案治疗急性白血病的的作用机制研究 -----黄元宏,葛帅帅,王秒等 1845
- PO-2825 基于网络药理学的木犀草素治疗免疫性血小板减少症的机制研究及实验验证 ----- 张淑文,王宏伟 1845
- PO-2826 中性粒细胞制剂靶向骨髓递药促进多发性骨髓瘤的免疫治疗研究 -----张波,孙春艳,胡豫 1846
- PO-2827 16 例职业性慢性苯中毒的外周血淋巴细胞亚群分析 -----唐君玲,刘永生,牟玲等 1846
- PO-2828 分析 43 例职业性慢性苯中毒患者血细胞水平的变化 -----刘仟千,唐君玲,冉小雨等 1847
- PO-2829 AKT inhibitors enhance the sensitivity of TPR-FGFR1 cells to FGFR1 inhibitors induced apoptosis ----- Mengyao Lv,Feng Li 1847
- PO-2830 IFN- γ and TNF- α Synergistically Induce Mesenchymal Stem/Stromal Cell Death via RIPK1-Independent Necroptosis----- Xiang Ren,Jiali Huo,Xingxin Li etc. 1848
- PO-2831 组蛋白去甲基化酶 JMJD1C 订书肽激活剂的设计合成及促干细胞扩增研究 ----- 徐鑫 1849
- PO-2832 eccDNA 促进 DLBCL 进展的新机制以及靶向治疗策略探索 -----伍紫娟,王博雅,金晖等 1849
- PO-2833 氟暴露对 AML 骨髓间充质干细胞增殖和成骨分化的影响----- 廖玉丹 1850

- PO-2834 TSPAN32 通过促进 CD25 复合体形成
与稳定增强 CAR-T 细胞抗肿瘤功能-----邱强,孙媛媛,王渤川等 1850
- PO-2835 异质骨髓基质通过调控 S100A8/S100A9
表达水平驱动纤维化并影响芦可替尼疗效 ----- 冯秋天,黄健 1851
- PO-2836 纳米免疫治疗在血液肿瘤中的研究进展及临床转化前景 -----徐健,孙春艳,胡豫 1851
- PO-2837 一种新型 CD45 阳性循环肿瘤细胞的动物模型功能验证分析 -----陈小文,袁秀丽,崔秀芳等 1852
- PO-2838 脐血造血干细胞移植联合间充质干细胞治疗骨髓型
急性放射病小鼠的实验研究 -----侯怡西,任柯全,肖倩倩等 1853
- PO-2839 糖皮质激素通过增强 CD163-HMOX1 信号通路
促进红细胞成熟的机制研究 -----李梦佳,李旭东,张兵雷等 1853
- PO-2840 LAG-3 在肿瘤免疫中的作用 ----- 吴翌娴 1854
- PO-2841 Inhibition of MELK promotes megakaryocyte maturation and thrombopoiesis
in immune thrombocytopenia via Cofilin -----Xueqian Li,Jiaqian Qi,Chu Tiantian etc. 1854
- PO-2842 胞外巯基异构酶 ERp72 调控整合素 Mac-1 活性
影响中性粒细胞募集 -----徐旭林,李尧丰,Haoqing Jerry Wang 等 1855
- PO-2843 Involvement of PCSK9 in megakaryocyte reconstitution
following pediatric allogeneic hematopoietic stem cell transplantation -----Qi Wang 1856
- PO-2844 Loss of Cpt1a resulting in elevated glucose-fueled mitochondrial OXPHOS
and defective Hematopoietic Stem Cells ----- Jue Li 1856
- PO-2845 过继免疫治疗中基因修饰的 NK 细胞制备工艺的优化-----林昊龙,叶善炜,朱莉等 1857
- PO-2846 卡维地洛通过 β 3-AR/cAMP/PKA/STAT3/TopoII 信号
通路逆转 T-ALL 对地塞米松耐药的作用及研究-----徐艳朋,罗艳,张平等 1857
- PO-2847 维生素 B1 (硫胺素) 在耐药 ALL 中的代谢调控及辅助增敏作用 -----王凌燕,陈艳欣,吴正军 1858
- PO-2848 RNA 解旋酶 DDX3X 通过调控内质网应激反应
和细胞焦亡促进多发性骨髓瘤细胞存活 -----范凤娟,江仕骏,孙春艳等 1859
- PO-2849 脂联素受体激动剂 AdipoRon 抑制人骨髓间充质干细胞成脂分化----- 杨璐,王树娟 1859
- PO-2850 血液系统恶性肿瘤伴发第二肿瘤的临床特征及预后分析 -----程淑玉,方美云 1860
- PO-2851 肠道微生物代谢产物-异丁酸通过 PKM2/NLRP3 途径
诱导树突状细胞焦亡可能是重型再生障碍性贫血发病的重要因素 -----仲丛蔚,宋囡,梁晓炜等 1860
- PO-2852 重型再生障碍性贫血 PRMT5 介导 PKM2 甲基化
调控巨噬细胞焦亡的作用机制研究 -----仲丛蔚,宋囡,刘春燕等 1861
- PO-2853 鞘脂代谢与单核型急性髓系白血病对维奈克拉的耐药性有关 -----吴侯,赵磊,杨晋军等 1861
- PO-2854 贝利尤单抗对 ITP 患者 T 细胞的功能学改变 -----冯志惠,周泽平,谢东梅 1862
- PO-2855 Oncolytic vaccinia virus armed with anti-CD47 nanobody elicit
potent antitumor effects on multiple tumor models
via enhancing innate and adoptive immunity -----Shibing Wang,Liu Yang,WenBin Qian 1862
- PO-2856 HMGB2 Downregulation of PIK3IP1 Promotes PI3K Signaling
to Enhance NK Cell-Mediated Tumor Cytotoxicity ----- Sanxiu He,Yi Liu,Huihui Fu etc. 1863
- PO-2857 ipsc 重编程 ----- 王柏铮 1864
- PO-2858 血液肿瘤中的代谢重编程以及铁死亡 ----- 郭荣群,李晋 1864
- PO-2859 ScAAV-DJ/8-LP1-hFIXco 载体介导的基因治疗
在幼年小鼠中的实验研究 -----卜梓斌,楼金吐,徐卫群等 1865

- PO-2860 构建兔软骨脱细胞支架复合 BMSCs 的实验研究----- 徐菊菊,闫振宇 1865
- PO-2861 血小板激活肝癌细胞 TLR4/ADAM10/CX3CL1 轴促进肝癌转移 -----明章银,高嘉慧,陆濛等 1866
- PO-2862 α -酮戊二酸(α -KG)通过 JAK1/STAT3 通路诱导多发性骨髓瘤(MM)自噬----马娜丫,李琼,黄德智等 1866
- PO-2863 Low-dose Epirubicin as a Novel HDAC1 Inhibitor Exerts Anti-tumor Effect
on Leukemia Cells by Inducing Cell Ferroptosis-----杨官翠,蒋佩洁,李佳润等 1867
- PO-2864 青蒿琥酯通过 HDAC2 诱导急性髓系白血病细胞凋亡的机制研究----- 刘翠 1867
- PO-2865 STAT3 联合青蒿琥酯诱导急性髓系白血病细胞凋亡的研究----- 刘翠 1868
- PO-2866 AA 髓系和淋巴系细胞的凋亡和免疫程序变化----- Yaoyao Chen 1868
- PO-2867 通过乳酸化依赖性基因表达分析揭示 MLL-AML 的新型治疗靶点 -----刘丹,李晓莉,白丽云等 1869
- PO-2868 过表达 CRISPLD2 提高人脐带间充质干细胞
对急性移植物抗宿主病的治疗效果 -----徐晴,周亚,许玉溪等 1870
- PO-2869 再生障碍性贫血中免疫系统过度激活
诱导造血干细胞凋亡导致造血失败 -----王笑乾,岳保红,郭荣群 1871
- PO-2870 EZH2 抑制剂在治疗慢性移植物抗宿主病中的疗效及作用机制研究 -----徐晴,周亚,许玉溪等 1871
- PO-2871 过表达 KRT8 提高人脐带间充质干细胞
对急性移植物抗宿主病的治疗效果 -----周亚,徐晴,许玉溪等 1872
- PO-2872 Engineering a Controllable and Reversible Switch for CAR-T Cell Immunotherapy
via a Genetic Code Expansion System ----- Yue Liu,Lingna An,Yueyu Dai etc. 1872
- PO-2873 SLC25A39 在造血干细胞功能调控中的作用及机制研究 -----关东伟,杨世杰,吉锐等 1873
- PO-2874 VDAC2 promotes rituximab resistance in diffuse large B-cell lymphoma ----- Qiong Li,Jun Rao 1873
- PO-2875 Afatinib boosts CAR-T cell antitumor therapeutic efficacy
via metabolism and fate reprogramming -----Yueyu Dai,Liu Yue,An Lingna etc. 1874
- PO-2876 基于单细胞 ATAC-seq 数据解析子宫内膜癌微环境中 MSCs 的恶变机制----- 肖岳敏,张曦 1875
- PO-2877 MSCsDB: 间充质干细胞单细胞转录组学图谱和综合分析数据库 ----- 余苗,张曦 1875
- PO-2878 红细胞载阿霉素治疗急性髓系白血病的应用研究 ----- 陈梦然,吴俣 1876
- PO-2879 MUC4 基因突变促进补体沉积
并增加阵发性夜间血红蛋白尿患者血栓事件的风险 ----- 陈颖莹,付蓉 1876
- PO-2880 1 例血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤
合并双肺感染导致右臂大片带状疱疹的护理体会 ----- 李莎莎 1877
- PO-2881 护理干预在提高再生障碍性贫血治疗依从性的应用效果。 ----- 彭清华 1878
- PO-2882 1 例 ALL 合并深静脉血栓形成患儿的护理 ----- 刘丽萍 1878
- PO-2883 1 例高危神经母细胞瘤患儿应用那西妥单抗免疫治疗的个案护理 ----- 刘丽萍 1878
- PO-2884 中西医结合治疗下基于加压疗法
和康复锻炼的护理方案对化疗所致周围神经病变的影响研究 ----- 陈云 1879
- PO-2885 25 例淋巴瘤合并噬血细胞综合征患者护理经验总结及策略探讨 ----- 陈云 1879
- PO-2886 预见性护理在重型再生障碍性贫血患者并发症中的应用 ----- 刘晶晶 1880
- PO-2887 预见性护理在血液科患者并发症发生率和护理满意度的中的应用效果 ----- 王含 1880
- PO-2888 渐进性肌肉放松训练对血液肿瘤患者化疗相关性恶心呕吐及睡眠质量的影响 ----- 尹爽爽 1881
- PO-2889 血液肿瘤患者普通病房输液连接细菌定植情况分析及对策探讨 ----- 肖楚千,杜欣 1881
- PO-2890 运用 cinas 表格的静脉输液港功能分级评估与干预流程在临床中的运用 ----- 肖楚千,杜欣 1881
- PO-2891 舒适护理在 PICC 置管血液肿瘤患者中的应用效果分析----- 杨鹏,杜欣 1882
- PO-2892 低温疗法在美法仑所致口腔黏膜炎防治中的疗效观察 ----- 刘丹 1882

- PO-2893 全环境保护护理在异体骨髓移植术后患者中的应用效果 ----- 沈聪聪 1883
- PO-2894 连续性血液透析疗法治疗儿童急性肾损伤效果比较 ----- 惠彬彬 1883
- PO-2895 肾性贫血和透析频次的对比 ----- 惠彬彬 1883
- PO-2896 医护患一体化管理对患者管理水平的影响 ----- 惠彬彬 1884
- PO-2897 白血病化疗患者相关性口腔黏膜炎风险预测模型的构建 ----- 杨燕澜 1884
- PO-2898 Application of a modified novel ice cap technique in patients
with high fever for hematological malignancy ----- Shasha Li 1885
- PO-2899 基于智能护理平台的药物医嘱闭环管理系统
在造血干细胞移植术后患者中的应用效果研究 ----- 刘程渝,杜欣 1886
- PO-2900 人性化护理在急性鼻出血白血病患者中的干预效果研究 ----- 刘程渝,杜欣 1886
- PO-2901 基于集束化护理在预防血液肿瘤患者呼吸机面罩所致不良反应的应用效果研究 ----- 刘程渝,杜欣 1887
- PO-2902 血液恶性肿瘤患者在嵌合抗原受体 T 细胞治疗期间
生活质量的变化及其影响因素研究 ----- 严佳丽,丁淑怡,黄丽华等 1887
- PO-2903 造血干细胞移植患者 PICC 相关血流感染预防方案的构建及应用 ----- 徐慧菊,彭映,于姗姗 1888
- PO-2904 一例以阴茎持续异常勃起为表现的慢性粒细胞白血病护理体会 ----- 李雪雪,兰大华 1888
- PO-2905 基于循证及 RCA2 分析的 1 例 PICC 非计划拔管改进 ----- 李青青,王欣,句明珠 1889
- PO-2906 以症状管理为核心的 1 例系统性硬化症行自体造血干细胞移植护理 ----- 李青青,王欣,光晓春 1889
- PO-2907 骨髓及造血干细胞移植患者置入中心静脉导管的护理 ----- 曹剑波 1889
- PO-2908 ADOPT 模式护理干预在预防血液病患者化疗期间胃肠道症状中的应用 ----- 罗健 1890
- PO-2909 8 例嵌合抗原受体 T 细胞治疗复发难治性淋巴瘤病例报告及护理 ----- 曾荔,杜欣,冯雪等 1890
- PO-2910 23 例异基因造血干细胞移植治疗老年恶性血液病患者的护理 ----- 张秋会,徐丽,解文君 1891
- PO-2911 共享决策理念支持下护患互动干预在急性白血病
造血干细胞移植术后患者中的应用 ----- 贾玉 1891
- PO-2912 “互联网+延续护理居家服务”在造血干细胞移植术后患者中的应用 ----- 贾玉,杜金叶 1892
- PO-2913 个案管理模式在恶性血液病 PICC 带管患者全程管理中的应用研究 ----- 张琼 1892
- PO-2914 延续护理在成人血液肿瘤患者中的应用效果评价 ----- 张慧弟 1893
- PO-2915 重型再障患者半相合骨髓移植术后急性肠道排异期心理护理研究 ----- 张慧弟 1893
- PO-2916 系统性护理干预在降低成人急性髓系白血病化疗期间口腔黏膜炎发生率中的应用 ----- 王瑞 1894
- PO-2917 基于护理质量反馈理论构建的延续性护理模式
应用于多发性骨髓瘤患者中的效果 ----- 李雪雪,兰大华 1894
- PO-2918 自我管理教育对白血病患儿父母心理状况、疾病家庭管理情况的影响 ----- 赵航 1895
- PO-2919 成人急性髓系白血病患者血清 HIF-1 α 、HO-1、TPO 水平对患者短期预后的预测价值 ----- 金唤然 1896
- PO-2920 积极心理学视角下造血干细胞移植术后患者癌症复发恐惧现状及其影响因素分析 ----- 谢小艳 1896
- PO-2921 单倍体造血干细胞移植患者并发真菌感染的相关因素分析及护理 ----- 黄颖 1897
- PO-2922 基于症状管理理论的护理干预对老年白血病患者生活质量的影响 ----- 石丽鹃,兰大华 1897
- PO-2923 基于循证护理实践在预防血液肿瘤化疗患者口腔黏膜炎中的应用 ----- 朱红平,潘娟 1897
- PO-2924 健康教育在血液病住院患者 VTE 防治中的作用 ----- 王亚妮 1898
- PO-2925 造血干细胞移植患者耐药菌感染预防护理质量评价体系的构建 ----- 张秋会,范炯同,徐丽等 1898
- PO-2926 智慧输液系统在造血干细胞移植病房的应用 ----- 张秋会,徐丽,张玲等 1899
- PO-2927 老年白血病患者经济毒性现状及其对生存质量的影响 ----- 潘娟 1899
- PO-2928 恶性血液病患者化疗致周围神经炎现状调查及影响因素分析 ----- 陈梅华,张枫清,陈玉莎 1900
- PO-2929 一次性使用压力延长管在 allo-HSCT III-IV 度出血性膀胱炎尿管堵塞中的应用 ----- 胡正红 1900

| | | |
|---------|---|-----------------------------|
| PO-2930 | 血液科 PICC 置管患者院外护理现状调查及应对措施----- | 彭冲 1900 |
| PO-2931 | PDCA 在白血病患者 PICC 护理中的效果研究----- | 肖文静 1901 |
| PO-2932 | 透析患者教育与管理----- | 李婧 1902 |
| PO-2933 | 静疗小组护理模式对血液肿瘤化疗成人 picc 置管成功率及满意度的影响观察----- | 张慧洁 1902 |
| PO-2934 | 造血干细胞移植后病人皮肤排异反应加强心理护理的必要性----- | 田雨 1903 |
| PO-2935 | 危急值报告在血液内科治疗与护理安全管理中的应用与体会分析----- | 姚诗曼 1903 |
| PO-2936 | 嗜血细胞综合症护理----- | 付海霞 1904 |
| PO-2937 | 嗜血细胞综合症----- | 付海霞 1904 |
| PO-2938 | 嗜血细胞综合症的护理----- | 付海霞 1904 |
| PO-2939 | 白血病癌痛患者的管理----- | 梁庆丰 1905 |
| PO-2940 | 肿瘤住院患者疼痛管理在安宁疗护人文关怀中的实践与效果分析----- | 刘欢,白燕妮 1905 |
| PO-2941 | 1 例急性髓系白血病老年患者行二次挽救性单倍体造血干细胞移植的护理----- | 张秋会,徐丽,张玲等 1906 |
| PO-2942 | 基于 QFD 创新型品管圈构建血液肿瘤患者 CINV 干预体系----- | 陈爱玲,白燕妮 1907 |
| PO-2943 | 血液肿瘤患者心理痛苦、应对方式、希望水平及心理弹性的相关性研究----- | 强鹏雅,白燕妮 1907 |
| PO-2944 | 基于健康信念模型的多发性骨髓瘤患者信息需求影响因素研究----- | 吕文艳,白燕妮 1908 |
| PO-2945 | 达雷妥尤单抗治疗复发难治性多发性骨髓瘤不良反应临床特征分析----- | 白燕妮 1908 |
| PO-2946 | 基于 QFD 创新性品管圈降低血液肿瘤焦虑患者 CINV 的发生率----- | 白燕妮 1909 |
| PO-2947 | 血液肿瘤患者疼痛现状调查----- | 白燕妮 1909 |
| PO-2948 | 扩皮刀于扩皮针在血液科患者 picc 置管中的应用----- | 刘晶 1909 |
| PO-2949 | MDS 患者的护理----- | 夏海霞 1910 |
| PO-2950 | 早期康复护理训练对造血干细胞移植术后患者的疗效观察----- | 梁庆丰 1910 |
| PO-2951 | 不同冲封管间隔对输液港并发症的 Meta 分析----- | 夏启健 1910 |
| PO-2952 | 血液系统恶性肿瘤老年病患的身心特点及综合性护理方法----- | 刘珊 1911 |
| PO-2953 | 多元化护理在白血病骨髓抑制并发肛周感染治疗中的应用----- | 邓欢 1911 |
| PO-2954 | 安宁疗护对恶性血液病患者主要照顾者心理应激及负面情绪的影响----- | 王颖,靳迎,卫晶晶 1912 |
| PO-2955 | 住院非霍奇金淋巴瘤患者情绪及心理状态调查----- | 林荣桂 1912 |
| PO-2956 | 叙事护理在异基因造血干细胞移植期间的应用观察----- | 刘倩云 1913 |
| PO-2957 | Safety, feasibility, and efficacy of exercise interventions in patients with hematologic malignancy during chemotherapy: a systematic review and meta-analysis----- | Yuqin Luo, Yingli Wang 1913 |
| PO-2958 | 血液科患者 ICU 后综合征症状体验和心理感受的质性研究----- | 张慧玲,靳迎,卫晶晶 1914 |
| PO-2959 | 血液系统疾病患者健康信息需求现状及影响因素分析----- | 梁桃云,王颖莉 1914 |
| PO-2960 | PICC 应用于 68 例恶性血液系统疾病化疗患者的护理体会----- | 惠晓培 1915 |
| PO-2961 | 疼痛管理在多发骨髓瘤患者中的应用效果观察及其对患者自我管理能力的影 | 朱冬梅 1915 |
| PO-2962 | 低温疗法在美法仑所致自体造血干细胞移植患者口腔黏膜炎防治中的疗效观察----- | 刘丹 1915 |
| PO-2963 | 1 例骨髓增生异常综合征合并假性高钾血症患者的护理----- | 张英 1916 |
| PO-2964 | 新型一次性使用防针刺逆流静脉采血器应用体会----- | 欧剑锋,张静 1916 |
| PO-2965 | Pender 健康促进理论干预在急性白血病患者化疗期间的应用效果----- | 杨艳,靳迎、卫晶晶 1916 |
| PO-2966 | PICC 置管健康教育效果和影响因素分析----- | 徐梦琦 1917 |
| PO-2967 | 自我调节理论指导健康教育在急性白血病患者护理中的应用及对疾病感知的影响----- | 卫晶晶,靳迎、杨艳 1917 |
| PO-2968 | 四化护理管理对老年急性髓系白血病患者癌因性疲乏的影响分析----- | 张晓 1918 |

- PO-2969 多发性骨髓瘤患者骨病管理的护理策略研究 ----- 张晓 1918
- PO-2970 基于精细化护理的成人和儿童 R/R B-ALL 患者
贝林妥欧单抗治疗的全面护理方案分析 ----- 张晓 1919
- PO-2971 医院焦虑抑郁量表在淋巴瘤患者中应用信效度分析 ----- 吕静,蒋翠婷,刘婷婷等 1919
- PO-2972 血液科肿瘤患者外周中心静脉导管并发症的处理及预防 ----- 耿丽萍 1920
- PO-2973 血液肿瘤病人中心静脉导管感染的相关因素分析及护理对策 ----- 耿丽萍 1920
- PO-2974 多发性骨髓瘤患者运动干预的最佳证据总结 ----- 韩世钰,褚红,应秀华等 1920
- PO-2975 结构化皮肤管理模式在重症造血干细胞术后
并发肠道排异患者失禁性皮炎预防管理的效果 ----- 陈雪梅 1921
- PO-2976 1 例极重型再生障碍性贫血伴真菌感染患者
行异基因造血干细胞移植的护理 ----- 赵钰杰,刘玉秋,彭复聪等 1921
- PO-2977 罗伊适应模式在造血干细胞移植护理中的应用 ----- 李娅婷 1922
- PO-2978 造血干细胞移植患者多组中心静脉通路的安全管理 ----- 管伟 1922
- PO-2979 集束化护理在造血干细胞移植术后并发皮肤移植抗宿主病中的应用效果 ----- 构婕娣 1923
- PO-2980 造血干细胞移植术后皮肤排异相关护理综述 ----- 陈颖 1923
- PO-2981 恶性淋巴瘤伴梅毒患者行异基因造血
干细胞移植发生严重生殖器疱疹病毒感染的护理 ----- 张娜,胡凯,克晓燕 1923
- PO-2982 基于时机理论的 CAR-T 细胞免疫治疗患者的心身体验
及支持性照顾需求的研究进展 ----- 李辉 1924
- PO-2983 异基因造血干细胞移植联合异体嵌合抗原
受体 T 细胞治疗复发难治血液病患者的护理 ----- 张娜,胡凯,克晓燕 1924
- PO-2984 血液恶性肿瘤患者癌因性疲乏护理的实证研究 ----- 常春艳,崔岩 1925
- PO-2985 导尿管的改良式在血小板低且凝血指标异常的应用效果观察 ----- 郭苏玲,魏艳荣 1925
- PO-2986 冷疗凝血酶冻干粉微填塞技术在白血病患者难治性鼻出血中的疗效观察 ----- 胡丹,杜欣,饶军等 1926
- PO-2987 2 例成人造血干细胞移植后并发皮肤移植抗宿主病 IV 度皮肤排异的护理 ----- 石爱娟,潘娟 1926
- PO-2988 延续性护理对老年慢病患者用药安全及生活质量的影响探究 ----- 郭侠 1926
- PO-2989 异基因造血干细胞移植前具身体验 360 度
知识类短视频的移植患者抑郁情绪和生活质量的研究 ----- 吴承萍,兰大华 1927
- PO-2990 复方黄柏液联合德湿银敷料促进白血病患者
肛周脓肿及肛瘘术后创面愈合的临床研究 ----- 吴承萍,兰大华 1927
- PO-2991 浅谈个性化心理护理在血液科患者护理中的重要性 ----- 王艳玲,余梦婷 1928
- PO-2992 循证护理预防白血病患者经外周静脉穿刺置入中心静脉导管后持续渗血的效果观察 ----- 谭倩 1928
- PO-2993 1 例白血病移植后复发患者实施临终关怀的体会分析 ----- 刘娜 1929
- PO-2994 针对初治白血病患者系统性心理护理干预 ----- 马园园 1929
- PO-2995 循证护理对淋巴瘤化疗患者生活质量 和心理情绪的影响评价 ----- 张志红 1930
- PO-2996 互动式患者参与在造血干细胞移植术后康复中的研究进展 ----- 陈舒柳 1930
- PO-2997 集束化干预对预防移植患者耐高压双 PICC 置管后
并发机械性静脉炎及疼痛应用 ----- 乔娟琼,刘艳,周茵 1930
- PO-2998 1 例急性白血病经同一血管重复 CVC 置管后发生感染伴血栓形成的护理体会 ----- 景婷 1931
- PO-2999 提升成人造血干细胞移植患者营养管理质量的探讨 ----- 张志娟 1931
- PO-3000 口腔低温氧气吹拂法在急性白血病患者化疗后口腔粘膜中的应用 ----- 张英 1932

- PO-3001 三级预防护理联合干细胞上清液漱口对恶性血液病患者化疗期间口腔粘膜的干预效果 ----- 宗雪莲,刘慧萍 1932
- PO-3002 如何从透析护理上改善尿毒症患者的生活质量 ----- 蒋密 1933
- PO-3003 “互联网+” 4C 延续护理对造血干细胞移植出舱患者负性情绪及自我效能的影响研究 ----- 庞颖颖 1933
- PO-3004 一例异基因造血干细胞移植术后患儿并发肠道移植物抗宿主病联合输注脐带间充质干细胞 (MSC) 的护理 ----- 刘娜,王丽娟,胡伟 1934
- PO-3005 造血干细胞移植术后患者体能恢复现状及影响因素研究 ----- 胡伟 1934
- PO-3006 Nursing management of a case presenting with reactivation of SARS-COV-2 concurrent with fungal haemophilic lymphohistiocytosis. ----- Na An,Ailing Wei,Qiong Liu etc. 1934
- PO-3007 血浆置换的时机对发热伴血小板减少综合征合并噬血细胞综合征的护理措施与疗效观察。 ----- 刘海叶,苏梅芳,吴耀辉等 1935
- PO-3008 基于根因分析法的预见性防范管理在血液肿瘤并发感知觉障碍引起药物外渗的效果观察 ----- 全晓荣,白燕妮 1935
- PO-3009 一例外周 T 细胞淋巴瘤合并气管切开患者的临终照护 ----- 全晓荣 1936
- PO-3010 CINV 全程管理在淋巴瘤患者化疗的中应用 ----- 安娜,魏爱玲,侯舒严 1936
- PO-3011 白血病终末期患者实施安宁疗护研究 ----- 安娜,魏爱玲,刘琼 1937
- PO-3012 KTH 整合护理用于恶性淋巴瘤患者化疗期间对患者负性情绪及心理弹性的影响 ----- 杜雪,白燕妮 1937
- PO-3013 个案管理的延伸护理服务对慢性粒细胞白血病患者自我管理能力及生活质量的影响 ----- 安娜 1938
- PO-3014 淋巴瘤化疗患者应用优质护理服务的价值探析 ----- 侯舒严,杨婷,魏爱玲 1938
- PO-3015 音乐疗法联合理性情绪疗法对恶性血液病患者化疗后不良情绪和生活质量的影响 ----- 杜雪,白燕妮 1939
- PO-3016 将集束化护理如何应用于贫血患者的跌倒中 ----- 景莹 1939
- PO-3017 互联网健康平台在淋巴瘤患者健康教育中的应用 ----- 李雪娇,魏爱玲,席婧菲等 1939
- PO-3018 护理干预对血液病科患者生活质量的影响研究 ----- 李雪娇,魏爱玲,席婧菲等 1940
- PO-3019 1 例手臂输液港置管后血栓形成原因分析及预防 ----- 刘琼,安娜 1940
- PO-3020 基于罗伊适应模式下构建血液肿瘤患者生活功能筛查表的应用探索 ----- 魏爱玲,邹彩祖 1941
- PO-3021 慢性疾病轨迹模式应用于多发性骨髓瘤患者的全程管理效果观察 ----- 魏爱玲,邹彩祖,刘琼等 1941
- PO-3022 个性化护理对缓解造血干细胞移植患者焦虑心理的影响 ----- 蒋丽娟 1942
- PO-3023 基于视频回授法联合行为回放对院外 PICC 携带患者的延续性护理研究 ----- 魏爱玲,邹彩祖,侯舒严等 1942
- PO-3024 三维质量结构模式在 PICC 置管患者非计划性拔管中的管理研究 ----- 魏爱玲,安娜,魏丽霞等 1943
- PO-3025 叙事护理“3554”四叶草模型应用于血液恶性肿瘤患者的效果观察 ----- 魏爱玲,席婧菲,邹彩祖等 1943
- PO-3026 护理干预在血液病科患者预防感染和并发症中的应用研究 ----- 魏芙蓉 1943
- PO-3027 静脉输液并发症的护理干预对血液病患者疼痛控制的影响研究 ----- 魏芙蓉 1944
- PO-3028 氯己定漱口液联合口腔护理在预防造血干细胞移植口腔溃疡中的效果观察 ----- 李芳芳 1944
- PO-3029 循证护理在缓解恶性淋巴瘤患者化疗期间焦虑情绪的效果观察 ----- 魏芙蓉 1945
- PO-3030 芬太尼透皮贴剂治疗异基因造血干细胞移植相关性口腔粘膜炎的镇痛效果及安全性研究 ----- 李芳芳 1945
- PO-3031 中心静脉导管相关性血栓形成的原因及危险因素的分析 ----- 席婧菲,魏爱玲 1945

- PO-3032 预见性护理干预对白血病化疗患者便秘发生率及生活质量的效果观察 ----- 赵远霞,安娜 1946
- PO-3033 肿瘤患者康复护理的临床应用 ----- 邹彩祖 1946
- PO-3034 思维导图在异基因造血干细胞移植患者自服药物中的应用效果 ----- 喻新容 1947
- PO-3035 指引式重点护理质控项目表对血液科护理质量管理的影响 ----- 喻新容 1947
- PO-3036 自我同情在血液肿瘤患者医学应对方式与恐惧疾病进展间的中介效应 ----- 徐静,于潇,李丽云等 1948
- PO-3037 造血干细胞移植后患者营养支持与饮食护理的研究 ----- 力桂君 1948
- PO-3038 基于 Donabedian 理论的血液肿瘤患者
肛周感染护理质量评价指标体系构建 ----- 杜欣,唐露,王雪等 1949
- PO-3039 化疗相关性膀胱炎的预防与护理措施 ----- 张德香 1949
- PO-3040 血液内科老年患者化疗后基础护理研究 ----- 高敏伟 1950
- PO-3041 血液病患者营养风险评估及干预措施研究 ----- 蒋丽全 1950
- PO-3042 精细化层级管理在血液科护理实习生教学查房中的应用探讨 ----- 何先娥 1950
- PO-3043 造血干细胞移植患者术前逆境商调查及影响因素分析 ----- 姜燕,宋成丹 1951
- PO-3044 1 例下肢深静脉血栓患者的护理体会 ----- 宋丽娜 1951
- PO-3045 DRGs 支付政策下护士的经济效力
在血液肿瘤日住一体化全病程管理模式中的应用效果分析 ----- 陈斌 1952
- PO-3046 预见性护理在间充质膀胱冲洗患者的应用效果评价 ----- 韩学军 1952
- PO-3047 潜在剖面分析血液病患者住院饮食模式与营养状况变化的轨迹 ----- 于潇,赵婧余,徐静等 1953
- PO-3048 基因治疗对输血依赖型 β -地中海贫血患儿
及主要照护者的影响: 纵向研究 ----- 匡哲湘,王安妮,于潇等 1953
- PO-3049 微血管鞘钝性分离联合小切口在恶性血液病化疗患者
改良赛丁格技术 PICC 置管中的应用 ----- 邓巧玲 1954
- PO-3050 基于患者旅程地图的全程护理在血液病患者中的应用研究 ----- 匡哲湘,于潇,王安妮等 1954
- PO-3051 不同血细胞分离机采集程序对健康供者造血干细胞采集物细胞成分的影响 ----- 王斐 1955
- PO-3052 慢性粒细胞白血病智慧化规范管理成效 ----- 刘敏杰,方云,潘娟等 1955
- PO-3053 一例 T 淋巴母细胞白血病伴 CNSL、放射
治疗致肌无力合并糖调节受损患者行异基因干细胞移植的护理 ----- 于晓雯 1956
- PO-3054 PDCA 循环护理对血液净化患者依从性及并发症的影响分析 ----- 项阳 1956
- PO-3055 造血干细胞移植术前护理宣教对护理工作质量与效率的影响 ----- 张天琰 1957
- PO-3056 精心呵护, 移路随行——精细化管理在一例
再生障碍性贫血 allo-HSCT 后并发蛛网膜下腔出血护理中的应用 ----- 高蕾 1957
- PO-3057 超声引导下穿刺在儿童外周静脉困难穿刺中的应用研究 ----- 李雪梅,杨燕澜 1957
- PO-3058 健康教育在小儿恶性实体肿瘤化疗期间的应用价值 ----- 张媛 1958
- PO-3059 中线导管在儿童造血干细胞移植围手术期静脉输液中的应用 ----- 杨燕澜 1959
- PO-3060 大健康人文视角下白血病患儿家属哀伤辅导的实践 ----- 杨燕澜 1959
- PO-3061 1 例儿童行造血干细胞移植后并发移植物抗宿主病 IV 度皮肤排异的护理 ----- 张媛 1959
- PO-3062 浅析安宁疗护模式在儿童肿瘤临床护理实践 ----- 张媛 1960
- PO-3063 以家庭为中心的护理交接班模式在儿童血液肿瘤科的应用效果 ----- 尹艳,杨燕澜 1960
- PO-3064 中心静脉导管留置时间与血流导管相关性感染之间的关系:
对重型 β -地中海贫血造血干细胞移植患儿的回顾性分析 ----- 罗媛,张璐瑒,尹艳等 1961
- PO-3065 血液肿瘤患者治疗负担现状及相关影响因素 ----- 王嫛嫛,孙燕飞 1961
- PO-3066 造血干细胞移植术期间患者心理问题相关因素分析及护理对策 ----- 张天琰 1962

- PO-3067 不同抗凝剂比例对干细胞采集供者血小板计数的影响 ----- 李雪梅,杨燕澜 1962
- PO-3068 Orem 自护模式结合多元化护理干预
对血液恶性肿瘤化疗患者 PICC 置管期间自我护理能力及并发症的影响 ----- 余梦婷 1963
- PO-3069 低温氧气疗法在血液肿瘤化疗后防治口腔粘膜炎的应用研究 ----- 蒋立谊 1963
- PO-3070 根据抗人 T 细胞猪免疫球蛋白(ALG)皮试结果调整其输注速度的探讨 ----- 刘茜 1964
- PO-3071 心理干预对儿童淋巴瘤化疗后恢复的影响 ----- 刘文吉 1964
- PO-3072 造血干细胞移植儿童使用 0.9%生理盐水
和淡肝素封管在预防中心静脉导管堵管方面的随机对照研究 ----- 叶芳,尹艳 1965
- PO-3073 成人血液恶性肿瘤患者嵌合抗原受体 T 细胞免疫
治疗期间症状管理的研究进展 ----- 成荫,严佳丽,程琼等 1966
- PO-3074 疼痛护理配合临终关怀对造血干细胞移植后复发患者疼痛程度的影响分析 ----- 何露 1966
- PO-3075 预防跌倒与坠床护理管理模式在造血干细胞移植后患者中的应用效果 ----- 何露 1967
- PO-3076 基于个体需求的舒适护理对造血干细胞移植后
复发患者心理状态、疼痛情况及生存质量的影响 ----- 何露 1967
- PO-3077 13 例异基因造血干细胞移植患者合并 HSV-1 感染性口炎的护理 ----- 张秋会,徐春晖,徐丽等 1968
- PO-3078 儿童恶性血液肿瘤化疗后粒细胞缺乏伴发热期中心
静脉导管相关并发症的原因分析及护理方法总结 ----- 梁银仪,杨燕澜 1968
- PO-3079 造血干细胞移植期间患者心理护理的研究进展 ----- 张甜 1969
- PO-3080 预见性护理对淋巴瘤患者自体造血干细胞移植治疗效果与生存质量的影响 ----- 黄静 1969
- PO-3081 糖尿病合并肿瘤出现低血糖反应的预防措施及护理对策 ----- 黄静 1970
- PO-3082 血液肿瘤患者化疗后中性粒细胞缺乏真实数据分析与风险因素研究 ----- 雷波 1970
- PO-3083 坐式八段锦联合抗阻运动对造血干细胞移植后患者早期体能恢复的影响 ----- 唐全希,吴芳芳 1971
- PO-3084 9 例复发难治性多发性骨瘤患者行自体
造血干细胞移植联合 CAR-T 细胞治疗并发症的护理 ----- 刘鹏,全凤琼,李婧等 1971
- PO-3085 血液专科护士应用仿真情境模拟培训方案在疼痛管理中效果 ----- 兰大华,邓佳,文钦等 1972
- PO-3086 基于 4R 危机管理理论的 QC 活动小组
在血液肿瘤住院患者院内压力性损伤管理中的价值 ----- 郑晓茂 1972
- PO-3087 可视化护患协作式出入量记录微信小程序在血液肿瘤患者出入量全程管理中的应用 ----- 郑晓茂 1973
- PO-3088 VSD 技术在治疗 1 例儿童恶性血液病人药物外渗所致皮肤溃疡中的护理观察 ----- 郑晓茂 1973
- PO-3089 军队医院合同制血液内科男护士工作体验的质性研究 ----- 陶俊,陈玲 1974
- PO-3090 经鼻高流量湿化氧疗在血液肿瘤并发急性呼吸衰竭患者中的临床应用 ----- 陶俊,饶军,陈玲 1974
- PO-3091 激励式护理联合人文关怀对造血干细胞移植患者心理状态及治疗依从性的影响 ----- 马燕琼 1974
- PO-3092 全程营养管理对改善造血干细胞移植患者营养状况的疗效观察 ----- 马燕琼 1975
- PO-3093 观察肿瘤患者进行 NRS2002 营养风险筛查后营养干预护理的效果体会 ----- 颜寒,刘婷婷,吕静等 1975
- PO-3094 护理精准健康视角下恶性血液病患者多元靶向干预策略构建及实证研究 ----- 崔岩,陈明明 1975
- PO-3095 个性化延续护理在化疗后白细胞降低患者中的应用及效果分析 ----- 周秀均,刘婷婷、吕静等 1976
- PO-3096 异基因造血干细胞移植术后肺部感染行
纤维支气管镜下肺泡灌洗术临床护理方案的应用效果 ----- 张愉,颜洁,刘洁 1976
- PO-3097 CAR-T 治疗自身免疫性溶血性贫血的护理管理 ----- 王为为,王安妮,董瑾等 1977
- PO-3098 老年 MDS 患者合并衰弱的患病体验与应对的质性研究 ----- 刘亚婷,赵金影,张倩倩等 1977
- PO-3099 补充与替代医学在血液系统疾病中的研究进展 ----- 张琳,颜洁 1978

- PO-3100 42 例异基因造血干细胞移植后
并发出血性膀胱炎患者行持续膀胱冲洗的护理 -----张会娟,孙菲菲,贾崧等 1978
- PO-3101 集束化护理管理对第三方脐血输注不良事件的影响 -----张秋会,范炯同,蒋本佳等 1979
- PO-3102 分级防治方案在多发性骨髓瘤患者化疗所致周围神经病变中的应用 -----李思 1979
- PO-3103 利用 PDCA 方法改进多例异基因造血干细胞移植后皮肤表皮松解症的护理 -----胡正红,李艳君 1980
- PO-3104 饮食因素对异基因造血干细胞移植结局的影响和思考 -----陈裕平 1980
- PO-3105 老年血液肿瘤患者衰弱现状及其影响因素的研究 -----赵金影,解文君,刘亚婷等 1981
- PO-3106 造血干细胞移植护士职业压力的现状及对策 -----任晓旭,刘芮宏,吕聪聪等 1982
- PO-3107 对初治白血病患者化疗后减少口腔黏膜感染健康教育的应用 -----井露 1982
- PO-3108 血液肿瘤患者社会心理适应轨迹的扎根理论研究 -----闵媛,孙燕飞 1982
- PO-3109 骨髓增生异常综合征患者的个案护理管理 -----吴璠 1983
- PO-3110 预见性护理联合短波紫外线治疗仪
对急性白血病患者化疗后口腔黏膜炎的预防效果观察 -----靳迎,张慧玲,卫晶晶等 1983
- PO-3111 吉布斯反思循环在血液肿瘤病房新入职护士临床教学中的应用 -----兰大华,张曦 1984
- PO-3112 基于自我报告的急性白血病患者生活质量现状及照顾者负担的现况调查 -----兰大华,张曦 1984
- PO-3113 淋巴瘤患者化疗期过渡护理干预方案的构建 -----冯丽娜,贺瑾 1985
- PO-3114 淋巴瘤化疗患者多维症状体验的动态网络演化分析 -----贺瑾,冯丽娜 1985
- PO-3115 个性化护理在肿瘤患者静脉治疗中心静脉导管维护中的应用效果分析 -----时晓贞 1986
- PO-3116 中文版患者报告结局测量信息系统 PROMIS-29 2.1
在恶性血液病患者中的测量学检验 -----张倩倩,赵金影,刘亚婷等 1986
- PO-3117 肺癌化疗患者上肢 PICC-CRT 形成相关因素探究 -----康超楠,郑婧,刘淼等 1987
- PO-3118 个性化随访与标准化随访在骨髓移植术后患者的应用效果对比 -----许淑惠 1987
- PO-3119 湿敷法对低血小板患者鼻粘膜出血发生率影响的观察 -----李帅帅 1988
- PO-3120 中医经络在血液恶性疾病患者化疗引起恶心
呕吐 (CINV) 防治中的应用研究 -----廖芳,蒋雪梅,力桂君等 1988
- PO-3121 1 例 IV 度骨髓抑制并发鼻-脑-眶毛霉菌病感染患者的护理 -----殷采翰,罗旭霞 1989
- PO-3122 集束化护理管理在降低成人急性髓系白血病化疗后
口腔黏膜炎发生率中的应用 -----苏芻,肖韶连,兰大华 1989
- PO-3123 1 例急性淋巴细胞白血病异基因造血干细胞移植术后
血栓性微血管病伴下肢坏疽及多重耐药菌感染的护理 -----罗婷 1990
- PO-3124 使用冷冻水垫对血液科发热患者的降温效果观察 -----唐薇婷 1990
- PO-3125 采用 5E 模式联合 ACBT 技术对降低血液肿瘤化疗
患者肺部感染中的效果分析 -----郑茜玲,张晶,罗苒 1990
- PO-3126 基于 CiteSpace 的白血病症状群文献计量学可视化分析 -----杨润瑜 1991
- PO-3127 以生物-心理-社会医学模式为基础的多角度护理
对再生障碍性贫血患者自我感受负担及预后的影响分析 -----皮凌月 1991
- PO-3128 8 例异基因造血干细胞移植后肠道移植植物宿主病的观察与护理 -----刘洁,颜洁,张愉等 1992
- PO-3129 输注 ATG 免疫抑制剂的发热护理 -----马婷 1992
- PO-3130 感控措施对血液肿瘤化疗患者感染发生率的影响 -----郑茜玲,张晶,罗苒 1993
- PO-3131 睡眠护理干预在血液移植后患者睡眠障碍中的应用 -----马婷 1993
- PO-3132 虫咬伤致 4 级骨髓抑制急性白血病患者截指的护理 -----杨新星,谢洪琼,韩吉华等 1993
- PO-3133 血液移植患者发热护理 -----马婷 1994

- PO-3134 造血干细胞移植患者肛周皮肤色素沉着破溃的护理 ----- 马婷 1994
- PO-3135 亚叶酸钙湿敷在大剂量甲氨蝶呤所致皮肤损伤中的护理应用 ----- 孙恒蕊,冯一梅,吴芳芳等 1994
- PO-3136 FACT-G7 量表在慢性髓系白血病患者中的信效度检验 ----- 陈凤姣,高盼盼 1995
- PO-3137 基于全程风险管理的智能云端防控管理服务平台
在恶性血液肿瘤 患者静脉血栓全程化管理中的应用研究 ----- 孙恒蕊,吴芳芳,王丽等 1996
- PO-3138 总结分析血液移植呕吐患者的护理有效措施 ----- 马婷 1996
- PO-3139 同伴支持健康教育对造血干细胞移植术后患者癌因性疲乏、
应对能力及生活质量的影响 ----- 孙恒蕊,吴芳芳,王丽等 1997
- PO-3140 基于问题导向的教育干预对淋巴瘤化疗患者心理弹性和生活质量的影响 ----- 李思 1997
- PO-3141 血液肿瘤患者化疗所致恶心呕吐的管理现状及对策分析 ----- 沈宏宇,陈凤娇,张川莉等 1998
- PO-3142 2 例 TAFRO 综合症患者护理 ----- 杜赛丽,徐燕 1998
- PO-3143 分析儿童左下肢瘫痪低温烫伤的原因及预防护理 ----- 钟嘉文,杨燕澜 1998
- PO-3144 分析左下肢瘫痪儿童低温烫伤的原因及预防护理 ----- 钟嘉文,杨燕澜 1999
- PO-3145 一例极重型再障合并下肢丹毒患者行异基因周血干细胞移植的护理 ----- 王洪梅,管伟,张京慧等 1999
- PO-3146 血液透析时内瘘手臂疼痛的原因分析及护理方法研究 ----- 周赛 2000
- PO-3147 5E 管理模式在多发性骨髓瘤患者全程管理中的应用效果 ----- 吕国庆,王红丽 2000
- PO-3148 基于循证的预见性护理在血液内科重症患者呼吸道感染中的应用研究 ----- 唐露,杜欣,张曦 2001
- PO-3149 普通病房层流病床的使用在血液肿瘤患者呼吸道感染中的效果研究 ----- 向威雄,陶俊,张曦 2001
- PO-3150 家属协同护理管理模式结合多媒体健康宣教
对血液肿瘤相关性高血糖管理的应用效果 ----- 陈玲,陶俊 2002
- PO-3151 血液肿瘤患者行造血干细胞移植前癌症复发恐惧的同期网络分析 ----- 吴芳芳,任勤,冉凤等 2002
- PO-3152 人文关怀护理应用于白血病化疗患者癌因性疲乏状况的作用 ----- 张晓华 2003
- PO-3153 参与三级支持模式的血液科护士第二受害者的心理体验 ----- 于姗姗,彭映 2003
- PO-3154 一例异体外周血造血干细胞移植术后并发人疱疹病毒 6 型脊髓炎患者的护理 ----- 汪靖,徐帅帅 2003
- PO-3155 17 例 PD-1 抗体治疗血液恶性疾病患者的不良反应及护理 ----- 沈宏宇 2004
- PO-3156 一例小剂量甲氨蝶呤治疗 ALL 致严重口腔溃疡的护理体会 ----- 王婷 2004
- PO-3157 肝素钠与生理盐水在血液内科住院患者输血后 PICC 封管的应用效果比较 ----- 毛凌 2005
- PO-3158 经外周静脉置入中心静脉导管 (PICC) 拔管困难的护理对策 ----- 李苗,袁志容、杨婷等 2005
- PO-3159 一例经外周静脉输注环磷酰胺外渗的护理 ----- 陈颖 2006
- PO-3160 综合性护理对急性白血病初治患者不良情绪和生活质量的影响研究 ----- 张景丽 2006
- PO-3161 3 例急性白血病患者化疗后并发艰难梭菌感染相关性腹泻的护理 ----- 邱娟 2007
- PO-3162 预防与管理静脉炎 ----- 王林 2007
- PO-3163 一例单倍型造血干细胞移植后合并 HHV-6 病毒性脑炎的护理 ----- 宋丽娜 2008
- PO-3164 中线导管在血液肿瘤分子靶向及免疫治疗时代的应用研究 ----- 张莺莺,傅国英,秦敏等 2008
- PO-3165 3 例结外鼻型 NK/T 细胞淋巴瘤患者鼻腔癌性伤口的姑息护理 ----- 于娟,于姗姗 2009
- PO-3166 1 例单倍体造血干细胞移植术后腹泻经鼻肠管行菌群移植患者的护理 ----- 何蒙蒙 2009
- PO-3167 基于叙事摄影的造血干细胞移植患者自我管理效能干预方案的构建与应用 ----- 吴吉敏,闫琼 2010
- PO-3168 基于循证的 PERMA 积极心理干预方案在初诊白血病患者中的应用研究 ----- 闫琼 2010
- PO-3169 精准化综合护理模式在血液系统疾病患者化疗后口腔溃疡护理中的应用效果分析 ----- 夏贝 2011
- PO-3170 一例造血干细胞移植术后合并皮肤黏膜损伤患儿的护理经验分享 ----- 续丽 2011
- PO-3171 预见性护理在急性白血病患者化疗后并发肺部感染中的应用 ----- 章艳 2012
- PO-3172 预见性护理在急性白血病患者化疗后并发肺部感染中的应用效果 ----- 章艳 2012

- PO-3173 造血干细胞移植合并口腔黏膜炎患者营养管理方案的构建 ----- 范桐坊 2012
- PO-3174 一例艾滋病合并霍奇金淋巴瘤并发 DIC 患者的护理----- 保跃琼 2013
- PO-3175 供者特异性 HLA 抗体患者去敏治疗的症状体验 ----- 孙菲菲,张会娟 2013
- PO-3176 安宁疗护在晚期恶性血液病患者护理中的应用 ----- 杨雪梅,梁玉萍 2014
- PO-3177 运用 RHDS 与 QDTS 量表实施出院准备
服务降低老年白血病患者并发症的发生 ----- 徐彬 2014
- PO-3178 成年急性白血病患者创伤后成长现状及相关因素分析 ----- 姚晓霞,丁婷,姚晓丹 2014
- PO-3179 基于二元干预的出院准备计划在多发性骨髓瘤住院化疗患者中的应用 ----- 赵鲜琚 2015
- PO-3180 循证护理在造血干细胞移植并发移植物抗宿主病患者皮肤护理中的应用探讨 ----- 李欣悦 2015
- PO-3181 造血干细胞移植患者口腔黏膜炎的护理研究进展 ----- 张甜 2016
- PO-3182 一例输液港拔除术后囊腔愈合不良的护理实践 (案例分享) ----- 蒲世娟 2016
- PO-3183 阶梯式上肢运动操对肿瘤患者置入上臂输液港相关并发症影响的研究 ----- 张佳思 2017
- PO-3184 运用本土化叙事护理对儿童白血病终末期患者及家属实施临终关怀的体验式研究 ----- 蒲世娟 2017
- PO-3185 血液肿瘤患者口腔黏膜炎预防及护理管理质量敏感指标的构建 ----- 孙燕飞 2018
- PO-3186 基于循证护理对异基因造血干细胞移植患者口腔 GVHD 的管理方案最佳证据总结 ----- 吕焕 2018
- PO-3187 Effects of acceptance and commitment care in the treatment of aplastic anemia patients
with recombinant human thrombopoietin ----- Hui Zhong, Linlin Fu 2019
- PO-3188 成人血液肿瘤患者无能为力感的现状及影响因素研究 ----- 朱迎迎,华海应,盛丽 2019
- PO-3189 基于“互联网+”的互动式健康教育模式对改善 HSCT
患者疼痛强度及服药依从性的效果评价 ----- 冉凤 2020
- PO-3190 复方利多卡因乳膏联合水胶体透明贴在皮下注射疼痛管理中的应用 ----- 杨思秦,杜欣 2020
- PO-3191 基于自我报告的初诊急性白血病患者生活质量现状调查 ----- 兰大华,邓佳,韩潇等 2021
- PO-3192 智能病历记录 app 在造血干细胞移植后患者医疗全程化中的应用 ----- 李雨晴,杜欣 2021
- PO-3193 团体心肺复苏分工定位模式在血液科急救管理质量的影响 ----- 武玉凡,陶俊 2022
- PO-3194 基于认知冲突的人员培训及管理在淋巴瘤科的应用效果 ----- 武玉凡,陶俊 2022
- PO-3195 超声引导下隧道式 PICC 静脉置管在血液恶性肿瘤低血小板临床中的应用 ----- 武玉凡,陈玲,陶俊 2022
- PO-3196 医疗失效模式与效应分析在预防
造血干细胞移植患者药物性相关性跌倒的应用研究 ----- 文静,任勤,陈小丽 2023
- PO-3197 赋能授权联合药物素养在造血干细胞移植患者服药自我管理中的应用 ----- 任勤,何郑兰,文静等 2023
- PO-3198 咀嚼口香糖在预防造血干细胞移植患者口腔念珠菌感染中的应用 ----- 何郑兰,任勤,文静等 2024
- PO-3199 系统性护理对造血干细胞移植患者口腔黏膜影响的研究 ----- 林诗韵 2024
- PO-3200 造血干细胞移植患者在线寻求相关健康信息行为的质性研究 ----- 姚敏敏 2025
- PO-3201 移动护理信息系统在造血干细胞移植病房临床护理工作中的应用 ----- 文静,任勤,陈小丽 2025
- PO-3202 彩色多普勒超声引导下的经外周静脉置入中心静脉导管术在儿童患者中的应用 ----- 刘鑫 2026
- PO-3203 基于压力与应激理论的护理对初发急性白血病患者疾病进展恐惧的影响 ----- 姚敏敏 2026
- PO-3204 药膳饮食联合心理护理在血小板减少症患者的应用影响 ----- 周卓妮,徐燕芳,张春风等 2026
- PO-3205 急性髓系白血病异基因造血干细胞移植失败终末期患者的安宁疗护实践 ----- 王智文 2027
- PO-3206 系统护理干预对急性淋巴细胞白血病患者情绪、生命质量和睡眠质量的改善评价 ----- 周凤 2027
- PO-3207 血液科护士对患者口腔黏膜炎风险的认知情况分析 ----- 刘畅 2028
- PO-3208 一例 Castleman 病患者行自体造血干细胞移植的护理 ----- 李园园 2028
- PO-3209 碘仿纱布用于血液恶性肿瘤患者化疗后致局部组织肿胀伴分泌物的疗效观察 ----- 秦晶晶 2028
- PO-3210 高锰酸钾溶液治疗造血干细胞移植术后失禁性皮炎临床效果观察 ----- 张倍榕 2029

- PO-3211 再生障碍性贫血女性患者卵巢组织冻存围手术期护理 ----- 员尚轩 2029
- PO-3212 智慧护理革命：人工智能（AI）在淋巴瘤患者化疗后发生肛周感染的预防与管理中的应用 ----- 李莎莎 2030
- PO-3213 PICC 置管患者自我管理体验的质性研究 ----- 蹇舸航 2031
- PO-3214 基于标准流程的规范化护理在提升嵌合抗原受体 T 细胞治疗患者护理质量中的应用 ----- 曾荔,杜欣,冯雪等 2031
- PO-3215 死亡教育在血液肿瘤患者生存质量与医疗纠纷中的应用 ----- 王洁 2031
- PO-3216 一件式造口袋在淋巴瘤患者胸腔引流管大量渗液的护理应用 ----- 邓月媛 2032
- PO-3217 基于微格教学法联合同伴支持模式在血液科低年资护士临床操作技能培训中的应用 ----- 秦晶晶 2032
- PO-3218 探讨共享决策模式在血液病青少年与青年患者生育保存的相关分析 ----- 肖丹丹,吴芳芳 2033
- PO-3219 一例多发性骨髓瘤自体造血干细胞移植术后腹泻经空肠营养管行粪菌移植患者的护理 ----- 朱静雅,林欢,周凤等 2033
- PO-3220 4R 危机管理理论下的护理方法在预防造血干细胞移植患者预处理期失禁性皮炎中的应用 ----- 梁永玲 2034
- PO-3221 中药穴位贴敷联合集束化护理在白血病化疗患者便秘的疗效和生活 ----- 唐晶 2034
- PO-3222 达雷妥尤单抗治疗系统性轻链型淀粉样变性的真实世界研究 ----- 邢彦 2034
- PO-3223 推进轻链型淀粉样变性的精准医疗：一种结合多器官指标的新型预后模型 ----- 邢彦 2035
- PO-3224 来自心脏的警告：一例罕见的亚洲孤立性 Rosai-Dorfman 病 ----- 张铭旋,赵博文,王蓓等 2036
- PO-3225 Warning From Heart: An unusual Case Report of Isolated Rosai-Dorfman Disease in An Asian ----- Mingxuan Zhang,Bo-Wen Zhao,Bei Wang etc. 2036
- PO-3226 POEMS 综合征一例并文献复习 ----- 李小鹏 2037
- PO-3227 Castleman 病一例并文献复习 ----- 李小鹏 2038
- PO-3228 成人多系统朗格汉斯细胞组织细胞增生症 1 例并文献复习 ----- 李小鹏 2038
- PO-3229 A novel prognostic model based on pretreatment serum albumin and ECOG PS for primary CNS lymphoma: an international, multi-center study ----- Li Wei,Yuting Gao,Katharina Theresa Prochazka etc. 2039
- PO-3230 Construction and validation of prognostic scoring models to risk stratify patients with acquired immune deficiency syndrome - related diffuse large B cell lymphoma ----- Han Zhao,Rongqiu Liu,Yu Tao etc. 2040
- PO-3231 Clinical Characteristics and Outcomes of AIDS-Related Burkitt Lymphoma in China: A Retrospective Single-Center Study ----- Rongqiu Liu,Han Zhao,Guanying Xiao etc. 2041
- PO-3232 一例伴 der(1;7)(q10;p10),inv(3)(q21q26)染色体异常的慢性粒单核细胞白血病患者的实验室分析 ----- 张海琴,李鸿瑞,蒋莉等 2042
- PO-3233 肾脏轻链型淀粉样变性患者发生肾脏不良结局的危险因素分析 ----- 邢彦,孙世仁 2042
- PO-3234 Severe combined immunodeficiency with blood-borne disseminated Mycobacterium tuberculosis infection by salvage therapy with allogeneic hematopoietic stem cell transplantation: Cases report and literature review ----- Yuqing Jiao,Hao Xiong,Zhi Chen etc. 2043
- PO-3235 急性 T 淋巴细胞白血病继发朗格汉斯细胞组织细胞增生症 1 例并文献复习 ----- 杨植,赵卫华,黄睿等 2044
- PO-3236 HIV 相关霍奇金淋巴瘤 22 例临床分析 ----- 王超雨,刘俊,黄德鸿等 2044
- PO-3237 Selinexor in Combination with R-EPOCH for Patients with Previously Untreated HIV-Associated Diffuse Large B Cell Lymphoma ----- Chaoyu Wang,YIXING ZHOU,CHENGSI ZENG etc. 2044

- PO-3238 达雷妥尤单抗、硼替佐米和地塞米松治疗
具有肾脏意义的单克隆球蛋白病的疗效和安全性 -----谢焕,向茂源,孟凡桥等 2045
- PO-3239 重型地中海贫血合并类鼻疽病不全相合移植 1 例 -----董秀娟 2046
- PO-3240 13 例 AIDS 相关非霍奇金淋巴瘤患者
行自体造血干细胞移植的安全性及疗效观察 -----刘俊,周亦星,王超雨等 2046
- PO-3241 猪抗淋巴细胞球蛋白加环孢素联合或不联合 TPO-RA 治疗
重型再生障碍性贫血的长期疗效和安全性: 双中心回顾性研究 -----徐珊,邓明扬 2047
- PO-3242 以血小板减少为首发临床表现的植物固醇血症
成人患者的临床特征和治疗转归 -----胡艳洁,薛梅,Abdul Rehman Arif 等 2048
- PO-3243 以心力衰竭及高白细胞血症为首发症状的儿童
嗜酸性粒细胞增多综合征 (HES) 1 例并文献复习 -----林慧玲,王嘉怡 2048
- PO-3244 基于炎症症状和恶性症状进行分组
治疗儿童朗格汉斯细胞组织细胞增多症的初步研究 -----林慧玲,王嘉怡 2049
- PO-3245 Monoclonal gammopathy of undetermined significance related Hemophagocytic
lymphohistiocytosis: a case report and literature review ----- Xiaona Zheng, Tingting Liu 2049
- PO-3246 EB 病毒相关噬血细胞综合征 45 例临床分析 -----田文亮 2050
- PO-3247 血管性血友病患者接受重组血管性血友病因子按需治疗和围术期治疗的医疗资源利用情况:
一项欧洲病历回顾性研究结果 ----- Shawn X Sun, Shannely Lowndes, Rosa Willock 等 2051
- PO-3248 奥布替尼治疗复发难治性特发性多中心型 Castleman 病:
一项单中心回顾性分析 -----高雨菡,李思源,党悦等 2051
- PO-3249 Daratumumab for a Patient Suffering Proliferative Glomerulonephritis with Monoclonal
Immunoglobulin Deposits (PGNMIDs) ----- JUN DU, Jue Wang, Dan Xiao etc. 2052
- PO-3250 安佳因® (SCT800) 在中、重型血友病 A 患者中的实际治疗
效果的评估: 来自 SURPASS 真实世界研究的中期分析 -----薛峰,雷平冲,练诗梅等 2053
- PO-3251 成人噬血细胞综合征的临床特征和病因预测模型 -----傅煜旻,沈建箴 2054
- PO-3252 免疫靶向治疗组织细胞肉瘤合并滤泡性淋巴瘤 1 例 -----张旻玥,肖菲,方建晨等 2054
- PO-3253 PIG-A 敲除后骨髓细胞锚定蛋白表型不同的产生机制及药物预测 -----张力中,杨雷,卢学春 2055
- PO-3254 Successful treatment of thrombotic thrombocytopenic purpura with rituximab:
Five case reports ----- Menghan Yang 2055
- PO-3255 A novel prognostic model based on pretreatment serum albumin
and ECOG PS for primary CNS lymphoma:
an international, multi-center study -----Li Wei, Yuting Gao, Katharina Theresa Prochazka etc. 2056
- PO-3256 胰腺体尾、脾脏滤泡树突状细胞肉瘤一例并文献分析 -----黄敏 2057
- PO-3257 轻-重链淀粉样变性一例 -----张霞,谢新生,王芳等 2057
- PO-3258 2 例 ELANE 基因自发突变致
先天性粒细胞减少症患者的临床分析及文献复习 -----孙燕,王绪栋,罗荣华 2058
- PO-3259 伴浆细胞样树突状细胞增生的类似早期前体 T 急性
淋巴细胞白血病 1 例报道并文献复习 -----韩炯萍,封蔚莹,李丹等 2058
- PO-3260 达雷妥尤单抗联合卡非佐米及地塞米松作为诱导方案
治疗新诊断 POEMS 综合征患者中能快速达到缓解 -----朱慧慧,李娟 2059
- PO-3261 达雷妥尤单抗为基础的方案治疗轻链型心脏淀粉样变性 IIIb 期
合并多发性骨髓瘤 3 例病例报道并文献复习 -----叶少杰,王静,柳嘉等 2059

- PO-3262 TCR library characteristics and specific differential gene analysis
of secondary adult HLH lymphocytes ----- Yongsheng Chen, Ying Zhang, Dan Yu etc. 2060
- PO-3263 周期性中性粒细胞减少症 1 例并文献复习 ----- 李军利, 刘建平 2061
- PO-3264 液滴数字 PCR: 幼年型粒单核细胞白血病移植后
微小残留病灶监测与预后评估的有效方法 ----- 毛声巧, 林宇辰, 覃霞等 2061
- PO-3265 Evans 综合征合并噬血细胞综合征 1 例及文献复习 ----- 王宇翔, 郭涛, 张波等 2062
- PO-3266 重+轻链淀粉样变性病例报道 ----- 苏悦 2062
- PO-3267 祖孙三代均男性患病的罕见遗传性异常纤维蛋白原血症家族 1 例 ----- 闫彬, 胡天喜, 杜伟鹏 2063
- PO-3268 继发于罕见病的贫血、血小板减少患者 1 例
——戈谢病病例报道并文献复习 ----- 赵卓冉, 李英梅, 陈丹丹等 2063
- PO-3269 原发心脏弥漫性大 B 细胞淋巴瘤两例 ----- 张鹏宇, 姜亚峰, 彭宏凌等 2064
- PO-3270 仿巨噬细胞纳米药物递送芦可替尼用于噬血细胞综合征的治疗研究 ----- 张波, 王鸿岚, 郭涛等 2064
- PO-3271 2 型 p110delta 活化综合征 1 例 ----- 惠泉, 李奕, 赵欣等 2065
- PO-3272 VEXAS 综合征一例并文献复习 ----- 张谦, 周敏, 陈兵 2065
- PO-3273 ALAS2 突变 X 遗传性铁粒幼细胞贫血一例 ----- 徐学聚 2066
- PO-3274 1 例获得性凝血因子 V 缺乏症病例报告并文献复习 ----- 向茂源, 彭翠翠, 曾东风 2066
- PO-3275 BV+CHP 序贯自体移植治疗淋巴瘤
相关噬血细胞综合征 2 例并文献复习 ----- 向茂源, 彭翠翠, 曾东风 2067
- PO-3276 一例母细胞性浆细胞样树突细胞瘤个案报道 ----- 高睿 2067
- PO-3277 异麦芽糖酐铁致 kounis 综合征 1 例及文献复习 ----- 何人可, 徐诣芝 2068
- PO-3278 20 例髓系肉瘤的临床特征及骨髓血液学检查分析 ----- 汪智琼 2068
- PO-3279 母细胞性浆细胞样树突细胞肿瘤一例 ----- 肖锋 2069
- PO-3280 病例报告: 卡斯特曼病发生后的 B 细胞急性淋巴瘤母细胞白血病/淋巴瘤的治疗 ----- 江滔 2069
- PO-3281 比较芦可替尼治疗低危和高危骨髓纤维化患者的疗效和安全性:
一项单臂、探索性和前瞻性研究 ----- 胡施炜, 黄健 2070
- PO-3282 PV 和 IE 患者的二代测序比较: 一项多中心回顾性研究 ----- 屠玲榕, 黄健 2070
- PO-3283 三例骨髓胶质转化患者的临床特征 ----- 富威 2071
- PO-3284 基于单细胞测序技术描绘 POEMS 综合征骨髓浆细胞的异质性 ----- 韩虹晓, 李剑, 王雪竹等 2071
- PO-3285 一例 JAK3 突变的幼年型粒单核细胞白血病的病例分享 ----- 张海琴, 李鸿瑞, 贺艳丽等 2072
- PO-3286 输血依赖型地中海贫血患儿体格发育迟缓的影响因素分析 ----- 赵婧余, 于潇, 徐静等 2072
- PO-3287 COVID-19 对血友病的影响因素与结果:
一项来自中国西南地区的随访研究 ----- 吴霞, 陈姝 2073
- PO-3288 Schnitzler 综合征一例 ----- 陈丹丹, 张银银 2073
- PO-3289 骨髓增生异常综合征合并白塞病一例 ----- 陈丹丹 2074
- PO-3290 成人 HLH 出血的生物标志物研究: 补体 C3 ----- 舒雪梅, 郭涛 2074
- PO-3291 中国特发性多中心型 Castleman 病患者的生活质量及社会功能:
基于患者和照顾者自我调查报告的横断面研究 ----- 陈佳, 张妙颜, 高雨菡等 2075
- PO-3292 一例新发 STK4 基因突变患儿的临床特征分析及功能验证 ----- 汪琳, 杜作晨 2076
- PO-3293 TAFRO 综合征: 诊断一定需要病理符合 Castleman 病吗? ----- 李思源, 高雨菡, 党悦等 2076
- PO-3294 世界首例: 携带 MAGT1 基因纯合突变的经典
霍奇金淋巴瘤双胞胎接受 CD30 CAR T 细胞免疫疗法的报道 ----- 汪佳晨, 周密, 周剑峰等 2077
- PO-3295 阵发性夜间血红蛋白尿症的分子机制研究与潜在药物预测 ----- 赵鹏, 卢学春 2078

- PO-3296 Shwachman-Diamond 综合征 39 例报告并文献复习 -----陈姣,刘周阳,樊世芬等 2078
- PO-3297 一例严重的移植物抗宿主病的黏多糖贮积症 IV 型患儿的病例探讨 -----官亚宁,张平平,杜作晨等 2079
- PO-3298 Poems 综合征一例病例报告 ----- 王冉 2079
- PO-3299 以多浆膜腔积液和血小板减少为主要表现的 TAFRO 综合征 1 例报告 -----王伟琼,商豫凤,王冲 2080
- PO-3300 以发热、皮疹为主要表现的皮病性淋巴结炎 1 例 -----王伟琼,商豫凤,王冲 2080
- PO-3301 An Open-label, Prospective Trial to Evaluate the Efficacy and Safety of Ixazomib in Combination with Cyclophosphamide and Dexamethasone in Patients with Newly-Diagnosed POEMS Syndrome ----- Haiyan He,Nan Hou,Xi Chen etc. 2081
- PO-3302 一例特发性 CD4+淋巴细胞减少症伴 M 蛋白血症病例报告 -----潘峻,郭勇,高健等 2081
- PO-3303 胶质瘤合并急性 B 淋巴细胞白血病患者行异基因造血干细胞移植的治疗效果 -----牟时代,冯英俊,吴要功等 2082
- PO-3304 糖皮质激素联合利妥昔单抗治疗原发性血小板增多症合并获得性血友病 A 1 例并文献复习 ----- 张星 2083
- PO-3305 一项单中心以达雷妥尤单抗为基础治疗轻链淀粉样变性的疗效和安全性回顾性分析 ----- 王欣然,李春蕊 2083
- PO-3306 序贯联合旁路治疗在血友病伴抑制物患者围手术期的应用 ----- 刘柳 2084
- PO-3307 异基因造血干细胞移植治疗 SAMD9 基因突变所致的骨髓衰竭性疾病个案报道并文献复习 ----- 古晶晶,宋庆林 2084
- PO-3308 靶向 CD38 治疗 T 大颗粒淋巴细胞白血病分子机制 -----李若难,黄苛,邱晨等 2085
- PO-3309 海曲泊帕联合免疫抑制剂治疗儿童再生障碍性贫血疗效分析 ----- 张琳,熊昊 2085
- PO-3310 骨髓增生异常综合征合患者行异基因造血干细胞移植后并吉兰-巴雷综合征 2 例报道并文献复习 ----- 马晓静,郭荣 2086
- PO-3311 低剂量艾美塞珠预防 A 型血友病婴幼儿的真实世界数据: 华南地区的回顾性多中心队列研究 -----周桂池,王纓,何丽雅等 2086
- PO-3312 中国 SBDS 基因 c.258+2T>C 或 c.183_184TA>CT 突变患者基因型与表型分析 ----- 董明新 2087
- PO-3313 多中心 Castleman 病合并恶性胸水 1 例 -----黄婕,卢育洪,邱宁祥等 2087
- PO-3314 持续治疗对特发性多中心 Castleman 病患者无进展生存期的影响 -----刘依,尹雪娇,丁胜男等 2088
- PO-3315 关于戈谢病患者合并妊娠的病例报道一例 ----- 李婧雯,郑伟燕 2088
- PO-3316 Ixazomib: A Novel Effective Induction option for Newly Diagnosed POEMS Syndrome: A Case Report----- haixia cao,zhidan Chen 2089
- PO-3317 使用基于利妥昔单抗的方案成功治疗以皮疹为首发症状的 iMCD: 病例报告和文献综述 ----- 朱俐 2089
- PO-3318 Clinical Features of 72 Cases of Adult Langerhans Cell Histiocytosis ----- Rong hui Zhang,Rong rong Pei 2090
- PO-3319 温抗体型溶血性贫血合并 Gilbert 综合征一例 -----焦愿愿,王慧睿,王松云等 2090
- PO-3320 利妥昔单抗-硼替佐米-地塞米松联合治疗 iMCD 的临床疗效显著 ----- 尹雪娇,刘伊,孟海涛等 2091
- PO-3321 单中心 170 例血友病临床研究和疾病管理经验 -----司叶俊,于友欢,张彦明 2091
- PO-3322 基于多维度转录组数据揭示血友病 B 免疫异质性及血小板功能损伤机制 -----耿杰,陈浩然,侯传东等 2092
- PO-3323 POEMS 综合征相关肾损害 ----- 高琪 2092
- PO-3324 ERCC6L2 基因突变合并 PARN 基因突变的再生障碍性贫血一例并文献复习 -----李钊,罗欢,张凯等 2093

- PO-3325 AL 型淀粉样变性的临床特征、疗效及预后影响因素分析----- 章建国 2093
- PO-3326 新颖 scAAV-DJ/8-LP1-hFIXco 载体转导人
HUCMSCs 为基础的细胞基因治疗研究----- 卜梓斌,楼金吐,徐卫群等 2094
- PO-3327 原发性/继发性淀粉样变性临床特点分析 ----- 宋丽君,魏玉萍 2094
- PO-3328 腹壁脂肪、唇腺及骨髓 3 部位活检联合质谱
分析技术诊断轻链型淀粉样变性的价值 ----- 宋丽君,魏玉萍 2095
- PO-3329 ALK 阳性组织细胞增生症合并肺腺癌 1 例----- 郭冰凌,李杰平 2096
- PO-3330 2 例皮肤血管内 NK/T 细胞淋巴瘤报道附文献复习----- 郭冰凌,胡人之 2096
- PO-3331 家族性噬血细胞综合征一例个案分析 ----- 陈晨,张红霞,农卫霞等 2097
- PO-3332 基于血友病 A 多维转录组数据构建
miRNA-mRNA 网络及潜在药物预测 ----- 耿杰,陈浩然,侯传东等 2097
- PO-3333 构建和验证基于 LASSO 的列线图预测 pre-PMF 进展
为 overt-PMF 的风险: 一项多中心研究----- 胡施炜,黄健 2098
- PO-3334 40 例儿童神经母细胞瘤的临床分析 ----- 刘翠 2098
- PO-3335 神经母细胞瘤伴 MYCN 基因突变患儿 1 例并文献复习----- 刘翠 2099
- PO-3336 妊娠合并凝血功能异常 1 例病因分析 ----- 杜依纹,龚玉萍 2099
- PO-3337 原发免疫性血小板减少症药物治疗的单中心真实世界研究 ----- 武文琦,闫振宇 2100
- PO-3338 Maintenance therapy promotes profound organ and hematologic response
in light chain amyloidosis patients not undergoing
autologous stem cell transplantation ----- Wenjing Wang,Jing Li,Tianhong Xu etc. 2100
- PO-3339 慢性粒细胞白血病合并 T 淋巴母细胞淋巴瘤病例报告及文献复习 ----- 葛琼,华雪菲 2101
- PO-3340 POEMS 综合征合并血栓性微血管病和混合型骨病 1 例报告并文献复习----- 耿晓芊,曹伟杰,王芳 2101
- PO-3341 一例罕见母细胞性浆细胞样树突状细胞肿瘤 ----- 陈诗丽 2102
- PO-3342 以红细胞增多为首表现的 TEMPI 综合征 1 例 ----- 高飞丹,洪攀,封蔚莹 2102
- PO-3343 异基因造血干细胞移植治疗高 IgM 综合征的回顾性研究----- 李晓霞,孙媛,陈姣等 2103
- PO-3344 R-PAD 治疗特发性多中心型 Castleman 病 4 例 ----- 陆莹婷,尹春荣,侯海珠等 2103

专题发言

S-0001

一项新型、高选择性 BCL-2 抑制剂 LP-108 治疗复发或难治性 B 细胞非霍奇金淋巴瘤患者的 I 期临床研究数据更新

徐卫¹、冯茹²、王莉¹、朱华渊¹、周可树³、付晓瑞⁴、景红梅⁵、宋玉琴⁶、齐军元⁷、崔国惠⁸、李菲⁹、王少元¹⁰、周辉¹¹、钱文斌¹²、蔡清清¹³、赵谢兰¹⁴、郭绪涛²、魏小磊²、林宁晶⁶、许重远²、王靖¹⁵、肖湘¹⁵、董佳乐¹⁵、楼叶江¹⁵、沈玥¹⁵、Yi Chen¹⁶、Yu Chen¹⁶、谭芬来¹⁵、Stephen Anthony¹⁶、李建勇¹

1. 江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）
2. 南方医科大学南方医院
3. 河南省肿瘤医院
4. 郑州大学第一附属医院
5. 北京大学第三医院
6. 北京肿瘤医院
7. 中国医学科学院血液病医院
8. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
9. 南昌大学第一附属医院
10. 福建医科大学附属协和医院
11. 湖南省肿瘤医院
12. 浙江大学医学院附属第二医院
13. 中山大学肿瘤防治中心
14. 中南大学湘雅医院
15. 广州麓鹏制药有限公司
16. Newave Pharmaceutical Inc.

目的 在一项正在进行的评估 LP-108 在中国复发或难治 B 细胞非霍奇金淋巴瘤（B-NHL）患者的安全性和耐受性以及初步疗效的 I 期研究（NCT04356846）中，既往报道显示 LP-108 在 20-600mg/天剂量范围内和采取逐日递增的剂量导入方式下显示出良好的药代动力学和安全性特征以及初步的抗肿瘤活性（EHA2022 Abstract# P684）。本次将报告本研究更新的安全性和有效性结果。

方法 本研究包括剂量递增和扩展两个阶段，成人复发或难治 B 细胞性非霍奇金淋巴瘤（B-NHL）患者将接受 LP-108 持续给药，每日一次，直至疾病进展或毒性不能耐受。剂量递增阶段的剂量范围为 20mg 至 800 mg/天，剂量扩展阶段有 3 个剂量队列（200 mg/天、400 mg/天和 600 mg/天）。

结果 截至 2022 年 12 月 12 日，共入组 49 例 B-NHL 患者，其中套细胞淋巴瘤（MCL）患者 20 例，慢性淋巴细胞白血病/小淋巴细胞淋巴瘤（CLL/SLL）患者 19 例，其他类型的 B-NHL 患者 10 例。患者中位既往治疗线数为 2 线（范围：1-7），其中 28 例（57.1%）患者既往接受过布鲁顿酪氨酸激酶抑制剂（BTKi）治疗。已入组的所有患者均可评估安全性，LP-108 爬坡至 800 mg/天未观察到剂量限制性毒性（DLTs），因此尚未达到最大耐受剂量（MTD）。常见的不良反应包括血液学毒性、生化指标异常，大部分为 1-2 级；仅 8 例患者（16.3%）发生严重不良反应。疗效方面，在 ≥200mg/天的剂量下，39 例可评估疗效的患者中有 21 例达疾病缓解：CLL/SLL 患者的总体缓解率（ORR）为 75%（12/16），其中 3 例患者达到完全缓解/骨髓未恢复的完全缓解（CR/CRi）（18.7%）；既往接受过 BTKi 治疗的 6 例 CLL/SLL 患者的 ORR 为 66.7%（4/6）；此外，MCL、滤泡型淋巴瘤（FL）和边缘区淋巴瘤（MZL）患者的 ORR 分别为 40%（6/15）、100%（2/2）和 100%（1/1）。

结论 研究结果表明，LP-108 爬坡至 800 mg/天仍耐受，并在多种类型 B-NHL 患者中以及既往接受过 BTKi 治疗的患者中均显示出令人鼓舞的抗肿瘤活性。This abstract was accepted and presented at the EHA2023 Hybrid Congress (Abstract# P635)。

S-0002

造血干细胞移植相关皮肤损伤预防及护理的多中心调查研究

刘树佳、王蕾、颜霞、金爱云、朱霞明、解文君
北京大学人民医院

目的 调查全国开展造血干细胞移植的医院有关造血干细胞移植相关皮肤损伤的预防及护理现状，分析存在问题，为制定针对性的管理策略、制定相关标准提供依据，进而规范其护理方法，提高护理质量。

方法 于 2023 年 12 月采用便利抽样方法，选取来自全国 29 个省（自治区、直辖市）的 235 家医院，使用自行设计的造血干细胞移植相关皮肤损伤预防及护理调查问卷进行调查。

结果 共回收问卷 235 份，剔除 14 家不涉及造血干细胞移植相关皮肤损伤的医院，共纳入 221 家医院进行资料分析，有效问卷回收率为 94.04%。其中仅 11 家（4.98%）医院只涉及到 1 种类型的造血干细胞移植相关皮肤损伤，其他 210 家（95.02%）医院涉及多种类型皮肤损伤；116 家（52.49%）医院在每班次进行评估，11 家（4.98%）医院进行随机评估，其他（42.53%）医院均有多个评估时机；多数医院评估频次较为固定，77 家（34.84%）医院每日评估 3 次，72 家（32.58%）医院每日评估 2 次，61 家（27.60%）医院每日评估 1 次，2 家（0.9%）医院 1 周评估 1 次；156 家（70.59%）医院采用直接观察法对患者皮肤损伤进行评估，8 家（3.62%）医院采用评估工具对患者皮肤损伤进行评估，53 家（23.98%）医院采用直接观察联合评估工具的方式进行评估，1 家（0.45%）医院在使用以上两种方法的基础上联合护理会诊进行皮肤评估，2 家（0.9%）医院在直接观察的同时还对皮肤进行每日拍照，以便对比前后变化；预防均采用多种措施联合的方式，其中 217 家（98.19%）家医院通过皮肤清洁预防皮肤相关损伤的发生，208 家（94.12%）医院通过避免刺激如避免接触过热/过冷物体、减少阳光照射等预防皮肤相关损伤的发生；护理以症状护理为主，其中有 213 家（96.38%）医院有针对皮疹的护理，156 家（70.59%）医院针对表皮剥脱的护理，119 家（53.85%）医院针对水疱的护理。

结论 造血干细胞移植相关皮肤损伤类型多样，评估及预防措施较完善，但评估的内容、预防及护理的措施各异，亟待规范统一，以进一步提高造血干细胞移植相关皮肤损伤的预防及护理质量。

论文发言

OR-0001

Optimizing Stem Cell Infusion Timing in the Prevention of Acute Graft versus Host Disease

Yue Wu, Yiwen Hou, Baolin Tang, Kaidi Song, Guangyu Sun, Cheng Zhan, Xiaoyu Zhu
Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of USTC, Division of Life Sciences and Medicine,
University of Science and Technology of China, Hefei, China

Objective The prevention of acute graft-versus-host disease (aGVHD) is essential for successful allogeneic peripheral blood stem cell transplantation (PBSCT). We aimed to ascertain whether the timing of stem cell infusion influences the incidence and severity of aGVHD.

Methods A retrospective analysis was performed on 204 patients who underwent allogeneic PBSCT from matched related donors or haplo-identical donors. We divided patients into two groups based on the timing of stem cell infusion: early-infused group (before 2:00 pm) and late-infused group (after 2:00 pm), comparing the incidence of aGVHD and long-term survival.

Results The early-infused group (n=97) had significantly lower cumulative incidence of grade II-IV and III-IV aGVHD (20.6% vs. 38.3%, $P = 0.009$ for grade II-IV aGVHD; 9.3% vs. 27.1%, $P < 0.001$ for grade III-IV aGVHD), accompanied with a significantly lower 3-year cumulative incidence of transplant-related mortality (TRM) (13.8% vs. 24.8%, $P = 0.041$) compared to the late-infused group (n=107). The 3-year GVHD free, relapse-free survival (GRFS) probabilities was significantly higher for the early-infused group (52.9% vs. 33.9%, $P < 0.001$). Time of stem cell infusion was identified as an independent risk factor for developing grades II-IV and III-IV aGVHD in multivariate analysis (HR =1.13 [95% confidence interval (CI), 1.04-1.23], $P = 0.005$ for grade II-IV aGVHD; HR =1.16 [95% CI, 1.05-1.27], $P = 0.003$ for grade III-IV aGVHD).

Conclusion Infusions administered before 2 PM proved significantly less aGVHD and better survival than those performed after.

OR-0002

Clinical risk factors and prognostic model for patients with bronchiolitis obliterans syndrome after hematopoietic stem cell transplantation

Qiusha Huang, Haixia Fu, Peng Zhao, Zhuoyu An, Jin Wu, Xiaolu Zhu, Yun He, Xiaohui Zhang
Peking University People's Hospital, Peking University Institute of Hematology

Objective Bronchiolitis obliterans syndrome (BOS) is a common and potentially devastating noninfectious pulmonary complication after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). Currently, predictive tools for BOS are not available. We aimed to identify the clinical risk factors and establish a prognostic model for BOS in patients who undergo allo-HSCT.

Methods We retrospectively identified a cohort comprising 195 BOS patients from 6100 consecutive patients who were allografted between 2008 and 2022. The entire cohort was divided into a derivation cohort and a validation cohort based on the time of transplantation. We also performed a nested case-control study to identify the risk factors for BOS occurrence. Three controls were randomly selected for each BOS patient according to the time of transplant (± 90 days) and the length of follow-up (± 180 days). Finally, 195 patients with BOS and 585 patients without BOS were included in the nested case-control.

Results Via multivariable Cox regression methods, declining forced expiratory volume at 1 second (FEV1) to $< 40\%$, pneumonia, cGVHD except lung, and respiratory failure were found to be independent risk factors for the 3-year mortality of BOS. A risk score called FACT was

constructed based on the regression coefficients. The FACT model had an AUC of 0.863 (95% CI: 0.797-0.928) in internal validation and 0.749 (95% CI: 0.621-0.876) in external validation. The calibration curves showed good agreement between the FACT-predicted probabilities and actual observations.

Conclusion The FACT risk score will help to identify patients at high risk and facilitate future research on developing novel, effective interventions to personalize treatment.

OR-0003

Combined low-dose TBI, IVIg, and DEX during preconditioning for desensitization of high DSA in MMUD and Haplo-HSCT: ensuring stem cell implantation without compromising graft outcome

zhen li,jian zhou
河南省肿瘤医院

Objective Donor-specific anti-HLA antibodies (DSAs) are associated with graft failure in mismatched unrelated hematopoietic stem cell transplantation (MMUD-HSCT) and haploidentical hematopoietic stem cell transplantation (Haplo-HSCT). A higher mean fluorescence intensity (MFI) of DSAs has been correlated with graft failure. However, a clear cut-off value above which DSAs are likely to cause graft failure has not been established. Current desensitization regimens for DSAs are time-consuming and complex.

Methods To address this issue, we conducted a retrospective study of 36 patients with an MFI \geq 5000 who underwent MMUD-HSCT or Haplo-HSCT. During the transplantation conditioning, most patients were desensitized with low-dose total body irradiation (TBI), intravenous immunoglobulin (IVIg), and dexamethasone (DEX), while nine patients with an MFI of 5,000 to 10,000 were not desensitized. Additionally, 72 DSA-negative patients with matched baseline characteristics were enrolled as controls.

Results Our study found that graft outcomes after desensitization were comparable between the DSA-positive and DSA-negative groups ($P>0.05$). Subgroup analysis demonstrated that the efficacy of desensitization was consistent across different MFI levels, with comparable graft outcomes. Furthermore, the graft outcomes of the nine cases with an MFI of 5,000 to 10,000 who did not receive desensitization therapy were similar to those of the other subgroups ($P>0.05$). After DSA therapy, multivariate analysis confirmed that the presence of DSAs did not affect transplant endpoints.

Conclusion In conclusion, the method is effective in reducing DSA levels, facilitating transplantation, and improving transplant outcomes. It is anticipated that transplantation can be achieved without additional desensitization for patients with an MFI below 10,000, without adversely affecting prognosis.

OR-0004

Decitabine combined with idarubicin in modified busulfan/cyclophosphamide conditioning regimen improves outcome in patients with advanced myelodysplastic syndrome: a prospective multicenter clinical cohort study

Yigeng Cao¹, Mingyang Wang¹, Fuxu Wang¹, Ling Wang³, Liang-Ming Ma⁴, Chuan-Fang Liu⁵, Xuejun Zhang², Erlie Jiang¹

1. Hematopoietic Stem Cell Transplantation Center, Institute of Hematology and Blood Diseases Hospital, Peking Union Medical College and Chinese Academy of Medical Sciences, Tianjin 300020, China

2. Second Hospital of Hebei Medical University.

3. Affiliated Qingdao Central Hospital, Qingdao University

4. Shanxi Bethune Hospital, Third Hospital of Shanxi Medical University

5. Qilu Hospital of Shandong University

Objective Relapse remains a critical obstacle for patients with advanced myelodysplastic syndromes (MDS) and myelodysplastic/myeloproliferative neoplasms after receiving allogeneic haemopoietic stem cell transplantation. Reinforced conditioning is urgently needed. This clinical trial was performed to evaluate the efficacy and safety of conditioning regimen conditioning decitabine and idarubicin.

Methods This prospective multicenter study to evaluate a new conditioning regimen containing 5-Day decitabine and idarubicin (DEC/IDA study) was conducted between January 2017 and February 2021 in 120 patients with MDS (\geq IPSS-R intermediate risk), chronic myelomonocytic leukemia or secondary acute myeloid leukemia (sAML).

Results The median follow-up time after transplant was 986 days (interquartile range, 461-1423 days). Three-year relapse-free survival (RFS), overall survival (OS), relapse incidence and non-relapse mortality was 67.5% (95% CI, 59.6%-76.4%), 70.5% (95% CI, 62.7%-79.2%), 10.0% (95% CI, 5.4%-16.2%), and 22% (95% CI, 14.6%-29.3%) respectively. Multivariate analysis demonstrated that younger patient, high or very high risk MDS, and no TP53 mutation were associated with superior RFS. There were 79 patients receiving conditioning regimens without decitabine and idarubicin eligible for analysis as historical control. The results of subgroup analysis indicated that patients with MDS-EB and sAML benefited from DAC/IDA comparing with historical control (3-year OS: 70.9% vs 53.6%; HR [0.51; 95% CI, 0.29-0.92; P = 0.024]).

Conclusion The combination of decitabine and idarubicin appears to be a safe and highly effective conditioning regimen for patients with advanced MDS and sAML.

OR-0005

Expression of VISTA regulated via IFN- γ governs endogenous T cell function and exhibits correlation with the efficacy of CD19 CAR-T cell treated B-malignant mice

Donghai Tang, Li Zhao, Fen Yan, Chunxiao Ren, Kailin Xu, Kai Zhao
Blood Diseases Institute, Xuzhou Medical University, Xuzhou 221002, Jiangsu, China

Objective Despite continuous improvements in the new target and construction of CAR-T, relapse remains a significant challenge following CAR-T therapy. Tumor microenvironment (TME) strongly correlates with the efficacy of CAR-T therapy. V-domain Ig suppressor of T cell activation

(VISTA), which exerts a multifaceted and controversial role in regulating the TME, acts not only as a ligand on antigen presenting cells but also functions as a receptor on T cells. However, the characteristics and underlying mechanisms governing endogenous T cell activation by VISTA, which are pivotal for reshaping the TME, remain incompletely elucidated.

Methods The immunocompetent B-ALL, lymphoma, and melanoma murine models were employed to investigate the characteristics of endogenous T cells within the TME following CD19 and hCAIX CAR-T cell therapy, respectively. Furthermore, we examined the role of VISTA controlled by IFN- γ signaling in regulating endogenous T cell activation and functionality in B-ALL mice.

Results We demonstrated that the administration of CD19 CAR-T or hCAIX CAR-T cell therapy elicited augmented immune responses of endogenous T cells within the TME of B-ALL, lymphoma, and melanoma mice, thereby substantiating the efficacy of CAR-T cell efficacy. However, in the TME lacking IFN- γ signaling, VISTA levels remained elevated, resulting in attenuated cytotoxicity of endogenous T cells and reduced B-ALL recipient survival. Mice treated with CD19 CAR-T cells exhibited increased proportions of endogenous memory T cells during prolonged remission, which possessed the tumor responsive capabilities to protect against B-ALL re-challenge. Compared to wild-type (WT) CAR-T treated mice, the administration of IFN- γ -/- CAR-T to both WT and IFN- γ -/- recipients resulted in a reduction in the numbers of endogenous CD4+ and CD8+ effectors, while exhibiting increased populations of naïve-like CD4+ T and memory CD8+ T cells. VISTA expression consistently remained elevated in resting or memory CD4+ T cells, with distinct localization from PD-1 expressing T subsets. Blocking the VISTA signal enhanced DC-induced proliferation and cytokine production by syngeneic T cells.

Conclusion Our findings confirm that endogenous T cell activation and functionality are regulated by VISTA, which is associated with the therapeutic efficiency of CAR-T and provides a promising therapeutic strategy for relapse cases in CAR-T therapy.

OR-0006

CCCG-ALL-2015 方案异基因造血干细胞移植多中心回顾性临床研究

黄小航、陈静

上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心

目的 对纳入中国抗癌协会小儿肿瘤专业委员会急性淋巴细胞白血病 2015 研究 (CCCG-ALL-2015) 方案并最终进行异基因造血干细胞移植的急性淋巴细胞白血病 (ALL) 儿童进行临床效果及主要预后因素进行分析。

方法 对 2015 年 1 月 1 日至 2019 年 12 月 31 日就诊于 CCCG-ALL 协作组 20 家医院, 采用 CCCG-ALL-2015 统一方案治疗的 7640 例患儿中进行异基因造血干细胞移植治疗的患儿进行回顾性研究。数据采集自国内 20 家造血干细胞移植中心 (其中 11 家中心为协作组医院, 9 家中心为非协作组医院)。总生存率 (OS) 和无事件生存率 (EFS) 分析采用 Kaplan-Meier 生存分析法, 组间生存率比较采用 Log-rank 检验, 单/多因素分析采用 Cox 回归多因素模型。

结果 共 378 例患儿进行异基因造血干细胞移植, 占总病例的 4.95%。其中 313 例患儿具有完整数据, 男 209 例, 女 104 例。B-ALL 269 例, T-ALL 44 例。单倍体供体移植 204 例 (65%), 无关全相合供体移植 89 例, 同胞全相合供体移植 20 例。移植后中位随访 2.02 年 (0.02-6.67 年)。移植后 7 年 OS 60.8%, EFS 56.1%, 累积复发率 26.6%。单倍体供体与非单倍体供体相比, III-IV° 急性移植物抗宿主病 (aGVHD) 发生率 (58.21% vs. 53.21%, $P=0.41$)、OS (60.9% vs. 61.9%, $P=0.91$)、EFS (57.3% vs. 55.5%, $P=0.40$) 均无明显差异。IV° aGVHD 可致 OS 明显下降 (26.9% vs. 64.5%, $P<0.001$), 主要为治疗相关死亡 (感染死亡 18/19 例, 94.7%)。单倍体供体移植后复发率更低 (18.9% vs. 29.5%, $P=0.032$), 慢性移植物抗宿主病 (cGVHD) 发

生率更高 (39.3% vs. 25%, $P=0.03$)，其中以中重度 cGVHD 发生为主 (60.76% vs. 30.71%, $P=0.013$)。轻度 cGVHD 发生相较于无 cGVHD、中度及重度 cGVHD 发生而言，有较好的 OS 及 EFS (OS, 77.1% vs. 62.3%、64.7%、30.7%, $P<0.001$; EFS, 75.1% vs. 56.4%、61.1%、25.3%, $P<0.001$)。

结论 本研究结果显示，CCCG-ALL-2015 多中心协作组中儿童 ALL 异基因造血干细胞移植后长期总生存率与 EBMT、COG 等报告的结果相似。相较于无关全相合及同胞全相合供者，单倍体供者对患儿生存并无影响，且复发率更低。IV^aaGVHD 发生可导致较高治疗相关死亡事件并明显影响生存。移植后轻度 cGVHD 发生具有更好的长期无事件及总体生存。

OR-0007

Factors associated with chronic graft-versus-host-disease after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation --- a single-center, prospective study

Ting Chen, Yimei Feng, Lidan Zhu, Jia Liu, Han Yao, Shichun Gao, Huanfeng Liu, Lu Wang, Yuqing Liu, Lu Zhao, Lei Gao, Peiyan Kong, Xi Zhang
Medical Center of Hematology, Xinqiao Hospital of Army Medical University

Objective To investigate the factors associated with the onset of chronic graft-versus-host-disease (cGVHD) within one year after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation from 2020 to 2022 ($n = 140$).

Methods We prospectively evaluated the data including 140 patients who underwent allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) in the Medical Center of Hematology, Xinqiao Hospital of Army Medical University from January 2020 to January 2022. All patients were followed up until January 2023. Associations between the factors and the onset of cGVHD were analysed using COX regression. In the risk factor analysis, a COX regression model was used, variables with $P < 0.20$ in univariate analysis were entered into the multivariate analysis.

Results One year after allo-HSCT, cGVHD occurred in 28.5% (40/140) of patients, while aGVHD occurred in 30.1% (43/140) of patients. The median (range) age of the allo-HSCT patients was 31 (5-59) years. HLA-matched transplantation patients were 61.4% (86/140). In univariable analyses, the occurrence of cGVHD was associated with previous aGVHD, CMV infections, the expression levels of CXCL9 and CCL17 at 3 months after allo-HSCT. We found that the occurrence of cGVHD was associated with high expression of CXCL9 ($> 5000\text{ng/L}$) at 3 months after allo-HSCT and previous aGVHD in the multivariate analysis.

Conclusion High expression level of CXCL9 at 3 months after allo-HSCT and previous aGVHD are independent risk factors for cGVHD. Moreover, prevention and previous treatment of aGVHD can reduce the occurrence of cGVHD. Cytokines maybe a promising monitor target to predict the onset of cGVHD.

OR-0008

含地西他滨的强化预处理与标准清髓预处理用于成人 KMT2A 重排急性白血病异基因造血干细胞移植的有效性与安全性研究

胡中丽、刘启发
南方医科大学南方医院

目的 异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 是 KMT2A 重排 (KMT2A-r) 急性白血病的重要治疗手段, 最佳预处理方案仍无定论。本研究旨在比较含地西他滨的强化预处理与标准清髓预处理在成人 KMT2A-r 急性白血病 allo-HSCT 中的有效性与安全性。

方法 回顾性分析 2009 年 4 月至 2019 年 12 月于多中心行首次 allo-HSCT 的成人 KMT2A-r 急性白血病患者的临床资料, 研究终点为总生存率 (OS), 无病生存率 (DFS), 累计复发率, 非复发死亡率 (NRM), 预处理相关毒性 (RRT), 造血重建时间与移植物抗宿主病 (GVHD)。

结果 共纳入 218 例患者, 含地西他滨的强化预处理 (强化组) 105 例, 标准清髓预处理 (标准组) 113 例。中位随访时间 37.6 个月, 强化组与标准组的 3 年 OS 分别为 74.0% (95%CI 64.6-84.7) 和 61.1% (52.2-71.5; $p=0.025$), 3 年 DFS 为 72.6% (63.2-83.3) 和 55.7% (46.7-66.4; $p=0.004$), 3 年累计复发率为 16.6% (7.2-25.1) 和 37.5% (26.7-46.7; $p<0.001$), 3 年 NRM 为 13.0% (5.1-20.2) 和 10.9% (4-17.3; $p=0.83$)。在多个亚组中强化组 OS 均优于标准组。两组的 RRT、造血重建时间和 GVHD 无统计学差异。

结论 与标准清髓预处理方案相比, 含地西他滨的强化预处理可能更推荐用于成年 KMT2A-r 急性白血病患者 allo-HSCT。

OR-0009

不同临床生物学特征对接受异基因造血干细胞移植的 NPM1 突变的急性髓系白血病患者预后的影响

袁晓琳、吴一波、来晓瑜、刘丽珍、施继敏、郑伟燕、余建、赵妍敏、孙洁、蔡真、黄河、罗依
浙江大学医学院附属第一医院

目的 NPM1 基因突变是急性髓系白血病 (AML) 中最常见的突变, 占有成人 AML 病例的 30%-35%。NPM1 突变的 AML 已被重新分类为一种具有独特生物学和临床病理特征的白血病。本研究的目的是评估接受异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 的 AML 患者中不同临床生物学特征对预后的影响。

方法 本研究回顾性分析了 115 在浙江大学医学院附属第一医院接受 allo-HSCT 的 NPM1 突变 AML 患者。主要终点事件包括累积复发率 (CIR)、无复发生存率 (LFS) 和总体生存率 (OS)。

结果 本研究纳入了 115 例 NPM1 突变 AML 患者, 年龄中位数为 46 岁 (四分位间距: 36-50 岁)。最常见合并突变是 FLT3-ITD (58.3%) 和 DNMT3A (40.0%), 其次是 IDH2 (18.3%)、NRAS (13.9%) 和 IDH1 (11.3%)。3 年累积复发率 (CIR) 和无复发生存率 (LFS) 分别为 17.3% 和 77.2%。合并 FLT3-ITD 的患者 3 年 CIR 明显高于无 FLT3-ITD 的患者 (24.3% vs. 7.0%; $P=0.023$)。合并有 DTA (DNMT3A、TET2 和 ASXL1) 突变的患者 3 年 CIR 明显高于无 DTA 突变的患者 (24.7% vs. 11.2%; $P=0.030$)。与非亲缘供者 (URD) 和单倍体 (HRD) 供者相比, 接受同胞全相合供者 (MSD) allo-HSCT 的患者 CIR 最高 (10.0%, 11.2% 和 46.2%, $P=0.002$)。移植前可测残留疾病阴性 (MRD-)、MRD+ 和未缓解患者的 3 年 CIR 分别为 10.9%、30.0% 和 72.2% ($P<0.001$)。经过多变量调整, DTA 突变、移植前 MRD+ 或未缓解以及 MSD 与较高的

CIR 以及较低的 LFS 和 OS 显著相关。在单变量和多变量分析中，AML 的发育阶段对结果影响不显著。

结论 在接受 allo-HSCT 的 NPM1 突变的 AML 患者中，合并 DTA (DNMT3A、TET2 和 ASXL1) 突变确定了一个预后不良的患者亚组。我们的结果表明，对于 NPM1 突变的 AML 患者，接受 HRD/URD 移植比 MSD 移植可以获得更强的移植物抗白血病效果。

OR-0010

WT1 Gene Mutations Impact Post-Transplant Relapse in Myelodysplastic Syndrome with Excess Blasts 2 Patients

Wenwen Guo, Erjie Jiang

Institute of Hematology and Hospital of Blood Disease, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical

Objective Wilms tumor 1 (WT1) gene mutations are infrequent in myelodysplastic syndrome (MDS), but MDS with WT1 mutations (WT1mut) is considered high risk for acute myeloid leukemia transformation. The influence of WT1 mutations in patients with MDS after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) is unclear.

Methods we conducted a retrospective study of 136 patients diagnosed with MDS with excess blasts 2 (MDS-EB2) who underwent allo-HSCT between 2017 and 2022 in our center, to clarify the prognostic value of WT1 mutations.

Results WT1mut patients had a higher 2-year cumulative incidence of relapse (CIR) than WT1 wild-type (WT1wt) cases (26.16% vs. 9.41%, $p = 0.037$) after allo-HSCT. No significant differences in 2-year overall survival (OS) (77.00% vs. 70.30%, $p = 0.678$), non-relapse mortality (NRM) (10.00% vs. 22.14%, $p = 0.271$), event-free survival (EFS) (63.18% vs. 68.44%, $p = 0.711$), or graft versus host disease-free/relapse-free survival (GRFS) (48.15% vs. 45.27%, $p = 0.642$) were detected between WT1mut and WT1wt patients. Multivariate analysis of relapse showed that WT1 mutations, TP 53 mutations, and $\geq 5\%$ blasts in bone marrow (BM) at transplantation were independent factors for predicting relapse. Patients were stratified into three groups according to the risk factors. Two-year CIR in high-risk-, intermediate-, and low- groups differed significantly (31.82%, 11.56%, and 0%, respectively).

Conclusion Hence, besides TP53, WT1 mutations may be related to post-transplant relapse in patients with MDS-EB2.

OR-0011

造血干细胞移植后 CMV 特异性 T 细胞 在来特莫韦预防中的重建特征

王璐祥、黄佳瑜、张子璐、潘增凯、江传和、胡晓霞
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 造血干细胞移植后来特莫韦预防可使得有临床意义 CMV 感染 (clinically significant CMV infection, csCMVi) 显著减少，但来特莫韦停药后迟发性 csCMVi 仍值得关注。

方法 我们回顾性分析了从 2022 年 8 月至 2023 年 12 月，于本中心进行造血干细胞移植的患者共计 127 例。我们使用 CMV-FlowSpot 技术监测 CMV 特异性 T 细胞重建。其中 CMV-F 组 (N=80) 在 CMV-FlowSpot 比值 >1.5 时停止来特莫韦预防，CMV-N 组 (N=47) 在 100d 停止来特莫韦预防。

结果 来特莫韦停药后 60 天内，两组患者迟发性 csCMVi 累积发生率为 CMV-N 组 16.27%（95% CI: 2.40-9.06）比 CMV-F 组 3.22%（95%CI: 8.16-14.85, $p = 0.019$ ）。移植后 120 天，CMV 特异性 T 细胞重建在迟发性 csCMVi 较非迟发组显著降低（0.50 比 1.20, $p = 0.03$ ）。多因素分析发现，患者年龄、供者 CMV IgG 以及激素暴露均与迟发性 csCMVi 发生相关。

结论 对于移植后迟发性 csCMVi 高风险患者，延长来特莫韦预防可获益。在来特莫韦延长使用过程中，CMV 特异性 T 细胞重建监测为可靠指导方法。

OR-0012

回输采集物成分对恶性血液病异基因造血干细胞移植预后的影响

衡晶晶、秦洋、边志磊、姜中兴、曹伟杰、张然
郑州大学第一附属医院

目的 探讨回输采集物成分对异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）后植入、移植物抗宿主病（GVHD）、复发、总体生存率（OS）及无病生存率（DFS）的影响。

方法 纳入 2023 年 07 月至 2024 年 05 月期间于郑州大学第一附属医院血液科行异基因造血干细胞移植的血液病患者，共计 270 例。流式细胞术检测采集物淋巴细胞亚群，收集采集物 CD34+、MNC、CD3+、CD19+、杀伤性 T 细胞、辅助性 T 细胞、自然杀伤（NK）细胞、细胞毒性强 NK 细胞、自然杀伤性 T 细胞、调节性 T 细胞、CD4/CD8 相关数据，评估采集物各成分对植入、急性 GVHD、慢性 GVHD、复发及生存的影响。

结果 ①采集物 MNC 细胞数目与中性粒细胞植入（14d vs. 13d, $p=0.048$ ）、血小板植入时间有关（19d vs. 17d, $p=0.011$ ），差异具有统计学意义；②调节性 T 细胞数目与急性 GVHD 发生率有关（45.2% vs. 18.8%, $p=0.024$ ），差异具有统计学意义；③CD3+数目与急性 GVHD 发生率密切相关（39.1% vs 14.7%, $p=0.037$ ）；④细胞毒性强 NK 细胞数目与移植后复发率有关（41.2% vs. 13.5%, $p=0.019$ ），差异具有统计学意义；⑤至随访结束，所有患者总生存率（OS）为 82.4%、无病生存率（PFS）为 78.6%。其余淋巴细胞亚群与患者植入、GVHD、复发、OS、PFS 之间差别无统计学意义，P 值均大于 0.05。

结论 对于行 allo-HSCT 的恶性血液病患者而言，采集物淋巴细胞亚群与患者植入、GVHD、复发、OS 及 PFS 密切相关，但需要多中心大样本临床数据的进一步支持。

OR-0013

不同剂量抗胸腺细胞球蛋白在地中海贫血 同胞全相合造血干细胞移植的临床研究

黄秋霖、赖永榕、刘容容、肖鸿文
广西医科大学第一附属医院

目的 评估预处理方案中不同剂量抗胸腺细胞球蛋白(ATG)在地中海贫血（地贫）同胞全相合造血干细胞移植（MSD-HSCT）的疗效和安全性。

方法 295 例患者随机分入 ATG-8 组（147 例）和 ATG-10 组（148 例）。ATG-10 组应用 GX-07-TM 方案（ATG 10mg/kg），ATG-8 组预处理方案中 ATG 为 8mg/kg。分析全部患者的移植结局。

结果 ATG-8 组和 ATG-10 组 3 年总生存率（OS）、无地中海贫血生存率、无严重急慢性移植物抗宿主病及无复发生存率（GRFS）无统计学差异（98.6%vs 95.3%, $p=0.093$ ；98.6%vs 95.3%, $p=0.093$ ；91.2% vs 90.2%, $p=0.986$ ）；III-IV 级急性移植物抗宿主病（GVHD）、中-重度慢性 GVHD 累计发生率无统计学差异（7.2% vs 4.2%, $p=0.270$ ；5.0% vs 4.2%, $p=0.750$ ）。在脐带

血+骨髓亚组中，ATG-8组较ATG-10组3年OS、GRFS高（100% vs 86.5%， $p=0.007$ ；95.8% vs 80.6%， $p=0.019$ ）；移植相关死亡率（TRM）低（0 vs 13.5%， $p=0.012$ ）。在外周血+骨髓亚组中，ATG-8组较ATG-10组3年OS、GRFS无统计学差异（97.9% vs 98.2%， $p=0.892$ ；88.4% vs 94.3%， $p=0.109$ ）；ATG-8组的出血性膀胱炎（HC）发生率较ATG-10低（15.5% vs 27.0%， $p=0.043$ ）。

结论 对于地贫MSD-HSCT，移植物来源为脐带血+骨髓时，ATG 8mg/kg与较高的OS、GRFS和较低的TRM相关；移植物来源为外周血+骨髓时，ATG 8mg/kg与ATG 10mg/kg的OS、GRFS相似，HC发生率低。

OR-0014

LY007：一种用于复发或难治性B细胞非霍奇金淋巴瘤的新型抗CD20 CAR-T细胞疗法的I期研究

盛凌霄、赵维莅

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 大B细胞淋巴瘤（LBCL）约40%患者一线治疗后出现复发/难治（R/R）。LY007细胞注射液是我国自主研发的靶向CD20的CAR-T细胞疗法，引入OX40和4-1BB双共刺激域，减少T细胞耗竭、增强CAR-T细胞杀伤。本研究是单臂、开放、“3+3”剂量递增的临床研究，主要目的是确定LY007的安全性、初步疗效和药代动力学特征。

方法 本研究是单臂、开放、“3+3”剂量递增的临床研究，共设置3个剂量水平（ 0.5×10^6 CAR-T cell/kg； 1.5×10^6 CAR-T cell/kg； 5.0×10^6 CAR-T cell/kg）。关键入排是根据WHO 2016标准经细胞学或组织学确诊的CD20+ R/R B-NHL患者。主要目的是确定LY007的安全性、初步疗效和药代动力学特征。

结果 截至2023年12月25日，9例受试者接受了3个剂量水平的LY007细胞注射液治疗，中位随访时间为5.09（0.92-18.10）个月。9例受试者中，89%伴有结外受累病灶，78% IPI ≥ 2 ，44%最大病灶长径 ≥ 5 cm，其中两例 > 8 cm。可评估疗效的受试者第28天ORR和CRR分别为67%和33%，第3个月ORR和CRR为83%和67%。9例受试者最佳ORR为89%。最长缓解期为12.3个月。6个月时，OS和PFS分别为100%和88.9%。所有受试者未出现DLTs、ICANS和 ≥ 3 级CRS。未发生严重的低丙种球蛋白血症及严重感染。所有受试者都具有良好的CAR-T细胞扩增和长期存续性。

结论 LY007细胞注射液具有良好的耐受性和疗效，在肿瘤负荷高（如结外受累病灶多和最大病灶长径 ≥ 5 cm）的受试者中也观察到良好的疗效。对于R/R LBCL，LY007细胞注射液将能够提供差异化的治疗选择。

OR-0015

数字病理学弥漫大 B 细胞淋巴瘤的淋巴瘤微环境亚型实用分类

王雨晴^{1,2}、王硕¹、许彭鹏¹、王玥¹、易红梅¹、许海敏¹、田爽¹、董妍¹、赵晶¹、付迪¹、牟荣吉³、王黎^{1,4}、赵维莅^{1,4}

1. 上海交通大学附属瑞金医院

2. 哈尔滨医科大学附属第一医院

3. 上海交通大学

4. 中法生命科学与基因组研究中心分子病理学实验室

目的 弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 是一种高度异质性疾病。由于肿瘤内在因素和淋巴瘤微环境 (LME) 成分的不同, 患者的临床预后也不同。最近的一项转录组学研究发现, DLBCL 可分为四种不同 LME 的亚型, 其临床预后也各不相同: 生发中心样型 (GC)、间质型 (MS)、炎症型 (IN) 和耗竭型 (DP)。然而, 由于对组织的要求苛刻、成本高、处理时间长等原因, 在常规临床实践中实施这种分类一直受到阻碍。为了解决这个问题, 本研究旨在开发一种基于组织 IHC 染色的算法, 对 DLBCL 患者的 LME 进行分类。

方法 这项研究纳入 DLBCL NOS 分型或高级别 B 细胞淋巴瘤患者, 这些患者肿瘤组织的转录组数据被用于计算金标准 LME 亚型。根据患者的石蜡包埋组织存档, 按 6 比 4 分为训练队列和测试队列。根据每个亚型的代表性细胞和高表达基因选择潜在标记物后, 对训练队列中患者的组织切片进行免疫组化染色和 Mallory 染色, 使用全切片图像分析进行量化, 并使用 RPART 决策树算法建立模型。获得的模型与测试队列中的金标准进行一致性验证。

结果 在训练队列和测试队列中, 基于所选择的五种标记物的决策树算法与金标准的吻合率分别为 84% 和 81%。此外, 基于染色的 LME 亚型在总生存期和无进展生存期方面也存在明显差异。

结论 这项研究为 DLBCL 患者的 LME 分类提供了一个实用工具, 可能有助于指导 DLBCL 患者的个性化免疫疗法。

OR-0016

Zanubrutinib, Lenalidomide and Rituximab Plus Cyclophosphamide, Doxorubicin, Vincristine, and Prednisone in Non-Germinal Center B-Cell Diffuse Large B-Cell Lymphoma: A Multi-center Phase II trial in Chinese Cohort by Jiangsu Cooperative Lymphoma Group (JCLG)

Yi Xia¹, Zhang Xiaohui², Xiaoyan Xie³, Yi Miao¹, Shuchao Qin¹, Siqi Qian¹, Bingzong Li², Jianyong Li¹, Wenyu Shi⁴, Huayuan Zhu¹

1. Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital

2. Department of Hematology, the Second Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, 215000, China

3. Department of Hematology, Northern Jiangsu People's Hospital Affiliated to Yangzhou University, Yangzhou, 225000, China

4. Department of Oncology, Affiliated Hospital of Nantong University, Nantong, 226001, China

Objective Patients with non-germinal center B-cell-like (non-GCB) diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) often have a poor response to rituximab, cyclophosphamide, doxorubicin, vincristine, and prednisone (R-CHOP) treatment. The BTK inhibitor in combination with lenalidomide exhibits synergistic anti-tumor effects.

Methods We recruited 34 patients with newly diagnosed non-GCB DLBCL for inclusion in this multi-center, phase II trial investigating Zanubrutinib, lenalidomide, and R-CHOP (ZR2-CHOP).

Patients received Zanubrutinib at a dosage of 160mg twice daily, lenalidomide at either 10mg or 25mg once daily on Days 1-7, and R-CHOP every 21 days for a maximum of 6 cycles. The primary endpoints were the complete response (CR) rates at mid-term and end-of-treatment (EOT). Circulating tumor DNA analysis was conducted on evaluable samples.

Results The median age was 55 years, with 29.4% of patients older than 60 years. Among the patients, 64.7% were double expressors of MYC and BCL2 proteins, and 39.3% belonged to the MCD subtype. The best overall response rate was 100%. At the mid-term evaluation, 70.6% of patients achieved CR, while at the EOT evaluation, 94.1% achieved CR. In all treated patients, with a median follow-up of 26 months, the 2-year progression-free survival rate was 82.9%, and the 2-year overall survival rate was 100%. 84% (21/25) achieved plasma circulating tumor DNA negativity during treatment. Grade 3-4 adverse events occurred in 67.6% of patients, primarily hematologic toxicity. One patient died of secondary acute myeloid leukemia.

Conclusion ZR2-CHOP is safe and effective for treating patients with newly diagnosed non-GCB DLBCL.

OR-0017

鼻外 NK/T 细胞淋巴瘤患者临床特征和预后分析 ——淮海淋巴瘤协作组多中心回顾性研究

沈子园、桑威
徐州医科大学附属医院

目的 探索鼻外 NK/T 细胞淋巴瘤 (natural killer/T cell lymphoma, NKTCL) 患者的临床特征和预后影响因素。

方法 回顾性收集 2015 年 6 月-2021 年 4 月在淮海淋巴瘤协作组 10 家医疗中心确诊的 138 例鼻外 NKTCL 患者的临床资料。组间差异分析采用卡方检验和 Kruskal-Wallis 检验; 采用 Cox 比例风险模型进行单因素、多因素分析; 绘制患者的生存曲线, 组间比较使用 Log-rank 检验。

结果 138 例鼻外 NKTCL 患者的中位年龄 46 (范围: 15-80) 岁, 男女比例 2:1。胃肠受累患者 39 例 (28.3%), 口咽受累患者 32 例 (23.2%), 皮肤受累患者 17 例 (12.3%)。皮肤受累的患者伴有更高比例的晚期疾病和更低比例的 CD56 阳性率。胃肠受累患者中使用培门冬酶治疗方案的患者生存情况明显优于未使用培门冬酶治疗方案的患者。多因素分析结果表明, 血肌酐是皮肤受累患者预后的独立影响因素 (HR = 1.027, P = 0.040); 较高的 ECOG PS 评分和 EBV DNA 阳性是胃肠受累患者预后的不良影响因素 (HR = 2.635, P = 0.030; HR = 4.772, P = 0.038); ECOG PS 评分和 CA 分期是口咽受累患者预后的独立影响因素 (HR = 13.875, P = 0.002; HR = 20.261, P = 0.005)。

结论 鼻外 NKTCL 患者的临床病理特征表现各异, 需要进一步探索鼻外患者的个体化治疗方法。

OR-0018

Extranodal Diffuse Large B-Cell Lymphoma: Clinical and Molecular Insights with Survival Outcomes from the Multicenter EXPECT Study

Siyuan Chen¹, Pengpeng Xu¹, Ru Feng², Guohui Cui³, Li Wang¹, Shu Cheng¹, Huilai Zhang⁴, Xiaolei Wei², Yongping Song⁵, Kaiyang Ding⁶, Lihua Dong⁷, Zunmin Zhu⁸, Shenmiao Yang⁹, Xin Wang¹⁰, Tingbo Liu¹¹, Jianda Hu¹², Xiaoyun Zheng¹³, Ou Bai¹⁴, Jingyan Xu¹⁵, Liang Huang¹⁶, Wei Sang¹⁷, Keqian Shi¹⁸, Fan Zhou¹⁹, Fei Li²⁰, Aibin Liang²¹, Hui Zhou²², Siguo Hao²³, Honghui Huang²⁴, Bin Xu²⁵, Wenbin Qian²⁶, Caixia Li²⁷, Zhiming Li²⁸, Chongyang Wu²⁹, Xiaobo

- Wang³⁰,Wenyu Shi³¹,Shuye Wang³²,Yuyang Tian³³,Xi Zhang³⁴,Keshu Zhou⁷,Lijuan Cui³⁵,Hui Liu³⁶,Huo Tan³⁷,Qing Leng³⁸,Donglu Zhao³⁹,Ting Niu⁴⁰,Weili Zhao^{1,41}
1. Shanghai Institute of Hematology, State Key Laboratory of Medical Genomics, National Research Center for Translational Medicine at Shanghai, Ruijin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China
 2. Department of Hematology, Nanfang Hospital of Southern Medical University, Guangzhou, China
 3. Institute of Hematology, Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan, China
 4. Department of Lymphoma, Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital, National Clinical Research Center for Cancer, Key Laboratory of Cancer Prevention and Therapy, Tianjin's Clinical Research Center for Cancer, Tianjin, China
 5. Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of Zhengzhou University, Zhengzhou, China
 6. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of University of Science and Technology of China, Hefei, China
 7. Department of Hematology, The Affiliated Cancer Hospital of Zhengzhou University, Henan Provincial Institute of Hematology, Zhengzhou, China
 8. Department of Hematology, Henan Provincial People's Hospital, Zhengzhou University, Zhengzhou, China
 9. National Clinical Research Center for Hematologic Disease, Peking University Institute of Hematology, Peking University Peoples Hospital, Beijing, China
 10. Department of Hematology, Shandong Provincial Hospital, Shandong University, Jinan, Shandong, China
 11. Department of Hematology, Fujian Medical University Union Hospital, Fujian Institute of Hematology, Fujian Provincial Key Laboratory on Hematology, Fuzhou, China
 12. Department of Hematology, Fujian Institute of Hematology, The Second Affiliated Hospital of Fujian Medical University, Quanzhou, China
 13. Department of Hematology, Fujian Institute of Hematology, The First Affiliated Hospital of Fujian Medical University, Fuzhou, China
 14. Department of Hematology, The First Hospital of Jilin University, Changchun, China
 15. Department of Hematology, Nanjing Drum Tower Hospital, Nanjing, China
 16. Department of Hematology, Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan, China
 17. Department of Hematology, The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University, Xuzhou, China
 18. Department of Hematology, The First People's Hospital of Yunnan Province, Kunming, China
 19. Department of Hematology, General Hospital of Northern Theater Command, Shenyang, China
 20. Center of Hematology, The First Affiliated Hospital of Nanchang University, Nanchang, China
 21. Department of Hematology, Tongji Hospital, School of Medicine, Tongji University, Shanghai, China
 22. Department of Lymphoma & Hematology, Hunan Cancer Hospital, The Affiliated Cancer Hospital of Xiangya School of Medicine, Central South University, Changsha, China
 23. Department of Hematology, Xinhua Hospital Affiliated to Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China
 24. Department of Hematology, Ren Ji Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China
 25. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of Xiamen University, Xiamen, China
 26. Department of Hematology, Second Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine, Hangzhou, China
 27. Jiangsu Institute of Hematology, The First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, China
 28. Department of Medical Oncology, Sun Yat-sen University Cancer Center, Guangzhou, China
 29. Department of Hematology, Lanzhou University Second Hospital, Lanzhou, Gansu, China
 30. Department of Hematology, The Second Affiliated Hospital of Dalian Medical University, Dalian, China
 31. Department of Oncology, Affiliated Hospital of Nantong University, Nantong, China
 32. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital, Harbin Medical University, Harbin, China
 33. Department of Hematology, Hainan Cancer Hospital, Haikou, China
 34. Department of Hematology, Xinqiao Hospital, Third Military Medical University, Chongqing, China
 35. Department of Hematology, General Hospital of Ningxia Medical University, Yinchuan, China
 36. Department of Hematology, Beijing Hospital, Ministry of Health, Beijing, China
 37. Department of Hematology, The Fifth Affiliated Hospital of Guangzhou Medical University, Guangzhou, China
 38. Department of Hematology, Anshan Central Hospital Affiliated to China Medical University, Anshan, China
 39. Department of Hematology and Oncology, Harbin Institute of Hematology and Oncology, Harbin, China
 40. Department of Hematology, West China Hospital, Sichuan University, Chengdu, China
 41. Pôle de Recherches Sino-Français en Science du Vivant et Génomique, Laboratory of Molecular Pathology, Shanghai, China

Objective Diffuse Large B-cell lymphoma (DLBCL) is an aggressive subtype of non-Hodgkin's lymphoma and represents a heterogeneous entity. A significant portion of DLBCL arises from

extranodal organs, of which the involvement indicates adverse clinical outcomes. The primary objective was to examine the clinical and molecular features of extranodal involvement in DLBCL. Furthermore, we aimed to evaluate the survival outcomes of patients with this subtype to provide insights into the effectiveness of existing treatment strategies.

Methods In this population-based cohort study, we retrospectively investigated the clinical features of 5023 patients newly diagnosed with DLBCL. DNA sequencing was performed on a subset of 1050 patients to discern molecular patterns. Their clinical conditions, eligibility criteria, and sociodemographic details were meticulously recorded and analyzed.

Results The 2-year overall survival (OS) rate was 76% (95% confidence interval (CI), 68%-82%), and the 5-year OS rate was 63% (95% CI, 55%-71%). The primary treatment was immunochemotherapy with rituximab, and the addition of targeted agents was shown to improve the prognosis of extranodal DLBCL. A higher prevalence of non-germinal center B-cell-like (non-GCB) phenotypes and MYD88/CD79B mutations were noted in lymphomas affecting the breast, skin, uterus, and immune-privileged sites. Conversely, the thyroid gland and gastrointestinal tract showed a lower occurrence of non-GCB phenotypes. Remarkably, patients with multiple ENIs exhibited a higher frequency of MYD88, TET2, CREBBP mutations, increased MCD genotypes, and a worse prognosis.

Conclusion This pioneering, patient-level retrospective analysis from Asia, focusing on extranodal DLBCL in the rituximab era, highlights the intricate clinical and biological aspects of extranodal lymphoma. The results emphasize the necessity for innovative treatment approaches considering the current clinical outcomes.

OR-0019

Diagnostic and prognostic impacts of RHOA G17V mutation in cell-free DNA assessed by droplet digital polymerase chain reaction in patients with angioimmunoblastic T-cell lymphoma

Siqi Qian, Yi Miao, Xiao Lu, Tonglu Qiu, Shuchao Qin, Yi Xia, Lei Cao, Lei Fan, Huayuan Zhu, Jianyong Li
Lymphoma Center, Department of Hematology

Objective This study aimed to diagnostic and prognostic impacts of RHOA G17V mutation in cell-free DNA (cfDNA) assessed by droplet digital polymerase chain reaction (ddPCR) in patients with AITL.

Methods Patients enrolled: Fifty patients, including 34 patients with AITL and 16 patients with PTCL-NOS (from February 2020 to December 2023). Plasma samples at diagnosis and during treatment were used to extract cfDNA. The status of RHOA G17V mutation was assessed by ddPCR. Response assessments were done by PET/CT and evaluated after 3 cycles and end of first line chemotherapy (EOT), or at suspicious of disease progression.

Results Fifty patients, including 34 patients with AITL and 16 patients with peripheral T-cell lymphoma, not otherwise specified (PTCL-NOS), were included in this study. RHOA G17V mutation was detected in 61.7% (21/34) of patients with AITL but none of the patients with PTCL-NOS. The sensitivity and specificity of RHOA G17V mutation for diagnosing AITL were 61.8% and 100%, respectively. The presence of RHOA G17V mutations was associated with significantly decreased PFS (Median PFS: RHOA G17V mutated 10.5 months vs. RHOA G17V unmutated 32.4 months, $p=0.0096$). Multivariate Cox analysis identified RHOA G17V mutation as an independent prognostic factor for predicting PFS in patients with AITL (hazards ratio [HR] 6.90, $p=0.044$). For RHOA G17V-mutated AITL patients, those who achieved complete response (CR) or partial response (PR) showed a significantly lower variant allele frequency (VAF) than those who had progressive disease (PD) or stable disease (SD) (mean VAF, CR/PR 3.69% vs PD/SD 14.85%, $p = 0.0035$). A higher VAF of RHOA G17V mutation was associated with significantly

decreased PFS (Median PFS: VAF \geq 7.1% 3.02 months vs. VAF < 7.1% 12.21 months, p=0.036). A longitudinal analysis of cfDNA was performed in 12 patients with RHOA G17V mutation. The VAFs of RHOA G17V mutation remarkably decreased after treatment in patients with achieved CR or PR, while the VAFs did not change significantly after treatment in patients who did not have a response, suggesting dynamic monitoring of RHOA G17V mutation could be a supplementary method for evaluating responses in patients with RHOA G17V mutation.

Conclusion The detection of RHOA G17V mutation could be useful for the early diagnosis and differential diagnosis of AITL. RHOA G17V mutation status in cfDNA assessed by ddPCR was a robust diagnostic and prognostic marker for patients with AITL.

OR-0020

The single-cell landscape exploring abnormal T cell states and developmental trajectories in heterogeneous non-Hodgkin lymphoma

Yuqing Wang, Xi Zhang
Xinqiao Hospital, Army Medicine University

Objective According to the data published by WHO in 2023, the mobility of lymphoma is six point six-one hundred thousands. Lymphoma has the highest morbidity among hematological malignancies in Eastern Morocco, Korea and China. Non-Hodgkin lymphoma is not a single disease, but a group of diverse subtypes that have different molecular drivers, clinical outcomes, and therapeutic options. The mortality of T cell lymphoma is high and the molecular classification is unclear. Cutaneous T cell lymphoma (CTCL) is one of common types of T cell lymphoma. Currently, the advancement of single cell RNA sequencing (scRNA-seq) enables us to gain deeper insights into global patterns of transcriptomic changes at a single-cell resolution, which helps us to catch possible driver pathogenic molecules and find novel therapeutic target. However, most of scRNA-seq data focuses on B cells in non-Hodgkin lymphoma, rather than T cells.

Methods We integrated all of public scRNA-seq databases on non-Hodgkin lymphoma. We made quality control and integrated the datasets from 10 publications via Seurat. We did pseudotime analysis through Monocle 2 and Monocle 3. pySCENIC was used to do transcriptional factor enrichment analysis and Cell Chat was used for cell-cell communication analysis.

Results We integrated 10 public datasets of non-Hodgkin lymphoma. Eleven types of cells were identified. Among these datasets, cells from CTCL are most. In order to clear out T cell states in the development of CTCL. Four development trajectories were simulated. For CD4 single positive (SP) T cells, Trajectory 1 is central memory T (Tcm)-1 to regular T cell (Treg), and Trajectory 2 is Tcm-2 – resident memory T cell (Trm) – CD7 loss T cell. For CD8 SP T cells, one trajectory is Tcm-1 – Tcm-2 – effector T cell (Teff)-2, and another trajectory is Tcm-1 – Tcm-2 – effector T cell (Teff)-2. Through four developmental trajectories, active signals and exhaustive signals simultaneously upregulated, leading to dysfunctional immune responses. Finally, IRF8, SPI1 and EZH2 were identified to play a significant role during T cell state transition and may be novel target for CTCL.

Conclusion Both CD4 and CD8 T cells from malignant tissues exhibited the characteristics of high proliferation and high exhaustion, which may cause T cell dysfunction and lead to tumorigenesis. IRF8, SPI1 and EZH2 may be driver molecules in CTCL, which are potentially novel targets for therapy.

OR-0021

骨髓增生异常综合征患者 RUNX1、SF3B1 基因突变 与免疫学指标的关系及意义

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、于佳宁
兰州大学第二医院

目的 随着二代测序（NGS）技术的普及，基因突变已成为骨髓增生异常综合征（MDS）诊断及预后判断的一项重要指标，其中 RUNX1 及 SF3B1 突变分别作为 MDS 预后较差和预后良好的指标获得一致认可。与此同时，免疫异常已被认为是 MDS 发生发展的另一重要因素。但 MDS 基因突变与免疫学异常的关系并不十分清楚。为此，本研究将通过比较 RUNX1 及 SF3B1 等 MDS 相关基因突变组与野生组的免疫学指标及临床血液学特征差异，探讨基因-免疫间的关系及其在 MDS 发生发展中的可能作用。

方法 选取 2019 年 1 月 1 日至 2023 年 12 月 31 日就诊于兰州大学第二医院血液科的初诊 MDS 患者 75 例为研究对象，收集患者 19 项免疫学指标（T 细胞亚群、总 B 淋巴细胞、NK 细胞及 Tregs 细胞比例，12 项细胞因子水平）、血液学指标（WBC 计数、NE%、LY%、MO%、HGB 和 PLT 水平）及基因突变情况。根据是否存在目标基因突变将患者分为突变组和野生组。采用 SPSS 26.0、Graph Pad Prism 9.0 统计软件及 R 4.2.0 软件进行分析及绘图，比较两组间免疫学和血液学指标差异并做相关性分析。

结果 1. 本研究 75 例 MDS 患者中共检测到 18 个突变基因，其中频率较高的有 ASXL1（20%）、SF3B1（13.3%）、U2AF1（12%）、TET2（12%）、TP53（12%）、RUNX1（8%）等，64%（48/75）的患者至少存在一个重现性基因突变，1 个基因突变者（n=28）最为常见，其中多个基因之间存在共突变关系。2. 与野生组相比，RUNX1 基因突变组 IL-8 水平明显增高（ $P=0.009$ ）；WBC 也明显增高（ $P\leq 0.001$ ），其中 NE% 高于野生组（ $P=0.001$ ）、LY% 低于野生组（ $P\leq 0.001$ ）。相关性分析：IL-8 水平与 RUNX1 基因突变呈负相关（ $r=-0.389$ ， $P=0.009$ ）；WBC 计数和 NE% 与 RUNX1 基因突变呈负相关（ $r=-0.502$ ， $P\leq 0.001$ ； $r=-0.389$ ， $P=0.001$ ），而 LY% 与 RUNX1 基因突变呈正相关（ $r=0.406$ ， $P\leq 0.001$ ）。3. SF3B1 基因突变组 IL-17A 水平明显高于野生组（ $P\leq 0.0001$ ）；WBC 计数也明显增高（ $P=0.037$ ），NK 细胞比例高于野生组（ $P=0.007$ ）。相关性分析显示：NK 细胞比例和 IL-17A 水平均与 SF3B1 基因突变呈负相关（ $r=-0.309$ ， $P=0.007$ ； $r=-0.508$ ， $P\leq 0.001$ ）；WBC 计数与 SF3B1 基因突变呈负相关（ $r=-0.241$ ， $P=0.037$ ）。

结论 本研究发现 RUNX1 和 SF3B1 等基因突变均较野生组具有明显的免疫学指标差异，且不同的基因突变其免疫学特征也不同，提示 RUNX1、SF3B1 等基因突变可能通过影响免疫微环境或“基因-免疫”二者共同作用参与 MDS 的发生发展。

OR-0022

人源化 CD25 单抗预防单倍体造血干细胞移植后 急性移植物抗宿主病的疗效研究

张奥¹、黄珍莉²、张然²、曹谢娜¹、石威¹、夏凌辉¹
1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科
2. 郑州大学第一附属医院

目的 本中心开展了一项前瞻性临床队列研究，旨在评估双倍剂量的人源化 CD25 单抗不联合 MTX 在预防 aGVHD 方面的有效性与安全性，以期为移植患者提供一种更安全、更高效的预防策略。

方法 采用前瞻性研究纳入了于 2022 年 5 月-2023 年 6 月在我院行 haplo-HSCT 的 144 例恶性血液疾病的患者，统计分析患者的临床资料，随访截止于 2024 年 1 月 28 日。按照 CD25 单抗使用剂量的不同将研究人群划分为对照组与实验组。两组患者均使用他克莫司（Tac）/环孢素（CsA）+霉酚酸酯（MMF）+抗胸腺细胞球蛋白（ATG）进行 GVHD 的预防，在此基础上对照组增加单倍剂量 CD25 单抗联合 MTX，实验组增加双倍剂量 CD25 单抗。主要研究终点为移植后 100 天 aGVHD 发生率。

结果 实验组的 100 天 III-IV 度 aGVHD 发生率显著低于对照组（7.35% 比 18.42%；实验组 95%CI 7.15-7.55，对照组 95%CI 18.03-18.81； $P=0.047$ ）。实验组的 1 年 cGVHD 发生率为 4.41%（95%CI 4.29-4.53），对照组为 22.88%（95%CI 22.41-23.36），两组之间也存在显著差异（ $P=0.003$ ）。多因素分析结果显示，使用双倍剂量的 CD25 单抗为 aGVHD 发生的独立保护因素（HR 0.388，95%CI 0.181-0.832， $P=0.015$ ），且亚组分析进一步证实此结果不受基线因素的影响，具有普适性。植入方面，实验组的中性粒、血小板植入均显著早于对照组（中性粒细胞：9.5 天比 11 天， $P<0.001$ ；血小板：9.5 天比 11 天， $P<0.001$ ）。OM 发生方面，对照组的 OM 总发生率和 OM 2-4 级发生率显著高于实验组（总发生率：67.11%比 42.65%， $P=0.003$ ；2-4 度发生率：30.26%比 7.35%， $P=0.001$ ），且对照组的 OM 持续时间显著长于实验组（11 天比 5 天， $P<0.001$ ）。此外，实验组的出血性膀胱炎和细菌性血流感染的发生率更低（出血性膀胱炎：10.29%比 23.68%， $P=0.034$ ；细菌性血流感染：1.47%比 11.84%， $P=0.034$ ）。生存方面，实验组有着更好的一年无 GVHD-无复发生存（GRFS）（ $72.06 \pm 5.44\%$ 比 $60.44 \pm 5.62\%$ ， $P=0.0487$ ）。

结论 使用双倍剂量的 CD25 单抗预防方案防治 GVHD 疗效显著。并且，该方案在促进植入、减少 OM 发生、降低感染率和减轻治疗方案带来的黏膜损伤方面，均取得了不错的成效。

本研究由国家自然科学基金面上项目（批准号：82370220）、国家自然科学基金青年项目（批准号：82100233）资助

OR-0023

Letermovir Prophylaxis for Cytomegalovirus Infection Is the Potential Risk of Lethal EBV Related Diseases After Haploidentical Stem-cell Transplantation

Xuying Pei, Xiaojun Huang

Peking University People's Hospital, Peking University Institute of Hematology, National Clinical Research Center for Hematologic Disease, Beijing Key Laboratory of Hematopoietic Stem Cell Transplantation, Beijing, China

Objective Cytomegalovirus (CMV) and Epstein-Barr virus (EBV) infection commonly occur following allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-SCT), which can lead to increased morbidity and mortality, particularly in haploidentical SCT recipients. Letermovir has been shown to be highly effective in reducing the risk of complications associated with CMV infection after allo-SCT. However, it remains uncertain whether the epidemiology of EBV, which is not targeted by letermovir, will be altered in the era of letermovir. The purpose of this study was to evaluate the impact of letermovir on CMV and EBV in allo-SCT recipients, providing insights into its effectiveness and potential risks.

Methods We conducted a retrospective ($n=98$) and a prospective study ($n=247$). The retrospective study compared haploidentical SCT recipients receiving letermovir (LMV cohort) with controls undergoing PCR-guided preemptive therapy (non-LMV cohort). The prospective study prospectively collected LMV recipients (LMV cohort) and matched them with historical controls (non-LMV cohort). The PBMCs from haploidentical SCT recipients receiving LMV (LMV cohort) ($n=4$) and haploidentical SCT recipients without LMV treatment (non-LMV cohort) ($n=4$)

were collected at 0 day, 30 days, 60 days, 90 days and 180 days post haploidentical SCT. PBMC samples of haploidentical SCT recipients receiving LMV (LMV cohort) (n=5) and haploidentical SCT recipients without LMV (non-LMV cohort) (n=4) at 90 days post haploidentical SCT were added. These PBMC samples were performed single cells sequenced.

Results In both retrospective and prospective analyses, we observed a significant reduction in the incidence of CMV infection and refractory CMV infection during the 180 days post-transplant with prophylactic LMV. Although the cumulative incidence of EBV viremia was comparable in the LMV and non-LMV cohorts, the peak EBV titer and incidence of posttransplant lymphoproliferative disorders (PTLD) at 180 days was significantly higher in LMV recipients. Both in univariate and multivariate analyses, administration of LMV was significantly associated with higher risk of PTLD. The single cell sequencing analysis hinted that LMV facilitated the EBV infection in monocytes, NK cells and CD8 T cells.

Conclusion Our findings demonstrate that prophylactic LMV treatment is highly effective in reducing the risk of CMV-related complications but increases the potential risk of lethal EBV-related diseases, especially PTLD, after haploidentical SCT.

OR-0024

恶性血液病患者发生铜绿假单胞菌感染的临床特征及预后分析

高海枝^{1,2,4}、罗璐婷¹、芦丽华⁴、郑晓云^{3,4}、杨婷^{3,4,5,6}、胡建达^{2,4,5}

1. 福建医科大学附属第二医院血液科

2. 南平市第一医院

3. 福建医科大学附属第一医院滨海校区国家区域医学中心血液科

4. 福建医科大学附属协和医院血液科

5. 福建医科大学精准医学研究所

6. 福建医科大学附属第一医院血液科

目的 探讨恶性血液病患者发生铜绿假单胞菌 (*Pseudomonas aeruginosa*, PA) 感染的临床特征及预后分析。

方法 回顾性分析 2019 年 01 月 01 日至 2021 年 12 月 31 日期间在福建医科大学附属协和医院血液科 197 例合并铜绿假单胞菌感染的恶性血液病患者的临床资料。根据对碳青霉烯类药物的敏感性将患者分为碳青霉烯敏感铜绿假单胞菌 (Carbapenem-sensitive *Pseudomonas aeruginosa*, CSPA) 感染组和碳青霉烯耐药铜绿假单胞菌 (Carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa*, CRPA) 感染组, 应用 SPSS25.0 进行分析, 比较两组患者临床特征差异, 分析容易发生 CRPA 感染的危险因素及预后情况。

结果 福建医科大学附属协和医院血液科 2019 年 01 月 01 日至 2021 年 12 月 31 日经病原学检查确诊为恶性血液病伴铜绿假单胞菌感染 197 例, 共 205 株标本, 标本类型主要为血液 (23.4%)、痰 (32.3%)、口咽拭子 (22%)。单因素分析显示: CRPA 组感染前使用激素、1 年内行造血干细胞移植、住院天数 >50 天、抗生素暴露史、感染前化疗次数 >2 次的比例均高于 CSPA 组 ($P < 0.05$)。Logistic 多因素回归分析进一步显示住院天数 >50 天、抗生素暴露史、感染前化疗次数 >2 次为发生 CRPA 的独立危险因素 ($P < 0.05$)。

57 例恶性血液病伴 CRPA 感染患者进行死亡风险因素分析, 结果显示血流感染 (Bloodstream infections, BSI)、白蛋白 <30g/L、血小板计数 $\leq 10 \times 10^9/L$ 、中性粒细胞计数与患者的预后不良相关 ($P < 0.05$); Logistic 多因素回归分析进一步显示血流感染是恶性血液病伴 CRPA 感染死亡的独立危险因素 ($P < 0.05$)。

结论 住院天数 >50 天、抗生素暴露史、感染前化疗次数 >2 次为发生 CRPA 感染的独立危险因素 ($P < 0.05$)。恶性血液病伴 CRPA 感染的死亡率高, 如合并血流感染、白蛋白 <30g/L、血小板计数 $\leq 10 \times 10^9/L$ 、中性粒细胞减少, 提示患者 30 天死亡高风险, 其中血流感染为恶性血液病伴 CRPA 感染死亡的独立危险因素。

OR-0025

探究 FLT3 /DNMT3A/NPM1 共突变患者 行异基因造血干细胞移植预后

李瑞鑫、曹佳欣、杨阳、高弘焯、姜尔烈
中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 探究 FLT3 /DNMT3A/NPM1 共突变患者行 allo-HSCT 的特征、预后及影响因素。

方法 2016 年 4 月至 2023 年 12 月，收集在中国医学科学院血液病医院 59 例行 allo-HSCT 的 AML 患者。所有患者初诊时均检测 FLT3、DNMT3A 和 NPM1 等 AML 相关基因突变，并同时出现 FLT3、DNMT3A 和 NPM1 三基因突变。

结果 FLT3 /DNMT3A/NPM1 共突变患者中，中位年龄 45（14-66）岁，女性比例 73%，7% 的患者初诊时出现复杂核型及+8 染色体异常。同胞全合、半相合及非血缘供者 HSCT 分别为 54%、41% 和 5%。10% 的患者移植前复发，5% 的患者移植前本病未缓解，其中 2 例为移植前复发患者。17%（10/59）和 5%（3/59）的患者预处理前和移植前 MRD 阳性；25%（15/59）的患者移植后 MRD 阳性。

中位随访 12 个月，17 例患者死亡，累计 OS 为 67% (95% CI, 0.549-0.815)，未达中位生存期，移植前未复发患者累计 OS 为 67% (95% CI, 0.546-0.828)。8 例患者移植后复发，CIR 为 15% (95% CI, 0.068-0.256)。根据患者预处理前 MRD 是否阳性分组，预处理前 MRD 阳性和阴性患者的累计 OS 分别为 40% (95% CI, 0.187-0.855) 和 73% (95% CI, 0.600-0.884)，MRD 阳性患者 OS 更低（ $P=0.013$ ）；预处理 MRD 阳性和阴性患者的 CIR 分别为 40% (95% CI, 0.107-0.686) 和 9% (95% CI 0.029-0.205)，差异有统计学意义（ $P=0.01$ ）。多因素分析表明，移植后血培养阳性（OR=8.95, 95%CI 1.725-46.429, $P=0.009$ ），III-IV 度 aGVHD (OR=9.16, 95%CI 1.355-61.959, $P=0.023$)及移植前是否缓解 (OR=0.03, 95%CI 0.001-0.831, $P=0.038$) 与移植后 2 年内生存相关。
结论 预处理前 MRD 阳性是三基因突变患者生存及复发的不利因素。移植后血流感染、重度 aGVHD 及移植前是否缓解影响患者生存。

OR-0026

Risk factor analysis and prognostic model construction for persons with myelodysplastic neoplasm with increased blasts receiving a transplant

yingying ma¹, Quanchao Zhang², YaJing Xu³, JiMin Shi⁴, Hai Yi⁵, Yongrong Lai⁶, San-Bin Wang⁷, Tao Wu⁸, Lei Gao¹, Li Gao¹, Pei-Yan Kong¹, Qin Wen¹, Dongfeng Mao⁸, Lin Liu⁷, Zhong-Ming Zhang⁶, Bei-Cai Liu⁶, Yi Su⁹, Xiao-Yu Lai⁴, Xia Ma³, Ting-Ting Cheng³, Yi Luo⁴, Xi Zhang¹, Cheng Zhang¹

1. Medical center of hematology, Xinqiao hospital, Army medical university
2. Department of Nephrology, Xinqiao Hospital, Army Medical University
3. Department of Hematology, Xiangya Hospital, Central South University
4. Bone Marrow Transplantation Center, the First Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine
5. Department of Hematology, General Hospital of Western Theater Command, People's Liberation Army
6. Department of Hematology, The first affiliated hospital of Guangxi medical university
7. Department of Hematology, 920th Hospital of Joint Logistics Support Force
8. Department of Hematology, the 940th Hospital of Joint Logistics Support force of Chinese People's Liberation Army
9. Department of Hematology, General Hospital of Western Theater Command, People's Liberation Army

Objective Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) can potentially cure myelodysplastic neoplasms with increased blast (MDS-IB), yet the long-term survival rate post-

transplantation remains inadequate. The factors contributing to the variation in prognosis remain unclear.

Methods We interrogated data from 205 consecutive subjects with MDS-IB receiving allo-HSCT. Co-variables significantly-associated with survival in uni-variable analyses were included in multi-variable Cox regression analyses. Performance of the nomogram was assessed using area under the curve (AUC), calibration plots and decision curve analyses (DCA). Kaplan–Meier curves were used to compare survivals between risk cohorts.

Results 134 subjects (65.4%) were eligible, 55.2% were male. Median age was 44 years (20.1 years). Male sex (Hazard Ratio [HR] 2.154; 95% Confidence Interval [CI] 1.090, 4.254), measurable residual disease (MRD) status ([HR] 4.822; 95%CI 1.150, 20.217), chronic graft-versus-host disease (GvHD) ([HR] 0.327; 95%CI 0.134, 0.800), pulmonary infection ([HR] 2.037; 95%CI 1.079, 3.843) and cardiac insufficiency ([HR] 3.893; 95%CI 1.910, 7.936) were entered into the nomogram. C-statistics of 1-, 3- and 5-year survival were 0.83 (95%CI 0.75-0.91), 0.75 (95%CI 0.63-0.88) and 0.81 (95%CI 0.68-0.94) and had a well-fitted calibration curve. DCA indicated the nomogram added more net benefit than a treat all or treat none strategy. 5- year survival of a low-risk cohort was 89.5% versus 46.1% compared with a high-risk cohort ($P < 0.001$).

Conclusion Sex, MRD, cGvHD, pulmonary infection and cardiac insufficiency are independent prognostic risk factors that impacted long-term survival and were utilized to establish a nomogram. The nomogram accurately predicts survival of patients with MDS-IB receiving an allo-HSCT which, could prove useful for clinical decision-making.

OR-0027

Homoharringtonine overcomes the negative impact of genetic patterns on venetoclax plus azacitidine regimen in relapsed/refractory acute myeloid leukemia: a multi-center, cohort study

Yu Zhang¹, Guopan Yu¹, Hua Jin¹, Zhao Yin¹, Dan Xu¹, Guangyang Weng³, Sijian Yu¹, Na Xu¹, Xin Du³, Dongjun Lin⁴, Jie Xiao², Zhiqiang Sun⁵, Hongyu Zhang⁶, Xinquan Liang⁷, Ziwen Guo⁸, Weihua Zhao⁹, Jiang Xuejie¹, Shi Pengcheng¹, Jieyu Ye¹, Liu Qifa¹

1. Department of Hematology, Nanfang Hospital, Southern Medical University
2. Department of Hematology, Sun Yat-Sen Memorial Hospital, Sun Yat-Sen University
3. Department of Hematology, Shenzhen Second People's Hospital
4. Department of Hematology, The Seventh Affiliated Hospital of Sun Yat-Sen University
5. Department of Hematology, Shenzhen Hospital, Southern Medical University
6. Department of Hematology, Peking University Shenzhen Hospital
7. Department of Hematology, The First People's Hospital of Chenzhou
8. Department of Hematology, Zhongshan City People's Hospital
9. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

Objective To evaluate whether homoharringtonine (HHT) added to VA (VEN + azacitidine (AZA)) could improve the response and overcome the negative impact of genetic patterns in patients with relapsed/refractory (RR)-AML.

Methods A multi-center, cohort study of the response and the impact of genetic patterns of VAH versus VA regimens as salvage treatment in the patients with RR-AML was performed. Patients were enrolled from four clinical studies from October 2018 to December 2022 at nine medical centers in china. The endpoints in this study were to evaluate the rate of composite complete remission (CRc), measurable residual disease (MRD), event-free survival (EFS), overall survival (OS) and relapse between VAH and VA groups.

Results A total of 321 patients were analyzed, including 150 females and 171 males, with a median age at 46 (IQR, 35–61) years. There were 172 patients in the VAH and 149 in

the VA group. VAH significantly improved the rate of CRc (66.3% vs. 44.3%, $P<0.001$) and MRD negative (59.3% vs. 34.8%, $P=0.002$), also prolonged EFS (median EFS, 9.9 vs. 2.3 months, $P<0.001$) and OS (median OS, not reach vs. 14.3 months, $P=0.004$), to compared with VA. Furthermore, VAH significantly overcame the negative impact of FLT3-ITD/TKD, N/KRAS, TET2, DNMT3A mutations, and t(8;21)/AML1-ETO, as well as non-adverse ELN risk, also apparently in adverse ELN risk or complex karyotype, on the response of VA regimen.

Conclusion The impact of genetic patterns on the response presented diversely in different VEN-based regimens. HHT added to VA regimen might improve the response and overcome the negative impact of part genetic patterns in RR-AML.

OR-0028

VACAG 诱导缓解方案治疗初发急性髓系白血病 ——前瞻、多中心、单臂临床研究

李小平¹、李玉¹、李晓燕²、晋艳玲³、陈祖聪⁴、申永林⁵、袁忠涛¹、刘林¹、罗乐¹、侯十前⁶、周朝阳⁷、邱迟娥⁸、张葵⁹、王三斌¹

1. 中国人民解放军联勤保障部队第 920 医院
2. 保山市人民医院
3. 曲靖市第一人民医院
4. 德宏州人民医院
5. 滇南中心医院
6. 玉溪市人民医院
7. 楚雄州人民医院
8. 滇东北区域中心医院
9. 曲靖市第二人民医院

目的 阿扎胞苷联合维奈克拉在老年急性髓系白血病诱导缓解中已取得令人满意结果，约 66.7% 患者可实现缓解，但该方案在年轻 AML 患者中的疗效尚缺乏充足临床观察。尽管去甲氧柔红霉素联合阿糖胞苷作为经典诱导缓解方案已取得约 70% 缓解率，但副作用大、骨髓抑制时间长、部分患者无法缓解使该方案仍有进一步改进空间。我们推测阿扎胞苷联合维奈克拉在合并传统弱化疗 CAG 方案是否能取得更高缓解率的同时保证安全性。因此本研究拟探索并验证一种新的化疗方案“VACAG 方案”在成人初发 AML 诱导缓解治疗。

方法 本研究已通过伦理审查并注册临床研究 (NCT05662956)。年龄 18-65 岁、经 NCCN 指南初诊的 AML 患者、无活动性感染、出血及严重心肺功能不全、有意愿进行该临床研究的患者可入组。所有患者接受 VACAG 方案如下：维奈克拉 (100mg d1, 200mg d2, 400mg d3-21)，阿扎胞苷 (75mg/m² d1-7)，阿柔比星 (12mg/m² d1, d3, d5, d7)，阿糖胞苷 (10mg/m² d1-7)，GCSF (5ug/kg d1-7)，维奈克拉在合并唑类药物时按照说明书减量使用。初诊白细胞较高者先予以 100mg/m²/d 阿糖胞苷降肿瘤负荷直至 WBC<10×10⁹/L。治疗同时予以预防感染、成分血输注等对症支持。化疗 28 天后查骨髓形态学、流式、融合基因等评估治疗疗效。

结果 2023.01-2023.06 来自 8 家医院 26 例患者入组。50.0%、26.9% 及 23.1% 患者诊断为高危、中危及低危组。100% 患者在化疗后实现骨髓形态学 CR, MRD 缓解率为 80.8%。2 名患者化疗过程中出现血小板输注无效，维奈克拉仅使用 14 天。84% 化疗过程中联合唑类药物预防真菌感染，42.3% 患者发生不同程度的感染 (包括肺真菌感染、口唇疱疹、新冠病毒感染等)，7.7% 患者发生真菌感染突破，加强抗感染后疾病控制。中位骨髓抑制时间为 13 天，中位红细胞及血小板输注量分别为 5.5u 和 30u。药物不良反应相对较少，主要包括重度骨髓抑制 (19.2%)、肝损伤 (19.2%)、胃肠道反应 (11.5%) 及凝血功能异常 (3.8%)，无患者出现治疗相关死亡。

结论 VACAG 方案对于初发 AML 患者的诱导缓解是安全有效的，具有高缓解率、低血制品支持、低感染发生率及低不良反应的优势。

OR-0029

维奈克拉联合柔红霉素和阿糖胞苷(DA 2 + 6)治疗 急性髓系白血病: 2 期临床试验的数据更新

索晓慧¹、王冬梅²、郑芳³、张素平⁴、张丛丛¹、李银玲¹、石锐²、吴艳²、赵丽云⁵、焦宗久⁵、宋娇杰⁵、刘杰⁶、张玲⁶、李玲⁷、张志华⁸、卢新笑⁹、原琳玉⁹、高四凤¹⁰、张继磊¹⁰、赵邢力⁹、白观臣⁹、秘营昌¹¹、刘凯奇¹¹

1. 邯郸市中心医院
2. 衡水哈励逊国际和平医院血液科 河北衡水
3. 贵阳市第二人民医院 血液科
4. 郑州大学第一附属医院 血液科
5. 邢台市人民医院血液科
6. 国药同煤总医院 血液科
7. 内蒙古自治区人民医院 血液科
8. 承德医学院附属医院 血液科
9. 天津市人民医院肿瘤血液中心, 天津市
10. 青岛大学附属泰安市中心医院血液科, 山东泰安
11. 实验血液学国家重点实验室、国家血液病临床医学研究中心、中国医学科学院血液病研究所、中国协和医科大学血液病医院, 天津市

目的 进一步验证维奈克拉联合 DA(2+6)作为成人初诊 AML 诱导治疗方案的疗效和安全性。

方法 前期研究设计、参与中心、入组和排除标准、方案执行、疗效和安全性评估的详细信息已在之前发表在《Experimental Hematology & Oncology》杂志上的文章《Venetoclax 联合柔红霉素和阿糖胞苷(2 + 6)诱导治疗初诊急性髓系白血病成人患者:一项 2 期、多中心、单臂试验》中提供 (ChiCTR2200061524)。

结果 截至 2023 年 6 月 30 日, 共有 70 例新诊断的 AML 患者入组并接受 VEN 联合 DA(2+6)作为诱导治疗。中位年龄 44(16-60)岁, 男性 37 例(52.9%)。根据欧洲白血病网络(ELN)预后分组(2022), 预后良好组、中等组和不良组分别为 32 例(45.7%)、9 例(12.9%)和 29 例(41.4%)。

诱导治疗 1 疗程整体反应率 (ORR) 为 92.9%(65/70), 复合完全缓解(CR + CRi)率为 90.0% (CR 61/70, CRi 2/70)。89.5%(51/57)达缓解的患者流式微小残留病 (MRD) 阴性。3 级或 3 级以上的不良反应包括中性粒细胞减少症(100%)、血小板减少症(100%)、发热性中性粒细胞减少症, 1 例患者诱导治疗期间死亡。达 CR 的患者中位中性粒细胞恢复时间为 13(5-36)天, 中位血小板恢复时间为 13(8-48)天。

截至 2023 年 6 月 30 日, 中位随访 9(1-18)个月, 6 例患者接受 Allo-HSCT, 预计 12 个月 OS、EFS、DFS 率分别为 84.9%、81.0%、81.6%。

结论 VEN 联合 DA(2+6)作为成人初治 AML 诱导治疗方案, 缓解率高, 安全性良好

OR-0030

减低强度化疗联合奥雷巴替尼及维奈克拉 治疗成人新诊断 Ph 阳性 ALL 的临床研究

弓晓媛、房秋云、顾闰夏、邱少伟、刘凯奇、林东、周春林、张广吉、宫本法、刘云涛、魏述宁、李艳、李寿芸、刘兵城、胡依民、李君凡、王迎、秘营昌、王建祥
中国医学科学院血液病医院

目的 我们开展了一项前瞻、单臂的临床研究 (NCT05594784), 旨在探索减低强度化疗联合维奈克拉及奥雷巴替尼治疗成人 Ph+ALL 的安全性以及有效性。

方法 该研究纳入年龄 ≥ 14 岁、ECOG 体能评分 ≤ 2 且具有足够的器官功能，并且排除慢性粒细胞白血病加速期或急变期的新诊断 Ph+ALL 患者。诱导治疗方案由 4 种药物组成：维奈克拉 100mg d1、200mg d2、400mg d3-28 口服；奥雷巴替尼 40mg/次，隔日一次口服，持续用药；长春新碱 1.4mg/m²（最大剂量 2 mg）第 1、8、15、22 天静脉推注；强的松 60mg/m² d1-14，40mg/m² d15-28。第 2-3 周期为全口服治疗方案：维奈克拉 400mg $\times 7$ 天；奥雷巴替尼 40mg/次，隔日一次口服，持续用药；泼尼松 60mg/m² $\times 7$ 天。每隔 28 天为一周期。在诱导治疗期间，奥雷巴替尼起始剂量为 40mg/隔日，患者一旦达到完全分子反应（CMR），奥雷巴替尼减量为 30mg/隔日维持。根据患者 3 月时的分子学反应以及供者情况选择后续治疗方案。本研究的主要终点是 3 个月时的 CMR 率。

结果 从 2022 年 8 月到 2023 年 4 月，现已入组 31 名患者。所有患者均完成了 3 个周期的治疗，可以对主要终点进行评估。数据随访截止日期为 2023 年 7 月 25 日，中位随访时间为 5.8 个月。入组患者中位年龄为 40 岁（20-66 岁），男性占 58.1%。23 例（74.2%）患者表达 p190 转录本，8 例（25.8%）患者表达 p210 转录本。所有患者在第 1 周期结束时均获得 CR，未发生肿瘤溶解综合征或治疗相关死亡。第 1 周期结束时，17 名患者（54.8%）达 CMR，8 名患者（25.8%）达 MMR，6 名患者（19.4%）未达 MMR。3 个月时，19 名患者（61.3%）达 CMR，10 名患者（32.3%）达 MMR，2 名患者（6.5%）未达 MMR。至随访截止日期，没有患者出现复发或死亡。该方案具有良好的耐受性和安全性。大多数副作用为 1-2 级。没有患者因毒性而停用奥雷巴替尼或者维奈克拉。

结论 对于新诊断的 Ph+ALL 的患者，减低强度化疗联合奥雷巴替尼及维奈克拉的治疗方案安全有效。该方案在没有强化疗及免疫疗法的情况下可以获得较高的分子学反应率。

OR-0031

The Molecular Prognostic Scoring System for Normal Karyotype Myelodysplastic Syndromes

Wei Wang, Yudi Zhang, Wenli Yang, Yueyuan Han, Lingxu Jiang, Hongyan Tong
The First Affiliated Hospital, Zhejiang University

Objective Background: Myelodysplastic syndrome (MDS), a hematopoietic disorder, is characterized by clinical heterogeneity and varying prognoses. Reliable prognostic models are essential to stratify MDS patients and optimize clinical management. Although incorporating molecular information into MDS prognostic models improves their predictive ability, limitations of next-generation sequencing panels and potential heterogeneity among MDS patients with different karyotypes hinder their clinical translation.

Methods In total, 237 normal karyotype (NK) MDS patients from the First Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine were used as the training set to investigate the molecular frequency and prognostic spectrum of NK MDS. A lightweight molecular-clinical model was developed with overall survival (OS) as the endpoint and compared with other models using the concordance index as the primary evaluation index. An external independent validation set from the International Working Group for Prognosis in MDS cohort (691 NK MDS) was used to evaluate the model generalization ability.

Results In NK MDS, the gene mutation frequency spectrum is similar to the overall MDS population, but the differences mainly lie in the prognostic spectrum. Genes such as TP53 and SF3B1, previously associated with MDS prognoses have lost their prognostic value. Therefore, a seven-parameter molecular-clinical prognostic model called the Molecular Prognostic Scoring System for NK MDS (NK-PSS-M) was developed based on a specific molecular prognostic spectrum of NK MDS. The model includes age, hemoglobin, platelet count, blast percentage, CEBPA, RUNX1, and U2AF1. The NK-PSS-M model allows for personalized risk assessment based on patient characteristics, with higher scores indicating a greater risk and poorer prognosis.

In addition, we developed a five-class classification system based on these scores, which differentiates patients across risk categories and predicts outcomes, such as OS and LFS. The performance of NK-PSS-M was comparable to that of IPSS-M, and it significantly outperformed IPSS-R and other molecular prediction models based on it. The above results were confirmed in the external independent validation cohort. Our transcriptomics analysis revealed that the low-risk group defined by NK-PSS-M demonstrated significant activation of the inflammatory pathway, and immune activation, which is consistent with the current understanding of the immunological landscape of MDS.

Conclusion The NK-PSS-M model improved the risk stratification of non-molecular models and provided a reliable alternative to the Molecular International Prognostic Scoring System Panel. In addition, we demonstrated the molecular heterogeneity of MDS across different cytogenetics and emphasized the importance of developing cytogenetics-specific prognostic models instead of using cytogenetics as a model parameter, which could lead to more accurate predictions.

OR-0032

WHO 2022 分型和 ICC 分型标准对骨髓增生异常综合征患者的诊断和预后价值探索

吴君颖、张喻堤、秦铁军、徐泽锋、曲士强、潘丽娟、李冰、肖志坚
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 世界卫生组织（WHO）工作组更新了 MDS 第五版诊断分型标准（WHO2022）。同时，临床咨询委员会更新了 MDS 国际共识分类标准（ICC）。本研究拟比较 WHO2022 以及 ICC 诊断分型的差异，探索 WHO2022 及 ICC 诊断分型在临床中的应用价值。

方法 收集 2016 年 8 月至 2019 年 6 月我中心按照 WHO2016 诊断分型标准确诊的 989 例初诊原发性 MDS 患者的临床资料，按照 WHO-2022 及 ICC 诊断分型标准重新分型。

结果 81 例按照 WHO2022 分型标准诊断为 MDS-biTP53 的患者中，71 例按照 ICC 分型标准诊断为 MDS 或 MDS/AML 伴 TP53 突变。不再满足 ICC 标准的 MDS-biTP53 患者相较于 MDS 或 MDS/AML 伴 TP53 突变患者 IPSS-R 染色体分组及 IPSS-R 预后分组（ $P=0.014$ ）更低危，不再满足 ICC 标准的 MDS-biTP53 患者生存显著优于 MDS 或 MDS/AML 伴 TP53 突变患者（ $P=0.005$ ）。76 例患者按 WHO2022 分型标准诊断为 MDS-SF3B1 中，53 例按 ICC 分型标准依然诊断为 MDS-SF3B1。相较于按 ICC 分型标准依然诊断为 MDS-SF3B1 的患者，不再满足 ICC 分型 MDS-SF3B1 诊断标准的患者外周血白细胞、血小板计数更低，U2AF1 基因突变频率更高（ $P<0.05$ ）；不再满足 ICC 分型 MDS-SF3B1 诊断标准的患者预后较 ICC 分型中的 MDS-SF3B1 患者更差（ $P=0.003$ ）。

伴形态学异常的 MDS 患者中，WHO-2022 定义原始细胞增高的 MDS 患者若伴骨髓纤维化则诊断为 MDS 伴骨髓纤维化（MDS-f）。38 例不伴特定遗传学异常且不伴原始细胞增高的 MDS 患者较不伴原始细胞增高 MDS 患者外周血血小板水平更低、IPSS-R 染色体分组及预后分组更高危（ $P=0.05$ ）。MDS-LBf 患者中位生存短于不伴 MF 且原始细胞不增高的 MDS 患者（ $P=0.007$ ）。

结论 WHO2022 和 ICC 分型标准均有助于临床的精准诊断和分层治疗。ICC 分型对于 MDS-SF3B1、MDS 伴 TP53 突变的诊断要求所定义 MDS 患者亚群均一性更强。此外，在原始细胞不增高的 MDS 患者中，骨髓纤维化也是影响预后的不良因素。综上，本研究探究和比较了 MDS 的 WHO 2022 及 ICC 分型诊断标准在临床中的应用价值，为 MDS 的精准诊断和分层治疗提供了重要依据。

OR-0033

High frequency of TIM-3⁺ on regulatory T cells is associated with adverse prognosis and promotes immunosuppression in adult acute myeloid leukemia

Zong-Yan Shi, Kai Sun, Dai-Hong Xie, Ya-Zhe Wang, Ya-Zhen Qin

Peking University People's Hospital, Peking University Institute of Hematology, National Clinical Research Center for Hematologic Disease, Beijing Key Laboratory of Hematopoietic Stem Cell Transplantation, Beijing, China

Objective The immune checkpoint molecule, T cell immunoglobulin and mucin-domain containing-3 (TIM-3) has been found to express on regulatory T cells (Tregs) and participate in immunosuppression. We aim to investigate the expression pattern of TIM-3 expression in Tregs as well as its prognostic significance and the effect on Tregs' function in acute myeloid leukemia (AML) at diagnosis.

Methods We measured TIM-3 expression in Tregs in the fresh bone marrow samples collected from 33 adult AML patients at diagnosis and 6 healthy donors (HDs) using multi-parameter flow cytometry (MFC), and performed in vitro stimulation of bone marrow T cells of 7 newly diagnosed AML patients.

Results TIM-3⁺ frequency in Tregs in AML patients was significantly higher than that in HDs (9.4% [1.5%-26.4%] vs. 3.4% [1.6%-4.5%], $P < 0.0001$) and that in non-Treg CD4⁺ T cells in AML (9.4% [1.5%-26.4%] vs. 3.8% [1.1%-10.0%], $P < 0.0001$). In addition, higher frequency of TIM-3⁺/Tregs tended to be significantly related to lower RFS rate (2-year RFS rate: 56.3% [95% CI: 20.9%-80.9%] vs. 100% [95% CI: 100%-100%], $P = 0.085$) and significantly related to lower EFS rate (2-year EFS rate: 43.3% [95% CI: 16.3%-67.9%] vs. 100% [100%-100%], $P = 0.030$). Patients with high frequency of TIM-3⁺/non-Treg CD4⁺ T cells inclined to have lower RFS rate (2-year RFS rate: 54.6% [95% CI: 18.4%-80.5%] vs. 100% [95% CI: 100%-100%], $P = 0.077$) but similar EFS rate (2-year EFS rate: 46.2% [95% CI: 16.1%-72.1%] vs. 100% [95% CI: 100%-100%], $P = 0.15$) compared to those with low frequency. Further combined analysis showed patients with simultaneous higher frequency of TIM-3⁺/Tregs and TIM-3⁺/non-Treg CD4⁺ T cells in the diagnostic bone marrows had significantly lower RFS and EFS rate (2-year RFS rate: 43.8% [95% CI: 10.1%-74.2%] vs. 100% [95% CI: 100%-100%], $P = 0.019$ and 2-year EFS rate: 35.0% [95% CI: 8.5%-64.0%] vs. 90% [95% CI: 47.3%-98.5%], $P = 0.027$) than those with low frequency of TIM-3⁺/Tregs or TIM-3⁺/non-Treg CD4⁺ T cells. Tregs had significantly higher level of IL-10 than non-Treg CD4⁺ T cells after in vitro stimulation ($P = 0.014$). TIM-3⁺ Tregs inclined to had significantly higher IL-10 levels compared to TIM-3⁻ Tregs cells and TIM-3⁺non-Treg CD4⁺ T cells had significantly higher IL-10 levels than TIM-3⁻ cells non-Treg CD4⁺ T cells ($P = 0.069$ and 0.0012).

Conclusion AML patients with simultaneously high frequency of TIM-3⁺ cells in Tregs and non-Treg CD4⁺ T cells at diagnosis had adverse prognosis, and TIM-3 expression on CD4⁺ T cells promoted formation of an inhibitory immune microenvironment by IL-10 secretion.

OR-0034

酪氨酸激酶抑制剂耐药的慢性髓性白血病患者 接受奥雷巴替尼治疗后的患者报告结果

于露¹、黎纬明²、许娜³、刘兵城⁴、张龔莉⁵、刘晓力³、孟力⁶、朱焕玲⁷、杜新⁸、陈苏宁⁹、胡豫²、宋永平⁵、
门力闯¹⁰、江倩¹

1. 北京大学人民医院、北京大学血液病研究所、国家血液系统疾病临床医学研究中心
2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
3. 南方医科大学南方医院
4. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）
5. 郑州大学附属肿瘤医院、河南省肿瘤医院、河南省血液病研究所
6. 华中科技大学同济医学院附属同济医院
7. 四川大学华西医院
8. 深圳市第二人民医院
9. 苏州大学附属第一医院，江苏省血液研究所，国家血液系统疾病临床医学研究中心，国家卫生健康委员会血栓与止血重点实验室，血液学协同创新中心，苏州
10. 广州顺健生物医药科技有限公司

目的 评估接受奥雷巴替尼治疗的既往酪氨酸激酶抑制剂（TKI）耐药的慢性髓性白血病（CML）患者报告结果（PROs），并确定与这些结果相关的变量。

方法 本项全国多中心研究邀请接受奥雷巴替尼治疗的 TKI 耐药患者在基线和治疗期间定期填写欧洲癌症研究和治疗组织（EORTC）生活质量问卷（QLQ-C30）、焦虑自评量表（SAS）和抑郁自评量表（SDS）。对 PROs 的时间趋势进行估计，并评估基线患者特征和治疗反应对 PROs 的影响。

结果 共纳入 159 名慢性期（CP）或加速期（AP）CML 患者。中位年龄为 42（20-74）岁。根据 EORTC QLQ-C30，基线时最严重的三种负担是经济困难、疲劳和失眠。在奥雷巴替尼治疗期间，包括总体健康、身体机能、情感机能、疲劳、疼痛、呼吸困难、腹泻和经济困难在内的 8 个量表项目的得分均有显著改善。所有量表项目的得分均无明显下降。根据多因素分析，年龄 <40 岁与社会功能的改善相关；CML-CP 与呼吸困难和腹泻症状改善相关；获得主要分子学反应（MMR）与总体健康、恶心呕吐以及腹泻的改善相关。在接受奥雷巴替尼治疗 3 年后，根据 SAS 和 SDS 评分，分别有 78 名（95%）和 48 名（59%）患者无焦虑或抑郁症状。在治疗过程中，SAS 评分明显下降（ $p < 0.001$ ），没有发现影响 SAS 评分变化的变量。SDS 分数没有明显变化。

结论 TKI 耐药的 CML 患者在接受奥雷巴替尼治疗期间，HRQoL 和焦虑症状均有明显改善。<40 岁、CML-CP 和获得 MMR 与 HRQoL 的改善有关。

OR-0035

伊布替尼治疗慢性淋巴细胞白血病的中国真实世界研究

杨申淼、石红霞、常英军、赖悦云、赵晓甦、黄晓军
北京大学人民医院

目的 分析真实世界环境中伊布替尼在中国慢性淋巴细胞白血病（CLL）患者中的长期生存和安全性。

方法 研究纳入 2014 年至 2023 年在北京大学人民医院接受伊布替尼治疗至少 1 个月的 18 岁及以上 CLL 患者。

结果 本研究共纳入 179 例 CLL 患者，其中初治（TN）患者 87 例，复发难治（R/R）患者 92 例，最长随访超过 10 年。初治患者中位随访 46.0（1.0 ~ 121.0）个月，未达到中位 PFS 和 OS。R/R 患者中位随访 39.5（1-117）个月，中位 PFS 和 OS 分别为 48.0 和 75.0 个月。

终止治疗的原因包括疾病进展（45[25.1%]）、不良事件（29[16.2%]）、患者意愿（20[11.2%]）、Richter 转化（12[6.7%]）继发性实体瘤（4[2.2%]）和死亡（3[1.7%]）。停药相关不良事件包括 COVID-19 和感染（10）、疲乏（4）、出血（4）、心动过速（2）、关节痛（2）、肌痛（2）、房颤（2）、脑梗（1）、心梗（1）和肝脏疾病（1）。因心血管事件（包括房颤、心肌梗死和心动过速）导致的停药率仅为 2.7%，远低于其他研究报告的数据。

结论 这是目前亚太地区伊布替尼单药治疗 CLL 最长随访的真实世界研究。结果显示，伊布替尼单药在 CLL 患者中具有长期生存获益和良好的耐受性。

研究中，导致停药的 AE 发生率低，其中因心血管事件导致的停药率远低于其他研究。

OR-0036

肿瘤代谢体积对早期结外鼻型 NK/T 细胞淋巴瘤的预后和治疗指导价值。

朱英明、周洋媚、亓姝楠、李晔雄
医科院肿瘤医院

目的 探讨最大标准摄取值（SUVmax）和肿瘤代谢体积（MTV）在早期结外鼻型 NK/T 细胞淋巴瘤（ENKTCL）中的预后和治疗价值。

方法 评估 122 例早期 ENKTCL 患者原发肿瘤的 MTV 和 SUVmax 的预后性能及其对治疗的潜在影响。此外，通过对 16 例患者肿瘤进行转录组分析，评估 MTV 和 SUVmax 与预后相关性的潜在机制。

结果 高 SUVmax 或大 MTV 的患者更可能具有不良临床因素。单因素分析显示 SUVmax（ $P=0.029$ ）和 MTV（ $P=0.001$ ）与总生存率（OS）相关，而 MTV 是 OS 的独立影响因素（ $P=0.027$ ），MTV 与 OS 之间的相关性完全由远处转移介导。在早期中危及高危亚组中，MTV < 50 mL 的患者与早期低危患者具有相似的 OS（ $P=0.629$ ）和 PFS（ $P=0.691$ ），但明显优于 MTV ≥ 50 mL 的患者（ $P=0.002$ ）。此外，MTV < 50 mL 的患者接受放疗（RT）和联合治疗（RT+化疗）后无进展生存率（PFS）（ $P=0.268$ ）和总生存率（OS）（ $P=0.570$ ）相当，而对于 MTV ≥ 50 mL 的患者，CMT 较单独 RT 可获得更好的 PFS（ $P<0.001$ ）和 OS（ $P<0.001$ ）。

结论 MTV 是早期 ENKTCL 的独立预后因素。接受根治性 RT 的早期中危及高危患者中 MTV ≥ 50 mL 的患者，在根治性 RT 的基础上增加化疗对生存有显著提高，而对于 MTV < 50 mL 的患者化疗对生存的影响有限。

OR-0037

Time to Lymphoma Treatment Within 24 Months in “Watch and Wait” Follicular Lymphoma Defines Patients at High Risk for Progression: A Multicenter Analysis

Hengqi Liu, Jing Liu, Fenghua Gao, Jiesong Wang, Lanfang Li, Lihua Qiu, Zhengzi Qian, Shiyong Zhou, Xianhuo Wang, Huilai Zhang

Department of Lymphoma, Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital, National Clinical Research Center for Cancer, Tianjin's Clinical Research Center for Cancer, Key Laboratory of Cancer Prevention and Therapy, the Sino-US Center for Lymphoma and Leukemia Research, Tianjin 300060, China

Objective “Watch and wait” (W&W) remains a management therapeutic option in patients with advanced-stage, low-tumor burden and asymptomatic follicular lymphoma (FL). We sought to

understand whether time to lymphoma treatment (TLT) after diagnosis in W&W patients was a factor affecting survival outcomes.

Methods Between 2008 and 2022, 411 FL patients from 16 cancer centers in China were managed by the W&W strategy, and their TLT was retrospectively evaluated. Patients were divided into training and validation cohorts. Logistic regression was used to identify and incorporate independent predictors of early TLT into a model with variable scoring. Model performance was evaluated through the area under the receiver operating characteristic (ROC) curve (AUC) and goodness-of-fit statistics.

Results Thirty-five percent of W&W patients had a TLT \leq 24 months after diagnosis (TLT24). Their 5-year progression-free survival (PFS) rate was significantly lower than that of patients who were treatment-free at 24 months (62.3% vs. 89.5%). In multivariable analysis, five factors were identified as independent predictors of TLT24: stage III-IV, β 2 microglobulin \geq 3 mg/L, lymphocyte-to-monocyte ratio $<$ 3.8, bone marrow involvement and spleen enlargement. We calculated the risk score for each patient and defined three risk groups: low (0-1 points), intermediate (2 points), and high (3-5 points). Their AUCs for TLT24 were 0.76 (95% CI, 0.70-0.82) in the training cohort and 0.76 (95% CI, 0.67-0.85) in the validation cohort. Risk groups were also associated with PFS ($P < 0.001$).

Conclusion In FL patients initially managed by W&W, TLT24 was associated with poor outcomes. We developed a multivariable model that incorporates clinical and laboratory factors to identify patients at high risk for TLT24, which may be useful to identify candidates for early interventional treatment.

OR-0038

A prospective study of orelabrutinib plus obinutuzumab (O2) in treatment-naïve marginal zone lymphoma (MZL): preliminary analysis on efficacy and safety

Jiadao Xu, Jing Li, Luya Cheng, Yuhong Ren, Jingli Zhuang, Yue Wang, Peng Liu
Zhongshan Hospital, Fudan University

Objective There is no well-established standard first-line treatment for symptomatic MZL patients (pts). Orelabrutinib (ORE) was the first approved BTK inhibitor in China for relapsed or refractory MZL treatment. However, evidence supporting ORE as a first-line therapy for MZL is lacking. This prospective study evaluated a chemotherapy-free regimen of ORE plus anti-CD20 antibody obinutuzumab (OBI) in treatment-naïve MZL.

Methods This study enrolled pts with confirmed CD20-positive MZL, who has progressed/relapsed after or were ineligible for local therapy. Pts received induction therapy with ORE (orally 150 mg/day) plus OBI (intravenously 1000 mg; cycle 1: day 1, 8, 15; cycle 2-6: day 1) for 6 cycles every 4 weeks, and responders maintained with ORE for 1 year.

Results Nineteen pts with MZL (17 EMZL, 1 SMZL, 1 unknown) were enrolled in this study from 13 Jun. 2023 to 11 Apr. 2024. Pts characteristics included a median age of 60 years (range 25-77), 78.9% Ann Arbor stage II-IV disease, 73.7% intermediate and high-risk MZL-IPI scores and 31.6% prior local therapy. At a median follow-up of 5.4 months, 14 pts had \geq 1 efficacy assessment, the median time to response was 3.1 months and the best objective response rate (ORR) was 100% (57.1% complete response rate [CRR]). Of 13 pts evaluable for response at the end of cycle 3, ORR was 100%. Nine (69.2%) pts have completed the 6-cycle induction therapy and received ORE maintenance. At the end of cycle 6, 9 pts had an ORR of 100%, with a CRR of 55.6%. Eighteen pts had completed \geq 1 cycle of therapy and were analyzed for safety. Adverse events included: neutropenia (grade [G] 1, n=1; G4, n=1), thrombocytopenia (G2, n=1), transaminase increased (G1, n=2), and leukopenia (G1, n=1).

Conclusion Our preliminary data demonstrated that the O2 regimen was promising in treatment-naïve MZL. Trial recruitment is still ongoing. More updated data will be presented in future.

OR-0039

Understanding the molecular landscape of follicular lymphoma histologic grading: from genomic to Transcriptome Analysis

Cong Sun, Xianhuo Wang, Huilai Zhang
天津市河西区天津医科大学肿瘤医院

Objective Follicular lymphoma (FL) is a common indolent B-cell lymphoma originating from the follicular germinal center. According to the World Health Organization (WHO) lymphoma classification criteria, FL is further subdivided into grades 1, 2, 3A, and 3B based on the proportion and distribution of centroblasts observed under microscopy. In addition, some cases of FL have diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) pathology at the time of initial diagnosis. Prognostic disparities among patients with different FL grades have been documented, yet the underlying genetic and immunologic microenvironmental factors contributing to these differences have not been thoroughly explored. This study elucidates the genetic and immune microenvironmental distinctions among patients with FL1-2, FL3A, FL3B, and FL/DLBCL by employing whole-exome sequencing on 149 patients and transcriptome sequencing on 63 patients.

Methods We retrospectively collected data on patients diagnosed with follicular lymphoma or follicular mixed diffuse large B-cell lymphoma at Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital between 2002 and 2020. The pathological diagnoses of all patients were meticulously screened and reviewed by two experienced pathologists, ensuring adherence to the WHO classification criteria for lymphoid tissue tumors. Patients under 18 years of age, those with pathology containing different follicular lymphoma histologic components, those lacking sufficient clinical information, or those lost to follow-up were excluded from the study. Comprehensive pathological and clinical data were obtained for 831 patients, among whom 149 underwent whole-exome sequencing and 63 underwent transcriptome sequencing.

Results A total of 831 patients participated in the clinical analysis. Among them, 588 (71%) were diagnosed with FL1-2, 84 (10%) with FL3A, 67 (8%) with FL3B, and 92 (11%) with FL/DLBCL. Compared to other histological subtypes, FL grades 1-2 patients tended to be younger, have lower clinical stage, fewer than 5 lymph node involvements, and lower LDH levels. FL3B and FL/DLBCL showed similar clinical characteristics. Genetically, early epigenetic alterations, such as KMT2D, CREBBP, and STAT6 mutations, are uncommon in FL3B (KMT2D mutation: FL1-2: 51%, FL3A: 36%, FL3B: 20%, FL/DLBCL: 6%; CREBBP mutation: FL1-2: 39%, FL3A: 32%, FL3B: 0%, FL/DLBCL: 11%; STAT6 mutation: FL1-2: 21%, FL3A: 9%, FL3B: 0%, FL/DLBCL: 0%). Copy number variant analysis indicated FL3B and FL/DLBCL had more CNV segments and higher chromosomal instability. Each group exhibited distinct CNV patterns. Amplification of the 7q22.3 region, housing CDK6 and EZH2 genes, was frequent in FL3B and FL/DLBCL (FL1-2: 8%, FL3A: 14%, FL3B: 70%, FL/DLBCL: 56%, $P < 0.0001$), potentially activating the cell cycle pathway. FL1-3A showed lower losses and deletions at 1p36.32 (TNFRSF14) and 22q11.22 (BCR) compared to other groups. TNFRSF14 deletion activated B-cell proliferation and drove GC lymphomagenesis, associated with the lack of follicular architecture. Univariable analysis identified deletion of 1p36.32, amplification of 18q21.32, and amplification of 3p21.1 as predictive of worse PFS. Loss in 1p36.32 was an independent predictor of PFS (HR 1.85, 95% CI 1.05 to 3.23, $p = 0.032$) in multivariable analysis with FLIPI2 ($p = 0.018$). Transcriptome analysis showed FL1-2 and FL3A had similar profiles, with FL3A downregulated in immune-related pathways. FL3B and FL/DLBCL exhibited higher activity in cellular metabolic and cell cycle pathways compared to FL1-3A. The transcriptional profiles of FL3B and FL/DLBCL were consistent.

Conclusion This study enriches the pathologic classification of follicular lymphomas and presents FL lymphomas from clinical, genetic, and microenvironmental perspectives, exploring genetic factors associated with poor prognosis and transcriptomic differences.

OR-0040

基于 Ig-NGS 的血浆 ctDNA MRD 检测 预测 DLBCL 患者的治疗结果

董长明¹、刘薇¹、邹德慧¹、王晓霞²、张顺进²、刘晓³、邱录贵¹

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

2. 深圳泛因医学有限公司

3. 清华大学深圳国际研究生院

目的 探讨 Ig-NGS 技术检测血浆 ctDNA MRD 在淋巴瘤治疗中的疗效评价价值及预测复发风险的敏感性。

方法 招募 360 名 DLBCL 患者，包括新诊断和复发/难治患者。治疗前采集肿瘤组织标本，鉴定特异性 IG 克隆性重排序列。患者在每个化疗周期开始前、治疗结束时及每三个月随访期间采集外周血进行 MRD 检测。

结果 这是 MeDIG 研究的早期结果。分析 141 例 DLBCL 患者(中位年龄 59 岁)，男性 49.2%，III-IV 期 62.7%，IPI 得分 0-2 的 65.5%，GCB 亚型 44.8%。在 91%的肿瘤组织中鉴定出克隆性重排，以 IGHV3-48 和 IGHV4-34 基因片段为主。82%的 IGH 克隆突变率大于 5%，且突变率与年龄、肿瘤分期、COO 亚型相关(P<0.05)。进一步分析克隆演化发现，肿瘤克隆生物多样性与治疗反应相关。

在 72%的治疗前血浆中检测到肿瘤克隆。治疗前 ctDNA 浓度与肿瘤负荷相关。基线 ctDNA 阴性患者中，IPI、CNS-IPI 评分和 LDH 水平均较低且多处于早期阶段(P<0.05)。基线 ctDNA 水平较低(<10 拷贝/毫升血浆)患者完全缓解(CR)率显著较高(P<0.05)，且 ctDNA 水平较高者治疗反应较差。根据 PET-CT 和临床评价，治疗期间 ctDNA MRD 水平降低与治疗效果相关。治疗期间，CR 和非 CR 患者的 MRD 清除率显著不同(100% vs 50%)。

结论 初步揭示肿瘤 Ig 重排特征与诊断信息的关联。治疗前 ctDNA 水平被确认为预后因素，可指导个性化治疗。研究将继续探索 Ig-NGS MRD 与临床结果的相关性，以改善 DLBCL 治疗后的监测。

OR-0041

人源化靶向 CD19 CAR-T 细胞治疗复发/难治 B 细胞 非霍奇金淋巴瘤的安全性及有效性

董叶恬^{1,2}、杨婷婷^{1,2}、赵梦雨^{1,2}、黄河^{1,2}、胡永仙^{1,2}

1. 浙江大学医学院附属第一医院

2. 浙江大学良渚实验室

目的 观察人源化靶向 CD19 嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 治疗复发/难治 B 细胞非霍奇金淋巴瘤 (R/R B-NHL) 的安全性及有效性。

方法 分析 2020 年 8 月至 2023 年 6 月于浙江大学医学院附属第一医院接受人源化靶向 CD19 CAR-T 细胞治疗的 26 例 R/R B-NHL 患者的安全性和有效性。

结果 共有 26 例患者成功输注人源化靶向 CD19 CAR-T 细胞。其中，21 (80.8%) 例患者发生了 1-2 级细胞因子释放综合征 (CRS)，1 例患者发生了 3 级 CRS。所有患者均未发生免疫效应细胞相关神经毒性综合征。所有患者均未发生与 CRS 或神经系统事件相关的死亡。21 (80.8%) 例患者在输注后 1 个月内获得了客观缓解，其中 18 (69.2%) 例患者完全缓解 (CR)，3 (11.5%) 例患者部分缓解 (PR)。5 例患者疾病未缓解 (NRs)，其中 2 例患者病情稳定，3 例患者疾病进展。中位随访时间为 14.4 个月，72.2% (13/18) 的 CR 患者仍处于 CR 状态。3 名 PR 患者和 5 名 NR

患者出现疾病进展。1年总生存率为 67.1% (95%CI, 50.7%~88.8%)，1年无进展生存率为 52.2% (95% CI, 35.9%~75.9%)。

结论 人源化靶向 CD19 CAR-T 细胞治疗 R/R B-NHL 患者具有良好的疗效和可控制的毒性。

OR-0042

基于深度学习的基线 PET/CT 融合多组学数据构建弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的预后模型: 临床-分子-PET 模型

王玥¹、王雪¹、黄新韵¹、钱樱¹、牟荣吉³、施晴¹、付迪¹、李卓含¹、易红梅¹、欧阳斌燊¹、程澍¹、王黎¹、温宁²、许彭鹏¹、赵维莅¹

1. 上海交通大学医学院附属瑞金医院

2. 上海交通大学溥渊未来技术学院

3. 上海交通大学医学院临床研究中心

目的 运用深度学习实现¹⁸F-氟脱氧葡萄糖 (FDG)-PET/CT 生物标志物的自动提取, 分析它们的分子生物学特征, 并与临床、分子生物学因素整合, 构建了“临床-分子-PET 模型”以实现患者的精准分层。

方法 本研究纳入了 844 名初发 DLBCL 患者, 其中 722 名进行了致癌突变的 DNA 测序, 330 名患者有精标注的 ¹⁸F-FDG-PET 数据。nnUNet 深度学习模型用于 PET 自动病灶分割及生物标志物的提取。时间相关的受试者工作曲线被用来确定 PET 生物标志物的平均截断值。Lasso-cox 模型用于变量选择及预后模型构建。

结果 基于深度学习自动提取的关键生物标志物具有较佳预后意义 (如总代谢肿瘤体积 (TMTV)、最大代谢肿瘤体积 (MAX_MTV)、标准化的最大肿瘤扩散 (SDmax_patient) 和标准化的最大病灶间距离 (SDmax_bulk))。分析 PET 指标背后的分子生物学特征发现, TP53 突变与 TMTV 和 MAX_MTV 升高相关, SGK1 突变呈现相反趋势。CD58、MYD88 和 NOTCH2 突变与 SDmax 升高相关。pSDmax_patient 与 BN2-like 亚型呈负相关, pSDmax_bulk 与 MCD-like 亚型呈正相关。通过整合分子分型、PET 生物标志物和临床危险因素, 我们构建了“临床-分子-PET 模型”, 该模型对高危患者的识别优于国际预后指数 (IPI)。

结论 我们提出了高精度的 PET 指标自动提取模型。整合 PET 指标与临床、分子因素开发的“临床-分子-PET 模型”, 在区分不同治疗方案下患者的生存率方面表现较佳。

OR-0043

Prognostic relevance of immunoglobulin heavy chain rearrangement and immunoglobulin kappa light chain rearrangement in patients with diffuse large B-cell lymphoma compared to imaging scans

Jie Wang¹, He Li¹, Yuan Tang², Sha Zhao², Jie Chen², Ting Niu¹

1. West China Hospital, Sichuan University

2. Department of Pathology, West China Hospital, Sichuan University

Objective Evidence has demonstrated that monitoring of the variable, diversity, and joining gene segments (VDJ) rearrangement of immunoglobulin (Ig) gene in the circulating tumor DNA (ctDNA) is highly valuable in predicting patients with DLBCL. In this study, we investigated the role of both

Ig heavy chain (IGH) and Ig kappa light chain (IGK) gene rearrangement detected in the ctDNA sample in predicting DLBCL progression.

Methods Next-generation sequencing (NGS) was used to identify the dominant V(D)J clonotypic rearrangement in tissue samples among 33 DLBCL patients. Minimal residual disease (MRD) was monitored prior to treatment, at interim and end of treatment and follow-up by tracking the dominant V(D)J clonotypic rearrangement in the peripheral blood (PB). The decision tree, a machine learning-based methodology, was used to establish a predictive model for progress within 12 months (POD12).

Results Prior to treatment, dominant clones found in tissue could be retrieved in tissue-matched PB among 69.7% of patients. The addition of IGK assays to IGH assays increased the MRD detection rate from 43.2% to 50.9% in the total series. By the comparison of NGS MRD and imaging scans findings at surveillance time points, we found that the results of two techniques showed poor concordance at interim of treatment (Kappa = 0.24) and follow-up (Kappa = 0.28), and fair concordance at the end of treatment (Kappa = 0.46). However, we confirmed that interim MRD monitoring demonstrated improved prognostic performance compared to imaging scans, while MRD monitoring and imaging scans served as valuable prognostic factors for progression-free survival (PFS) at end of treatment. Notably, MRD monitoring detected disease relapse in 3 patients prior to imaging scans. Furthermore, we found that faster interim IGK clone clearance rate was significantly associated with favorable prognosis. Finally, the decision tree model identified IGK clone clearance rate and IGK clone frequency in tissue sample as vital predictors of POD12, with an AUC of 0.899, sensitivity of 0.941 and specificity of 0.857.

Conclusion MRD monitoring via NGS of Ig for both IGH and IGK is a promising noninvasive tool for prognosis prediction and early relapse prediction in DLBCL patients.

OR-0044

Zanubrutinib combined with R-CHOP Regimen in the treatment of untreated Non-Germinal Center B-Cell subtype Diffuse large B-cell lymphoma with multiple extranodal involvement.

Hongzhi Geng^{1,2}, Ying Zhang^{1,2}, Jiaqi Li^{1,2}, Qin Yang^{1,2}, Liangyu Zeng^{1,2}, Wenzhi Cai^{1,2}, Shanglong Feng^{1,2}, Leisi Zhang^{1,2}, Jinyan Xiao^{1,2}, Fang Li^{1,2}, Caixia Li^{1,2}, Depei Wu^{1,2}

1. 苏州大学附属第一医院

2. 江苏省血液病研究所, 苏州大学附属第一医院

Objective Patients with multiple extranodal involvement and non-Germinal Center B-cell (GCB) subtype Diffuse large B cell lymphoma (DLBCL) have poor response rate to R-CHOP treatment, we retrospectively analyzed the treatment outcomes of non-GCB patients with multiple extranodal involvement received ZR-CHOP regime and compared their effectiveness with those who received standard treatment during the same period.

We retrospectively analyzed the effectiveness and safety of non-GCB DLBCL patients with multiple extranodal involvement who received the ZR-CHOP and R-CHOP treatment.

Methods Patients enrolled in the study were non-GCB DLBCL patients with at least 2 extranodal involvement. We retrospectively analyzed the effectiveness and safety of patients received the ZR-CHOP treatment (NCT04835870) and patients who received R-CHOP regime during the same period. Primary outcome was Progress-free Survival based on Lugano (2014) Criteria. Secondary outcomes included overall response rate (ORR), complete response (CR) and duration of response (DOR) based on Lugano (2014) Criteria, safety and tolerability. And we explored whether the oncogenic mutation detected by next-generation sequencing (NGS) have any difference in treatment efficacy.

Results A total of 24 patients in the ZR-CHOP group with a median follow-up of 20.3 months (8.6-34.5months) and 24 patients of R-CHOP group with a median follow-up of 21.2 months (7.7-37.6months) in the same period were enrolled. There is no significant difference in the clinical characteristics between the two groups. The predicted 2-year PFS rate for the ZR-CHOP group and R-CHOP group was 83.1% and 37.3%, respectively. The overall PFS of the two groups was statistically significantly different (HR, 0.23 [95% CI: 0.01 to 0.546]; P=0.002). The predicted 2-year OS rate for the ZR-CHOP group and R-CHOP group was 87.1% and 64.0%, respectively. The ORR in the ZR-CHOP and R-CHOP were 91.7% (n=22) and 45.8% (n=11) with statistically significant difference between the two groups (P=0.04), and the CR rate of the two groups were 79.2% (n=19) and 37.5% (n=9). No significant increase was observed in adverse events (AE) caused by oral zanubrutinib. The grade ≥ 3 hematological AE during the treatment in ZR-CHOP and R-CHOP groups were neutropenia (66.7% and 45.8%), thrombocytopenia (29.1% and 12.9%) and anemia (8.3% and 8.5%), and the common grade ≥ 3 non hematological toxicity was pulmonary infection (20.8% and 19.6%). Atrial fibrillation was observed in two patients (8.3%) with oral zanubrutinib, but did not affect the follow-up treatment. No patient had fatal AE. 20 (83.3%) patients in ZR-CHOP group and 11 (45.8%) patients in R-CHOP group underwent assessment for oncogenic mutations closely related to DLBCL pathogenesis and the molecular typing characteristics of the patients are illustrated in Figure 2. In the ZR-CHOP group, MYD88L265p mutation were detected in 5 patients (25%), CD79B mutation were detected in 8 patients (40%), MYD88L265p and CD79B double mutations were detected in 3 patients (15%), and oncogenic mutations related to the BCR signaling pathway were detected in 10 patients (50%), and 9 patients observed sustained response so far. Survival analysis was not conducted due to insufficient subjects.

Conclusion Our study showed that the addition of BTK inhibitor can significantly improve PFS in patients with multiple extranodal involvement and non-GCB subtype DLBCL. The patients with oncogenic mutations related to the BCR signaling pathway is suitable for BTK inhibitor treatment.

OR-0045

Thalidomide for symptomatic large granular lymphocyte leukemia

Yuxi Li^{1,2}, Ying Yu^{1,2}, Rui Cui^{1,2,3}, Yuting Yan^{1,2}, Fei Li⁴, Yan Chen⁵, Tingyu Wang^{1,2}, Xiaoli Hu⁶, Yaqing Feng⁷, Tengpeng Yu^{1,2}, Yanshan Huang^{1,2}, Jingwen Sun^{1,2}, Rui Lyu^{1,2}, Wenjie Xiong^{1,2}, Qi Wang^{1,2}, Wei Liu^{1,2}, Gang An^{1,2}, Weiwei Sui^{1,2}, Yan Xu^{1,2}, Wenyang Huang^{1,2}, Dehui Zou^{1,2}, Huijun Wang^{1,2}, Zhijian Xiao^{1,2}, Jianxiang Wang^{1,2}, Lugui Qiu^{1,2}, Shuhua Yi^{1,2}

1. State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College
2. Tianjin Institutes of Health Science, Tianjin, China
3. Department of hematology, Tianjin First center hospital, Tianjin, China
4. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of Nanchang University, Nanchang, China
5. Hematology Department, The Eighth Affiliated Hospital, Sun Yat-Sen University, Guangdong, China
6. People's Hospital of Yongcheng City, Henan, China
7. The Third People's Hospital of Datong, Shanxi, China

Objective Large granular lymphocytic leukemia (LGLL) is characterized by the clonal proliferation of cytotoxic T lymphocytes or natural killer cells. The standard first-line immunosuppressive treatments, such as methotrexate (MTX), cyclophosphamide (CTX), and cyclosporin A (CsA), has reached its limitations with up to 50% complete remission (CR). There is compelling evidence suggesting immune system dysregulation in LGLL, and thalidomide, an immunomodulatory drug, plus prednisone and methotrexate (TPM) has shown promise our previous pilot study in LGLL. Here we evaluated the efficacy of the TPM regimen in a multicenter prospective study.

Methods In this phase 2 study, we enrolled symptomatic LGLL patients with age 18 years or older who are naïve to methotrexate and thalidomide therapy. Thalidomide started at 50 mg per

night, increasing to 100 mg after one week for tolerable patients and lasting for up to 24 months. Prednisone was given 0.5-1.0 mg/kg every other day, tapering down after 3 months. Methotrexate was prescribed at 10 mg/m² per week for up to 12 months. The primary objective was CR rate.

Results A total of 54 patients were enrolled in this study between January 2020 and August 2022. The median follow-up duration was 30.0 months (range: 4.0-44.0). Forty-nine patients (88.9%) achieved hematologic and symptomatic responses. 41 patients (75.9%) achieved a CR, while nine patients achieved a partial response. The median time to achieve a response was 3.0 months (range:3.0-9.0). The median progression-free survival (PFS) was 40.0 months (95% CI: 36.2–43.8), and the median duration of response (DoR) was 41.0months (95% CI: 35.3–46.8). The most commonly adverse event was peripheral neuropathy (23.2%). Four patients experienced grade ≥ 3 adverse events.

Conclusion The TPM regimen is an effective and safe treatment for symptomatic LGLL patients, particularly with its high CR rate. This trial was registered at www.clinicaltrials.gov as #NCT04453345.

OR-0046

Incidence and risk factors of active carbapenem-resistant Enterobacteriaceae surveillance for patients admitted to hematology department: a Propensity Score Matching study.

Shaozhen Chen^{1,2,5}, Tingting Xiao⁵, Chenjing Ye⁵, Haojie Zhu^{1,2}, Hui Kong^{1,2}, Zhizhe Chen⁵, Jianda Hu^{3,4,5}, Tingting Yang^{1,2,3,5}

1. Department of Hematology, National Regional Medical Center, Binhai Campus of the First Affiliated Hospital, Fujian Medical University, Fuzhou, P.R. China
2. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital, Fujian Medical University, Fuzhou, P.R. China
3. Institute of Precision Medicine, Fujian Medical University, Fuzhou, P.R. China
4. The Second Affiliated Hospital, Fujian Medical University, Quanzhou, P.R. China
5. Fujian Medical University

Objective Background: Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae (CRE) infection poses a significant challenge to hematological patients, with high associated mortality rates. This study aimed to determine the incidence, risk factors, and patient outcomes of active CRE surveillance in the hematology department.

Methods A retrospective cohort study was conducted on 23,832 hematological patients admitted between 2019 and 2021. Propensity score matching was used to match underlying diseases and admission time in a 1:1:1 ratio for three groups (detected CRE, undetected CRE, and non-active CRE surveillance). In addition to the Propensity Score Matching, the study employed Cox regression analysis to identify the risk factors associated with 90-day mortality in patients, and Logistic regression analysis to determine the risk factors for active CRE surveillance in the hematological department.

Results The positivity rate of active CRE surveillance was 2.1% (141/6,735), with an incidence rate of detected CRE of 4.8% (85/1,789) among patients receiving active surveillance. *Klebsiella pneumoniae* (66.7%) and *Escherichia coli* (22.6%) were the main strains detected, with other strains comprising 10.8% of the total. Accepting hematopoietic stem cell transplantation, hospital LOS ≥ 18 days, central venous catheter use, treatment with steroids in the previous three months, exposure to antibiotics (β -lactam/ β -lactamase inhibitor combinations, Echinocandins) in the previous month, perianal skin ulceration in the previous three days, albumin < 33.4 g/L, and neutropenia ≥ 7 days were identified as independent risk factors for a positive result of active CRE surveillance. Of patients in the detected CRE group, 26.5% developed CRE infection. Cox regression analysis showed that diarrhea within three days before CRE active surveillance and

interleukin-6 \geq 39.35 pg/ml within 24 hours of CRE active surveillance were independent predictors of 90-day mortality.

Conclusion Active CRE surveillance can serve as an early warning system for CRE infection and 90-day mortality in hematological patients. *Klebsiella pneumoniae* and *Escherichia coli* were the main strains identified through active surveillance. Therefore, it is recommended to implement active CRE surveillance in patients admitted to the hematology department.

OR-0047

骨髓增生异常综合征继发噬血细胞性淋巴组织细胞增生症

宋悦¹、周斐¹、李晓莉²、杜丰²、王子妍²、白丽云²、姚奕芳²、刘立民¹、马骁¹、陈苏宁¹、吴德沛¹、何雪峰^{1,2}

1. 苏州大学附属第一医院
2. 苏大附一院弘慈血液病医院

目的 噬血细胞性淋巴组织细胞增生症(HLH)是一种以细胞因子过度分泌导致过度炎症和多器官功能障碍为特征的危重疾病。恶性肿瘤相关性 HLH (M-HLH)是继发性 HLH 中最常见的类型之一。此类 HLH 常继发于各类血液系统恶性肿瘤,如淋巴瘤、急性白血病、淋巴细胞增殖性疾病和骨髓增生异常综合征(MDS)等。MDS 继发 HLH 十分罕见,目前国内外报道均为 3 例以下的个例报道,对其发病机制、诊断和治疗策略的认识十分有限。

方法 回顾 2019-3-1 至 2023-3-1 本中心收治的 MDS-HLH 患者。观察指标包括:患者的基本临床特征(发病年龄、性别、发病前 MDS 病程)、HLH 与 MDS 发病的相关性、治疗和治疗反应,预后、与 HLH 和 MDS 相关的基因缺陷。根据 IPSS-R 评分和 WHO 分型预后评分系统进行 MDS 危险度分级,将患者分为高危组和低危组,对两组诊断指标、治疗反应、预后进行对比。随访期从 MDS-HLH 诊断至患者死亡或未次随访。

结果 共计 15 例 MDS-HLH 患者纳入研究,中位年龄 66 岁(33-83 岁)。HLH 诊断方面,87%肝/脾肿大,73%低纤维蛋白原血症/高甘油三酯血症,73%噬血现象,21%NK 细胞活性降低,93% sCD25 升高。27%合并 EB 病毒感染。比较低危和高危 MDS-HLH 组:在低危组中,所有患者均为在诊断 MDS 的同时合并 HLH;而在高危组中,大多数患者(6/8,62.5%)为在 MDS 进展或复发期合并 HLH,差异有统计学意义($p=0.014$)。

15 例患者中,8 例(53.3%)患者 HLH 获得缓解。共 8 例死亡,均死于 HLH 或并发症。大多数死亡(75%, 6/8)发生在 2 个月内。中位生存期为 12.3 周(95%CI, 1.1 ~ 23.5 周)。与治疗无效的患者相比,HLH 达到完全或部分缓解的患者的总生存期显著延长($p=0.002$)。在预后的多因素分析中,HLH 的缓解状态是唯一与生存显著相关的因素($p=0.018$, Exp(B)=0.003)。

结论 本研究是国内外首个 MDS-HLH 的临床研究。诊断方面,修订针对 MDS-HLH 的诊断标准需考虑。MDS-HLH 中 HLH 的发病机制因 MDS 危险度分级不同而不同:高危病例由恶性肿瘤驱动,而低危病例则与 MDS 相关的免疫紊乱相关。MDS-HLH 预后较差。获得 HLH 缓解对改善 MDS-HLH 患者预后至关重要。考虑到 MDS 本身存在造血障碍,应优先选择无化疗药物的治疗方案。

OR-0048

Prognostic factors and outcomes in patients with septic shock after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation

Qiusha Huang, Haixia Fu, Peng Zhao, Zhuoyu An, Jin Wu, Xiaolu Zhu, Yun He, Xiaohui Zhang
Peking University People's Hospital, Peking University Institute of Hematology

Objective Septic shock remains a potentially life-threatening complication among allogeneic hematopoietic stem cell transplant (allo-HSCT) recipients. There is a paucity of information on the clinical characteristics, outcome and prognostic factors of septic shock patients after allo-HSCT.

Methods Of 6105 consecutive recipients receiving allo-HSCT at Peking University Institute of Hematology from 2007 to 2021, 292 patients were diagnosed with septic shock. 14 patients with incomplete data and loss in follow up were excluded. 36 relapsed patients after allo-HSCT were also excluded. Finally, we included 242 patients with septic shock after allo-HSCT. A multidisciplinary team consisting of intensivists, haematologists, and clinical researchers selected candidate predictors from routinely collected data at the time of septic shock diagnosis from the hospital information system according to a literature review, consensus statements, and expert opinions. Predictors that were previously found to be significant were considered candidate variables. In addition to demographic information such as age and sex, we evaluated transplantation-related, laboratory, and clinical variables.

Results We retrospectively studied 242 septic shock patients from 6105 consecutive patients allografted between 2007 and 2021. The median age of the subjects was 34 (IQR 24-45) years. A total of 148 patients (61.2%) had positive blood cultures. Gram-negative bacilli accounted for 61.5% of the positive isolates, gram-positive cocci accounted for 12.2%, and fungi accounted for 6.1%. Coinfections were found in 30 (20.3%) patients. *Escherichia coli* was the dominant isolated pathogen (31.1%), followed by *Pseudomonas* spp. (12.8%) and *Klebsiella pneumoniae* (10.1%). With a median follow-up of 34 (IQR: 2-528) days, a total of 142 (58.7%) patients died, of whom 118 (48.8%) died within the first 28 days after septic shock diagnosis, 131 (54.1%) died within 90 days, and 141 (58.3%) died within 1 year. A large majority of deaths (83.1% (118/142)) occurred within 28 days of septic shock diagnosis. Finally, six independent predictive variables of 28-day mortality were identified by multivariable logistic regression: time of septic shock, albumin, bilirubin, PaO₂/FiO₂, lactate, and sepsis-induced coagulopathy. Patients with late onset shock had higher 28-day mortality rates (64.6% vs. 25.5%, $P < 0.001$) and more ICU admission (32.6% vs. 7.1%, $P < 0.001$) than those with early onset shock.

Conclusion In the current study, we found that the outcomes in patients who developed septic shock after allo-HSCT were poor, because of the high 28-day mortality. Similar to what has been reported in general populations, we found low albumin level, elevated bilirubin, low PaO₂/FiO₂, elevated lactate, and sepsis-induced coagulopathy to be significant independent prognostic factors for 28-day mortality in patients with septic shock. Specific to the allo-HSCT population, patients who developed late-onset septic shock had a significantly worse outcome.

OR-0049

凝血异常是 CAR-T 治疗急性白血病 鉴别 CRS/ ICANS 的重要标记

尹显莹、张奥然、朱晓璐、刘竞、王昱、许兰平、张晓辉、赵翔宇、黄晓军、吕萌
北京大学人民医院

目的 分析 CAR-T 治疗急性白血病中凝血异常对诊断细胞因子释放综合征 (CRS) 和免疫效应细胞相关神经毒性综合征 (ICANS) 意义

方法 前瞻性收集收集 2018 年 4 月-2024 年 4 月在北京大学人民医院行 CAR-T 治疗的 31 例急性难治、复发急性白血病患者。包括 ZUMA-3 中国桥接试验 (NCT02614066) 等 3 项 CD19 靶点前瞻临床研究, 1 项 CD7 研究 (NCT05170568), 1 项 CD85K 研究 (NCT05548088)。

结果 31 例患者中, 男性 18 例 (58.06%), 中位年龄 30 (17-60) 岁, 5 例 AML, 26 例 ALL; CD19 靶点 22 例, CD7 靶点 4 例, CD85K 靶点 5 例。13 例 (41.94%) CRS 分级 ≥ 2 , 8 例 (25.81%) ICANS 分级 ≥ 1 。15 例 (48.39%) 患者 PT 延长 $\geq 3s$, 1 例 (3.23%) APTT 延长 $\geq 10s$, 14 例 (45.16%) FIB $< 1.5g/L$, 15 例 (48.39%) D-二聚体 $\geq 5mg/L$ 。FIB $< 1.5g/L$ 、D-二聚体 $\geq 5mg/L$ 发生 CRS 分级 ≥ 2 , ICANS 分级 ≥ 1 具有统计学差异 ($P < 0.05$)。具体表现为 CRS 分级 ≥ 2 , ICANS 分级 ≥ 1 患者 FIB 在回输第 7 天开始明显下降 (CRS: $P=0.015$, ICANS: $P=0.049$), 持续至回输后 28 天 ($P < 0.05$); D-二聚体在 CRS 分级 ≥ 2 患者第 10 天起明显升高 ($P=0.003$)。CRS 分级 ≥ 2 , ICANS 分级 ≥ 1 患者对纤维蛋白原需求量明显升高 (CRS: 0 ± 0 vs 8.58 ± 5.95 $P < 0.001$, ICANS: 3.75 ± 5.64 vs 9 ± 6.57 $P=0.048$)。以回输纤维蛋白原 3g 提升血浆纤原 100mg/dl 为折合计算量, 扣除等效纤原后的矫正纤原提示 2 级以上 CRS 发病时等效纤原 $< 50mg/dl$ 。

结论 凝血功能异常 (PT 延长, FIB 下降, D-二聚体升高) 与急性白血病 CAR-T 回输后普遍发生, 凝血异常严重程度与 CRS、ICANS 严重程度直接相关, 与未发生 CRS/ICANS (含严重感染患者) 具有显著差异, 是鉴别 CAR-T 后合并症的重要生物标记。

OR-0050

血液肿瘤患者多种病原微生物血流感染的临床 特征和死亡危险因素分析

杨武晨、刘水清、彭贤贵、冯一梅、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院血液病医学中心

目的 探讨血液肿瘤患者多种病原微生物血流感染的临床特征、病原菌分布、危险因素, 为临床诊治提供客观参考依据。

方法 纳入 2019 年 1 月-2021 年 12 月陆军军医大学第二附属医院血液病医学中心检出的多种病原微生物血流感染的血液肿瘤患者。收集患者的基本信息、实验室检查、病原微生物检出及耐药性情况, 根据感染后 90 天的结局将患者分为存活组和死亡组, 通过单变量和多变量分析确定死亡危险因素。

结果 研究期间多种病原微生物血流感染占血流感染阳性病例的 7.09% (40/564)。40 名感染患者中有 30 名在 90 天内存活, 存活率为 75%。37 例患者为 2 种病原微生物的感染, 3 例患者为 3 种病原微生物的感染。最常见的病原微生物组合为: GNP+GPB 占 50.0%, 其次为 GNB+GNB 占 32.5%、GPB+GPB 占 15.0% 和 GPB+f 占 2.5%。共分离出 83 种病原微生物, 48 种革兰氏阴性菌、34 种革兰氏阳性菌及 1 种真菌。革兰氏阴性菌中, 大肠杆菌最常见, 其次为肺炎克雷伯菌和阴沟肠杆菌。革兰氏阳性菌中, 表皮葡萄球菌最常见, 其次是人葡萄球菌和溶血葡萄球菌。多重耐药细

菌的平均发生率较低为（6.0%）。单变量分析显示，死亡危险因素包括白细胞总数和中性粒细胞绝对值较低、白蛋白减少、低蛋白血症、感染性休克及疾病未缓解（ $P<0.05$ ）。多变量分析显示，低蛋白血症、感染性休克是独立的死亡危险因素。

结论 血液肿瘤患者多种病原微生物血流感染的发生率较低，主要为 GNP+GPB 的病原微生物组合模式，病原微生物组合模式对结局无影响，低蛋白血症、感染性休克是独立的死亡危险因素。

OR-0051

初治急性白血病诱导缓解治疗期间的危重症管理与分析

江慧雯、卢聪、吴耀辉、胡俊斌
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 总结分析初治急性白血病诱导缓解治疗过程中的危重症发生、管理及转归情况。

方法 回顾性纳入华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科重症监护病房（HCU）中告病危的初治急性白血病患者，收集患者基本临床特征，危重症种类、发病率、治疗情况，以及总体预后数据。

结果 2023年10月至今，我中心HCU共收治病危初治急性白血病患者15例，其中2例B-ALL，10例AML-非M3，3例AML-M3；男性7例，女性8例；中位年龄47岁（14至68岁）；初诊时血常规提示中位白细胞 $32.74(2.39至419.36) \times 10^9/L$ ，中位血红蛋白 $68(48至120)g/L$ ，中位血小板 $30(5至130) \times 10^9/L$ ，中位中性粒细胞 $4.37(0.89至125.36) \times 10^9/L$ ；初诊时骨髓免疫分型提示原始细胞中位百分比 $84.56\%(3.51\%至96.85\%)$ ；检测到染色体异常7例（7/8， 87.5% ）；检测到基因异常13例（13/14， 92.9% ）。诱导缓解住院期间，因以下原因告病危：高白细胞血症4例（ 26.7% ），经白细胞单采及化疗后100%好转；肺栓塞1例（ 6.7% ），予以抗凝治疗，后患者因个人原因要求出院，未随访；脑白1例（ 6.7% ），经腰穿鞘注化疗药后好转；神志异常1例（ 6.7% ），考虑与药物相关，停药后好转；脑出血2例（ 13.3% ），予以止血且原发病缓解后100%好转；呼吸衰竭6例（ 40% ），予以无创呼吸机辅助呼吸，最终均未好转；重症肺炎7例（ 46.7% ），抗感染后 42.9% 好转；咯血6例（ 40% ），予以止血、止咳、平喘等治疗后 33.3% 好转；消化道出血5例（ 33.3% ），予以抑酸、护胃、止血、禁食等处理后100%好转；肝衰竭2例（ 13.3% ），护肝治疗后50%好转；心力衰竭6例（ 40% ），予以强心、利尿等治疗后 33.3% 好转；恶性心律失常3例（ 20% ），予以抗心律失常治疗后均未好转；败血症3例（ 20% ），抗感染后 66.7% 好转；弥散性血管内凝血4例（ 26.7% ），予以抗凝、抗纤溶、输注成分血等治疗后100%好转；诱导分化综合征2例（ 13.3% ），予以药物调整、激素、降白等治疗后100%好转；嗜血细胞综合征1例（ 6.7% ），予以依托泊苷及地塞米松治疗后好转；肿瘤溶解综合征1例（ 6.7% ），予以水化、碱化等治疗后未好转；重度营养不良4例（ 26.7% ），加强营养支持后 25% 好转。截至目前，7例患者仍维持MRD⁻CR，6例患者因危重症死亡，2例患者因个人原因转回当地继续治疗而失访（剔除），危重症患者救治成功率 53.8% 。

结论 初治急性白血病在诱导缓解治疗期间易并发多种危重症，临床医生应进一步提高危重症早期识别率及救治成功率。

OR-0052

骨髓增殖性肿瘤合并肾损害的临床特征和危险因素分析

高梓铖、周璇、王蔷、徐丹、何哲柔、陈红、温紫玉、刘启发、刘晓力、许娜
南方医科大学南方医院

目的 探讨 MPN 患者合并肾损害的临床特征和危险因素。

方法 回顾性分析 2008 年 1 月至 2023 年 12 月在南方医院规律就诊的 1373 例经典型 BCR::ABL 阴性 MPN 患者的临床资料，包括一般人口学特征、突变基因、共病等。

结果 共纳入 1373 例患者，15.4%患者合并慢性肾脏病（CKD），检出不确定潜能的克隆性造血（CHIP）相关突变基因 1216 个。78.6%患者至少有 1 个 CHIP 相关突变。CHIP 相关突变阳性的患者≥65 岁比例较高（24% VS 7.2%， $P<0.001$ ），合并较少的 CALR 突变（8.1% VS 27.6%， $p<0.001$ ），合并心血管事件、高血压、糖尿病及 CKD 的比例更高（25.3% VS 11.3%， $P<0.001$ ，10.6% VS 5.8%， $P<0.014$ ，13% VS 8.5%， $P=0.040$ ，17.3% VS 8.5%， $P<0.001$ ）。多因素 logistic 回归分析显示，年龄≥65 岁（HR:0.95，95% CI，0.94-0.97, $p<0.001$ ）、合并 CHIP 相关突变 TET2(HR:6.54，95% CI，2.88-14.88, $p<0.001$)、ASXL1(HR:2.29，95% CI，1.00-5.24, $p=0.049$)突变、合并心血管事件(HR:90.82，95% CI，48.62-169.65, $p<0.001$)、高血压(HR:3.42，95% CI，1.94-6.03, $p<0.001$)、糖尿病(HR:2.16，95% CI，1.31-3.54, $p=0.002$)是 MPN 患者合并 CKD 的独立危险因素。COX 回归分析表明，年龄≥65 岁(HR: 1.88，95% CI，1.20 - 2.96, $P = 0.006$)、诊断 PMF (HR: 11.23，95% CI，6.36 - 19.82, $P < 0.001$)及合并 CKD (HR: 3.48，95% CI，2.15 - 5.64, $P < 0.001$)是生存的不利因素，女性 (HR: 0.50，95% CI，0.34 - 0.75, $P < 0.001$)为保护因素。

结论 MPN 患者合并了 15.4%的 CKD 发病率，TET2、ASXL1 突变的存在、年龄≥65 岁、合并心血管事件、高血压和糖尿病是 MPN 患者发生 CKD 的独立危险因素。男性、年龄≥65 岁、合并 CKD、诊断 PMF 是生存的不利因素。

OR-0053

**52 例骨髓增殖性肿瘤相关的内脏静脉血栓：
一项回顾性单中心研究**

黄俊瑶、朱焕玲、潘峻、吴保、杨云帆
四川大学华西医院血液科 血液病研究所

目的 骨髓增殖性肿瘤（MPN）是一种骨髓增殖为特征的慢性血液肿瘤。MPN 患者发生血栓事件的风险高于健康人，其中内脏静脉血栓（SVT）是 MPN 的罕见并发症。本研究拟通过病例回顾，了解 MPN 相关 SVT（MPN-SVT）的临床特点。

方法 本文回顾性收集 2011 至 2023 年，四川大学华西医院诊断的 MPN-SVT 患者的临床资料、骨髓活检、基因突变、治疗及预后等数据，通过电话对病人进行随访。

结果 共收集了 52 名 MPN-SVT 患者数据。诊断血栓时中位年龄为 49（22-78）岁。其中原发性血小板增多症($n=20$ ，38.5%)和原发性骨髓纤维化 ($n=13$ ，25%) 是最常见的发生内脏血栓的 MPN 类型。JAK2 V617F 突变最为常见（90.41%，47/52），也可见到个别 CALR 和 MPL 突变。最常见的血栓部位为门静脉血栓，其次为脾静脉血栓和肠系膜静脉血栓。大部分患者的首发症状为消化道反应，包括腹痛、腹胀、消化道出血等。诊断血栓时，很多患者血细胞增加不明显。也有相当部分患者骨髓增殖特点不典型，35 例患者骨髓活检结果，仅有 14 例增生程度为明显/极度活跃，但 71.4%的患者骨髓活检可见巨核细胞形态异常。脾肿大、门脉高压、消化道出血为常见并发症。

结论 MPN-SVT 起病隐匿，MPN 特点可以不明显，常就诊于血液内科之外的其他科室。驱动基因筛查可以有效避免漏诊。治疗具有调整型，需要多学科综合征治疗。

OR-0054

建立快速判断 CAR-T 治疗后早期发热原因的预测模型

安宁、罗辉、王欣然、余秋霞、包毓函、穆伟、高洋、王迪、李春蕊
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 CAR-T 细胞回输后的早期发热原因复杂，大多数为感染或细胞因子释放综合征（CRS）。由于感染和 CRS 临床表现类似，如何识别 CAR-T 回输后的早期发热的原因，在临床实践中仍是一个挑战，本研究旨在建立一个简单快速识别这种感染的通用预测模型。

方法 共纳入了本中心 510 例 CAR-T 治疗的患者，记录 CAR-T 回输 30 天内体温大于 38 度的发热事件，以及发热期间每日查血结果。将发热事件分为有感染组和无感染组，应用 logisitic 回归等统计学方法建立预测感染的评分系统。

结果 本研究纳入的患者在 CAR-T 回输 30 天内共经历 514 次发热事件，首次发热占 86%。首次发热中有感染的占比为 21%，二次及以上发热有感染的占 83%。我们应用了包含发热前粒缺（N）（0=无粒缺，1=粒缺且小于 7 天，2=粒缺且大于 7 天）、铁蛋白发热第二天与当天的差值（Ferritin difference value, FCV, nmol/L）（1=FCV > 81.4，0=FCV ≤ 81.4 且 FCV ≥ -14.9；-1=FCV < -14.9）、淋巴细胞计数（L, ×10⁹/L）、血小板计数（Plt, ×10⁹/L）、IL-6 水平（pg/ml）、CRP 水平（mg/L）6 个因素建立了预测首次发热是否感染的 logistic 模型，logistic（概率，P）=0.014×CRP+0.004×IL-6-0.021×Plt-3.334×L-2.253×FCV+2.390×N 将首次发热事件分为训练和验证队列，敏感性分别是 90%和 92%，特异性分别是 71%和 82%。将首次发热的 P > 0.6 和二次及以上发热定义为高危组，感染率 82%。P 在 0.2-0.6 定义为中危组，感染率 36%，P < 0.2 定义为低危组，感染率 5%。

结论 本研究建立了一个有效地预测 CAR-T 回输 30 天以内的感染风险评估系统，在临床实践中简单易行。

OR-0055

通过一例 ICU 病例探究 M3 合并脑出血患者应用颅骨钻孔引流术的可行性

王如菊、沈耀耀、付建红
苏州大学附属第一医院

目的 M3 病人诱导治疗阶段出血风险极高，一旦发生脑出血，生存机会渺茫，我们拟探索是否可以选择不外科手术的操作来挽救这类患者生命。

方法 患者是一名 49 岁的女性，因牙龈出血和视物模糊在当地医院就诊，完善血常规及骨穿后明确诊断为急性早幼粒细胞白血病（高危组）。在当地医院接受维甲酸(ATRA) 及亚砷酸(ATO) 双诱导治疗，患者 WBC 迅速升高(第 3 天为 26.69×10⁹/L)，遂予羟基脲降白，同时予地塞米松预防分化综合征。但是患者白细胞计数仍进行性上升，在第 5 天时达 50.21×10⁹/L，患者为了进一步治疗转至我院。

由于患者存在明显的分化综合征，入院后停止了维甲酸的给药，并且给予地塞米松、利尿、控制感染等对症支持治疗，患者病情逐渐好转。但是在第 12 天，患者突然出现头痛、嗜睡等症状，查体双侧对光反射迟钝，病理征可疑阳性，建议完善头颅 CT，但家属考虑到外出检查存在较大风险，

因此拒绝外出检查，于是我们加强了血制品的输注，并予甘露醇降低颅压等对症支持治疗。经过三天积极的内科保守治疗，患者症状并无明显改善，甚至意识障碍在逐渐加重，于是我们再次和患者家属充分沟通病情，外出检查完善了头颅 CT，证实确实存在右侧硬膜下血肿合并脑疝，考虑到患者病情危重，随时有气管插管的可能，遂转入血液 ICU 接受进一步的治疗。

到达血液 ICU 后，患者意识逐渐恶化，我们请了神经内科及脑外科、急诊科医生急会诊，均认为开放手术的风险极高，但是如果继续采取保守治疗，血肿很可能继续扩大，压迫心跳呼吸中枢，随时有生命危险，因此与患者家属充分交代风险后，最终选择了颅骨钻孔引流术。在手术前，输注了血小板、血浆等大量血制品，之后通过在颅骨钻一个大约 3mm 的小孔，接上硅胶引流管进行引流，并抽吸出了约 8ml 血液，患者神志逐渐转清。但是第二天患者再次昏迷，头颅 CT 提示存在硬膜外血肿，继续予抽吸出 40ml 血液后患者意识好转，同时予加强血制品的输注，并且在评估病情后，拔除了引流管。之后每日对患者进行神志的评估，血常规及血凝的监测，患者清醒时间逐渐延长，各项指标逐渐好转，半月后复查头颅 CT 示脑疝和中线移位明显减轻，后续骨穿评估完全缓解，PML-RAR α 阴性。

结果 患者在康复医院治疗半个月后生活恢复自理，同时在我院进行了巩固维持治疗，复查骨髓处于完全缓解状态，脑脊液检查无脑白征象。

结论 M3 病人合并脑出血死亡率极高，针对这部分患者，必要时可选择颅骨钻孔引流术。

OR-0056

血液内科重症监护病房中基于外周血宏基因组二代测序（mNGS）的病毒血症患者病原体分布

简星²、吴耀辉¹、江慧雯¹、卢聪¹、胡俊斌¹

1. 华中科技大学附属协和医院

2. 武汉大学人民医院

目的 基于 NGS 检测技术描述性分析我院血液内科重症监护病房中病毒血症患者病原体的分布情况，为临床患者的抗病毒治疗提供依据。

方法 收集 2021 年 7 月 15 日至 2024 年 5 月 6 日期间在我院血液内科重症监护病房住院治疗的血液病合并发热并进行外周血 mNGS 检测的 108 例患者共 126 例份标本的 mNGS 结果及临床资料，分析其病毒血症的阳性率及病原菌分布情况。

结果 (1) 送检 mNGS 全血标本 126 份，其中有 41 份检测到病毒，阳性检出率为 32.5% (41/126)；常见的病毒类型依次是人类疱疹病毒 5 型 (51.2%，21/41)、人类疱疹病毒 4 型 (34.1%，14/41)、人类疱疹病毒 1 型 (19.5%，8/41) 和细环病毒 (14.6%，6/41)。

(2) 在 41 份检测到病毒的阳性样本中，最常见的疾病类型依次是非霍奇金淋巴瘤 (N=12)、急性髓系白血病 (N=9)、多发性骨髓瘤 (N=3)、急性淋巴细胞白血病 (N=2)、噬血细胞综合征 (N=2)、淋巴增殖性疾病 (N=2)；阳性检出率的疾病类型依次是非霍奇金淋巴瘤 (60.0%，12/20)、多发性骨髓瘤 (42.9%，3/7)、噬血细胞综合征 (40%，2/5)、骨髓增生异常综合征 (33.3%，1/3)、急性髓系白血病 (18.8%，9/48)。

(3) 在 44 份阳性样本中，28 天全因死亡率为 36.3% (16/44)；病毒阳性患者死亡率高于病毒阴性患者的死亡率 (39%，16/41 vs 32.9%，28/85)。

结论 在非霍奇金淋巴瘤、多发性骨髓瘤、噬血细胞综合征患者中，病毒阳性检出率较高，使用抗病毒治疗可能获益。

OR-0057

以噬血细胞综合征为首发表现的侵袭性大 B 细胞淋巴瘤的临床特征及预后分析

朱丽霞、熊梦琪、李黎、何静松、黄河、叶琇锦
浙江大学医学院附属第一医院

目的 探讨以噬血细胞综合征(Hemophagocytic lymphohistiocytosis, HLH)为首发表现的侵袭性大 B 细胞淋巴瘤(large B cell lymphoma, LBCL)患者的临床特征、疗效及预后情况。

方法 我们回顾性分析了 2020 年 6 月至 2022 年 9 月期间在我院住院的 30 例以 HLH 为首发表现的侵袭性 LBCL (LBCL-HLH) 患者的临床特征, 评估了不同初始诱导治疗方案控制 HLH 的有效性, 并进一步分析总体生存(OS)情况并探索可能的预后因素。

结果 本研究中 30 例 LBCL-HLH 患者的中位发病年龄为 60 (24-85) 岁, 从确诊 HLH 至确诊淋巴瘤的中位间隔时间为 8.5 (1-42) 天。除了 2 例患者淋巴瘤仅累及脾脏外, 其余 28 例患者的 Ann Arbor 分期均为 IV 期, 其中 11 例仅累及骨髓、脾脏或肝脏。8 例患者全血 EBV-DNA 阳性。13 例 (43.3%) 患者采用芦可替尼联合糖皮质激素(RuD)方案进行初始抗 HLH 治疗, 2 周抗 HLH 治疗的总有效率 (ORR) 为 84.6%, 显著高于依托泊苷联合糖皮质激素组和仅用糖皮质激素组, 2 周的 ORR 分别为 40.0%和 33.3%。总体患者的中位总生存期 (OS) 为 16.2 个月, 1 年和 2 年 OS 率分别为 63.3%和 38.4%, 8 周早期死亡率为 26.7%。但 2 周内抗 HLH 无效组患者的中位 OS 仅 4.9 个月, 显著差于抗 HLH 有效组($P=0.009$)。与 2 周内抗 HLH 有效组相比, 抗 HLH 无效组中重度血小板减少 ($<30,000/uL$) 和 EBV-DNA 阳性患者比例更高 (P 值均为 0.045)。进一步生存分析显示 LBCL-HLH 合并重度血小板减少或 EBV-DNA 阳性患者总体生存预后更差, 中位 OS 分别为 7.4 个月和 0.6 个月。8 例患者确诊淋巴瘤后一线接受了不含蒽环类药物的减低剂量方案化疗, 其中位 OS 为 13 个月, 与接受标准 RCHOP 或 ECHOP 方案作为一线抗淋巴瘤化疗患者相比 OS 无显著差异($P=0.457$)。20 例患者接受了至少 4 疗程 RCHOP 或 ECHOP 化疗, 该部分患者的中位 OS 未达到, 1 年和 2 年 OS 率分别为 95%和 57.5%。

结论 以 HLH 为首发表现的侵袭性 LBCL 患者早期应以快速控制噬血作为治疗目标, RuD 方案可以作为首选抗 HLH 诱导方案。对于合并严重血小板减少或 EBV-DNA 阳性的患者需寻找更加有效治疗策略以改善预后。

OR-0058

ZC3H13 介导的 m6A 甲基化修饰调控血管内皮细胞线粒体裂变在静脉血栓形成的作用及机制研究

卢惠、胡豫、唐亮
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 内皮损伤作为静脉血栓形成的核心影响因素, 长期以来被忽视。m6A 甲基化修饰是真核 RNA 上最丰富的一种转录后修饰, 在调节细胞代谢和发育过程中发挥重要作用。此外, 线粒体动力学的平衡对于调节细胞生物学过程至关重要。因此, 本研究拟探索 m6A 修饰和线粒体动力学在静脉血栓形成过程中对静脉血管内皮细胞的调控作用。

方法 采用 m6A dot blot 等方法评估 m6A 水平。采用 qRT-PCR、western blot 和组织免疫荧光法检测 ZC3H13 的表达。通过功能获得、功能丧失和挽救实验来阐明 ZC3H13 的功能。通过线粒体形态学分析、ROS 和 JC-1 染色检测线粒体形态和功能的变化。联合 RNA-seq 和 MeRIP-seq 筛选 ZC3H13 的靶基因。通过 MeRIP-qPCR、荧光素酶报告基因实验和 RNA-pulldown 等实验探究

ZC3H13 介导 m6A 修饰的机制。

结果 损伤后的静脉内皮细胞 ZC3H13 表达下调，线粒体裂变增加。功能验证表明 ZC3H13 通过调节线粒体裂变影响内皮细胞功能。此外，我们还揭示了 ZC3H13 介导的 m6A 修饰谱，并确定 DYRK1B 为其靶基因。机制研究中，ZC3H13 下调介导的 m6A 修饰通过减少 YTHDF-2 依赖的方式介导的 DYRK1B mRNA 的衰变，从而上调 DYRK1B mRNA 的表达。DYRK1B 敲低可抑制线粒体裂变升高，逆转损伤静脉内皮细胞中促凝和促栓分子的释放。此外，内皮靶向 ZC3H13 过表达可减轻小鼠静脉内皮损伤，降低血栓形成风险。

结论 当前研究表明，ZC3H13 通过抑制 m6A/YTHDF2/DYRK1B 轴介导的过度线粒体裂变从而减轻静脉内皮损伤

OR-0059

通过 AAV 载体传递前肽恢复 2A/IIC 型血管性血友病小鼠的血管性血友病因子的多聚体组装

张子琪、梁茜、武文漫、王学锋
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 血管性血友病因子的多聚化在体内止血过程中发挥重要作用，其中 VWF 的前肽突变会导致 VWF 多聚体缺失和 2A/IIC 型血管性血友病。由于 VWF 基因体积过大，无法通过常规治疗手段对其进行基因治疗。本文探索了 2A/IIC 型血管性血友病基因治疗的新方法。

方法 在 AtT20 细胞中，单独表达了 8 个前肽结构域存在突变的 VWF 的质粒，并将野生前肽质粒与突变全长 VWF 进行共转染，收集表达上清进行 ELISA，多聚体电泳检测。在 Tyr87Ser 突变纯合小鼠体内，通过尾静脉注射 AAV9 载体，在启动子 FLT-1 或 ICAM2 的作用下靶向表达小鼠 VWF 前肽。通过眼眶采血收集治疗前及治疗后 2 周至 16 周的小鼠血浆，进行 VWF 抗原活性检测及 VWF 多聚体分析，组织切片免疫荧光染色实验。同时对治疗前后的小鼠进行剪尾实验及 FeCl₃ 诱导的血栓模型活体分析。

结果 体外表达结果显示，8 个前肽突变的 VWF:CB/VWF:Ag 比率均<0.7，并且没有高分子量多聚体，表现出 2A 型 VWD 的表型。而共转染增加了 VWF:CB 和 VWF:CB/VWF:Ag 的比例，并以浓度依赖的方式部分恢复了所研究的全长 VWF 突变体的多聚体形成。体内治疗结果表明，在内皮特异启动子下，AAV 递送的野生型前肽显著改善了 Y87S 突变小鼠中 VWF 的多聚化受损和功能缺陷，VWF 活性持续升高至至少 50%以上。在氯化铁诱导的血栓形成模型中，治疗后的小鼠血栓形成时间明显缩短，完全纠正了出血表型。

结论 在 VWF 多聚化中可以通过外部引入前肽，来补充由于 VWF 突变引起的内源性对应物的缺乏，并恢复 2A/IIC 型 VWD 中 VWF 的正常多聚体形成。基于 AAV 转导的前肽的基因治疗通过在蛋白质水平上纠正先天性缺陷，为 VWD 的基因治疗提供了新思路。

OR-0060

Thrombopoietin receptor agonists regulate myeloid-derived suppressor cell-mediated immunomodulatory effects in immune thrombocytopenia

Changcheng Zheng, Yingqiao Zhu
Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of USTC, Division of Life Sciences and Medicine,
University of Science and Technology of China, Hefei, China

Objective TPO receptor agonists (TPO-RAs) is a clinical second-line regimen for the treatment of primary immune thrombocytopenia (ITP). It can promote megakaryocyte maturation and increase platelet production, **however, its effect on immunosuppressive cells in patients with ITP has not been explored.**

Methods A total of 62 patients with ITP were enrolled at the First Affiliated Hospital of University of Science and Technology of China (USTC) from October 2023 to March 2024. **The proportion and functions of myeloid-derived immunosuppressive cells (MDSCs) in ITP patients** were investigated.

Results We found that the proportion and function of MDSCs in ITP patients treated with TPO-RAs were significantly higher than those treated with glucocorticoids (GCs), which was correlated with the clinical efficacy. The proportion and function of cytotoxic Th1 cells and CD8+T cells decreased, while the proportion and immunosuppressive function of Treg cells increased in ITP patients treated with TPO-RAs. We further proved, through MDSCs depletion tests, that the inhibitory effect of MDSCs on Th1 cells and the promotion of Treg cells in the original micro-immune environment of GCs-treated ITP patients were impaired; however, these MDSCs' functions were improved in TPO-RAs-treated patients. Finally, we found that the KLF9 gene in MDSCs cells of ITP patients treated with TPO-RAs was down-regulated which contribute to the higher mRNA expression of GADD34 gene and improved function of MDSCs.

Conclusion These results demonstrate **a novel mechanism of TPO-RA for the treatment of ITP through the assessment of MDSCs and their subsequent impact on T cells**, which provides a new basis for TPO-RAs as first-line treatment approach to the treatment of ITP. Furthermore, various autoimmune diseases, such as systemic lupus erythematosus and rheumatoid arthritis, often manifest with immune-mediated thrombocytopenia; in this context, TPO-RA, which has immunomodulatory properties, would provide an excellent therapeutic option for these patients.

OR-0061

Acquired Hemophilia A: A Single-center Study of 165 Patients

Dandan Yu, Feng Xue, XiaoFan Liu, Yunfei Chen, Rongfeng Fu, Ting Sun, Xinyue Dai, Mankai Ju, Huan Dong, Renchi Yang, Wei Liu, Lei Zhang
Institute of hematology and Blood disease hospital

Objective Acquired hemophilia A (AHA) is a rare hemorrhagic disorder caused by factor VIII (FVIII) inhibitors. The diagnosis and management of AHA remain challenging because of its rarity and heterogeneity. We aim to analyze the characteristics of AHA to understand this disease better and identify effective treatment strategies.

Methods Clinical features of 165 AHA patients admitted at the Blood Disease Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences between July 1997 and December 2021 were retrospectively analyzed.

Results The median age of patients at diagnosis was 45 years. The median time to diagnosis was 30 days. All 165 patients experienced bleeding, with a median bleeding score (BS) of 4 (2-12). Hemostatic therapy was administered to 129 (78.2%) patients. Bleeding control was achieved in 80.0% of patients who received prothrombin complex concentrate (PCC) and in 92.3% of patients treated with recombinant activated FVII (rFVIIa). Of the 163 patients who received immunosuppressive therapy (IST), 80 (49.1%) received rituximab-based therapy, with a 93.3% complete remission (CR) rate, 50 (30.7%) received steroids plus cyclophosphamide (CTX), with an 85.0% CR rate, and 22 (13.5%) received steroids alone, with an 82.4% CR rate. Six relapsed cases occurred after a median duration of 330 days. IST-related adverse events were reported in 17 patients. Seven deaths were recorded. FVIII inhibitors titer ≥ 15 BU/ml and BS ≥ 6 were identified as significant poor prognostic factors for CR.

Conclusion Immunosuppressive therapies yield remarkably high response rates, with a CR rate exceeding 80%; notably the regimen containing rituximab, which exhibits a CR rate of approximately 90%. FVIII inhibitor titer ≥ 15 BU/ml and BS ≥ 6 were poor predictors of CR in AHA patients.

OR-0062

IL-1 β 通过 Hsp90/激肽释放酶/uPA 途径引起 CAR-T 治疗相关出凝血障碍的机制研究

李莹莹^{1,2,3}、罗丽丽^{1,2,3}、吴江华¹、吴中^{1,2}、王经明^{1,2}、陈钊钊^{1,2,3}、束金辉^{1,2,3}、徐敏^{1,2}、江慧雯^{1,3}、都孟仪^{1,2,3}、邓君^{1,2,3}、胡豫^{1,2,3}、梅恒^{1,2,3}

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
2. 湖北省血栓与止血临床医学研究中心
3. 湖北省肿瘤疾病细胞治疗临床医学研究中心

目的 探究 B-ALL 患者 CAR-T 治疗后发生出凝血障碍 (CARAC) 的机制

方法 前瞻性纳入 2019.08 至 2021.03 在武汉协和行 CAR-T 治疗的 B-ALL 患者 (队列 1, n=20), 2021.12 至 2023.08 在本中心行 CAR-T 治疗 ALL 和淋巴瘤患者 (队列 2, n=74)。留取队列 1 预处理前、CAR-T 细胞回输第 0、7、14、28 天及 IL-6 峰值时的外周血检测蛋白质谱;关键差异蛋白 (DEPs) 在队列 2 中验证;细胞实验深入探究上述潜在机制通路。

结果 队列 1 中, CARAC 与 non-CARAC 组 (各 10 例) 基线特征无差异;两组间 DEPs 及 CARAC 组内部预处理前后的 DEPs 均主要富集在炎症免疫、凝血、补体、纤溶等通路。与 non-CARAC 组比, CARAC 组内皮激活指标 vWF、VCAM1 及炎症指标 HSP90AA1、HSP90AB1 较高, 抗凝指标 PROS、纤溶激肽系统抑制蛋白 PAI-3、A2M 及 F2、KLKB1、FGA/FGB/FGG、PLG 等酶原水平较低。队列 2 CARAC 组 (n=22) ATIII%显著下降, sTM、vWF 等显著升高; Hsp90 和激肽释放酶水平显著升高; 纤溶激活指标 uPA、uPAR 和 PIC 显著升高, 证实了上述蛋白质组学结果。用 CRS 中最常见的 5 种细胞因子、关键差异蛋白及抑制剂干预 HUVEC, 只有 IL-1 β 可引起 Hsp90 和 uPA 表达显著升高; Hsp90 抑制剂可显著抑制 uPA 表达, 且能降低 IL-1 β 对 uPA 的促进作用, 同时激肽释放酶也能增加 uPA 的产生。

结论 CARAC 与炎症-免疫-内皮-凝血-纤溶的网络调节密切相关, 细胞因子风暴中的 IL-1 β 促进内皮细胞释放 Hsp90, 从而通过激肽释放酶-uPA 途径引起纤溶系统亢进。

OR-0063

Drp1 抑制剂 Mdivi-1 提高 ITP 血小板水平的机制研究

梁子杨、张国扬、刘晓燕、刘红云、谢双锋、聂大年、马丽萍
中山大学孙逸仙纪念医院

目的 巨噬细胞焦亡引发的炎症和免疫障碍，是自身免疫疾病发展的关键机制。动力蛋白相关蛋白 1 (DRP1) 是线粒体质量控制的关键，也是治疗炎症性疾病的新靶点。本研究旨在探究 DRP1 抑制剂 Mdivi-1 对免疫性血小板减少症 (ITP) 中巨噬细胞焦亡的影响。

方法 构建 ITP 巨噬细胞焦亡模型并应用 DRP1 抑制剂 Mdivi-1，检测 ITP 焦亡经典通路 NLRP3、Activated-Caspase-1、GSDMD-NT 分子表达情况、DRP1 磷酸化状态以及线粒体损伤水平指标如线粒体活性氧 (MT-ROS)、JC-1 变化。构建被动型 ITP 小鼠模型，动物体内证实上述焦亡相关细胞因子及各器官巨噬细胞焦亡关键分子 Activated-Caspase-1 以及血小板计数的变化。

结果 ITP 血浆或 Nigericin+LPS 触发了巨噬细胞焦亡并导致了 MT-ROS 的累积和线粒体形态的损伤。Mdivi-1 可抑制焦亡经典通路分子的激活，且可抑制 Drp1- Ser616 位点磷酸化从而抑制 DRP1 活性，减少了 MT-ROS 的产生及其损伤。在体内，Mdivi-1 提升了被动型 ITP 小鼠血小板水平，降低了 IL-1 β 、IL-18 等炎症因子水平，并使各器官巨噬细胞焦亡关键分子 Activated-Caspase-1 水平下降且 MT-ROS 得到清除。

结论 Mdivi1 可通过抑制 Drp1- Ser616 位点磷酸化改善线粒体功能障碍从而减少 NLRP3/Caspase-1/GSDMD-NT 经典通路激活提高 ITP 的血小板水平。

OR-0064

NETs 介导的补体通路激活 在移植相关血栓性微血管病中的作用研究

潘婷婷、戚嘉乾、蒋淑慧、吴德沛、韩悦
苏州大学附属第一医院

目的 研究移植相关血栓性微血管病 (TA-TMA) 的发病与炎症激活中性粒细胞形成 NETs (中性粒细胞胞外诱捕网络)、补体系统活化的关系，寻找可能的有效靶点药物。

方法 通过 GEO 数据库分析 TA-TMA 患者基因芯片数据，寻找差异基因；收集我院移植后无并发症患者、TA-TMA 患者的外周血样本各 20 例，通过 ELISA 方法和蛋白组学分析 TA-TMA 患者补体、炎症相关改变；体外实验分析 TA-TMA 患者血浆对内皮细胞、中性粒细胞、血小板的影响；通过炎症与氧化构建 TA-TMA 小鼠模型，并给予药物干预分析疗效。

结果 分析 GEO 数据集 GSE134979 中 4 例 TA-TMA 患者及 TA-TMA 缓解后的外周血单个核细胞的差异基因，TA-TMA 患者与炎症、氧化相关的基因增强。体外 TA-TMA 患者血浆中补体 C3b、C5b-9 水平升高，与炎症相关的 IL-8、S100A8/9、NETs 水平均升高；蛋白质谱分析验证 TA-TMA 的发生与补体系统活化、NETs 生成有关。体外实验，TA-TMA 患者血浆能够激活补体系统在内皮细胞表面沉积，通过上调补体受体，激活中性粒细胞形成 NETs，进一步激活补体系统，同时也能激活血小板，形成血小板-中性粒细胞聚集；N-乙酰半胱氨酸 (NAC) 能够通过清除活性氧抑制 NETs 生成，减轻 TA-TMA 对内皮细胞、中性粒细胞、血小板的影响。在小鼠体内通过炎症与氧化成功诱导 TA-TMA 模型，NAC 干预疗效显著。

结论 TA-TMA 的发病与炎症激活 NETs 生成、补体系统活化有关，NAC 可能是 TA-TMA 治疗的有效药物。

OR-0065

阿伐曲泊帕治疗中国免疫性血小板减少症儿童的有效性和安全性：一项长期、观察性真实世界研究

王南^{1,2}、王志法¹、刘晶晶^{1,3}、董舒月¹、蒙瑾溪¹、欧阳俊涛¹、胡玉¹、马静瑶¹、成晓玲¹、吴润晖¹

1. 首都医科大学附属北京儿童医院
2. 中国药科大学
3. 首都医科大学附属北京世纪坛医院

目的 血小板生成素受体激动剂 (thrombopoietin receptor agonists, TPO-RAs) 已被越来越多高级别证据证实其在治疗儿童免疫性血小板减少症 (immune thrombocytopenia, ITP) 的有效性和安全性。本研究基于阿伐曲泊帕治疗儿童 ITP 的真实世界数据, 探讨阿伐曲泊帕在儿童 ITP 患者中应用的有效性和安全性, 为优化阿伐曲泊帕在儿童 ITP 患者中的管理提供参考。

方法 本研究为观察性真实世界研究, 纳入 2020 年 2 月至 2024 年 2 月间, 于本中心使用阿伐曲泊帕治疗和随访至少 1 个月的 ITP 患者, 观察与随访时间 12 个月。

结果 共 94 例患者纳入本研究, 其中 54 (57.4%) 例患者为男性, 中位年龄 7.43 (4.82, 10.80) 岁, 中位 ITP 病程为 1.24 (0.43, 2.42) 年。1-6 岁和 7-18 岁患者中位起效剂量分别为 10 mg/d 和 20 mg/d, 阿伐曲泊帕中位起效时间为 9.0 (6.0, 20.0) 天。阿伐曲泊帕起始治疗时的基线血小板计数为 $15.5 (8.0, 28.75) \times 10^9/L$, 起效时的血小板计数为 $86.0 (53.0, 147.0) \times 10^9/L$ 。阿伐曲泊帕治疗 1 月后, 血小板反应率为 72.3%, 其中完全反应率为 41.5%。阿伐曲泊帕治疗后第 3 个月、第 6 个月和第 12 个月的持续应答率分别为 62.0%, 62.3% 和 51.6%。阿伐曲泊帕治疗期间, 出血事件发生情况及合并用药数量逐渐减少。在安全性方面, 血小板计数 $> 400 \times 10^9/L$ 为最常发生的不良事件 (35.11%), 其次是上呼吸道感染 (12.77%)、发热 (11.70%)、鼻出血 (7.45%) 等, 全部不良事件均为 CTCAE 1-2 级, 未观察到血栓、骨髓纤维化等严重不良事件的发生, 患儿整体耐受性良好。

结论 阿伐曲泊帕用于儿童 ITP 患者具有良好的临床疗效及安全性。

OR-0066

N8-GP 在既往经治疗的中国血友病 A 患者中的有效性、安全性和药代动力学：来自 3b 期临床试验 pathfinder10 研究的结果

孙竞¹、陈昀²、李文倩³、吴润晖⁴、杨凤娥⁵、曾小菁⁶、周泽平⁷、Xiaolei Bao⁸、Xiaoyan Li⁸、Marek Stanislaw Zak⁹、杨仁池¹⁰

1. 南方医科大学南方医院
2. 山东第一医科大学附属中心医院(济南市中心医院)血液科
3. 青海省人民医院血液科
4. 国家儿童医学中心, 首都医科大学附属北京儿童医院
5. 福建省血液病研究所, 福建省血液病学重点实验室, 福建医科大学附属协和医院血液科
6. 贵州医科大学附属医院血液科
7. 昆明医科大学第二附属医院血液科
8. Novo Nordisk (China) Pharmaceuticals Co., Ltd, Beijing, China
9. Novo Nordisk A/S, Søborg, Denmark

10. 实验血液学国家重点实验室, 国家血液系统疾病临床医学研究中心, 细胞生态海河实验室, 中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所), 天津市血液病基因治疗研究重点实验室, 中国医学科学院血液病基因治疗重点实验室

目的 N8-GP(turoctocog alfa pegol)是一种糖基化和聚乙二醇化的长效重组凝血因子 VIII(FVIII), 用于血友病 A 治疗。Pathfinder 10 研究(NCT05082116)评估 N8-GP 在既往经治疗的中国重型血友病

A 患者中的有效性、安全性和药代动力学(PK)。

方法 一项多中心、开放标签、非随机、单臂、3b 期研究，纳入 ≥ 12 岁、FVIII 暴露 ≥ 150 天、无 FVIII 抑制物(≥ 0.6 BU)或抑制物史的重型(FVIII $< 1\%$)血友病 A 患者，接受 50 IU/kg 每 4 天一次 N8-GP 的预防治疗，持续 ≥ 28 周；根据研究者判断可每周两次给药。发生出血时，使用 20-75IU/kg N8-GP 治疗。主要终点是治疗期间观察到的出血(自发性和创伤性)事件数量。次要终点包括止血疗效、抑制物发生率、PK。

结果 36 例患者(13 例 12-17 岁青少年，23 例 18-54 岁成人)入组并完成研究。入组前 12 个月，接受预防治疗的患者平均(SD)和中位出血次数分别为 11.0(11.1)和 5.0。研究预防治疗期间，平均年化出血率(ABR)为 2.55(95%CI:1.24;5.23)，中位 ABR 为 0.00。研究期间，25/36 例(69.4%)患者零出血。采用 4 分量表评估止血疗效，止血成功率为 94.8%(95%CI:73.2;99.2)。多数出血(49/52;94.2%)需 ≤ 2 次注射治疗；42/52(80.8%)只需 1 次注射。平均 FVIII 谷值为 3.3 IU/dL(95%CI:2.6;4.3)，平均回收率(峰值)为 126.1 IU/dL(95%CI:116.9;136.0)。N8-GP 终末半衰期为 19.9 h(95%CI:18.6-21.2)，是未经修饰的重组 FVIII 半衰期的约 1.6 倍。单次给药 30 min 增量回收率为 2.3 (IU/dL)/(IU/kg)(95%CI:2.1,2.5)。单次给药曲线下面积 AUC(0-96h)为 31.8 h(IU/mL)(95%CI:28.9;34.9)。研究期间，无患者发生 FVIII 抑制物；未发现其他安全性问题。

结论 N8-GP 在既往经治疗的中国重型血友病 A 患者中安全有效。

OR-0067

Longitudinal assessments of plasma ADAMTS13 biomarkers predict recurrence of immune thrombotic thrombocytopenic purpura

Jingrui Sui¹, Junjie Ma¹, X. long Zheng²

1. 烟台毓璜顶医院

2. the university of Alabama at Birmingham

Objective Immune thrombotic thrombocytopenic purpura (iTTP) is primarily caused by immunoglobulin G (IgG)-type autoantibodies that bind and inhibit plasma ADAMTS13 activity and/or accelerate its clearance from circulation. Approximately 50% of patients with iTTP who achieve initial clinical response to therapy experience recurrence (ie, exacerbation and/or relapse); however, a reliable biomarker that predicts such an event is currently lacking. The present study determines the role of longitudinal assessments of plasma ADAMTS13 biomarkers in predicting iTTP exacerbation/recurrence.

Methods Demographic information, clinical presentation, comorbidities, laboratory results, and treatments were extracted from electronic medical records and entered into the Alabama TTP Registry Database for analyses. Whole blood was drawn from an apheresis catheter before the initiation of TPE, anticoagulated with sodium citrate, and centrifuged at 1500g for 15 minutes. Plasma ADAMTS13 activity and inhibitor on admission were determined in a reference laboratory. Plasma ADAMTS13 antigen and anti-ADAMTS13 IgG were determined by the commercial enzyme-linked immunosorbent assay methods according to the manufacturers' instructions.

Results Eighty-three unique iTTP patients with 97 episodes from the University of Alabama at Birmingham Medical Center between April 2006 and June 2019 were enrolled. Plasma levels of ADAMTS13 activity, antigen, and anti-ADAMTS13 IgG on admission showed no significant value in predicting iTTP exacerbation or recurrence. However, persistently low plasma ADAMTS13 activity (< 10 U/dL; hazard ratio [HR], 4.4; 95% confidence interval [CI], 1.6-12.5; $P = .005$) or high anti-ADAMTS13 IgG (HR, 3.1; 95% CI, 1.2-7.8; $P = .016$) 3 to 7 days after the initiation of therapeutic plasma exchange was associated with an increased risk for exacerbation or recurrence. Furthermore, low plasma ADAMTS13 activity (< 10 IU/dL; HR, 4.8; 95% CI, 1.8-12.8;

P = .002) and low ADAMTS13 antigen (<25th percentile; HR, 3.3; 95% CI, 1.3-8.2; P = .01) or high anti-ADAMTS13 IgG (>75th percentile; HR, 2.6; 95% CI, 1.0-6.5; P = .047) at clinical response or remission was also predictive of exacerbation or recurrence.

Conclusion Our results suggest the potential need for a more aggressive approach to achieve biochemical remission (ie, normalization of plasma ADAMTS13 activity, ADAMTS13 antigen, and anti-ADAMTS13 IgG) in patients with iTTP to prevent the disease recurrence.

OR-0068

Phloretin 通过靶向 ERK 信号通路抑制血小板功能和血栓形成

纪佳妮¹、项慧琴¹、敖俊子¹、王浩¹、王宿超¹、吕珂玉¹、郑贵娟²、李黎¹、徐旭林¹、姚广民²、方超¹

1. 华中科技大学同济医学院基础医学院药理学系

2. 华中科技大学同济医学院药学院

目的 血小板活化是血栓发生的关键因素。Phloretin 是一种二氢查尔酮类化合物，具有抗炎、抗氧化、调节血脂等多种生物活性。本研究旨在探究 Phloretin 对血小板功能及血栓形成的影响及其潜在的分子机制。

方法 通过血小板聚集、黏附和扩展实验探究 Phloretin 对血小板功能的影响；采用 FeCl₃ 诱导的小鼠颈动脉血栓模型研究 Phloretin 对动脉血栓形成的影响；通过流式细胞术检测血小板 Ca²⁺信号；Western blot 检测血小板活化信号分子 Syk 及其下游分子 PLC γ 2、ERK1/2 的磷酸化；通过小鼠尾出血实验评估 Phloretin 的出血风险，LDH 释放实验评估 Phloretin 对血小板的细胞毒性。

结果 (1) Phloretin 能浓度依赖性抑制胶原诱导的血小板聚集，对凝血酶诱导血小板聚集的抑制作用较弱，但不影响 ADP 诱导的血小板聚集；(2) Phloretin 显著抑制血小板在胶原表面的黏附与扩展；(3) Phloretin 显著延长 FeCl₃ 诱导的小鼠颈动脉成栓时间；(4) Phloretin 能浓度依赖性抑制胶原相关肽 CRP 诱导的血小板 Ca²⁺内流；(5) 分子对接分析提示 Phloretin 可能靶向 ERK 蛋白，Western blot 证实 Phloretin 显著降低 ERK 及 Syk 的磷酸化水平；(6) 治疗剂量的 Phloretin 不增加尾出血时间且不增加 LDH 释放。

结论 Phloretin 可能通过靶向 Syk/ERK 信号通路减少血小板 Ca²⁺内流，从而特异性抑制 GPVI 介导的血小板活化，发挥抗血栓作用，但是并不增加出血风险。因此，Phloretin 可作为一种新型抗血栓药物前体。

OR-0069

抗纤维蛋白抗体 59D8 靶向血栓的作用机制研究

章洁洁¹、杜颖²、周容富²、许佩佩²

1. 南京中医药大学鼓楼临床医学院

2. 南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 抗纤维蛋白抗体 59D8 是一种单克隆抗体，研究表明此抗体能够特异性识别血栓中的纤维蛋白成分，具有血栓靶向能力。然而，59D8 与纤维蛋白的复合物结构信息，以及 59D8 与纤维蛋白之间是如何相互作用进而发挥靶向性的机制尚不明确。本课题拟通过解析抗纤维蛋白抗体 59D8 的 Fab 片段与纤维蛋白 knobs 的复合物结构，旨在结构层面阐述抗纤维蛋白抗体 59D8 是如何与纤维蛋白发生相互作用的，从而明确抗纤维蛋白抗体 59D8 靶向血栓的作用机制，为临床开发精准溶栓药物、溶栓监测探针、血栓检测技术等提供理论基础。

方法 首先，构建抗纤维蛋白抗体 59D8 的 Fab 片段的表达质粒，利用 Expi293FTM 细胞构建稳定表达均一 Fab59D8 的单克隆细胞株。然后通过特异性 Ni 柱亲和层析和凝胶过滤层析，获得符合结

晶纯度的 Fab59D8 蛋白。同时构建、合成并表达纤维蛋白 knob mimics, 采取 ELISA 方法检测 Fab59D8 与纤维蛋白 knobs 之间的亲和力。最后采用坐滴式蒸汽扩散法, 通过晶体结晶试剂盒筛选 Fab59D8 与 GHRP 肽 (纤维蛋白 knob B mimic peptide) 和 GPRP 肽 (knob A mimic peptide) 的复合物晶体。收集复合物晶体在上海同步辐射光源中心进行 X 射线衍射, 数据收集和处理后, 获得 Fab59D8 与纤维蛋白 knobs 的复合物三维结构。

结果 本研究通过 X 射线衍射技术解析出 Fab59D8 的晶体结构和 Fab59D8 与 GHRP 肽的复合物晶体结构分辨率分别为 2.1 Å 和 2.2 Å。结构分析显示, GHRP 肽结合在 Fab59D8 的 VL 和 VH 结构域 CDR 之间的凹槽中, Fab59D8 主要与 GHRP 肽主链基团形成氢键以及与其侧链基团形成 π - π 相互作用。

结论 本研究首次在分子层面揭示了抗纤维蛋白抗体 59D8 靶向纤维蛋白的具体机制, 从结构生物学角度为临床使用抗纤维蛋白抗体 59D8 开发精准溶栓药物、溶栓检测探针和血栓检测技术提供理论指导。同时对比发现未结合配体和结合配体的 Fab59D8 在 CDR-H3 loop R98-D105 处存在明显的构象差异, 而配体的结合可能有助于稳定其中一种构象, 为后续抗体改造提供理论支撑。

OR-0070

MST4 kinase regulates immune thrombocytopenia by phosphorylating STAT1-mediated M1 polarization of macrophages

Jingjing Cao, Lili Ji, Yanxia Zhan, Xia Shao, Pengcheng Xu, Boting Wu, Pu Chen, Luya Cheng, Xibing Zhuang, Yang Ou, Fanli Hua, Lihua Sun, Feng Li, Hao Chen, Zhaocai Zhou, Yunfeng Cheng
Zhongshan Hospital

Objective Primary immune thrombocytopenia (ITP) is an autoimmune hemorrhagic disorder, in which macrophages play a critical role. Mammalian sterile-20-like kinase 4 (MST4), a member of the germinal-center kinase STE20 family, has been demonstrated to be a regulator of inflammation. It remains elusive whether MST4 participates in the macrophage-dependent inflammation of ITP.

Methods The expression and function of MST4 in macrophage were determined in ITP patients, THP-1 cells, and macrophage-specific Mst4^{-/-} (Mst4 Δ M/ Δ M) ITP mouse model. Macrophage phagocytic assay, RNA sequencing (RNA-seq) analysis, immunofluorescence analysis, Co-immunoprecipitation (co-IP), mass spectrometry (MS), bioinformatics analysis, and phosphoproteomics analysis were performed to reveal underlying mechanisms.

Results The expression levels of MST4 gene were elevated in the expanded M1-like macrophages of ITP patients, and such elevated expression of MST4 were restored to basal level in patients with remission after high-dose dexamethasone treatment. Elevated expression of MST4 gene was significant in THP-1 derived M1 macrophages. Silencing of MST4 decreased the expression of M1 macrophage markers and cytokines, and impaired phagocytosis, which could be increased by overexpression of MST4. In passive ITP mouse model, macrophage-specific depletion of Mst4 reduced the numbers of M1 macrophages in spleen and peritoneal lavage fluid, attenuated the expression of M1 cytokines, and promoted the predominance of Fc γ R1b in splenic macrophages, therefore ameliorated thrombocytopenia. Downregulation of MST4 directly inhibited STAT1 phosphorylation, which is essential for M1 polarization of macrophages.

Conclusion Our study demonstrated a critical role for MST4 kinase in the pathology of ITP, rendering MST4 kinase as a potential therapeutic target for refractory ITP.

OR-0071

Notch1 调控肝细胞分泌 TPO 的机制研究

孙月月

徐州医科大学附属医院

目的 探究 Notch1 在肝脏分泌促血小板生成素 (TPO) 过程中发挥的作用及相关机制。

方法 通过构建肝细胞特异性 Notch1 敲除小鼠模型, 探究 Notch1 缺陷对血浆 TPO 水平及血小板计数的影响, 通过观察肝脏超微结构及检测肝功能指标排除对正常肝脏结构及功能的影响。观察 Notch1 缺陷对小鼠巨核细胞分化发育及血小板体内清除的影响, 并通过添加 TPO 挽救。此外, 通过 RNA-seq 分析及蛋白水平鉴定, 探究 Notch1 缺陷对肝脏分泌 TPO 相关的信号通路的影响。

结果 Notch1 缺陷小鼠血浆 TPO 及肝脏 TPO mRNA 水平显著降低, 血小板计数减低, 骨髓巨核细胞发育障碍, 且可以通过添加 TPO 挽救。此外, Notch1 缺陷显著抑制肝细胞内 TPO 分泌相关的 JAK2/STAT3 通路活性, 与 RNA-seq 结果一致, JAK2/STAT3 通路磷酸化水平在与去唾液酸化的血小板体外共培养的肝细胞中显著减低; 通过注射药物使体内血小板去唾液酸化的模型中结论一致。有趣的是, Notch1 缺陷下调 HES5 表达, 但不下调 HES1 表达。去唾液酸化的血小板促进肝细胞内 HES5 与 JAK2/STAT3 结合, 导致 JAK2/STAT3 通路激活。此外, 肝细胞上 Ashwell-Morell 受体(AMR)即去唾液酸糖蛋白受体 1 (ASGR1) 与 Notch1 共定位, 封闭 AMR 或血小板上 Notch1 配体 DLL4 阻碍去唾液酸化血小板激活肝细胞 Notch1 信号及 HES5 表达, JAK2/STAT3 磷酸化以及后续的 TPO 生产。

结论 明确了 Notch1 参与调控肝细胞分泌 TPO, 发现肝细胞分泌 TPO 的新调控机制。

OR-0072

免疫性血小板减少症中低剂量西达本胺调控单核细胞表面 FcγRIIb 表达的机制研究

王颖谄、赵红玉、王瑞雪、许逸童、张苹、侯明、侯宇

山东大学齐鲁医院

目的 背景: 抑制性受体 FcγRIIb 的表达降低, 导致单核-巨噬细胞对抗体致敏血小板的吞噬作用增强, 是免疫性血小板减少症(immune thrombocytopenia, ITP)的重要发病机制之一。我们前期靶向免疫干预研究发现, 低剂量组蛋白去乙酰化酶抑制剂西达本胺不仅通过调控 CTLA4 的表达增强调节性 T 细胞免疫抑制功能, 还能减轻单核-巨噬细胞对抗体致敏血小板的吞噬作用。本研究旨在进一步探究低剂量西达本胺对单核-巨噬细胞表面抑制性受体 FcγRIIb 的影响, 为 ITP 的治疗提供新思路。

方法 本研究收集 ITP 患者原代细胞及构建被动型/主动型 ITP 小鼠模型, 采用流式细胞术、免疫荧光、染色质免疫共沉淀、实时定量 PCR、以及病毒转染等技术, 进行体外及体内实验。

结果 体外实验表明, 低剂量西达本胺处理后, ITP 患者单核细胞中 FcγRIIb 的 mRNA 和蛋白水平均显著升高, 而 FcγRI, FcγRIIa 及 FcγRIII 的表达无统计学差异。FcγRIIb 表达的上调导致单核-巨噬细胞吞噬能力显著降低。在主动型 ITP 小鼠模型中, 进一步验证了低剂量西达本胺对单核细胞 FcγRIIb 的调控作用。机制研究表明, 低剂量西达本胺通过调节组蛋白 H3K27 乙酰化水平, 增强了单核细胞表面 CD32b 的表达, 而阻断 FcγRIIb 信号可以抵消低剂量西达本胺在 ITP 中的治疗作用。

结论 低剂量西达本胺调控单核细胞表面 FcγRIIb 的表达, 促进 ITP 患者血小板的快速升高及长期缓解, 为组蛋白去乙酰化酶抑制剂治疗 ITP 的作用机制提供了新的证据。

OR-0073

骨髓血管内皮细胞 HIF-1 α 低表达调节异基因造血干细胞移植后急性移植物抗宿主病

张温凯、曹谢娜、石威、夏凌辉、孙春艳、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 本研究拟探索骨髓内皮祖细胞 (EPCs) 中 HIF-1 α 低表达在异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 后急性移植物抗宿主病 (aGVHD) 发生过程中的作用。

方法 纳入 2023 年 2 月 15 日至 2024 年 1 月 20 日于武汉协和医院接受 allo-HSCT 后并发 aGVHD 的患者 25 例和未并发 GVHD 患者 25 例, 收集其骨髓血, 分选骨髓 EPC 并检测其数量、功能以及 HIF-1 α 表达水平。利用人脐静脉内皮细胞(HUVECs)和内皮细胞特异性 HIF-1 α 敲除的基因编辑小鼠, 从体外和体内探索 HIF-1 α 低表达对内皮细胞的影响及具体机制。

结果 流式及免疫荧光结果显示, aGVHD 患者相较于 non-GVHD 患者, 骨髓 EPCs 的 HIF-1 α 水平以及自噬水平下降, 伴随 aGVHD 患者骨髓 EPCs 的细胞功能受损。同时, aGVHD 患者骨髓 EPCs 与 HSCs 共培养会导致 HSCs 凋亡增加、ROS 水平升高和集落形成能力降低。敲低 HUVECs 的 HIF-1 α 会导致内皮细胞的 NAD⁺消耗酶 SIRT1 和 PARP1 异常激活, 引起内皮细胞中 NAD⁺水平下降以及其线粒体膜电位和形态异常。补充 NAD⁺补充剂- β -烟酰胺单核苷酸 (NMN) 可有效提高内皮细胞的 NAD⁺水平, 恢复细胞增殖, 迁移以及血管成型能力。此外, HIF-1 α 激动剂 Roxadustat, 可通过上调 HIF-1 α 改善内皮细胞功能和造血支持能力。在内皮细胞特异性 HIF-1 α 基因敲除的小鼠中, 其自噬相关蛋白表达水平下降伴有 NAD⁺消耗酶异常激活, 透射电镜结果显示内皮细胞胞内线粒体形态异常及自噬泡减少。

结论 以上结果表明, aGVHD 患者骨髓 EPCs HIF-1 α 低表达会影响其自噬和线粒体功能。在体外和体内模型中, HIF-1 α 下调会导致 NAD⁺消耗酶异常激活, 影响 NAD⁺水平和线粒体功能, 从而损害细胞功能。此外, Roxadustat 和 NMN 分别通过上调 HIF-1 α 和 NAD⁺水平恢复细胞功能和造血支持能力, 这为 allo-HSCT 后 aGVHD 的防治提供了一种新策略。

本课题由国家自然科学基金青年项目 (项目批准号: 8210023) 资助。

OR-0074

染色体外环状 DNA 通过激活 STING 促进 DLBCL 疾病进展的机制研究

伍紫娟、张维、王露桥、李建勇、金晖
江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院)

目的 染色体不稳定性(CIN)作为肿瘤的标志之一, 是 DLBCL 高危特征和不良预后的基础, 而关于其如何推动 DLBCL 的发生和发展我们知之甚少。DNA 损伤会影响 CIN 和胞质 DNA 积累, 从而以一种不依赖于序列的方式激活 DNA 传感机制 cGAS-STING 途径。染色体外环状 DNA (eccDNA) 是一种独立于染色体之外的环状双链 DNA 分子, 其广泛存在于肿瘤中, 与病人的预后密切相关。研究表明, 携带 eccDNA 的肿瘤患者五年生存率显著降低。然而, eccDNA 在 DLBCL 中的表达情况和功能仍不清楚。本研究目的在于揭示 DLBCL 细胞中 eccDNA 的存在, 探究 eccDNA 如何通过非 cGAS 依赖的 STING 通路促进疾病发生与发展。

方法 通过环状 DNA 测序 (circle-seq)、单细胞测序 (scRNA-seq)、全外显子测序 (WES) 多组学测序分析和原子力显微镜等验证, 描述 DLBCL 中 eccDNA 表达谱; 富集、纯化 eccDNA 并转染, 通过免疫荧光、CCK8、scRNA-seq 等揭示 eccDNA 对 STING 通路的激活促进细胞增殖过程;

化疗药物（顺铂等）处理体内外模型，彗星实验、免疫组化、免疫荧光等验证 DNA 损伤诱导 eccDNA 的产生，从而激活非 cGAS 依赖的 STING 通路；使用 GEO 数据验证 eccDNA 相关基因集预后情况；动物模型探究 DNA 损伤疗法联合 STING 抑制剂的抗肿瘤作用；琼脂糖凝胶电泳、免疫荧光等检测 DLBCL 患者肿瘤组织中 eccDNA 与 p-STING 表达水平，分析相关性及其与患者预后关系。

结果 通过研究我们发现：1、DLBCL 患者中 eccDNA 丰度显著升高且和患者预后密切相关，复发难治 DLBCL 患者 eccDNA 升高水平更为显著；2、DNA 损伤导致的 CIN 和胞质 DNA 积累诱导了 eccDNA 产生，eccDNA 通过激活 cGAS 非依赖型的 STING 通路促进 DLBCL 疾病进展；3、化疗药物（顺铂等）处理后残余肿瘤细胞中 eccDNA-STING 通路活化；4、化疗药物与 STING 抑制剂联合使用可显著增强抗肿瘤作用。

结论 我们的研究首次揭示了 eccDNA 在 DLBCL 中的表达、功能及临床意义，明确了 eccDNA 介导的 STING 通路激活在疾病进展中的作用及机制。DLBCL 患者经一线化疗方案 R-CHOP 治疗后仍容易出现复发或难治，而 eccDNA-STING 的激活为这一现象提供了解释。同时，化疗药物联合 STING 抑制剂的协同抗肿瘤作用，为 DLBCL 患者尤其是复发难治患者新的治疗策略提供了理论基础。

OR-0075

Single-cell RNA sequencing reveals the landscapes of HSC differentiation during ex vivo expansion

Ruiting Wen¹, Chen Xu², Chen Dong², Zhigang Yang¹, Bin Zhang²

1. Department of Hematology, Central People's Hospital of Zhanjiang

2. the Fifth Medical Center of Chinese PLA General Hospital

Objective Cord blood (CB) provides an alternative source of hematopoietic stem cells (HSCs) for patients without HLA matched donor. However, the low HSC doses available in CB grafts restrict its widespread use. Recent years, the strategy of HSCs ex vivo expansion has made some progress, but an unresolved question is how to maintain their stemness while increasing the number of HSCs. Moreover, the effect of ex vivo expansion system on HSC self-renewal and differentiation remains inadequately understood.

Methods CB CD34+ cells were cultured with Vehicle, UM171, SR1, K1 and USK (UM171+SR1+K1) for 10 days, respectively. Fold expansion of CD34+CD38-CD45RA-CD90+ cells was evaluated. Subsequently, we performed serial transplantation experiments to assess the engraftment and long-term repopulating capacity of expanded cells. Finally, single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) was used to screen the key molecules regulating HSC self-renewal, and analyze the effect of ex vivo expansion system on HSC differentiation.

Results We found USK, a combination of cytokines and small molecules, which expanded approximately 543-fold of CD34+CD38-CD45RA-CD90+ cells from CB. However, serial transplantation experiments confirmed that these cells expanded by USK can only be successfully engrafted in primary NOD-Prkdcscid Il2rgnull (NPG) recipients. Furthermore, scRNA-seq demonstrates that CB cluster 4 (C4) expressing HSC-related genes AVP, KLF2, HES1 and MLLT3, defined as HSC, which differentiated into regenerated progenitor cells and mature blood cells during ex vivo culture. Comparison of differentially expressed genes between C0-multiRP, C1-MyRP, C2-GMP, C10-MESC and C4-HSC, gene expression of AVP, JUN, JUND, FOS, FOSB, IRF1, NFKBIA, KLF2, and HES1 was down-regulated. And transcription factors FOS, FOSB, JUN, JUND, IRF1, and REL were highly regulated in C4-HSC.

Conclusion USK expanded more than 500-fold of CD34+CD38-CD45RA-CD90+ cells from CB CD34+ cells. However, these cells expanded by USK do not have the capacity of long-term engraftment. scRNA-seq demonstrates that bona fide HSCs in CB CD34+ cells have already undergone differentiation during culture. FOS, FOSB, JUN, JUND, IRF1, and REL are the key

molecules regulating HSC self-renewal. Our work is, to our knowledge, the first to reveal the effect of ex vivo expansion on HSC self-renewal and differentiation at the single-cell level.

OR-0076

HERV-K TM subunit elicits CD8⁺ T cell anergy and tumor immune evasion via targeting CD3 coreceptor ϵ in AML and PDAC

Mengyuan Li, Rongzhen Xu
the Second Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine

Objective CD8⁺ T cell anergy is a critical driver of cancer immune evasion, but the underlying causes and mechanisms remain elusive. This study aimed to apply AML and PDAC as representatives of hematologic malignancies and solid tumors to systematically evaluate the potential role of K-TM in CD8⁺ T cell dysfunction-mediated tumor immune evasion, and to further explore the specific mechanism by which K-TM regulates T cell function via targeting CD3 ϵ coreceptor, and to discuss the strategy of targeted inhibition of K-TM to enhance the CD8⁺ T cell anti-tumor function.

Methods We detected the K-TM expression level in primary CD8⁺ T lymphocytes and sera of AML, PDAC cancer patients, and healthy individuals. Cytotoxicity, cytokine release, primary T cell activation and proliferation assays were used to investigate the relationship between the K-TM subunits and the tumor lysing ability of CD8⁺ T cells in vitro, and MCA205 allogeneic tumor transplantation model in Balb/c mice was established to evaluate whether the K-TM subunits enable cancer cells to escape immune surveillance in immunocompetent mice in vivo. Endogenous and exogenous co-immunoprecipitation (co-IP), immunofluorescence colocalization (IF), Bio-Layer Interferometry (BLI), protein docking model (Docking) experiments were applied to explore whether the CD3 ϵ is the direct target of K-TM protein. Human sera with K-TM-reactive antibodies and human recombinant protein hFL targeting K-TM were used to determine whether targeting K-TM could enhance the tumor cell killing ability of K-TM-high CD8⁺ T cells in vitro and in vivo.

Results In AML and PDAC, the K-TM subunit proteins are aberrantly expressed in primary CD8⁺ T cells and highly enriched in sera of cancer patients, but low or absent in healthy individuals. Notably, K-TM subunit protein blocks the activation of CD8⁺ T cells with a concomitant decrease of cytokine effector IFN- γ , but does not affect cell viability, leading to CD8⁺ T cell anergy. In addition, K-TM expression reduces infiltrating CD8⁺ T cells in tumor tissues and results in immunologically 'cold' tumors in mouse model. Mechanically, The K-TM subunit binds directly to the ITAM domain of the CD3 ϵ with high affinity via its transmembrane domain, and disables antigen-triggered T-cell receptor signaling via inhibiting phosphorylation of CD3 ϵ . Importantly, targeting K-TM reverses CD8⁺ T cell anergy, restores T cell-mediated tumor cell killing and potently regresses PDAC in animal model.

Conclusion In this study, we report two breakthrough discoveries in CD8⁺ T cell dysfunction: one is the identification of the HERV-K Env subunit transmembrane (K-TM) as a potent viral immune checkpoint that induces anergy of CD8⁺ T cells and enables cancer cells to escape T cell anti-tumor immunity in AML and PDAC, and the other is that CD3 ϵ coreceptor is a key target of K-TM subunit in T cells.

OR-0077

Venetoclax enhances human $\gamma\delta$ T cells anti-tumor immunity through metabolic reprogramming

xingchi chen¹,Guangyu Sun¹,Yinqiang Sui²,Weiwei Ma²,Yonghui Zhang³,Xiaoyu Zhu¹

1. The First Affiliated Hospital of USTC

2. Unicet Biotech

3. Tsinghua-Peking Center for Life Sciences, School of Pharmaceutical Science, MOE Key Laboratory of Bioorganic Phosphorus Chemistry & Chemical Biology, Tsinghua University

Objective The primary aim of this research is to explore the augmentation of anti-AML immunity in human $\gamma\delta$ T cells. Observations indicate that $\gamma\delta$ T cells exhibit a reduced cytotoxic response towards tumor cells in a subset of AML patients. This study systematically evaluates various therapeutic agents currently in clinical use to identify those that can potentiate the anti-tumor activities of $\gamma\delta$ T cells in these resistant patient populations. Preliminary data suggest that Venetoclax markedly increases the anti-tumor capabilities of $\gamma\delta$ T cells. Ultimately, this investigation seeks to foster the development of innovative treatments that improve clinical responses in AML patients resistant to traditional $\gamma\delta$ T cell-based therapies.

Methods Human $\gamma\delta$ T cells were isolated from peripheral blood mononuclear cells and treated with various pharmacological agents at clinically relevant concentrations. Cells were washed with phosphate-buffered saline and then co-cultured with AML cells. The viability of AML cells was assessed 8~18h later, allowing for the measurement of $\gamma\delta$ T cell-mediated cytotoxicity. Expression of key immunological markers on $\gamma\delta$ T cells was analyzed via flow cytometry. Oxidative phosphorylation and glycolysis was assessed using a Seahorse XF Analyzer. Non-targeted metabolomics analysis using liquid chromatography-mass spectrometry (LC-MS) identified differentially expressed metabolites, revealing the metabolic alterations caused by the treatments.

Results Venetoclax treatment significantly enhanced the anti-tumor efficacy of $\gamma\delta$ T cells against the $\gamma\delta$ T cell-resistant AML cell line and patient-derived cells, achieving a 49.21% killing efficiency in venetoclax-treated $\gamma\delta$ T cells compared to 5.06% with untreated cells. We found upregulated activation markers CD25 and CD69 and cytotoxic molecules NKG2D and DNAM-1 on drug-treated $\gamma\delta$ T cells when these cells were exposed to tumor targets. Additionally, drug-treated $\gamma\delta$ T cells expressing higher stem cell memory markers and the proliferation marker Ki67. Metabolically, drug-treated $\gamma\delta$ T cells showed a shift towards fatty acid and lipid synthesis, which likely supports the enhanced proliferation and stem memory phenotype.

Conclusion In conclusion, our study suggests that integrating venetoclax into $\gamma\delta$ T cell therapies could significantly improve the efficacy of these treatments, providing a more robust and sustained immune response against AML. The ability of venetoclax to potentiate the natural cytotoxic functions of $\gamma\delta$ T cells and promote a metabolic state conducive to long-lasting cytotoxicity offers a dual mechanism of action that could overcome some of the traditional challenges faced in targeting AML. The convergence of cellular therapy with targeted drug treatment, as evidenced by the efficacy of venetoclax in our research, represents a novel and exciting direction in cancer immunotherapy.

OR-0078

Ash1L regulates DNA damage repair to affect NK cell function in SAA patients

Nan Song, Mengran Gao, Li He, Chunyan Liu, Rong Fu
Tianjin Medical University of General Hospital

Objective Natural killer cells play an important immunomodulatory role in severe aplastic anaemia (SAA), an autoimmune disease characterised by severe pancytopenia and bone marrow haematopoietic failure. Histone methyltransferase Ash1L has been reported to inhibit the production of inflammatory factors and play an important regulatory role in autoimmune diseases such as rheumatoid arthritis, but it has rarely been reported in SAA. Given that SAA is also an autoimmune disease, we wanted to explore whether Ash1L plays a role in bone marrow NK cells of SAA and thus refine the theory of SAA pathogenesis.

Methods RT-PCR was used to detect the mRNA expression level of Ash1L in bone marrow NK cells of SAA patients. Small interfering RNA was used to knock down the expression of Ash1L, then RNA-seq was used to analyse the gene enrichment pathway. Flow technology was used to detect the cell cycle and apoptosis. Using X-ray, cisplatin to induce DNA damage, and γ -H2AX protein expression was detected by western blot and IF. Comet assay was performed to detect the severity of DNA damage breaks when knockdown of Ash1L.

Results The expression of Ash1L in Bone marrow of NK cell was reduced in the primary treatment, partial remission, and complete remission of SAA groups compared with the normal control group. Ash1L expression was elevated in the partial and complete remission groups compared with the primary treatment of SAA patients. RNA-seq sequencing of Ash1L knockdown revealed that the differential genes were mainly enriched in cell cycle and DNA damage repair pathways. The expression of some cell cycle and DNA damage repair genes was significantly down-regulated after knockdown of Ash1L by RT-PCR. Flow assay suggested that the proportion of apoptotic cells was increased, and cells were blocked in G1 phase after knockdown of Ash1L. The expression level of γ -H2AX protein was significantly increased in the Ash1L knockdown group when DNA damage was induced by X-ray or cisplatin. The comet assay showed that knockdown of Ash1L resulted in more DNA fragmentation, indicating the severity of DNA damage and breakage. The above results indicate that Ash1L can promote DNA damage repair.

Conclusion The results showed that the level of Ash1L expression and DNA damage repair ability were significantly reduced in NK cells from SAA patients, and the DNA damage response leads to a block in the G1 phase as well as increased levels of apoptosis, thus affecting the number and function of NK cells. In conclusion, this study explores the mechanism of Ash1L in NK cells of SAA patients from the perspective of DNA damage for the first time, which enriches the immunopathogenesis theory of SAA to a certain extent.

OR-0079

ZBTB24-PDGFRB 融合基因通过 PIM1 调控 AML 发病及对 TKIs 耐药

杨晋军、李雪峰、陈梦然、向昕蓉、赵磊、吴侯
四川大学华西医院血液科

目的 PDGFR 融合基因阳性的白血病是一类独特的实体，然而，其发病机制不明，且部分患者对 TKIs 天然耐药。我们课题组通过 RNA-seq 在 1 名 AML 患者中检测到 ZBTB24-PDGFRB 融合基因，使用 TKIs 治疗无效。迄今为止，该融合基因未被报告。本研究旨在探究 ZBTB24-PDGFRB 融合基

因的致白血病潜能、分子机制及对 TKIs 的耐药性，为 PDGFRB 融合基因阳性的白血病提供新的治疗思路。

方法 构建 ZBTB24-PDGFRB 融合基因稳定表达的细胞模型、斑马鱼模型和小鼠移植瘤模型，检测 ZBTB24-PDGFRB 融合基因的体外及体内致白血病潜能及对 TKIs 的敏感性，通过 RNA-seq 探究其分子机制。

结果 ZBTB24-PDGFRB 融合基因可以使 BaF3 细胞不依赖 IL-3 独立增殖 ($P < 0.0001$)，凋亡减少 ($P < 0.0001$)；促进白血病细胞 U937 增殖 ($P < 0.0001$) 和分化 ($P < 0.0001$)。RNA-seq 显示差异基因主要富集在 JAK-STAT 信号通路，其中 PIM1 上调最为明显 ($\log_2FC=3.07$; $padj=4.58E-166$)；RT-qPCR 及 WB 验证了 PIM1 在实验组表达明显增加 ($P < 0.0001$)，其下游的 MYC、BAD P136 蛋白表达升高；TCGA 数据库中，PIM1 在 AML 患者中高表达 ($P < 0.05$) 且与不良预后相关 ($P = 1.8e-5$)。达沙替尼和普纳替尼无法降解 ZBTB24-PDGFR β 融合蛋白，可能通过诱导凋亡抑制蛋白 MCL1 和 BCL2 引起白血病细胞敏感性降低 ($P < 0.0001$; $P = 0.0005$)，凋亡减少 ($P < 0.0001$; $P < 0.0001$)。WISH 显示，与野生型斑马鱼相比，注射 ZBTB24-PDGFRB 融合基因 mRNA 的斑马鱼干细胞 (MYB)、红系祖细胞 (GATA1)、粒系祖细胞 (SPI1)、淋系祖细胞 (IKAROS) 表达更加明显。ZBTB24-PDGFRB 融合基因可使小鼠成瘤，肿瘤随时间延长逐渐明显；可使小鼠脾脏肿大；影响小鼠体内造血，使小鼠白细胞、嗜酸及嗜碱性粒细胞和淋巴细胞比例增加 ($P = 0.013$; $P = 0.031$; $P = 0.009$; $P = 0.016$)，血小板降低 ($P = 0.0002$)；使小鼠骨髓、脾脏和肝脏中白血病细胞增加 ($P < 0.0001$; $P = 0.0025$; $P = 0.0002$)；明显降低小鼠生存，中位时间为 34 天 ($P < 0.0001$)。

结论 ZBTB24-PDGFRB 融合基因可以导致白血病发生，并促进白血病细胞的增殖、周期进展、分化及对 TKIs 耐药，还可以促进斑马鱼造血干祖细胞的增殖和分化，分子机制可能与 PIM1 基因和 JAK-STAT 信号通路相关。

OR-0080

BTK/Rap1/NF- κ B 通路介导巨噬细胞异常极化 在脓毒症相关性血小板减少症中的作用和机制研究

张紫妍、周萌、唐雅琼、戚嘉乾、韩悦
苏州大学附属第一医院

目的 本研究旨在探讨巨噬细胞在脓毒症相关性血小板减少症 (SIT) 发生发展中的作用，以及 BTK 信号通过巨噬细胞对 SIT 的影响及作用机制。

方法 通过收集 SIT 患者和健康对照者的外周血标本，检测巨噬细胞比例以及磷酸化 BTK (p-BTK) 的表达水平，并与患者的血小板水平进行相关性分析。构建 SIT 小鼠模型，验证巨噬细胞和 BTK 信号对巨核细胞和血小板生成的作用。体外实验研究促炎型巨噬细胞影响巨核细胞生成的具体机制。

结果 SIT 患者的促炎型巨噬细胞和 p-BTK 表达水平更高，并与血小板计数密切相关。SIT 小鼠表现为明显的血小板减少、促炎型巨噬细胞比例和 p-BTK 增高，抑制 BTK 信号导致巨核细胞和血小板的产生增加，改善 LPS 导致的血小板清除增多。SIT 小鼠体内清除巨噬细胞以及体外巨噬细胞与巨核细胞共培养实验进一步证实 BTK 在巨噬细胞调节血小板生成中的关键作用。SIT 小鼠骨髓细胞的单细胞 RNA 测序表明 BTK 对巨噬细胞的调节作用与 Rap1 信号通路明显相关，巨噬细胞亚群分析显示抑制 BTK 通路后促炎型巨噬细胞明显减少，与 NF- κ B 信号通路密切相关，细胞间通讯分析证实巨噬细胞和巨核细胞之间的相互作用。体外实验表明 BTK 信号可通过靶向 Rap1/NF- κ B 信号通路阻碍巨噬细胞的促炎型极化。

结论 促炎型巨噬细胞在 SIT 中发挥着关键作用，抑制巨噬细胞中 BTK 的磷酸化通过 Rap1/NF- κ B 信号通路改善血小板减少。

OR-0081

Chidamide triggers pyroptosis in T-cell lymphoblastic lymphoma/leukemia via the FOXO1/GSDME axis

Xinlei Li, Bangdong Liu, Dezhi Huang, Naya Ma, Jing Xia, Xianlan Zhao, Yishuo Duan, Fu Li, Shijia Lin, Shuhan Tang, Qiong Li, Jun Rao, Xi Zhang
Xinqiao Hospital, Army Medical University

Objective T-cell lymphoblastic lymphoma/leukemia (T-LBL/ALL) is an aggressive form of hematological malignancy associated with poor prognosis in adult patients. Histone deacetylases (HDACs) are aberrantly expressed in T-LBL/ALL and are considered potential therapeutic targets. Here, we investigated the antitumor effect of a novel HDAC inhibitor, chidamide, on T-LBL/ALL.

Methods HDAC1/2/3 levels in T-LBL/ALL cell lines and patient samples were compared with those in normal controls. Flow cytometry, transmission electron microscopy and lactate dehydrogenase release assays were conducted in Jurkat and MOLT-4 cells to assess apoptosis and pyroptosis. A specific FOXO1 inhibitor was used to rescue pyroptosis and upregulated GSDME expression caused by chidamide treatment. The role of the FOXO1 transcription factor was evaluated by dual-luciferase reporter and chromatin immunoprecipitation assays. The efficacy of chidamide in vivo was evaluated in a NOD/SCID xenograft model.

Results The expression of HDAC1, HDAC2 and HDAC3 was significantly upregulated in T-LBL/ALL. Cell viability was obviously inhibited after chidamide treatment. Pyroptosis, characterized by cell swelling, pore formation on the plasma membrane and lactate dehydrogenase leakage, was identified as a new mechanism of chidamide treatment. Chidamide triggered pyroptosis through caspase 3 activation and GSDME transcriptional upregulation. Chromatin immunoprecipitation assays confirmed that chidamide led to the increased transcription of GSDME through a more relaxed chromatin structure at the promoter and the upregulation of FOXO1 expression. Moreover, we identified the therapeutic effect of chidamide in vivo.

Conclusion Our study suggested that chidamide exerts an antitumor effect on T-LBL/ALL and promotes a more inflammatory form of cell death via the FOXO1/GSDME axis, which provides a novel choice of targeted therapy for patients with T-LBL/ALL.

OR-0082

仿生纳米药物清除 CCL3 促进多发性骨髓瘤的免疫治疗研究

张波、王鸿岚、孙春艳、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 为骨髓瘤的免疫治疗鉴定新的治疗靶点；采用仿生纳米技术高效清除多发性骨髓瘤的 CCL3 因子，提高 PD-L1 抗体对多发性骨髓瘤的免疫治疗效果。

方法 采用生物信息学分析 CCL3 和骨髓瘤免疫抑制微环境的相关性；采用 gamma 干扰素优化巨噬细胞膜的膜蛋白表达，采用膜包纳米技术制备优化的巨噬细胞膜包被的仿生纳米粒 (IMNP)，对 IMNP 的粒径电位稳定性进行表征，考察 IMNP 体外吸附 CCL3 的效能；考察 IMNP 对骨髓瘤细胞和破骨细胞的生物学效应的影响，以及联合 PD-L1 抗体治疗 MM 的效应及机制。

结果 10ng/ml 的 gamma 干扰素可以显著提高巨噬细胞表面 CCL3 受体包括 CCR1 和 CCR5 的表达水平；制备的 IMNP 可以在 4°C 稳定保存至少一周左右；IMNP 可以在体外呈浓度梯度和时间依赖的形式吸附 CCL3；IMNP 可以体外抑制 CCL3 促进 MM 细胞增殖迁移以及对破骨细胞的诱导分化效应；IMNP 可以提高 PD-L1 抗体对荷 5TGM1 骨髓瘤细胞模型小鼠的治疗效果同时显著改善骨髓瘤免疫抑制性微环境。

结论 CCL3 可以作为骨髓瘤免疫微环境的调控靶点，具有良好生物相容性和安全性的 IMNP 可以通过清除骨髓瘤的 CCL3 分子，调控骨髓瘤的免疫抑制微环境从而提高 PD-L1 抗体对 MM 的治疗效果。该研究为骨髓瘤的免疫治疗鉴定了新的治疗靶点并提供了新的治疗思路。

OR-0083

The orphan nuclear receptor NR5A2 regulates phospholipid remodeling via MBOAT1 and MBOAT2 to promote proliferation and drug resistance in multiple myeloma cells

Panpan Li, Xu Jiadai, Peng Liu

Department of Hematology, Zhongshan Hospital, Fudan University, Shanghai, China

Objective Multiple myeloma (MM) is the second most common hematologic malignancy. Currently, drug resistance in myeloma cells is a clinically imperative issue requiring exploration and resolution. Important intrinsic factors contributing to MM drug resistance include molecular genetic abnormalities and metabolic reprogramming. 1q amplification is the most common secondary molecular genetic abnormality in MM. In recent years, there has been a growing body of reports on the role of lipid metabolism reprogramming in the onset and progression of MM drug resistance. The NR5A2 gene (located on chromosome 1q32), encoding the protein LRH-1. This protein is an important transcriptional regulator of lipid metabolism. This study aims to explore the role of NR5A2 in the occurrence and development of MM, as well as the relationship between lipid metabolism, ferroptosis, and MM cell proliferation and drug resistance.

Methods Data from whole exome sequencing (WES) revealing that high NR5A2 expression indicates a poor prognosis in MM patients. Protein and lipid metabolism data analysis was conducted to explore the downstream regulatory network of NR5A2, validated using CUT-Tag. ATP, malondialdehyde (MDA) staining, Fe²⁺ staining and reactive oxygen species (ROS) detection were employed to investigate the effects of NR5A2 on ferroptosis in HMCLs.

Results The decreased niacin flushing reactivity in MM patients suggests an imbalance in membrane phospholipid homeostasis. During the clonal evolution of MM, compared to MGUS and SMM, NDMM and RRMM exhibit a higher prevalence of amplifications/deletions. NR5A2 is significantly upregulated in MM patients with 1q+ compared to those without 1q amplification. Moreover, MM patients with high expression of NR5A2 exhibit poorer overall survival (OS) and progression-free survival (PFS). NR5A2 promotes proliferation and invasion of HMCLs. Proteomic analysis reveals the involvement of NR5A2 in phospholipid metabolism. NR5A2 over expression can suppress ferroptosis in HMCLs. CUT-Tag confirms that NR5A2 is an upstream transcription factor of MBOAT1 and MBOAT2. The NR5A2-MBOAT1/2 axis regulates phospholipid remodeling and suppresses ferroptosis in HMCLs. High expression of NR5A2 leads to resistance of HMCLs to dexamethasone. NR5A2 induces dexamethasone resistance in HMCLs by inhibiting ferroptosis. Inhibiting the expression of NR5A2 increases the sensitivity of HMCLs to dexamethasone. Co-culturing with saturated fatty acids (SFA) does not affect the sensitivity of HMCLs to dexamethasone. Co-culturing with monounsaturated fatty acids (MUFA) promotes dexamethasone resistance in HMCLs. Co-culturing with polyunsaturated fatty acids (PUFA) promotes sensitivity of HMCLs to dexamethasone, and reverses the dexamethasone resistance caused by high expression of NR5A2.

Conclusion The orphan nuclear receptor NR5A2 regulates phospholipid remodeling via MBOAT1 and MBOAT2, inhibiting ferroptosis in HMCLs, promoting proliferation, and inducing resistance to dexamethasone in HMCLs. This study provides new insights into the pathogenesis of MM and offers novel therapeutic targets for MM treatment.

OR-0084

通过单细胞 RNA-seq 解码 G-CSF 对骨髓 和外周移植物中 MAIT 细胞的影响

高梦鸽、常英军、黄晓军、赵晓甦
北京大学人民医院

目的 异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 后严重的移植物抗宿主病 (GVHD) 是导致移植失败并影响生存的重要临床挑战。粒细胞集落刺激因子 (G-CSF) 动员的骨髓 (G-BM) 和外周血干细胞 (G-PBSC) 联合应用且无需体外 T 细胞去除的单倍体移植体系, 已被证明是一种可靠的低风险 GVHD 移植方案。既往研究表明, G-CSF 通过诱导 T 细胞耐受和改变移植物细胞成分增强 GVHD 的预防。此外, 与 G-PBSC 移植相比, G-BM 移植降低急性 GVHD 发生。黏膜相关不变 T (MAIT) 细胞, 被定义为具有多种功能的非传统 T 细胞。我们前期工作发现: ① G-BM 结合 G-PBSC 的移植中 MAIT 细胞的数量与 allo-HSCT 后急性肠道 GVHD 的低发生率相关, 尤其是 G-PBSC 中 MAIT 细胞数量; ② 前期单细胞 RNA 测序 (Sc-RNA-seq) 分析显示 G-PBSC 中 MAIT 细胞具有增强的免疫抑制和组织修复特征。然而, G-CSF 对 G-BM 中 MAIT 细胞的影响尚不清楚。与外周 MAIT 细胞相比, 骨髓中 MAIT 细胞的免疫调节和生物学特性尚未完全建立。

方法 体内给药 G-CSF 5 天前后的两名供者的 BM (GSE193138) 和四名供者的 PB 的 Sc-RNA-seq 数据被纳入。经过严格质量控制, 将 74,781 个细胞根据 G-CSF 动员前的骨髓 (Pre-BM)、G-CSF 动员后的骨髓 (post-BM)、G-CSF 动员前的外周血 (Pre-PB) 和 G-CSF 动员后的外周血 (Post-PB) 分为四组。

结果 使用 KLRB1 和 SLC4A10 标记鉴定 MAIT 细胞 (图 A), BM 中 MAIT 细胞比例 (占 CD3+T 细胞) 高于 PB。与外周 MAIT 细胞相比, BM 中 MAIT 细胞表达更高的细胞毒性特征, 而表达较低的免疫抑制和组织修复特性 (图 B)。值得注意的是, G-BM 和 G-PBSC 中 MAIT 细胞的毒性特征减弱, G-PBSC 中 MAIT 细胞的组织修复和免疫抑制特征增强 (图 B)。此外, 外周 MAIT 细胞表达更多的趋化因子受体和更强的组织驻留特性 (图 C 和 D), 表明外周 MAIT 细胞具有更强的组织迁移和修复能力。与其他 T 细胞亚群 ($\gamma\delta$ T 细胞、Treg 细胞和其他 T/NK 细胞) 相比, MAIT 表现出更强的组织修复特性, 表达更多的趋化因子受体, 尤其是 CCR6 和 CXCR6 (图 D), 进一步表明 MAIT 细胞具有组织趋化和保护特性。与 BM 中 MAIT 细胞相比, 外周 MAIT 细胞的大多数代谢参数 (氧化磷酸化、线粒体等) 水平也更高 (图 B)。这些结果表明, BM 和外周 MAIT 细胞的代谢差异可能决定了它们功能差异。

结论 结合既往研究, G-PB 中 MAIT 细胞数明显与移植后肠道 GVHD 低发生率相关可能是因为来自 G-PB 的 MAIT 细胞具备更强免疫抑制, 组织修复, 迁移趋化等能力。骨髓和外周中 MAIT 细胞代谢差异可能决定其功能差异。总之, 这些结果为 MAIT 细胞在移植体系的临床转化或细胞治疗奠定基础。

OR-0085

METTTL14 通过 m6A RNA 甲基化调控 TRAF6 翻译 促进多发性骨髓瘤进展的机制研究

左李平、李志新、蔡麟昱、张波、徐傲霜、赵菲、孙春艳
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 N6-methyladenosine (m6A) 修饰与多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 发生发展密切相关, METTTL14 是 m6A 甲基转移酶复合物的关键组分, 其在 MM 中的作用暂无研究报道, 本研究旨在

探讨 METTL14 在 MM 中的生物学功能及分子机制。

方法 生物信息学分析、qRT-PCR、Western blot 和免疫组化检测 METTL14 在 MM 患者中的表达；构建 METTL14 敲低/过表达的慢病毒稳转株，结合 CCK8 实验、Transwell 迁移和侵袭实验及血管形成实验检测 METTL14 对 MM 细胞生物学功能的影响；生物信息学分析发现 H3K27ac 在 METTL14 的启动子区域显著富集且乙酰转移酶 P300 在 MM 患者中的表达和 METTL14 具有强相关性，因此，我们通过构建 P300 敲低的慢病毒稳转株，结合 CHIP-qPCR、qRT-PCR 和 Western blot 分析 P300 对 METTL14 的调控作用；采用 MeRIP-seq、RNA-seq、RIP-qPCR、RNA Pulldown、多聚核糖体分析等技术明确 METTL14 调控的下游靶基因及分子机制；使用 NOD/SCID 小鼠构建 MM 皮下瘤模型验证 METTL14 在 MM 发生发展中的作用。

结果 本研究发现与正常对照相比，METTL14 在 MM 中显著高表达，生存分析显示高表达 METTL14 的患者 PFS 和 OS 明显缩短，进一步分析发现其表达水平与患者 ISS 分期及 R-ISS 分期正相关，表明 METTL14 与 MM 疾病进展和不良预后密切相关。功能研究显示，敲低 METTL14 明显抑制 MM 细胞的增殖、迁移、侵袭和血管生成，过表达 METTL14 则出现相反的效应。机制研究表明，组蛋白乙酰转移酶 P300 通过介导 METTL14 启动子上 H3K27 乙酰化激活 METTL14 转录进而促进其表达。E3 泛素连接酶 TRAF6 是 METTL14 的下游靶基因，敲低 METTL14 显著降低了 TRAF6 mRNA 的 m6A 修饰水平及 TRAF6 蛋白表达水平，而 TRAF6 mRNA 表达水平无明显变化；此外，我们发现阅读蛋白 YTHDF1 能够识别并结合 TRAF6 mRNA 的 m6A 位点，介导 TRAF6 的翻译。最后，体内实验也证实敲低 METTL14 抑制了 MM 皮下瘤的生长，而过表达 TRAF6 能够逆转该效应。

结论 我们的研究揭示了 METTL14 在 MM 中的高表达及其临床意义，证实了 P300-METTL14-m6A 轴通过调控 TRAF6 的翻译促进 MM 进展，为 m6A 修饰参与 MM 发病机制的研究提供全新视野，为 MM 的治疗提供新的靶点和潜在治疗方向。

OR-0086

KLF2 转录因子在促进巨核细胞分化中的新作用

王臻、何欢、刘忠文、周盼、牛晓娜、孙正道、朱尊民
河南省人民医院

目的 KLF2 作为重要的转录因子参与 T 细胞成熟、内皮细胞分化等多种生理过程。然而，其是否参与巨核细胞 (megakaryocyte, MK) 的分化过程尚未可知。为探索 KLF2 在巨核发生中的作用，我们展开了该项研究。

方法 我们用 25nM PMA 处理人红白血病细胞系 K562 细胞以诱导 MK 分化，并观察其细胞形态、细胞 CD41 和 CD61 表达以及 KLF2 的表达。然后，我们通过慢病毒载体对 KLF2 的表达进行干预以观察 MK 分化情况。另外，我们还通过 RNA-seq 及染色质免疫共沉淀测序 (ChIP-seq) 技术进一步研究了 KLF2 促进巨核发生的分子机制。

结果 研究发现，随着时间推移，K562 细胞表现出典型的 MK 特征，而 CD41 和 CD61 在巨核发生过程中表达增加，另外，Real-time PCR 和 Western blot 结果显示 KLF2 的 mRNA 和蛋白表达也随时间依赖性而增加。重要的是，我们证实了当使用慢病毒载体使 KLF2 过表达时，CD41/CD61 细胞数量和多倍体细胞数量明显增加，而 KLF2 的敲低会降低 CD41/CD61 细胞数量并不利于多倍体细胞发生，这表明 KLF2 在巨核细胞分化过程中至关重要。此外，我们的初步数据发现，KLF2 可能通过直接与 CHN1 和 KCNQ5 结合参与 MK 的分化过程。

结论 综上所述，我们的数据提供了 KLF2 参与 MK 分化的重要证据，这可能为 MK 分化的分子机制提供新的见解，并为血小板疾病的干预提供新的思路。

OR-0087

新型小分子化合物 F-17 治疗 FLT3 突变阳性急性髓系白血病的机制研究

葛帅帅¹、薛胜利¹、王隽³、杜佳慧²、黄元宏¹、王秒¹、万超玲¹、刘海惠¹、庞宏锋¹、戴海萍¹、邱桥成¹、刘松柏²、吴德沛¹

1. 国家血液系统疾病临床医学研究中心, 江苏省血液研究所, 苏州大学附属第一医院

2. 苏州卫生职业技术学院

3. University of Freiburg

目的 伴有 FLT3 突变的急性髓系白血病(AML)患者易复发, 预后差。传统治疗联合 FLT3 抑制剂显著提高了 FLT3 突变阳性 AML 的缓解率, 但用药后耐药发生率高。目前已上市的 FLT3 抑制剂均靶向 FLT3 ATP 结合口袋及邻近疏水结合位点。ATP 结合口袋内继发突变如 D835Y、F691L 是造成 FLT3 突变阳性 AML 复发的常见原因。亟需研发靶向非 ATP 结合口袋的新型 FLT3 抑制剂, 以克服传统 FLT3 抑制剂继发突变。

方法 成药位点预测寻找 FLT3 非 ATP 结合口袋的活性异位成药位点, 针对该结合域在化合物库进行虚拟高通量筛选寻找先导化合物。在生化及细胞水平对前期所得的先导化合物进行筛选, 挑选最具潜力的小分子化合物并进一步进行结合位点验证, 杀伤特异性、活性验证及克服 FLT3 抑制剂耐药性验证。

结果 FLT3 的 JMD 插入结构域 (Site 1) 为 FLT3 非 ATP 结构域活性成药位点, 进一步筛选发现 F-17 为最佳的潜力先导化合物。SPR 实验显示 F-17 与野生型 FLT3 蛋白的结合位点为 Site 1, F-17 的结合亲和力是 FLT3 site 1 突变蛋白的 3 倍。HTRF 实验表明 F-17 在生化水平可以有效抑制 FLT3 的激酶活性。细胞实验表明 F-17 能特异性杀伤 FLT3 突变阳性白血病细胞株及患者原代白血病细胞, 能有效抑制 FLT3 突变阳性白血病细胞 FLT3 自我磷酸化及下游通路激活, 且对健康人群 CD34 阳性的单个核细胞无明显毒性。F-17 能有效杀伤 FLT3-ITD 和 TKD 共突变的细胞株、吉瑞替尼等 FLT3 抑制剂继发耐药的 MV-4-11 细胞株及吉瑞替尼耐药的患者原代细胞。

结论 FLT3 Site 1 是具有潜力的异位结合域, 该成药位点探索性研究的成功将未来 FLT3 抑制剂的研发提供全新视角。靶向结合 FLT3 Site 1 的新型小分子化合物 F-17 具有较强的 FLT3 突变选择性、激酶抑制能力, 有望克服传统 FLT3 抑制剂耐药, 具有较高的研发前景。

OR-0088

BAT3 介导 MDS 患者 CTL 细胞增殖与功能的研究

郭欣雨、任晓彤、段沅伽、谢佳颐、李丽娟
天津医科大学总医院

目的 T 细胞衰竭与癌症的预后不良密切相关, 而免疫细胞缺陷是 MDS 患者的主要发病机制之一。BAT3 是一种泛素样蛋白, 被认为参与各种病理过程, 如细胞凋亡、免疫调节等。已有相关报道 BAT3 在多种肿瘤细胞、组织中高表达。此外, 还有研究发现某些靶细胞可以分泌可溶性 BAT3, 抑制 NK 细胞活性。以上研究结果均提示 BAT3 可能是一种肿瘤相关因子, 并与免疫密切相关。

方法 该研究共纳入了于 2022 年 6 月至 2024 年 2 月初诊天津医科大学总医院血液科的 12 例急性髓细胞白血病患者、57 例相对高危骨髓增生异常综合征患者、25 例相对低危骨髓增生异常综合征患者和 36 名健康志愿者。

结果 第一部分: BAT3 在 MDS 患者中的表达水平

1. MDS 患者骨髓 CD34⁺细胞中 BAT3 表达高于健康者, 并与预后相关 (13.58 ± 2.90 vs 6.80 ± 2.54 vs 1.40 ± 1.45 , $p < 0.0001$); MDS 患者骨髓上清中 sBAT3 的含量在 MDS 患者中表达显著升高,

并与预后相关 (10.82 ± 2.01 vs 7.79 ± 2.09 vs 7.14 ± 1.37 vs 5.04 ± 1.52 , $p<0.001$), 而且 sBAT3 与 CD8⁺T 细胞的数量和百分比成负相关。

2. SKM1 细胞在热休克刺激后培养上清中 sBAT3 含量升高, 而细胞内 BAT3 水平降低。

第二部分: 探究 BAT3 介导 MDS 患者 CD8⁺T 细胞增殖与功能调节的作用

1. 体外分选健康志愿者骨髓中的 CD8⁺T 细胞纯度 $>95\%$, 将 CD8⁺T 细胞分别与 20%IMDM 培养基、健康志愿者的骨髓上清液、MDS 患者骨髓上清液进行共培养 48h。在 CD8⁺T 细胞与 MDS 患者骨髓上清共培养体系, 健康对照的 CD8⁺T 细胞+MDS 患者骨髓上清的共培养组相较于健康人骨髓上清共培养组及 20%IMDM 共培养基组中 CD8⁺T 细胞的凋亡率显著升高 ($n=5$, 59.52 ($20.19, 7.69$) vs 6.46 ($0.00, 15.15$) vs 0.00 ($0.00, 0.72$), $p<0.01$), 而去除 sBAT3 后, 可部分恢复 CD8⁺T 细胞的活性 ($n=5$, 94.37 ± 2.91 vs 86.12 ± 2.46 , $p<0.05$) 和免疫功能 ($n=5$, 穿孔素: 10.31 ± 3.95 vs 17.10 ± 6.22 , $p<0.01$; 颗粒酶 B: 46.04 ± 12.81 vs 55.42 ± 16.15 , $p<0.05$)。

2. 构建过表达 BAT3 的 Jurkat 细胞, 使用 Western-blot 检测到过表达 BAT3 的细胞中凋亡蛋白 P21 表达增强, 并使其细胞周期停滞在 G2/M 时期。

结论 1. MDS 患者骨髓 CD34⁺细胞和骨髓上清中 BAT3/sBAT3 表达显著升高, 并与患者预后相关。

2. sBAT3 通过增加 CD8⁺T 细胞中的凋亡蛋白 P21 的表达, 将细胞阻滞在 G2/M 期, 从而导致了 CD8⁺T 细胞的凋亡率增加, 免疫活性下降, 去除 sBAT3 后可部分恢复 CD8⁺T 细胞活性。

OR-0089

转录翻译冲突介导 SF3B1 剪接子突变的骨髓增生异常综合征 无效造血和克隆演进

李巧利^{1,2}、杨斐^{1,2}、高珍^{1,2}、潘虹^{1,2}、李伟望^{1,2}、赵婧余^{1,2}、方力维^{1,2}、初雅婧^{1,2}、袁卫平^{1,2}、施均^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所), 血液与健康全国重点实验室, 国家血液系统疾病临床医学研究中心, 细胞生态海河实验室, 天津, 300020

2. 天津医学健康研究院, 天津, 301600

目的 探讨剪接因子突变在骨髓增生异常综合征中无效造血和克隆演进的机制

方法 联合单细胞转录组和基因组对高危和低危两组 MDS 患者 CD34⁺ HSPC 进行测序, 绘制 SF3B1 突变的单细胞转录组图谱。构建 MDS 患者来源 SF3B1 K700E 突变的 iPSC, 利用 iPSC 向 HSPC 继而向红系诱导分化的体外模型, 对 iHSPC 进行转录组和翻译组的联合分析, 并结合线粒体相关功能实验, 探究 SF3B1 突变在 MDS 疾病发生发展中的机制。

结果 单细胞测序结果提示 SF3B1 K700E 在两组 MDS 中均起源于 HSC, 低危组 MDS 中 SF3B1 K700E 的 HSC 具有向巨核-红系偏倚倾向, 而高危组突变的细胞显著阻滞在 HSC 阶段。对 HSC 和 eryP 阶段的 K700E 突变细胞进行差异基因的富集分析, 均发现线粒体翻译相关信号通路的异常。进一步对 SF3B1 K700E 突变/野生的 iPSC 诱导来的 CD34⁺ HSPC 进行转录组和翻译组的联合分析提示突变细胞各种激酶以及转录相关信号大量激活而翻译相关信号受抑制, 且半数以上基因翻译受抑制 (57%翻译效率下降)。我们进一步对转录激活但翻译受抑制的基因进行 GSEA 分析, 结果提示 ATF4 介导的内质网应激信号通路激活。对 iPSC 诱导来的 HSPC 进行线粒体功能的检测, 发现 SF3B1 突变细胞的线粒体功能受损, 表现为线粒体膜电位和氧化磷酸化水平升高, 使用 ROS 清除剂 NAC 可以降低细胞的 ROS 水平但不能挽救 SF3B1 突变介导的红系分化阻滞。

结论 SF3B1 突变抑制 mRNA 翻译, 进而诱导内质网整合应激反应, 导致线粒体功能受损, 从而导致 MDS 无效造血和克隆演进。

OR-0090

磷脂酰胆碱通过外泌体 SerpinB9 介导泛素样折叠修饰导致多发性骨髓瘤中细胞毒性 CD8+ T 细胞失活的研究

石雪

中国医科大学附属盛京医院滑翔分院

目的 多发性骨髓瘤 (MM) 是第二常见的血液系统恶性肿瘤, 其耐药性导致目前治疗仍然具有挑战性。本研究探讨了肠道菌群和血液代谢产物在影响肿瘤微环境 (TME) 中的作用, 旨在探索 MM 治疗的新靶点和策略。重点通过分析 Lachnospiraceae 和磷脂酰胆碱 (PC) 来区分 MM 患者和健康个体, 明确二者对 MM 发病机制和治疗耐药的潜在影响。

方法 本研究采用 16S rRNA 基因测序和 UPLC/Q-TOF MS 方法, 通过与健康对照组对比, 分析了 MM 患者的肠道微生物组和血液代谢产物。进一步明确 PC 是否影响 CD8+T 细胞对 MM 细胞发挥细胞毒性作用, 并探讨了相关的分子机制。

结果 MM 患者和健康对照组之间的肠道微生物组成存在显著差异, Lachnospiraceae 和 PC 是关键差异因素。在 MM 患者中, PC 水平的升高与 CD8+T 细胞对 MM 细胞的细胞毒性反应减弱有关。这种作用是 PC 通过 LIN28A/B-LPA 途径诱导 MM 细胞中 SerpinB9 (Sb9) 的上调介导的。此外, 我们还发现 PC 通过 MM 细胞来源的外泌体 Sb9 降低颗粒酶 B (GZMB) 在 CD8+T 细胞中的表达, 进一步抑制细胞毒性作用。此外, Sb9 通过与泛素折叠修饰物结合酶 1 (UFC1) 竞争性结合 TP53, 阻止 TP53 的泛素折叠修饰, 进而抑制了 TP53 在 CD8+ T 细胞中的表达。

结论 MM 患者和健康对照组之间的肠道微生物组成存在显著差异, Lachnospiraceae 和 PC 是关键差异因素。在 MM 患者中, PC 水平的升高与 CD8+T 细胞对 MM 细胞的细胞毒性反应减弱有关。这种作用是 PC 通过 LIN28A/B-LPA 途径诱导 MM 细胞中 SerpinB9 (Sb9) 的上调介导的。此外, 我们还发现 PC 通过 MM 细胞来源的外泌体 Sb9 降低颗粒酶 B (GZMB) 在 CD8+T 细胞中的表达, 进一步抑制细胞毒性作用。此外, Sb9 通过与泛素折叠修饰物结合酶 1 (UFC1) 竞争性结合 TP53, 阻止 TP53 的泛素折叠修饰, 进而抑制了 TP53 在 CD8+ T 细胞中的表达。体外和体内实验结果充分支持以上结论, 证明了 PC 和 Sb9 具有作为 MM 治疗新靶点的潜力。

OR-0091

TRIP13-EZH2 信号轴的异常激活介导多发性骨髓瘤细胞的干性和治疗抵抗

施菊妹、徐莉、蔡海燕、胡柯

上海市东方医院 (同济大学附属东方医院) 血液科

目的 甲状腺激素受体相互作用因子 13 (TRIP13) 的异常表达与许多癌症的恶性过程有关。然而, TRIP13 调节骨髓瘤 (MM) 干性的作用和分子机制研究甚少。本研究旨在探讨 TRIP13 维持多发性骨髓瘤干细胞 (MMSC) 表型的分子机制及与治疗耐药的相关性。

方法 通过基因组富集实验分析 TRIP13 和 MMSC 表型之间的相关性。通过球形成实验、实时定量 PCR、免疫印迹实验和流式细胞术检测干细胞相关表型, 包括干性转录因子 SOX2、OCT4、NANOG 的表达、侧群细胞比例和 ALDH1 活性。通过蛋白质谱、免疫共沉淀、靶向剪切及转座酶 (CUT&Tag) 技术检测和鉴定 TRIP13 介导 MM 干性和耐药的潜在途径和相互作用机制。通过小鼠异种移植瘤实验评价 TRIP13 靶向抑制剂和 EZH2 靶向抑制剂的协同抗骨髓瘤效应。

结果 TRIP13 敲除或小分子化合物 DCZ0415 能够显著抑制多发性骨髓瘤干性和硼替佐米化疗抗性。TRIP13 赋予多发性骨髓瘤细胞干性特征, 机制上讲, TRIP13 过表达激活 USP5 的转录, 进而增

加 EZH2 的去泛素化水平，介导 EZH2 蛋白质稳定。TRIP13 过表达以 EZH2 甲基转移酶依赖的方式增加抑癌基因 RHOB 启动子区域 H3K27me3 的募集，并促进干细胞转录因子 SOX2, OCT4 和 NANOG 的表达。TRIP13 敲除以 EZH2-RHOB 依赖的方式增加骨髓瘤细胞对硼替佐米的敏感性并抑制骨髓瘤细胞的干性表型。我们的结果还发现，DCZ0415 和 GSK126 联合治疗可显著抑制 EZH2 的甲基转移酶活性和干性标志物的表达，并在体内外显示出协同抗骨髓瘤效应。

结论 本研究探讨了 TRIP13-EZH2-RHOB 轴在维持 MM 干性和耐药性中的重要作用，靶向该途径可能是治疗复发难治多发性骨髓瘤的有效策略。

OR-0092

FTO 通过 m6A RNA 去甲基化上调 MM 细胞中 HSF1 表达 促进多发性骨髓瘤发生发展的机制研究

徐傲霜¹、张佳思¹、左李平¹、严晗¹、陈蕾¹、范凤娟¹、徐健¹、张雨阳¹、尹雪娇¹、程倩文¹、高榛¹、邓君¹、梅恒¹、黄知平²、赵菲¹、孙春艳¹、胡豫¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
2. 荆州市中心医院

目的 本研究旨在深入探讨 m6A RNA 甲基化在多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 疾病发生进展中的作用及其调控机制。

方法 采用 m6A 比色法检测正常对照、初治 MM 患者的骨髓以及 EMM 患者髓外转移灶中 m6A 甲基化水平；采用 Realtime RT-PCR、western blot 法检测 m6A 甲基化相关酶在各组临床样本及八种 MM 细胞株中的表达情况；采用过表达/拮抗实验检测 FTO 对 MM 细胞生物学行为的影响。开展 m6A 测序及 RNA 转录组测序结合细胞功能性试验，探究 FTO 在 MM 进展中的分子机制；采用基因特异性的 m6A-qPCR 法和 RNA 稳定性试验进一步探索 FTO 调控热休克因子 1 (HSF1) 的具体作用模式。构建 NCG 小鼠 MM 体内播散模型，研究 FTO 选择性抑制剂 MA2 在体内外对 MM 形成及髓外转移的影响。

结果 EMM 患者的 m6A 水平下降最为显著，且去甲基化酶 FTO 是导致 m6A 水平异常的主要因子；FTO 能够促进 MM 细胞增殖、迁移及侵袭，抑制 MM 细胞凋亡；HSF1 能够介导 FTO 在 MM 中的生物学功能，FTO 至少部分通过抑制 YTHDF2 介导的基因降解效应进而上调 HSF1 的表达。FTO 抑制在体内外均能抑制 MM 细胞增殖和转移过程，且其联合硼替佐米具有更显著的抗 MM 效应。

结论 本研究创新性提出并证实 m6A 甲基化在 MM 发生进展中具有重要作用，FTO/HSF1/HSPs 轴有望成为 EMM 的潜在治疗靶点。

OR-0093

The Specific Transcriptional Profile and Clonal Selection of MGUS-like Behavior Predict an Exceptionally Favorable Prognosis in Multiple Myeloma

Wenqiang Yan, Chen Qiu, Chenxing Du, Tengting Yu, Rui Lv, Weiwei Sui, Shuhui Deng, Yan Xu, Dehui Zou, Dehui Zou, Lugui Qiu, Gang An

State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Tianjin, 300020, China

Objective Achieving persistent undetectable minimal residual disease (MRD) status is considered the cornerstone of functional cure in myeloma. It is interesting to note that some

myeloma patients do not achieve complete response or undetectable MRD after systematic treatment, but can achieve a plateau in their survival curve, which has been hypothesized as monoclonal gammopathy of undetermined significance-like (MGUS-like) behavior. However, this unusual MGUS-like behavior is not well-known and is poorly understood.

Methods To address this issue, we retrospectively identified specific MGUS-like patients who have a progression-free period of ≥ 5 years but persistent detectable MRD or M-protein from the National Longitudinal Cohort of Hematological Diseases in China (NICHE, NCT04645199). We performed a multi-omics approach including DNA and RNA sequencing to investigate the distinct clinical features, transcriptional profile, genomic landscape, and clonal evolution patterns that contribute to MGUS-like behavior.

Results These patients exhibiting MGUS-like behavior demonstrated infrequent anemia and bone lesions, achieving a significantly good prognosis even with suboptimal remission. Transcriptional analysis unveiled a distinct transcriptome resembling the earliest precursor condition (MGUS), enriched in immune response and low proliferation pathways, and showed a tendency towards CD-2 classification and dormant state, indicating an indolent clinical course. Based on differentially expressed genes, we constructed a specific gene signature predicting MGUS-like status and validated its excellent performance in the MMRF cohort. Whole-exome sequencing of paired diagnostic and MRD/first relapse tumor samples revealed two distinct clonal evolution patterns: the majority exhibited stable evolution, while a few patients experienced differential clonal response evolution, both leading to MGUS-like behavior. These findings suggest that MGUS-like behavior not only arises from the unique transcriptional profile of tumor cells but also results from clonal evolution under treatment pressure.

Conclusion In summary, we identified a distinct myeloma subgroup that shows unexpected long progression-free period but with persistent residual tumor, exhibiting MGUS-like status. This distinctive MGUS-like behavior seems to not only arise from the specific transcriptional profile of tumor cells at diagnosis but also be attributed by the tumor clonal selection under treatment pressure. Furthermore, we have developed and validated a 44-gene signature which can predict potential MGUS-like status characterizing by a favorable prognosis irrespective of response depth.

OR-0094

适合移植的多发性骨髓瘤患者 MRD 由阴性转阳的预测因素分析

李晓哲、李娟

中山大学附属第一医院

目的 大部分适合移植的多发性骨髓瘤患者可达骨髓 MRD 阴性。在治疗过程中, MRD 从阴性转阳性往往预示着复发或较差的预后, 因此, 本研究旨在探索在本中心适合移植的 MRD 阴性患者中转阳的影响因素。

方法 本研究回顾性分析本中心适合移植的 NDMM 患者经两次多参数流式细胞术检测为 MRD 阴性的患者, 诱导结束后及移植后定期监测流式 MRD。

结果 研究共对 261 例 MRD 阴性 NDMM 患者进行了分析。中位至第 1 次 MRD 阴性的时间为 10.3 个月。经过 27 个月的中位随访, 97 例患者 (37.2%) 失去 MRD 持续阴性状态。另外, 在失去持续 MRD 阴性状态的患者中, 47.4% 的患者骨髓样本在生化复发/PD 前已呈 MRD 阳性, 在生化复发/PD 前 MRD 复发的患者中, 从 MRD 阳性到有进展生存期 (PFS) 事件 (PD 或死亡) 的中位时间为 11.4 个月, 有 9 例患者在 MRD 阳性时立刻启动治疗, 而从 MRD 阳性到下一次治疗的中位时间为 4.5 个月。通过 Fine-Gray 单因素及多因素分析发现, $HRCA \geq 1$ 个、 $PLT < 100 \times 10^9/L$, 以及在维持期间才出现首次 MRD 阴性是无法维持 MRD 阴性的重要预测因素; 与反应停/干扰素给药相比, 来那度胺/VD/Dara 等维持治疗可降低 MRD 转阳的风险。

结论 本研究发现部分适合移植的多发性骨髓瘤患者 MRD 由阴性转阳的因素, 同时也强调了早期达到 MRD 阴性状态和维持治疗选择对维持长期 MRD 阴性的重要性。

OR-0095

真实世界研究探究中国多发性骨髓瘤患者的治疗模式 以及达雷妥尤单抗治疗后的疗效安全性分析

路瑾¹、王鲁群²、杨威³、王亚非⁴、牛挺⁵、付蓉⁶、钟玉萍⁷、钱文斌⁸、丁凯阳⁹、孙凯¹⁰、刘红¹¹、房百俊¹²、刘辉¹³、李艳辉¹⁴、杨轶莘¹⁵、卓剑敏¹⁴、陈熙¹⁴、崔璨婵¹⁴

1. 北京大学人民医院
2. 山东大学齐鲁医院
3. 中国医科大学附属盛京医院
4. 天津医科大学肿瘤医院
5. 四川大学华西医学院
6. 天津医科大学总医院
7. 青岛市立医院
8. 浙江大学医学院附属第二医院
9. 中国科学技术大学附属第一医院安徽省立医院
10. 河南省人民医院
11. 南通大学附属医院
12. 河南省肿瘤医院
13. 北京医院
14. 西安杨森制药有限公司
15. 艾昆纬医药科技(上海)有限公司

目的 本研究是一项国内多中心(13)非干预性观察性真实世界研究,探究 MM 患者的治疗模式以及接受 Dara 治疗后的疗效和安全性。

方法 研究开始前正在使用或者即将使用 Dara 且既往治疗(≤ 3 线)的 MM 患者。回顾性收集入组前已接受 dara 治疗的患者数据;前瞻性收集即将使用 dara 的患者数据。

结果 共纳入 212 患者;中位年龄 64 (29-89)岁。85.2%患者既往治疗 ≤ 1 线;82.5%暴露过 PI (V:80.7%),59.0%暴露过 IMiD (R:52.4%)。Dara 方案包括单药 (n=24)、Dd (n=20)、Dara+PI \pm d (n=61)、Dara+IMiD \pm d (n=73)、Dara+PI+IMiD \pm d (n=28)和 Dara+其他 (n=6)。Dara 中位暴露时间 8.2 个月,54.2%MM 患者 2 线使用 Dara。截止日期时,113 例患者继续随访,99 例停止,主要原因退出临床研究 (n=51)和死亡 (n=33, PD:12, AE:8, 其他:13)。中位随访 16.2 个月,ORR:74.1%。越早接受 Dara 治疗 ORR 更高 (1-4 线:77.4%, 83.2%, 51.9%, 54.2%)。中位 PFS: 32.8 个月,中位 OS 未达到;越早接受 Dara 治疗 12 个月 PFS/OS 率越高 (1 线: 83.0%/97.1% vs 4 线: 64.0%/78.6%);24.1%患者接受下一线治疗,最常见是 KPd (n=7)。

20.3%患者出现药物不良反应,最常见是白细胞减少 (8.0%)和中性粒细胞减少 (7.1%)。15.6%患者出现严重不良反应,最常见是肺炎 (5.7%)。

结论 该研究详细阐述国内 MM 患者临床治疗模式,并支持越早接受 Dara 治疗的 MM 患者临床获益更明显。

OR-0096

XVTD 治疗难治复发多发性骨髓瘤患者的单臂，多中心，探索性研究

何静松¹、钟忆¹、杨杨¹、郑高锋¹、何冬花¹、韩晓雁¹、江松福²、寿黎红³、钱红兰²、周淑娟²、张立明⁴、蔡真¹

1. 浙江大学医学院附属第一医院
2. 温州医科大学附属第一医院
3. 湖州中心医院
4. 诸暨人民医院

目的 多发性骨髓瘤（MM）是一类常见血液系统恶性肿瘤，至今仍不可治愈，复发难治（RR）MM 新疗法仍需探索。塞利尼索（X）为核输出蛋白 1（XPO1）选择性抑制剂，III 期研究表明对硼替佐米敏感的 RRMM 患者，XVd 较 Vd 方案显著提升 PFS（13.93m vs 9.46m）。本研究探索 X 联合硼替佐米，沙利度胺和地塞米松方案，观察 RRMM 患者中有效性和安全性，已获得浙江大学医学院附属第一医院临床伦理委员会审核同意（ChiCTR2200055486）。

方法 入组患者≥18~75 岁，既往接受过≥1 种以新药为基础方案，既往治疗有效（≥PR）且有可测量病灶 RRMM 患者。治疗方案为 X 60mg qw，硼替佐米 1.3mg/m² qw，沙利度胺 100mg qn，地塞米松 20mg，每 28 天 1 疗程。设定 12 疗程后有效患者进入维持治疗（X 60mg qw+沙利度胺 100mg qn 口服），直至疾病进展或不能耐受或退出研究或研究结束。主要终点完成至少 1 疗程患者 ORR（PR+ VGPR+CR）；次要终点 12 个月 OS、PFS 和安全性。

结果 2022.5~2024.3 共入组 22 例患者，19 例完成 1 个疗程（男 42.1%，平均年龄 67 岁）。根据 Mayo 骨髓瘤风险调整治疗分层：2 例患者无高危因素，5 例含 1 个，12 例含≥2 个。所有患者既往接受过以硼替佐米为基础的方案，3 线以上 15 例，ASCT3 例，CAR-T3 例。硼替佐米耐药 17 例，硼替佐米和来那度胺耐药 16 例，CD38 耐药 12 例，三重耐药 11 例。随访至 4 月 30 日，10 例患者完成 1 疗程治疗，4 例完成 2 疗程，2 例完成 3 疗程，其余 3 例各完成 4，6 和 13 疗程；2 例仍在治疗。9 例完成 2 个以上疗程，ORR 36.8%(7/19)，获得疾病稳定 73.7%（14/19）。11 例患者存在髓外浆细胞瘤，髓外疗效评估 4 例≥PR，5 例 SD。3 例 CAR-T 治疗后患者均有多发髓外累及，1 例骨外髓外累及，髓外疗效评估 2 例 SD，1 例 PR。中位随访 5.33m，14 例疾病进展，13 例死亡（10 例疾病进展，2 例重症肺炎，1 例脑血管意外死亡）。中位 PFS 为 2.07m(95%CI:1.17m~2.97m)，6 个月 PFS 为 23.9%；中位 OS 为 7.90m(95%CI:3.58m~12.22m)，6 个月和 12 个月 OS 分别为 60.2%和 30.6%。3 级及以上 AE 发生率：粒细胞减少（26.3%），血小板减少（52.6%），贫血（15.8%），中性粒细胞减少性发热（21.1%），乏力（10.5%），纳差等消化道反应（5.3%），低钠血症（5.3%），新冠病毒感染（10.5%），肺炎等（21.1%）。

结论 XVTD 方案治疗既往接受硼替佐米为基础方案多重耐药的 RRMM 患者，ORR 为 36.8%，73.7%患者获疾病临床稳定。安全性可控且可有效减少呕吐(3/4 级)不良反应。

OR-0097

联合 FISH 和基因芯片技术解析新诊断 多发性骨髓瘤的基因组复杂性

曾招¹、陆娇（共同第一）^{1,2}、颜灵芝¹、王琴荣¹、金松¹、文丽君¹、王谦¹、商京晶¹、吴春晓¹、颜婉惠¹、施晓兰¹、翟英颖¹、颜霜¹、姚卫芹¹、严治¹、尤红英¹、陈苏宁¹、潘金兰（共同通讯）¹、傅琤琤¹

1. 苏州大学附属第一医院

2. 靖江市人民医院

目的 联合基因芯片和 FISH 探讨新诊断多发性骨髓瘤(NDMM)基因组的复杂性。

方法 收集 2016 至 2022 年本院就诊的 694 例 NDMM 患者的相关资料和数据。通过 COX 回归以及 K-M 曲线分析各因素对 NDMM 患者的预后的影响。

结果 97.1% (671/694) 的 NDMM 患者进行了 FISH 检测，与基因芯片检测结果一致性较高。整合基因芯片和 FISH 结果显示 94.7% 的患者有基因组异常，71.3% 患者同时存在染色体数目和结构异常，2.5% 患者存在染色体碎裂化。进一步分析发现 10 种拷贝数获得 (gain) 和 14 种拷贝数缺失 (loss) 具有高度重现性，包括 1q gain, 1p31p13 loss, 14q23q31 loss, 16q21q24 loss, 8p23p12 loss 等。对 VRD 方案治疗的患者进行 COX 回归分析，显示 4 种 CNV 是影响 PFS 的独立不良因素：11q13q25 gain, 6q16q27 loss, 1q21q44 gain, 19p13 gain; 3 种 CNV 是影响 OS 的独立不良因素：7p22 loss, 17p13p11 loss, 22q11q12 loss。根据 CNV 的数目将患者划分成高复杂性 (HGC, nCNV≥9) 和低复杂性 (LGC, nCNV<9)。HGC 患者有更多的 17p13 缺失、1q21 获得、13q14 缺失, t(4;14) 易位, 高骨髓浆细胞, 高钙血症, 高 β2-MG, 高 LDH, 更差的 OS。

结论 基因芯片技术可以在全基因组水平有效解析 NDMM 的基因组复杂性，与 FISH 一致性良好。多数 NDMM 有高重现的染色体异常如 1q gain, 1p loss、6q loss、8p loss、13q loss, 14q loss, 16q loss, 17p loss, 19p gain 等。7p22 loss, 17p13p11 loss, 22q11q12 loss 为独立的 OS 预后不良因素，11q13q25 gain, 6q16q27 loss, 1q21q44 gain, 19p13 gain 为独立的 PFS 预后不良因素。高基因组复杂性的患者 OS 更差。

OR-0098

中国多发性骨髓瘤 VTE 风险分层系统的验证和优化： 一项单中心回顾性研究

刘月霄¹、李茜¹、郭慧霞¹、路瑾²、王立茹¹

1. 首都医科大学附属复兴医院

2. 北京大学人民医院

目的 探讨中国新诊断多发性骨髓瘤 (NDMM) 患者静脉血栓栓塞症 (VTE) 的发生率及相关危险因素，比较和优化两种血栓风险评估模型 (IMWG 评分和中国 MM 患者 VTE 风险分层系统) 在中国 NDMM 患者中预测 VTE 的能力。

方法 以 2017 年 1 月至 2024 年 5 月首都医科大学附属复兴医院收治的 NDMM 患者为研究对象，排除临床资料严重缺失、化疗开始前 30 天发生 VTE 的患者。所有患者入院时根据 IMWG 分层结合临床医师经验行 VTE 预防策略，根据治疗开始后 6 个月是否发生 VTE 分为 VTE 组和非 VTE 组，将两组患者的临床特点及实验室指标进行单、多因素分析筛选 MM-VTE 的独立危险因素，采用中国 MM 患者 VTE 风险分层系统回顾性评估 VTE 风险。对筛选出来的独立危险因素进行赋分，优化风险评估模型。采用 SPSS25.0 软件进行统计学分析。计量资料组间比较采用秩和检验，计数资料组间比较采用卡方检验或 Fisher 精确检验。分别以改良前后评分系统预测 VTE 风险的分值为检验

变量，以是否发生 VTE 为状态变量，绘制受试者工作特征曲线（ROC），并计算曲线下面积（AUC），评估模型改良前后对 NDMM 患者 6 个月发生 VTE 的预测能力。

结果 本研究共纳入 NDMM 患者 367 例，其中男性 221 例（60.22%），女性 146 例（39.78%），46 例（12.53%）年龄 >75 岁，125 例（34.06%）BMI ≥ 25 kg/m²，在治疗开始时基于 IMWG 评分，将患者分为低风险 3 例（0.82%），高风险 364 例（99.18%）。然而整个队列中，基于 IMWG 评分结合临床医师经验行预防性抗凝治疗，VTE 发生率仍高达 6.54%（24/367 例）。应用中国 MM 患者 VTE 风险分层系统，将患者分为极低危（<6 分）、低危（6-8 分）、高危（9-12 分）、极高危（≥13 分）组，分别有 118 例（32.15%）、162 例（44.14%）、84 例（22.89%）、3 例（0.82%）患者。其中极低危、低危、高危、极高危组在治疗开始后 6 个月 VTE 发生率分别为 3.39%、6.79%、9.52%、33.33%（P=0.076）。IMWG 评分和中国 MM 患者 VTE 风险分层系统在治疗开始后 6 个月内预测 VTE 的 AUC 分别为 0.59 和 0.61，对 VTE 预测价值无明显差异（P=0.635）。通过单因素、多因素分析筛选出初诊卧床、应用葱环类药物、PLT > 204.5 × 10⁹/L 及 LDH > 161.5 U/L 为 VTE 发生的独立危险因素（P < 0.05）。考虑到中国 MM 的 VTE 风险分层体系是在综合不同循证级别的研究、国外指南和中国 MM 患者临床特征的基础上设立的，因此我们将独立危险因素纳入此模型进行优化，相较于优化前，优化后中国 MM 的 VTE 风险模型 AUC 得到显著提升（0.61 vs 0.81, P < 0.001）。

结论 优化后中国 MM 患者 VTE 风险分层系统可更为有效地预测 NDMM 患者 6 个月内 VTE 的发生。

OR-0099

新诊断多发性骨髓瘤的综合预后分层的模型构建

王露露、唐海龙

中国人民解放军空军军医大学西京医院

目的 现有的多发性骨髓瘤（MM）风险分层较少考虑患者合并症的预后意义，本研究整合肿瘤负荷与合并症相关预后因素，旨在构建一种新型有效的 MM 预后分层体系。

方法 回顾性纳入在西京医院收治的 657 例 NDMM 连续病例。采用单因素 Cox 回归分析方法评估候选变量，筛出合适的变量进入多因素 Cox 回归分析，以计算的 HR 值取整数后获得每个危险因素的评分，根据得分得到 4 个危险分层，其中（0~1）分为 I 期，即低危；（2~3）分为 II 期，即中危；（4~7）分则为 III 期，即高危；（8~12）分为 IV 期，即极高危。

结果 本研究根据是否存在以下因素：病初合并 4 级感染赋值 3 分，病初合并淀粉样变性赋值 4 分，年龄大于 65 岁赋值 2 分，病初合并其他肿瘤赋值 3 分，RISS 分期 ≥ 2 期赋值 2 分，严重心脑血管事件的发生赋值 2 分，WHO PS 评分(ECOG) 赋值 1 分，肌酐赋值 1 分，病初血浆细胞赋值 1 分构建了一种新型预后模型。

该预后风险分层中位 OS 分别为 92.9、53.9、28.9、15.1 月，中位 PFS 分别为 73.9、34.2、12.6、13.6 月。

在预测 OS 时该风险分层可将患者清晰地分为 4 组生存结局不同的亚组，在预测 PFS 时该风险分层表现较好。

结论 本研究整合了肿瘤负荷与合并症，使用 9 个变量建立了一种新型有效的 MM 预后分层体系，其预测性能表现良好，未来有待做进一步的验证。

OR-0100

Identification of enhancer eccANKRD28 promoting VRd resistance in multiple myeloma through epigenomic multi-omics

Binzhen Chen¹, Jia Liu¹, Yaoxin Zhang^{2,3}, Di Zhu¹, Guoqiang Zhang¹, Fei Xiao¹, Tingting Lu², Jian Hou¹

1. Renji Hospital, Shanghai Jiaotong University School of Medicine

2. School of Life Sciences and Biotechnology, Shanghai Jiao Tong University

3. National Center for Gene Research, CAS Center for Excellence in Molecular Plant Sciences, Chinese Academy of Sciences

Objective Identifying novel biomarkers of drug resistance in multiple myeloma (MM) through extrachromosomal circular DNA (eccDNA) and providing a prognostic tool for treatment outcomes in newly diagnosed MM patients using liquid biopsy.

Methods We utilized Circle-seq to profile the serum eccDNA landscapes of control (CON), VRd-sensitive/ high response (HR), and VRd-resistant/low response (LR) in NDMM patients. Differential eccDNAs were screened in conjunction with RNA-seq. The circular structure of eccDNA was verified through reverse PCR and Sanger sequencing. The eccDNA copy number was determined using RT-qPCR standard curve method. To investigate changes in drug resistance, MM cell lines with high eccDNA abundance were constructed via CRISPR/Cas9 in vitro targeted editing. H3K27ac ChIP-seq was employed to identify enhancer characteristics of eccDNA. scATAC-seq and scRNA-seq were used to analyze the simultaneous binding of enhancer eccDNA and drug resistance-associated transcription factors in plasma cells with varying VRd sensitivity in RRMMs. CUT&Tag and RNA-seq were conducted to explore the transcriptional regulatory roles of enhancer eccDNA.

Results 1. A total of 6343 eccDNAs were identified in the serum of CON, HR, and LR groups, with the highest circle score observed in the CON group, followed by the HR group, and the lowest in the LR group.

2. Differential eccDNAs between the HR and LR groups were predominantly enriched in processes such as tumorigenesis, drug resistance, DNA damage repair, and transcriptional regulation. Among these, 44 eccDNAs were co-regulated with mRNAs in the same direction, 21 were downregulated, and we identified 10 candidate eccDNAs. In a new MM cohort, eccANKRD28 was validated to be associated with MM pathogenesis and VRd resistance.

3. In the cohort of 98 NDMM-VRd patients from Renji Hospital, higher copy number of eccANKRD28 was associated with poorer PFS (mPFS 19 months vs. NR, HR=2.99, $p=0.0024$), although mOS was not reached in either group. The eccANKRD28 copy number showed a linear correlation with the iFLC ratio, ALB, and β 2-MG, and could predict bone marrow tumor burden.

4. Compared to parental MM cells, the IC50 values were significantly higher in both resistant and CRISPR-edited cell lines. The eccANKRD28 copy number positively correlated with IC50, accompanied by increased transcriptional activity.

5. A distinct H3K27ac high enrichment signal was observed on eccANKRD28. In VRd-resistant RRMM, eccANKRD28 interacted with transcription factors such as POU2F2 to initiate enhancer effects.

6. EccANKRD28 bound to POU2F2, which directly acted on RUNX1 and RUNX2, forming a cascade transcriptional regulatory network. Under the influence of the insulator CTCF, it specifically regulated the transcription of drug resistance-related oncogenes such as JunB and IRF8.

Conclusion A high copy number of eccANKRD28 serves as an adverse prognostic factor for VRd resistance and MM progression. The POU2F2-RUNX1/2 regulatory network elucidates the epigenetic regulatory basis through which enhancer eccANKRD28 promotes VRd resistance in multiple myeloma.

OR-0101

针对 XPO1 靶向多肽 PROTAC 药物的设计 及其在多发性骨髓瘤中的验证研究

刘依、牛凡、贺鹏程
西安交通大学第一附属医院

目的 多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 是起源于浆细胞的恶性克隆性疾病, 但复发和难治是 MM 需要面临的主要问题。目前针对 XPO1 靶点的小分子药物 selinexor 已经在 MM 中上市应用, 但其使用的有效率和相关不良反应仍有提升的空间。蛋白降解靶向嵌合体技术 (proteolysis targeting chimera, PROTAC) 是一种新型的治疗策略, 通过促进靶向蛋白的降解发挥作用。由于其“事件驱动”的特点以及从根本上清除癌蛋白的作用机制, 相较于小分子药物具有显著优越性。本研究设计并合成了针对 XPO1 靶点的 PROTAC 多肽药物, 旨在通过靶向降解 XPO1 蛋白发挥抑癌作用, 为开发针对 MM 的高效低毒的新型靶向药物提供新的方向。

方法 1) 通过计算机辅助设计的方法设计靶向 XPO1 蛋白的 PROTAC 多肽序列, 并通过化学合成法合成多肽。利用纳米载体系统实现 XPO1 PROTAC 的稳定性。通过透射电镜、高效液相色谱、粒度、电位检测对其理化特性进行表征。

2) 通过流式细胞术、激光共聚焦显微镜检测 MM 细胞系对 se-XPO1 PROTAC 多肽药物的摄取。通过内源性 co-IP 验证 se-XPO1 PROTAC 可以增强 MDM2 与 XPO1 蛋白之间的作用。通过 CCK-8、流式细胞术在体外水平检测 se-XPO1 PROTAC 对 MM 细胞系的杀伤作用。通过 WB 验证 se-XPO1 PROTAC 对 MM 细胞系 XPO1 蛋白的降解作用。

3) 构建 luc-U266 小鼠负荷瘤模型, 在动物体内探索 se-XPO1 PROTAC 多肽药物的有效性。并通过肝肾功能、心肌酶、血常规的检测以及脏器 HE 染色分析评价该多肽药物的急性及慢性毒性。

4) 提取 MM 患者原代细胞, 通过流式细胞术在离体病人样本水平验证 se-XPO1 PROTAC 多肽药物的有效性。

结果 1) 本研究设计并合成了 XPO1 PROTAC, 并制备了纳米系统装载的 se-XPO1 PROTAC, 理化特性表征结果显示该多肽药物稳定性好、粒径小、呈正电位。

2) se-XPO1 PROTAC 可以成功穿透细胞膜进入 MM 细胞内, 抑制 MM 细胞活性, 发挥促凋亡作用。该多肽药物的存在增强了 MDM2 与 XPO1 蛋白之间的相互作用, 并通过蛋白酶体途径靶向降解 XPO1 蛋白。

3) 在 MM 动物模型体内, 与同等剂量的 selinexor 相比, se-XPO1 PROTAC 多肽药物可以有效降低瘤负荷, 并延长小鼠生存, 同时安全性评价未观察到明显的血液学及肝肾功毒性。

4) 在 MM 患者的原代细胞中, se-XPO1 PROTAC 多肽药物可以显著诱导细胞凋亡。

结论 本研究设计并制备的 se-XPO1 PROTAC 多肽药物可以有效并特异性降解 MM 细胞内的 XPO1 蛋白, 诱导 MM 细胞凋亡。在同等剂量下, se-XPO1 PROTAC 较小分子药物 selinexor 具有更强的肿瘤抑制作用, 且不具有血液学毒性, 为 MM 的靶向治疗策略提供了新的选择。

OR-0102

肠道菌群缺失通过 Th17/IL17 改善多发性骨髓瘤骨病

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、刘佳
兰州大学第二医院

目的 多发性骨髓瘤骨病 (MMBD) 发病机制目前并不十分清楚。有研究表明多种血液肿瘤与肠道菌群失衡有关, 此外, 肠道菌群在骨的形成、维持及骨破坏中都发挥着重要作用。为此, 本文拟通过构建系统 MM 小鼠模型, 探讨肠道菌群在 MMBD 中的作用及可能机制。

方法 1. 建模: 选用 balc/c 小鼠, 通过注射同源 MM 细胞 MPC-11 构建免疫健全的 MM 小鼠模型 (肿瘤组); 另通过饲喂二联抗生素混合物 (ABX) 构建肠道菌群缺失 MM 模型 (ABX-肿瘤组); 设置全阴性对照组 (Ctrl 组) 和仅饲喂 ABX 而未荷瘤的对照组 (ABX 对照组)。2. 利用流式细胞术、免疫组化法检测小鼠脾和骨组织中 CD138+骨髓瘤细胞浸润, 评价 MM 模型是否建造成功; 并观察肠道菌群缺失对 MM 小鼠肿瘤负荷的影响。3. 应用 16S RNA 测序验证抗生素饲喂对肠道菌群的缺失作用。4. 使用 μ CT 检测小鼠 MMBD 情况, 免疫组化检测破骨活性的转录因子 RANKL、破骨细胞特异性 TRAP 染色, ELISA 检测小鼠成骨标记物 P1NP 和破骨标记物 CTX-1, 观察肠道菌群缺失对骨髓瘤小鼠骨代谢的影响。5. 收集兰大二院 2021 年 1 月至 2023 年 11 月 NDMM 患者 68 例, 按骨病严重程度分级, 分析不同分级下差异细胞因子, 以探寻影响骨病的免疫因素。利用 GEO 数据库中的 GSE5900 和 GSE146649 数据集, 分析骨髓瘤患者差异细胞因子水平与骨代谢相关标记物的相关性。6. 应用流式细胞术及 ELISA 检测菌群缺失的骨髓瘤小鼠 Th17 细胞及细胞因子表达水平, 初步探究菌群缺失影响 MMBD 的免疫机制。

结果 1. 肠道菌群回补实验证实骨髓 CD138+细胞浸润恢复是由于菌群的变化所致。2. 肠道内容物 16S RNA 测序表明, 与空白对照组及肿瘤对照组相比, 接受抗生素处理的两组小鼠的 α -多样性和 β -多样性显著降低、部分产短链脂肪酸的细菌丰度降低、KEGG 功能注释显示部分菌群缺失后肿瘤相关能量代谢途径减弱。3. μ CT 结果表明, 与肿瘤组相比, ABX-肿瘤组有更高的骨密度、骨体积分数、骨小梁数、骨小梁厚度, 而骨表面积/骨体积、骨小梁间距降低。ABX-肿瘤组相较于肿瘤组有更厚的骺软骨和更强的软骨下成骨作用。4. 肠道菌群缺失对于骨髓瘤小鼠骨病的恢复主要是影响了其破骨作用。5. IL10 和 IL17A 与骨代谢的关键轴 OPG/RANK/RANKL 相关。Th17/IL17 可能是肠道菌群缺失改善 MMBD 的机制。

结论 1. 肠道菌群缺失能显著降低 MM 荷瘤小鼠的肿瘤负荷及减轻 MMBD, 提示肠道菌群在 MM 及 MMBD 发生发展中起重要作用。2. 小鼠中 Th17 细胞和 IL-17A 水平与骨溶解程度密切相关; MM 患者 IL17A 水平与骨病严重程度相关; 提示肠道菌群缺失对 MM 及 MMBD 的改善可能与免疫机制有关。对肠道菌群-免疫-MMBD 的进一步研究, 将为 MMBD 的防治提供潜在的治疗靶点。

OR-0103

Double-hit and triple-hit multiple myeloma: the clinical manifestation, response and outcome of patients with ultra high-risk cytogenetic abnormalities

Yang Yang, Wang Wenjing, Ren Liang, Wang Yawen, Aziguli Maihemaiti, Lan Tianwei, Zhou Chi, Li Panpan, Wang Pu, Li Jing, Xu Jiadai, Xu Tianhong, Chen Feifei, Liu Peng
Zhongshan Hospital, Fudan University

Objective The prognosis of double-hit/triple-hit multiple myeloma (DH/TH MM) is still poor. In this study, we demonstrated the clinical characteristics and outcome of these patients.

Methods We retrospectively collected the characteristics, treatment, response, minimal residual disease (MRD) status, and survival of newly diagnosed MM in Zhongshan Hospital Fudan University from January 2013 to October 2021. The definition of high-risk cytogenetic abnormality (HRCA) was in accordance with mSMART 3.0. One, 2 and 3 HRCA(s) were defined as single-hit (SH)/DH/TH. MRD was assessed from the bone marrow aspirates by next-generation flow-cytometry (10^{-6}).

Results Of the 572 pts, 235, 222, 101 and 14 were standard-risk (StR), SH, DH and TH MM. DH MM were composed of patients with del17p+gain1q (n=21), del17p+t(4;14) (n=2), gain1q+t(4;14) (n=69) and gain1q+t(14;16) (n=9). DH/TH MM had a median age of 64. 59.1% were male. 60.4% patients had ISS III stage. More DH/TH patients had complex karyotype (3.6 vs 10.9 vs 22.2%) than StR MM had.

All patients received proteasome inhibitor and/or immunomodulatory drug with a median cycle of

8. 13.8% received first-line ASCT. DH/TH MM had an ORR of 86.0%, with 36.4% achieving CR and 62.6% achieving \geq VGPR. With a median follow-up time of 27.9 months, the mPFS of StR, SH and DH/TH group were not reached (NR), 34.8 and 18.0 months. The mOS were not reached in StR and SH group, and 48.8 months in DH/TH group. First-line ASCT could improve the mPFS of StR MM (NR vs 29.9 months, $p < 0.001$), and had a trend to improve mPFS but not mOS in DH/TH MM (42.3 vs 18.0 months, $p = 0.055$). In a multivariate analysis, DH/TH was an independent prognostic factor of PFS and OS

DH del17p+ ($n = 23$) had a poorer response than DH del17p- ($n = 78$) (ORR: 65 vs 92%, $p = 0.005$; CR rate: 25 vs 39%, $p = 0.004$). DH del17p+ had an inferior mPFS (13.1 vs 21.3 months, $p = 0.035$) and mOS (21.6 vs 48.8 months, $p = 0.010$). SH del17p+ ($n = 11$) had numerical higher ORR (91.7%, $p = 0.204$) but similar CR rate (33.3%, $p = 0.572$), mPFS (13.3 months) and mOS (28.7 months), compared with DH del17p+ patients.

Of 389 patients receiving MRD assessment, 110 (28.3%) reached MRD-negative status (MRD_{neg}). 238 patients remained MRD-positive status (MRD_{pos}). 41 patients reached MRD_{neg} but returned to MRD_{pos} during follow-up (MRD_{transient}). DH/TH group had more MRD_{pos}/MRD_{transient} patients than StR (66.3%/20.2% vs 55.8%/8.2%, $p < 0.001$). The median time to MRD_{neg} were 3.4, 3.5, 3.2, 4.0 overall and in StR, SH and DH/TH patients. The median time of MRD durations were 10.9, 15.6, 7.8 and 7.7 months respectively.

The PFS and OS of MRD_{neg} group was superior to those of MRD_{pos}/MRD_{transient} patients (2-year PFS% 98.9%/40.6%/57.5%, $p < 0.001$, 2-year OS% 98.9%/78.1%/85.1%, $p < 0.001$). In MRD_{pos} group, DH/TH patients had a worst PFS and OS. In MRD_{neg} group, DH/TH and StR patients had comparable 2-year PFS% (both 100%) and 2-year OS% (both 100%).

Conclusion DH/TH MM had a similar response rate with to StR/SH patients but inferior PFS and OS. SH/DH del17p+ patients presented the worst clinical outcome. MRD status had prognostic significance in all patients with CA stratification.

OR-0104

DNp73 调控 MYC 和 MYCN 信号通路 介导多发性骨髓瘤耐药及免疫逃逸

刘兰婷、孙浩、孙洗月、方腾、冯方硕、于珍、邱录贵、郝牧
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 多发性骨髓瘤（MM）是一种不可治愈的血液系统恶性肿瘤，染色体的高度不稳定性以及依赖于免疫抑制的骨髓微环境是 MM 的突出特征。DNp73 是 TP53 家族成员之一，由于其对 TP53 活性的抑制作用，可驱动多种实体肿瘤的耐药发生和疾病进展。然而在 MM 中 DNp73 的生物学功能、分子机制仍不清楚。

方法 我们构建了 DNp73 过表达和敲减的稳定细胞株。流式细胞术及小鼠模型确定 DNp73 对 MM 细胞生长及耐药的影响，RNA-seq 和 CHIP-seq 解析可能机制。免疫荧光、transwell、体外细胞吞噬等实验验证 DNp73 对 MM 细胞 DNA 损伤修复、侵袭及免疫逃逸方面的影响。

结果 我们的研究发现 MM 细胞中 miRNA-15a 的下调激活了 NF- κ B-p65，从而在转录水平上调了 DNp73 的表达。DNp73 过表达促进 MM 细胞增殖加快，并且诱导对多种药物的耐药。下调 DNp73 后，细胞增殖和耐药的表型得到有效抑制。RNA-seq 数据显示，在高表达 DNp73 的细胞中，MYCN、MYC 和 CDK7 的水平增加。ChIP-qPCR 分析显示，DNp73 与 MYCN 基因启动子区结合，并上调 MYCN 的表达。PD-L1 和 CD47 在 DNp73 高表达的细胞中上调，导致 MM 细胞免疫逃逸率和对 T 细胞功能的抑制率显著增加。值得注意的是，DNp73 在 MM 细胞中的失调及其致病机制与 TP53 的表达无关。

结论 我们的研究表明，DNp73 是一种潜在的致癌基因，参与 MM 的发病机制，并通过靶向 MYC 和 MYCN 信号通路促进 MM 细胞增殖和免疫逃逸。

OR-0105

个性化叙事护理干预模式在复发难治性淋巴瘤患者中的应用

肖楚千、杜欣

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 叙事护理是指具有叙事能力的护理人员开展的一种见证、理解、体验和回应患者疾苦境遇的护理实践模式，是护士通过共情和接纳，为患者提供抚慰并解除其疾苦的陪伴式照护。本研究旨在探讨个性化叙事护理干预模式对复发难治性淋巴瘤患者心理痛苦、应对方式、生活质量的应用效果。

方法 选取 2022 年 1 月—2023 年 6 月我院复发难治性淋巴瘤患者 38 例作为研究对象，按照随机数字表法分为对照组和干预组两组，每组各 19 例。在干预前采用一般资料调查问卷、心理痛苦管理筛查工具、医学应对问卷和癌症治疗功能评价量表对患者进行基线测评。对照组接受常规护理，干预组在此基础上接受个性化叙事护理干预，比较两组干预效果。

结果 两组患者心理痛苦的比较：1.干预后两组心理痛苦得分比较，干预组（5.05）得分低于对照组（6.08），（ $P < 0.05$ ）；2.两组患者医学应对方式的比较：干预后两组患者面对维度的得分比较，干预组（21.37）高于对照组（19.35），（ $P < 0.05$ ），但是在回避维度与屈服维度上两组得分无统计学差异（ $P > 0.05$ ）。3.两组患者生活质量的比较：干预后两组间比较显示，除生理状况维度外，干预组与对照组生活质量总分、社会/家庭状况、情感状况、功能状况等维度得分比较，干预组得分高于对照组，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。4.两组满意度比较：干预组患者对护理的满意度（97.50%）高于对照组（77.50%），（ $P < 0.05$ ）。

结论 将个性化叙事护理方法应用于复发难治性恶性淋巴瘤的临床护理中，能够降低患者的心理痛苦，并对改善患者的应对方式有着积极意义，个性化叙事护理还能改善恶性肿瘤化疗患者的生活质量，并提高患者的满意度。

OR-0106

护士主导的管理方案对急性白血病青少年患者的心理及生活质量效果分析

杨燕澜

深圳市儿童医院

目的 探讨护士主导的管理方案对急性白血病青少年患者的心理及生活质量效果。

方法 采用便利抽样法选取 2022 年 10 月~2023 年 5 月于长沙市某三级甲等医院血液内科的 73 例急性白血病青少年患者为研究对象，采用随机数字法分为观察组(36 例)和对照组(37 例)。对照组采用常规管理方案，观察组在对照组基础上进行护士主导的管理方案。比较两组患者的抑郁和焦虑水平、生活质量、不良反应发生情况。

结果 观察组患者的抑郁水平、焦虑水平、不良反应发生情况低于对照组，生活质量得分高于对照组。

结论 护士主导的管理方案可显著降低急性白血病青少年患者的抑郁和焦虑水平，缓解不良反应，提高生活质量，值得在临床广泛推广。

OR-0107

恶性血液病患者健康相关生命质量 与主要照顾者负担的相关性研究

王浙佳、王招娣、谢洪琼
浙江大学医学院附属第一医院

目的 探讨恶性血液病患者的健康相关生命质量与主要照顾者负担现状及其相关性。

方法 采用便利抽样法，于2023年8月-2023年11月选取149例在浙江大学医学院附属第一医院血液科住院诊断为恶性血液病的患者及其主要照顾者为研究对象，采用一般情况调查表、欧洲五维健康量表（EQ-5D-5L）和照顾者负担量表（CBI）进行调查。

结果 恶性血液病患者的健康效用值均值为（ 0.657 ± 0.369 ）。主要照顾者CBI总分为（ 23.85 ± 14.61 ）分。恶性血液病患者的健康效用值与主要照顾者CBI总分呈负相关（ $r=-0.520$ ， $P<0.01$ ）。多元线性回归结果显示，恶性血液病患者的疾病类型、疾病确诊后住院次数、健康效用值及主要照顾者的平均每天照顾患者时长为照顾者负担的影响因素。

结论 恶性血液病患者的主要照顾者存在不同程度的照顾负担，恶性血液病患者的总体健康状况越差，主要照顾者的照顾负担越重。建议给予患者-照顾者二元体干预，提高其二元应对能力及改善两者的健康状态。

OR-0108

183例造血干细胞移植患者多重耐药菌定植分析与管理对策

张秋会、徐丽、范炯同、张玲、赵娜、解文君
中国医学科学院血液病医院

目的 了解造血干细胞移植患者入住层流病房期间多重耐药菌定植的特点，为护理防控及管理提供依据。

方法 回顾性分析2017年1月至2023年4月天津市某三级甲等医院移植科183例造血干细胞移植期间出现多重耐药菌定植患者的临床资料，对耐药菌类型、常见部位及伴随感染情况进行分析。

结果 共检出不同类型的多重耐药菌208株（菌株去重后），其中革兰阴性杆菌194株（93.27%），革兰阳性菌14株（6.73%）。革兰阴性杆菌主要以铜绿假单胞菌（25.49%）、肺炎克雷伯菌（24.04%）、大肠埃希菌（22.60%）和阴沟肠杆菌（9.13%）为主，革兰阳性菌以金黄色葡萄球菌（4.33%）为主。本研究中有49例（26.78%）患者存在两个不同部位及以上的同种或不同类型的耐药菌，部位去重后分离的多重耐药菌为264株，其中肛周出现的多重耐药菌最多（154株，58.33%），主要以肺炎克雷伯菌（47株，17.80%）、大肠埃希菌（38株，14.39%）和铜绿假单胞菌（30株，11.36%）为主。口咽部（68株，25.76%）及血流（22株，8.33%）出现的耐药菌次之。49例患者中有16例患者（32.65%）出现局部耐药菌后继而出现血流感染，其中铜绿假单胞菌血流感染的发生率最高（7例，14.29%）。移植期间首次出现多重耐药菌的中位时间为移植后+4d（-11d，+25d），71.04%（130例）患者为中性粒缺乏状态，68.31%（125例）患者伴随感染症状，以胃肠道感染为主（91例，49.73%）。

结论 提示医护人员应掌握多重耐药菌防控知识，注重手卫生，加强层流病房环境的卫生清洁，从而减少院内多重耐药菌的传播。同时加强对患者宣教管理及肛周、口腔等部位的日常护理，做到主动筛查，减少耐药菌定植的发生。对于出现多重耐药菌的患者，应立即给予床旁隔离，悬挂标识，合理应用抗生素，根据耐药菌的种类给予相应的皮肤或黏膜消毒剂、漱口水及抗菌软膏局部应用，

尽可能的保持皮肤、黏膜的完整性，减少血流感染的发生，从而提高造血干细胞移植的成功率，降低感染相关死亡率。

OR-0109

以血栓为首发表现的急性白血病的护理研究

徐荣、毛燕琴
苏州大学附属第一医院

目的 总结 3 例以血栓为首发症状的急性白血病患者诊疗经过，探讨血栓与出血护理难点与措施，形成急性白血病临床护理方案的研究。

方法 以 2023 年 3 月至 2024 年 2 月我院收治的 3 例血栓为首发表现的急性白血病患者为研究对象，结合文献分析法调查本组患者血栓发生部位、形成原因、出凝血发生机制、临床检查指标及患者生活习惯、诊疗方案、疾病转归等方面，确立血栓与凝血高危患者的护理路径。

结果 本组患者年龄 36-63 岁；ALL 1 例、AML2 例。3 例患者在血栓表现、血栓原因、出血、凝血激发机制与文献总结相符，而在诊疗及护理要点上各有特点，扩展了文献涉略内容。形成了急性白血病出血症状护理临床处理路径。该 3 例患者均转归良好。

结论 新治疗模式背景下，以血管栓塞为首发症状的急性白血病患者护理有了新的定义与内涵，我们应基于文献分析的基础上，结合患者特点，以标化思路进行白血病护理方案的探索，以便为患者提供更为有效护理措施，提高患者预后。

OR-0110

基于压力与适应理论对血液科护士心理健康素养的研究

曹剑波、罗健
山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 基于压力与适应理论，探讨血液科护士的心理健康素养的重要性。

方法 血液科护士面临着高强度的工作压力和复杂的情感挑战，这对其心理健康素养提出了高要求。通过深入调查与分析，探讨血液科护士在应对工作压力、情感负荷以及职业适应过程中的心理反应和应对策略，以及这些因素对其心理健康素养的影响。

结果 结果显示：血液科护士普遍承受较高的工作压力，但其适应能力和心理健康素养也在不断发展。有效的压力管理和适应策略对于提升血液科护士的心理健康素养至关重要。

结论 加强心理韧性的培养、提供情绪支持以及优化工作环境等措施，均为提升血液科护士的心理健康水平和专业素养提供了理论依据和实践建议。从而促进护理质量和患者满意度的提升。

OR-0111

不同年龄恶性血液病患者静脉血栓形成临床特征分析

白燕妮
中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 探讨不同年龄恶性血液病患者静脉血栓形成的临床特征及危险因素。

方法 回顾性分析 2017 年 1 月至 2022 年 1 月本院收治的 84 例恶性血液病并发静脉血栓患者，由医院临床信息数据库调取患者临床资料，按照年龄分布特点分为老年组和非老年组，分析两组患者静脉血栓形成的临床特征、疾病种类、血栓分布特点、实验室检查特征等。

结果 在 84 例恶性血液病静脉血栓患者中，淋巴瘤患者 41 例（48.8%），多发性骨髓瘤患者 16 例（19.0%），急性白血病患者 27 例（32.1%）。深静脉置管是中青年白血病患者静脉血栓形成的高危因素（ $P < 0.05$ ）；与中青年患者相比，合并脑血管疾病、感染、既往进行手术治疗的老年淋巴瘤患者、合并高血压的老年白血病患者更容易发生静脉血栓（ $P < 0.05$ ）；DSIII 期老年多发性骨髓瘤患者血栓风险增加。血液学指标均无统计学差异（ $P > 0.05$ ）。

结论 恶性血液病患者是发生静脉血栓的高危人群，不同年龄的恶性血液病患者发生血栓的临床特征存在差异，应及早评估并采取相关针对性措施。

OR-0112

基于全生命周期理念的多发性骨髓瘤患者 “互联网+”全病程管理模式的构建

江巧琳

德阳市人民医院

目的 通过文献研究、问卷调查、专家会议等研究方法，成立以学科专家为核心、主治医师做指导、个案管理师建桥梁的全病程管理团队，构建基于全生命周期理念的以患者为中心、以个案管理师为桥梁、多学科协作、医患共同决策的多发性骨髓瘤患者全病程管理模式。

方法 梳理并构建基于全生命周期理念的“互联网+”全病程管理模式的理论依据并绘制基础架构图。依托我院全生命周期健康管理平台，采用小组讨论法对构建基于全生命周期理念的“互联网+”全病程管理模式相关理论依据以及绘制的基础架构图进行审核和修订，最终确定多发性骨髓瘤患者全病程管理模式的相关内容，涉及该模式的架构图、组织结构、实施步骤、过程目标及实施方法。

结果 本研究以“互联网+”全病程管理模式为参考依据，在全生命周期理念下，由多学科团队协作构建干预方案，干预方案的构建与实施都具有科学性、严谨性、规范性和创新性，打破了以往疾病治疗、预防及管理单一、间断的局面，加强了学科之间理论、治疗和管理经验的有效融合，为护理干预项目的构建提供一种应用模版。研究方案的内容来自多发性骨髓瘤患者的实际需求、文献循证分析、专家函询以及小组讨论的整合，是一套具有可操作性的干预实施方案，能够直接推广应用。

结论 基于全生命周期理念，通过构建多发性骨髓瘤患者“互联网+”全病程管理模式，针对不同周期的健康问题及危险因素进行不同侧重的健康管理，以助力实现 MM 的早期诊断和规范化整体治疗，降低疾病相关的社会负担，改善患者的医疗成本和生活质量。这种以全生命周期为理念，“互联网+”全病程管理模式为抓手，探索出一种适合地区实际、医院需求和民众需要的全生命周期健康管理体系，指明了多发性骨髓瘤患者管理模式的新方向。

OR-0113

血液恶性肿瘤患者创伤后成长纵向轨迹研究

杜馨雯、陈凤姣、毛凌

四川大学华西医院

目的 探索血液恶性肿瘤患者创伤后成长水平的发展轨迹及其影响因素，为临床护理人员制定针对性的心理护理干预措施提供理论依据。

方法 采用一般资料调查表、创伤后成长评定量表（Posttraumatic Growth Inventory, PTGI）、癌症患者生命质量测定量表（Functional Assessment of Cancer Therapy-General, FACT-G）对血液恶性肿瘤患者首次住院时（T0）进行问卷调查，并在首次调查三个月后（T1）、六个月后（T2）及十二个月后（T3）进行随访。通过构建增长混合模型（Growth Mixture Model, GMM）、逻辑回归分析探索患者创伤后成长发展轨迹及影响因素。

结果 76 名血液恶性肿瘤患者完成随访调查。混合增长模型结果显示患者创伤后成长轨迹有两组潜类别，分别命名为高成长稳定组和低成长稳定组（拟合指标：AIC=2560.80, BIC=2581.78, aBIC=2553.41, Entropy=0.78, PLMR=0.03, pBLRT<0.001）。逻辑回归结果显示化疗和生活质量（ $P<0.05$ ）是血液恶性肿瘤患者创伤后成长的影响因素。

结论 血液恶性肿瘤患者创伤后成长纵向轨迹呈现稳定趋势，临床医务人员应关注初治患者的创伤后成长水平，及时开展针对性心理干预，以改善患者初始创伤后成长水平。

OR-0114

营养风险筛查对嵌合抗原受体 T 细胞 治疗血液系统恶性肿瘤患者预后的评估价值

张娜、胡凯、克晓燕、杨帆，石慧，刘蕊，付中华，郭玥璐，马利霞
北京高博医院

目的 探究营养风险筛查（NRS 2002）对嵌合抗原受体 T 细胞治疗血液系统恶性肿瘤患者预后的评估价值。

方法 纳入 2021 年 8 月至 2021 年 12 月本中心行 CAR-T 治疗的血液系统恶性肿瘤患者，应用 NRS 2002 对 CAR-T 治疗前、治疗后进行营养风险筛查。利用卡方检验，fisher exact 检验，k-m 生存分析，wilcoxon 检验及 Logistic 回归分析探讨疾病，CART 治疗相关因素对营养状态的影响，及患者营养状态变化对生存预后的影响。

结果 入组 61 例患者，诊断分别为淋巴瘤（CI=53），骨髓瘤（CI=5），白血病（CI=2）。ECOG 中位数 2 分（2-4 分）；55.8% 的患者治疗线数 ≥ 3 线；14.7% 的患者存在营养风险。CART 治疗后 CRS 反应 1-2 级 42 人，CRS 反应 3-4 级 4 人。对比 CART 治疗前的营养状态明显恶化，并有统计学差异。单因素分析发现，CAR-T 治疗后影响营养状态的因素为 ECOG ≥ 2 分、CRS ≥ 2 级、高热 $>39^{\circ}\text{C}$ 及发热持续 ≥ 8 天。并且发现 ALB 下降 $\geq 8.5\%$ 与 CAR-T 治疗后 3 个月的完全缓解率呈负相关。生存分析显示：NRS 2002 评分增加与 OS 呈负相关（ $P<0.05$ ）；ALB 下降 $\geq 8.5\%$ 与 PFS 呈负相关（ $P<0.05$ ）。

结论 血液系统恶性肿瘤患者行 CAR-T 细胞治疗时易发生营养风险，定期使用 NRS 2002 进行营养风险筛查，有助于预测治疗的预后及生存。

OR-0115

异基因造血干细胞移植患者经口营养摄入达标情况 及其相关因素探究:一项纵向研究

秦莉媛、赫洋、李锐、吴佳琪、吴蓓雯
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 本研究旨在调查异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）患者移植期的经口营养摄入达标情况的纵向变化及相关因素，为 allo-HSCT 患者营养支持提供建议。

方法 本研究为一项单中心前瞻性纵向研究，采用 24h 膳食记录法评估 allo-HSCT 患者膳食摄入情况并以 ESPEN 指南为依据确定患者的营养摄入目标量。采用广义估计方程探索经口营养摄入达标率的相关因素。

结果 共调查 63 例 allo-HSCT 患者，包括 7 个时间点共 439 人次。allo-HSCT 患者经口营养摄入达标率呈先降低后增加的趋势，57.1% ~ 95.2% 的患者在围移植期出现至少一种营养影响症状。广义估计方程表明，营养影响症状的存在是与经口营养摄入达标情况 <50% 显著相关危险因素 (OR=0.133, P<0.001)，而口服营养补充剂的使用则为保护因素 (OR=2.359, P=0.012)。与未进行口服营养补充的患者相比，使用口服营养补充剂的患者摄入低于目标蛋白质摄入量 50% 的可能性要低 61.3% (OR=0.387, P=0.001)。同样，与不存在营养影响症状的患者相比，患有 ≥1 个营养影响症状的患者蛋白质达标率 <50% 的可能性几乎高 1 倍 (OR=2.007, P=0.048)。

结论 Allo-HSCT 患者经口营养摄入需进一步关注和干预。口服营养补充剂的使用及营养影响症状的管理是增加 allo-HSCT 患者口服摄入量 and 改善患者营养状况的潜在途径。

OR-0116

基于症状管理理论模型的系统性轻链型淀粉样变性患者症状体验及应对的质性研究

肖显杰、方云、李维、赵菲
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 了解系统性轻链型淀粉样变性患者症状体验及应对策略，为制订症状自我管理方案提供参考。

方法 采用现象学研究方法，选取 2024 年 3-4 月于华中科技大学同济医学院附属协和医院接受化疗的 15 例系统性轻链型淀粉样变性患者作为研究对象，基于症状管理理论模型对其进行半结构化访谈，并运用 Colaizzi 法对访谈资料进行转录、编码、类属分析、描述和组织。

结果 共提炼出症状体验、症状管理策略和症状管理效果 3 部分内容，症状感知明显、部分症状评估能力不足、症状管理知识模糊、应对方式单一、希望得到专业指导与延续性管理、焦虑与恐惧、重构内心秩序、形成适应性行为 8 个一级主题。

结论 系统性轻链型淀粉样变性患者具有多样而复杂的症状体验；但对于症状的评估与应对认识模糊，缺乏专业性指导；出现焦虑与恐惧的情绪，形成适应性的行为。医护人员需关注患者的症状反应和应对需求，并制订系统化的症状管理方案，帮助其更好的自我管理，提高其生命质量。

OR-0117

间充质干细胞外泌体联合短波紫外线局部照射在急性白血病化疗致重型口腔溃疡中的应用效果

张伟
宜昌市中心医院人民医院西陵院区

目的 探讨间充质干细胞外泌体联合紫外线局部照射在急性白血病化疗致重型口腔溃疡中的应用效果

方法 将 2022 年 5 月至 2024 年 5 月期间发生的 28 例急性白血病化疗致重型口腔溃疡患者随机分为两组，每组 14 例。对照组采用短波紫外线局部照射，观察组在短波紫外线局部照射基础上加用间充质干细胞外泌体喷雾剂治疗，两组连续干预 7d。比较两组临床症状（进食恢复时间、疼痛消失时间、溃疡愈合时间）、口腔 PH 值、炎症因子白细胞介素-6 (IL-6)、转化生长因子-β (TGF-

β)、肿瘤坏死因子- α (TNF- α) 水平、口腔黏膜炎分级 (WHO)、视觉模拟评分法 (VAS) 疼痛、舒适度及满意度评分

结果 观察组总有效率 92.9%，高于对照组的 64.3% ($P < 0.05$)；观察组临床症状（进食恢复时间、疼痛消失时间、溃疡愈合时间）均短于对照组 ($P < 0.05$)；观察组口腔 PH 值改善情况优于对照组 ($P < 0.05$)；观察组 IL-6、TGF- β 、TNF- α 水平均低于对照组 ($P < 0.05$)；观察组口腔黏膜炎分级、VAS 疼痛、舒适度及满意度评分均优于对照组 ($P < 0.05$)

结论 急性白血病化疗致重型口腔溃疡患者应用间充质干细胞外泌体联合紫外线局部照射疗效显著，能有效缩短溃疡愈合时间，改善口腔 PH 值、降低炎症反应，增进患者舒适度和满意度，提高生存质量

OR-0118

MeltArray 联合 ddPCR 识别 BCR-ABL1 激酶结构域复合突变与多克隆突变研究

邓君¹、兰艳平²、李庆阁²、丁雅洁¹、胡豫¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 厦门大学生命科学院

目的 BCR-ABL1 激酶结构域 (KD) 突变的筛查在慢性髓系细胞白血病 (CML) 和费城染色体阳性急性淋巴细胞白血病 (Ph⁺ ALL) 治疗失败的病例中是常规实施检测的。然而，在治疗过程中，通过突变谱及时解读它们的克隆关系仍然很困难，因为这需要识别突变类型，定量突变丰度，以及区分复合和多克隆突变 (CMs 和 PMs)。

方法 我们将 MeltArray 的微测序与 ddPCR 技术相结合，建立了一种能够准确识别白血病患者突变克隆状态的方案。使用既定方案，我们从 365 例白血病患者中检测了 539 个样本。准确度与新一代测序 (NGS) 和 Looping-out 探针策略进行了比较。

结果 分析结果显示，突变样本 78 例 (18.93%)，其中单突变 50 例 (64.1%)，多突变 28 例 (35.9%)，包括双突变、三突变、四突变和七突变。这些结果与 NGS 的结果一致，除了一例双突变样本。多突变病例中，PMs 占 85.71%，CMs 占 10.71%，CMs 和 PMs 混合占 3.57%。回顾性分析结果表明，BCR-ABL1 KD 突变的克隆关系在治疗期间是高度动态波动的，携带 T315I 的 CMs 在调节 TKIs 耐药性中起关键作用，并表明移植后复发的风险。

结论 MeltArray-ddPCR 方案允许动态分析 BCR-ABL1 KD 突变并区分不同克隆状态，这可以更好地预测白血病的药物敏感性和临床结果。

OR-0119

高多重单细胞成像分析揭示与 CAR-T 细胞治疗临床疗效相关的肿瘤免疫微环境因素

陈丽婷、金瑾、姜利军、肖毅、张义成

华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 嵌合抗原受体 T 细胞疗法 (Chimeric Antigen Receptor T-Cell immunotherapy) 在治疗淋巴瘤方面取得了长足的进步，但患者的预后仍存在很大差异。免疫抑制性肿瘤微环境 (Tumor microenvironment, TME) 可能引起 CAR-T 细胞失活，导致 CAR-T 细胞治疗效果不佳。弥漫大 B 细胞淋巴瘤 DLBCL 的生物学异质性，部分是由细胞起源亚型和相关基因组损伤驱动的，但同时也

由 TME 中不同的细胞类型和细胞状态驱动。虽然 TME 在多种上皮细胞来源的肿瘤中已被广泛研究，然而其在 DLBCL 发病机制和患者生存中的作用尚未得到很好地诠释。DLBCL 微环境的细胞组成、状态和空间排列与 CAR-T 疗法疗效之间的关系仍然知之甚少。

我们的工作旨在全面、系统地剖析 DLBCL 微环境中的细胞组成、状态和空间排列与 CAR-T 细胞治疗响应和缓解时长之间的关系，以利于预测 CAR-T 治疗的疗效。

方法 在这项研究中，我们设计了一个高度多重成像的质谱流式细胞免疫质谱组化（Imaging mass cytometry, IMC）方案，以同时量化 13 名接受 CAR19/22 T 细胞治疗的复发/难治性 DLBCL 患者的 31 种生物标志物。在 CAR-T 细胞输注前或输注后复发时共取样 20 个切片。通过 CellProfiler 对细胞进行分割和注释。使用 Rphenograph v0.99.1 进行聚类。使用 ComplexHeatmap v2.10.0 生成热图以演示每个簇中细胞的中位数 z 分数（0-1）标记表达。采用 t-随机邻接嵌入（t-SNE）可视化技术确定细胞群的表型多样性。Cytomapper v1.6.0 用于支持多个多通道图像和分割掩码的处理和可视化。空间分析和邻域分析采用 imcRtools v1.1.7 版本进行。

结果 我们共鉴定和注释了 493,715 个细胞和 35 个细胞簇。这 35 个细胞簇随后根据其细胞类型标记物重新定义为 10 个元簇。CD4+ T 细胞组分与缓解持续时间呈正相关。在预后较差的患者中，T 细胞（尤其是 CD8+/CD4+ Tem 和 Te 细胞亚群）的 Ki67、CD57 和 TIM3 水平显著升高，CD69 水平降低。含有更多免疫细胞的细胞邻域与更长的缓解时长有关。成纤维细胞和血管内皮细胞在 CAR-T 治疗后反应不佳和缓解时间短的患者中更靠近肿瘤细胞。

结论 我们使用免疫质谱组化 IMC 技术同时量化了 31 种生物标志物，生成了来自于 13 例接受 CAR-T 细胞治疗的难治/复发 DLBCL 患者的 20 张肿瘤组织高维病理图像。我们的工作全面而系统地剖析了 DLBCL 微环境的细胞组成、状态和空间排列与 CAR-T 细胞治疗疗效之间的关系。

OR-0120

流式细胞技术检测组织匀浆指导淋巴造血系统肿瘤的精准确诊

李晓清、修英杰、张琼丽、杜新
深圳市第二人民医院

目的 成熟淋巴肿瘤的病理诊断复杂，疑难病例多，部分患者疾病呈侵袭性，快速准确的诊断方式可以帮助患者争取治疗时机。病理诊断是该病的金标准，但仍有尚未满足的临床的需求。传统组织病理诊断周期长，通常耗时为 7-10 个工作日，诊断周期长。淋巴瘤诊断遵循血液系统肿瘤 MICM 诊断体系，如制片后切取白片再送检分子遗传学检查，常需耗时 14-20 天方能完善结果；另外并非所有淋巴瘤都是骨髓受累，可通过该技术方法获得的细胞标本开展相关研究。

方法 取组织块(0.2g~1g)最少可到 2~5mg，在冰冷生理盐水中漂洗去血，滤纸拭干后称重，放入容器内，加入预冷的 PBS 缓冲液或生理盐水至容器的 2/3，冰水浴中用眼科小剪剪碎组织块。采用手工匀浆的方式将剪碎的组织倒入匀浆管中，再加入剩余 PBS 或盐水冲洗残留组织，左手持管插入冰水混合物中，右手用捣杆上下转动研数十次，使组织浆化。如使用机器匀浆使用组织捣碎机或内切式匀浆机，皮肤、肌肉组织等需延长匀浆时间。

结果 我单位目前已完成 76 例标本送检，其中非淋巴造血系统疾病 10 例，淋巴造血系统肿瘤 54 例，其他淋巴瘤样病变 12 例（Castleman 病 5 例，Kikuchi 4 例，Kimura 2 例，反应性淋巴结增生 1 例）。54 例淋巴造血系统肿瘤患者中，浆细胞瘤 1 例，FDCS 1 例，淋巴瘤患者 52 例：其中 42 例非霍奇金 B 细胞淋巴瘤中经 FCM 检出 36 例（检出率 85.7%）；8 例 T 及 NK 细胞淋巴瘤中 FCM 检出 4 例（检出率 50%）；2 例霍奇金淋巴瘤均未经 FCM 检出。所有淋巴瘤患者中 FCM 和病理同时检出共 32 例（40/52，检出率 76.9%）。

结论 该方法不仅能够 FCM（流式细胞术）结果呈现阴性的情况下，依然能够利用所获得的活细胞标本进行进一步的完善检查，而且在提高淋巴瘤诊断效率方面表现突出。44 例送检分子遗传学的标本，检出率高达 97.7%，该方法的应用不仅有助于提高淋巴瘤的诊断效率，还能够为临床医生提供更加准确、可靠的诊断依据。在实际应用中，通过该方法所获得的活细胞标本，可以进一步进

行分子遗传学、免疫组化等深入分析，从而更全面地了解淋巴瘤的生物学特性、发病机制和预后情况。

OR-0121

Genetic Prognostic Scoring System for AML with myelodysplasia-related abnormalities

Yijing Zhao, Shunjie Yu, Sen Yang, Huang Xiaojun, Jiang Qian
Peking University People's Hospital

Objective Patients with acute myeloid leukemia (AML) possessing TP53 mutation, myelodysplasia-related gene mutations (MRG), and/or cytogenetic abnormalities (MRC) which are acknowledged as common features of myelodysplastic syndrome (MDS) have poor prognosis. Although the outcomes are heterogeneous, there is currently a lack of predictive scoring systems based on these genetic abnormalities.

Methods To develop and validate predictive models for the treatment response and survival in AML patients with myelodysplasia-related genetic abnormalities (MRGA). Data from consecutive AML patients with MRGA diagnosed and treated between January 2017 and December 2023 were reviewed. Clinical, cytogenetic, and molecular information were used to establish the predictive models. Subjects were randomly assigned 2:1 to the training or validation dataset. Lasso regression and Cox multivariable regression models were used to identify predictive covariants in the training dataset. The weighted predictive models were validated in the internal dataset and external datasets including Beat-AML and TCGA.

Results 737 subjects were included in this study. In the training dataset ($n = 491$), for the CR model, $\text{del}(7q)/-7$, complex karyotype, $\text{inv}(3)$ or $\text{t}(3;3)$, and U2AF1 mutation were significantly-associated with a lower CR/CRi rate; however, WBC count ($10 \times 10^9/\text{L}$), bone marrow blasts $\geq 45\%$, $\text{t}(8;21)$, NPM1, and CEBPA bZIP mutations and intensive induction regimen, a higher CR/CRi rate. The training dataset was classified into 2 subgroups: low-response (score ≤ 8 , $n = 259$, 53%) and high-response (score ≥ 9 ; $n = 232$, 47%) subgroups, with CR/CRi rates of 56% and 91% ($p < 0.01$). There was significant difference or strong trend of difference in the CR/CRi rate between the low- and high-response subgroups in 2 validation datasets: internal, 63% vs. 92% ($p < 0.01$); BeatAML, 48% vs. 70% ($p = 0.106$). The AUROC values in the training, validation, and BeatAML datasets were 0.79, 0.78, and 0.63, respectively. In the survival model, male, increasing age, $\text{del}(5q)/\text{t}(5q)/\text{add}(5q)$, $\text{del}(7q)/-7$, trisomy 8, $\text{t}(9;11)$, $\text{inv}(3)$ or $\text{t}(3;3)$, complex karyotype, $\text{t}(v;11q23.3)$, $\text{inv}(16)$ or $\text{t}(16;16)$, $\text{t}(8;21)$, ASXL1, DNMT3A, TET2, KRAS, ETV6, FLT3-ITD, TP53, GATA2, BCOR, and EP300 mutations were implicated. The training dataset was classified into 3 subgroups: low-risk (score ≤ 24 , $n = 412$, 56%), intermediate-risk (score ≥ 25 to 28; $n = 253$, 34%), and high-risk (score ≥ 29 ; $n = 71$, 10%). There were significant differences in the 30-month survival rates among the 3 subgroups (29% vs. 9% vs. 0%, $p < 0.001$). In the internal validation dataset, 55% ($n = 135$), 34% ($n = 84$), and 11% ($n = 27$) subjects were classified into very low-, intermediate-, and high-risk subgroups, respectively, with significant differences in the 30-month survival rates (27% vs. 8% vs. 4%, $p < 0.001$). In the two external validation datasets, there were significant difference in survival rates among the risk subgroups in Beat AML ($p = 0.003$) and TCGA ($p = 0.05$). The 1-, 2-, 3-year AUROC based on the survival score in all the training and validation datasets were 0.789, 0.807, and 0.831. Calibration plots for probabilities of 1-, 2-, and 3-year survival rates indicated good concordance between predicted and observed outcomes. DCA curves indicated the good net benefit from using the survival model in clinical.

Conclusion We developed and validated the predictive models for treatment response and survival in AML patients with MRGA, which will help clinical decision-making.

Keywords:

OR-0122

Transcriptome Based Classification Model and Co-expression Networks Analysis Reveal Identify CXCR4alt Subtype and BLNKaf in B-cell Precursor Acute Lymphoblastic Leukemia

panxiang cao¹,Mingyu Wang¹,Guangsi Zhang¹,Fang Wang¹,Xue Chen¹,Yang Zhang²,Xiaoli Ma¹,Ming Liu¹,Hongxing Liu^{1,2}

1. 检验医学科

2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

Objective B-cell precursor acute lymphoblastic leukemia (B-ALL) is a genetically heterogeneous group of acute leukemia with stage-specific phenotypes and cytogenetic features. Although the research on the molecular profile of B-ALL benefits diagnosis and risk stratification, the idiographic leukemogenesis beyond the transcriptome remains unknown. Genomic lesions in B-ALL frequently involve genes belonging to transcription factors, such as TCF3, EBF1, PAX5, and IKZF1. The investigation of dysregulated transcriptional networks behind various B-ALL subtypes may help unravel the specific process of leukemogenesis.

Methods A random forest model was trained on a well-defined molecular subtype B-ALL cohort (n = 504) to improve the molecular classification. The subtype-specific transcriptional network was constructed by weighted correlation network analysis (WGCNA) once the B-ALL subtypes were genetically determined by the random forest model. Additionally, alternative splicing analysis from RNA-seq was emphasized since aberrant splicing events could lead to abnormalities in transcription factors or tumor suppressor genes.

Results The random forest model performs well for the classification of most B-ALL subtypes (Figure 1A). It also benefits the classification of Ph-like B-ALL, which displays a gene expression profile similar to BCR-ABL1 B-ALL, as it achieves 100% accuracy on well-known Ph-like cases characterized by ABL-class gene fusions, PAX5-JAK2, EBF1-PDGFRB, and IGH-EPOR. We successfully separated a candidate molecular subtype characterized by CXCR4 alteration (CXCR4alt) for the first time, through our novel classification model (Figure 1B). This newly identified CXCR4alt subtype accounts for 2% of B-ALL cases (11/504), characterized by CXCR4 C-terminal mutation R334X or FLNA overexpression. Both C-terminal mutation and upregulated FLNA contribute to delayed CXCR4 receptor internalization, enhanced CXCL12-CXCR4 signaling, and then continuously activates the downstream MAPK pathway. It is further supported by the high expression of the two oncogenic MAPK signaling pathway genes KIAA1549 and KIAA1549L from the co-expression network of CXCR4alt in these cases. Transcriptional co-expression networks constructed by WGCNA and network hub genes for most B-ALL subtypes also help to elucidate the mechanism of leukemogenesis (Figure 2). We identified an alternative first exon of BLNK (BLNKaf) that leads to loss of function as a shared event in specific subtypes, such as BCR-ABL1, BCR-ABL1-like, and PAX5alt; while in pre-BCR signaling positive subtypes, such as TCF3-PBX1 and MEF2D-r, only express normal BLNK transcripts.

Conclusion By comprehensive transcriptome-based classification model and co-expression networks analysis, we identified a novel defined CXCR4alt subtype with an incidence of 2% in B-ALL. We also observed that BLNKaf might supply a practical marker for monitoring pre-BCR signaling. Our report emphasizes the role of transcriptome-based machine learning and WGCNA in mining the molecular mechanism of B-ALL. The molecular pathogenesis and clinical significance of these newly identified molecular subtypes and molecular abnormalities are worthy of further investigation.

OR-0123

基于 LC-MS 的儿童急性淋巴细胞白血病早期治疗反应的非靶向代谢组学研究

黄晓婵、刘四喜
深圳市儿童医院

目的 旨在探究与 MRD 及早期诱导化疗相关的差异代谢物及通路，寻找潜在生物标志物，为优化 MRD 危险分层及理解早期治疗反应生物学机制提供新的思路。

方法 选取 2020 年 12 月~2021 年 10 月在深圳市儿童医院血液肿瘤科初诊为 ALL 并接受 CCCG-ALL 2020 方案化疗的患儿，化疗第 19 天 FCM-MRD \geq 0.01% 为 MRD 阳性组，化疗第 19 天 FCM-MRD $<$ 0.01% 为 MRD 阴性组。采集化疗前、化疗第 19 天的骨髓标本，利用 LC-MS 技术的非靶向代谢组学分析方法采集代谢物特征，基于 One-map 平台构建 PLS-DA 模型及运用单变量统计分析筛选差异代谢物特征，利用 OPLS-DA 模型确证，再对差异代谢物特征进行定性鉴定，寻找潜在生物标志物及进行代谢通路分析。

结果 1、75 例初诊 ALL 的患者，MRD 阳性组 43 例，MRD 阴性组 32 例，两组间性别、年龄、初诊时白细胞计数、免疫分型、细胞遗传学、危险分层均无统计学差异 ($p>0.05$)，两组在第 19 天骨髓形态学上具有统计学差异 ($p=0.029$)。

2、同时收集到化疗前、化疗第 19 天骨髓标本的 45 例患儿进行代谢组学分析，其中 MRD 阳性组 24 例，MRD 阴性组 21 例，两组间性别、年龄、初诊时白细胞计数、免疫分型、细胞遗传学、危险分层、第 19 天骨髓形态学均无统计学差异 ($p>0.05$)。

(1) 与 MRD 阴性组相比，MRD 阳性组在治疗前发现 294 个差异代谢物 ($VIP>1$)，富集于亚油酸代谢 (影响值 1.0, $p<0.05$)。化疗第 19 天 MRD 阳性组有 277 个差异代谢物出现显著变化 ($VIP>1$)，富集于亚油酸途径、甘油磷脂途径和苯丙氨酸途径，其中最重要的亚油酸途径 (影响值 1.0) 有 9 个差异代谢物上调，7 个差异代谢物下调，这些差异代谢物注释到亚油酸通路中对应的化合物是磷脂酰胆碱、亚油酸酯、12,13-环氧油酸。

(2) 化疗前、化疗第 19 天的比较发现 134 个潜在差异代谢物 ($p<0.05$ 、 $FC>1.5$ 、 $VIP>1.0$)，富集于甘油磷脂途径 (影响值 0.23, $p<0.05$)、戊糖和葡萄糖醛酸的相互转化 (影响值 0.22, $p<0.05$)，其中甘油磷脂途径差异代谢物注释到通路中对应的化合物是 1-乙酰-sn-甘油-3-磷酸胆碱、磷脂酰胆碱、1-酰基-sn-甘油-3-苯基乙醇胺、磷脂酰乙醇胺，进一步进行 MRD 阳性组和 MRD 阴性组的化疗前、化疗第 19 天的分析，两组共有的差异代谢途径是甘油磷脂代谢、戊糖和葡萄糖醛酸的转化 (影响值 >0.1 , $p<0.05$)，MRD 阳性组在色氨酸代谢通路上也具有显著差异 (影响值 0.16, $p<0.05$)。

结论 1、ALL 早期诱导化疗主要引起甘油磷脂代谢的显著改变。

2、第 19 天 MRD 阳性组在色氨酸代谢、亚油酸代谢、苯丙氨酸代谢上具有显著差异。

OR-0124

与伴 NPM1 突变急性髓系白血病不良预后相关的基因组学特征

余顺杰、杨森、胡利娟、段文冰、赵婷、秦亚添、王亚哲、赖悦云、石红霞、唐菲菲、孙于谦、贾晋松、王婧、卢晟晔、江浩、许兰平、王昱、张晓辉、黄晓军、江倩
北京大学人民医院

目的 探索 NPM1 突变伴或不伴 FLT3-ITD 突变急性髓系白血病 (AML) 患者的基因组学异常对预后的影响。

方法 采用 Cox 回归模型，回顾性分析 2017 年 1 月至 2023 年 12 月北京大学人民医院收治的伴 NPM1 突变 AML 病例诊断时基因组学特征、临床参数、细胞遗传学和分子学特征，探索与无事件生存期（EFS）、无复发生存期（RFS）和总生存期（OS）的相关性。

结果 本研究共纳入 262 例 NPM1 突变 AML 患者，其中同时伴有 FLT3-ITD 突变 98 例，不伴 FLT3-ITD 突变 164 例。FLT3-ITD 突变患者采用化疗加 FLT3 抑制剂（索拉非尼或吉瑞替尼）治疗。符合条件的 FLT3-ITD 突变患者在 CR1 后接受造血干细胞移植。在 NPM1mut/FLT3-ITDwt 组中，2 年的 EFS、RFS 和 OS 率分别为 45% (95% [CI], 36, 54%)、68% (59, 77%) 和 81% (74, 88%)。多因素分析显示，SRSF2 突变 (HR = 3.5 [1.2, 10.0], p = 0.019) 和 DNMT3A 突变 (HR = 2.7 [1.5, 5.0], p = 0.002) 与较短的 RFS 显著相关；TET2 突变与较短的 RFS 和 OS 显著相关 (RFS: HR = 2.7 [1.3, 5.4], p = 0.006; OS: HR = 2.7 [1.1, 6.6], p = 0.029) 显著相关；而 IDH2 突变 (HR = 0.4 [0.2, 0.8], p = 0.009) 和 NRAS 突变 (HR = 0.4 [0.2, 0.8], p = 0.015) 与较长的 EFS 显著相关。在 NPM1mut/FLT3-ITDmut 组中，2 年的 EFS、RFS 和 OS 率分别为 42% (30, 54%)、52% (39, 65%) 和 73% (62, 84%)。WT1 突变与较短的 OS 显著相关 (HR = 4.0 [1.1, 14.4], p = 0.034)。此外，在两组患者中，较高的 LDH 水平和 CD34+HLA-DR- 原始细胞免疫表型与较短的 EFS、RFS 或 OS 显著相关。在 NPM1mut/FLT3-ITDwt 组中，男性、较高的白细胞计数、较低的血小板计数、较高的肌酐水平、较高的骨髓原始细胞比例与较短的 EFS、RFS 或 OS 显著相关；在 NPM1mut/FLT3-ITDmut 组中，较低的白蛋白水平与较短的 OS 显著相关。

结论 SRSF2 突变、DNMT3A 突变和 TET2 突变是 NPM1mut/FLT3-ITDwt AML 患者预后不良的因素。WT1 突变是 NPM1mut/FLT3-ITDmut AML 患者预后不良的因素。

OR-0125

基于单细胞转录组分析揭示急性混合系白血病的分子亚型及潜在治疗靶点

李科宁、黄斌、汪强虎、洪鸣
南京医科大学

目的 急性混合系白血病（MPAL）的五年生存率仅为 20-40%，目前尚无明确的治疗指南。由于缺乏分子分型标准，MPAL 患者的治疗敏感性和临床结局均存在较大差异。因此，迫切需要明确 MPAL 的分子亚型及各亚型适用的治疗策略，以改善患者预后并提供个性化治疗方案。

方法 本研究收集并分析了来自急性髓系白血病（AML）、T 细胞急性淋巴细胞白血病（T-ALL）、T/髓系混合系急性白血病（T/My MPAL）患者骨髓组织的近 25 万个单细胞的全转录组数据，并与正常供者进行了对比。通过细胞亚群分析、拟时分析、细胞群映射分析、细胞干性分析、功能富集分析等方法，识别出了 T/My MPAL 的新型分子分型，并采用免疫组化实验进行了验证。此外，评估了各分子亚型患者的生存时间和药物敏感性差异，探讨了预后较差亚型患者的潜在治疗策略。

结果 本研究发现，T/My MPAL 患者的恶性细胞可分为三种分子亚型，分别为 AML-like 型，ALL-like 型和 unique 型。其中，unique 型的 T/My MPAL 恶性细胞表现出更强的干性和静息性。值得注意的是，含 unique 型恶性细胞比例较高的 T/My MPAL 患者具有显著更差的预后，总体生存时间相比其他亚型更短。我们识别了每个分子亚型的特定分子标记，并在多个独立的公共数据集和免疫组化实验中得到了验证。此外，我们筛选出了针对每个分子亚型的潜在治疗药物，并在临床实践中进行了应用。

结论 本研究为 MPAL 的分子异质性提供了新的见解，并为患者提供了个性化诊断和治疗靶标。这些发现有望改善 MPAL 患者的预后，并推动个性化治疗策略的发展。

OR-0126

MRnet-MM：一种基于骨髓血涂片的多发性骨髓瘤 MRD 人工智能识别系统

王广琪¹、詹邦成²、吴梦雨²、陈万新¹、薛梅¹、文智慧¹、于凡凡¹、刘宏²、褚章波¹、孙春艳¹、胡豫¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 华中科技大学计算机科学与技术学院

目的 在多发性骨髓瘤（MM）的长期治疗维持过程中，检测微小残留病（MRD）对于判断患者预后情况及制定治疗策略有着重要价值。骨髓细胞形态学是评估 MM 患者临床疗效的重要方法，但是骨髓细胞的准确分类需要临床工作者受到长时间的训练，每张骨髓涂片人工分类的细胞数量也十分有限。此外，人眼难以准确分辨骨髓细胞形态学检测中的正常浆细胞与骨髓瘤浆细胞。本研究旨在开发一种能够完成 MM 患者骨髓细胞形态学检测以及识别骨髓瘤浆细胞的人工智能系统，使得 MM 患者在疾病随访过程中实现骨髓细胞形态学与 MRD 一步化智能检测，提高临床工作效率并减轻患者负担。

方法 本研究回顾性收集武汉协和医院血液科 2020-2024 年期间 300 例非淋巴系血液肿瘤患者治疗后达到缓解的骨髓血涂片和 300 例多发性骨髓瘤患者的骨髓血涂片，经过标准瑞氏染色后，通过深析智能 DeepCyto 平台识别合适扫描区域并进行 100 倍油镜下高分辨率扫描。在经过相关专家对细胞进行准确分类后，将图片进行分割、清洗，收集达到建立模型需求的各类有核细胞图片，包括正常浆细胞图片 269 张和骨髓瘤浆细胞图片 477 张，并使用前沿深度学习模型 YOLOv8 对各类细胞进行多轮学习。最后，建立交互平台 MRnet-MM，实现患者骨髓细胞形态学与 MRD 一步化检测与可视化。

结果 使用 MRnet-MM 预测 MM 患者 MRD 的准确率（ACC）达 94.34%，AUC 值达 0.974。

结论 本研究建立 MRnet-MM 交互平台，能够一步化完成多发性骨髓瘤患者骨髓细胞形态学与 MRD 检测。

OR-0127

免疫检查点受体在多发性骨髓瘤适应性自然杀伤细胞中的表达及临床意义

李昕、侯健

上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 探讨耗竭性免疫检查点受体（TIGIT、LAG3、CTLA4、PD-1）在多发性骨髓瘤 KLRC2⁺适应性自然杀伤细胞中的表达和临床生物学意义。

方法 选取 20 例健康人、20 例初诊多发性骨髓瘤患者和 10 例治疗后疗效评估达 VGPR 以上（包括）的多发性骨髓瘤患者，分别作为健康对照组、初诊骨髓瘤组和治疗后组，采用流式细胞术分别检测三组 NK 细胞占淋巴细胞比例、KLRC2⁺适应性 NK 细胞占总 NK 细胞比例以及免疫检查点受体（TIGIT、LAG3、CTLA4、PD-1）胞膜蛋白表达情况。继续随访 20 例初诊骨髓瘤患者 3 疗程治疗并判定疗效后，比较不同疗效多发性骨髓瘤患者 TIGIT、LAG3、CTLA4、PD-1 表达情况，评估各指标对多发性骨髓瘤患者疗效的预测价值。

结果 初诊多发性骨髓瘤患者外周血 NK 细胞总数显著低于健康对照（ $P=0.001$ ），但 KLRC2⁺适应性 NK 细胞比例和计数显著高于健康对照（ $P=0.0013$ ； $P=0.0076$ ）；相较于健康对照 KLRC2⁺适应性 NK 细胞，初诊多发性骨髓瘤患者 KLRC2⁺适应性 NK 细胞表面 TIGIT 表达显著增高（ $P=0.0002$ ）；在初诊多发性骨髓瘤患者中，相较于经典 KLRC2⁻ NK 细胞，KLRC2⁺适应性 NK

细胞表面 TIGIT 表达亦显著升高 ($P=0.0001$)；治疗后疗效评估达 CR 的患者，其初诊时外周血 KLRC2⁺适应性 NK 细胞中 TIGIT 表达显著低于未达到 CR 的患者 ($P=0.0489$)。

结论 免疫检查点受体 TIGIT 表达水平在多发性骨髓瘤患者和健康人 KLRC2⁺适应性 NK 细胞中存在差异，TIGIT 在多发性骨髓瘤患者 KLRC2⁺适应性 NK 细胞中表达水平对疾病疗效有一定的预测意义。

OR-0128

基于 AI 的 Morphogo 系统在骨髓细胞形态学检查 及血液病辅助诊断的应用

黄艳

山西医科大学第二医院

目的 通过对比人工镜检和基于人工智能 (Artificial Intelligence, AI) 技术识别骨髓细胞形态两种方法对七类临床常见造血和淋巴系统疾病患者骨髓涂片的检查结果，验证 Morphogo 系统人工智能分类骨髓细胞的准确性，为 AI 系统进一步优化提供数据，助力 AI 设备在临床工作中的推广应用。

方法 本文回顾性分析了 2018 年至 2020 年山西医科大学第二医院就诊的血液病患者 14465 例 (其中 2018 年 5010 例, 2019 年 4264 例, 2020 年 5191 例)，选取其中细胞形态特征较为典型的样本 115 例，其中免疫性减少性血小板紫癜 (ITP) 20 例，缺铁性贫血 (IDA) 11 例，巨幼细胞贫血 (MA) 17 例，慢性髓系白血病 (CML) 20 例，急性淋巴细胞白血病 (ALL) 17 例，急性早幼粒细胞白血病 (APL) 23 例，急性髓系白血病未分化型 (AML-M2) 7 例，通过人工镜检、AI 识别、AI 识别后人工校正三种方法对样本进行细胞计数和形态学分析，AI 校正和人工镜检是由一名工作十年以上、具有资深经验的细胞形态学专家完成。利用统计学方法分别验证人工镜检结果与 AI 识别结果、人工校正结果的一致性，分析 AI 校正和 AI 识别数据前后各种骨髓细胞数据变化差异。

结果 AI 识别组与人工镜检组数据比较中，IDA、ITP、CML、ALL 类的数据与人工镜检组的数据间 ICC 相关系数均大于 0.85，一致性极好，APL、AML-M2、MA 类人工识别组数据与人工镜检组的数据间 ICC 相关系数虽在 0.75 到 0.85 之间 ($ICC=0.761 < 0.85$, $ICC=0.618 < 0.75$, $ICC=0.771 < 0.85$)，一致性一般，但经过细胞形态学专家校正后的 AI 校正组数据与人工镜检组数据间 ICC 相关系数可大于 0.85 达到一致性极好 ($ICC=0.996 \approx 1$, $ICC=0.998 \approx 1$)。

结论 对于 IDA、ITP、CML、ALL 类病例，AI 识别组与人工镜检组间数据无统计学差异，Morphogo 系统在 IDA、ITP、CML、ALL 类病例的检查中可以胜任临床工作。对于 APL、AML-M2、MA 类病例，AI 识别组数据和人工镜检组数据间的差距较大，准确性还不够高，说明 Morphogo 系统对原始细胞、淋巴细胞、中晚巨红细胞等的识别分类还不够清晰；但 AI 数据经细胞形态学专家校正后，AI 校正组数据与人工镜检组数据间的一致性大大提升，符合临床要求，可以投入到临检工作中辅助人工检查。

OR-0129

光学基因组图谱 (OGM) 联合 NGS 对白血病进行精准遗传学危险度分层

王琴荣

苏州大学附属第一医院

目的 利用光学基因组图谱技术 (OGM) 联合 NGS 检测对恶性血液病 AML 和 ALL 进行基因组变异

评估，对患者进行精准的危险度分层。

方法 OGM 技术通过提取基因组超长片段 DNA 后利用 DLE 酶对基因组特定位点和骨架进行标记染色后通过纳米孔通道毛细管电泳将 DNA 拉直后将线性 DNA 拍照，而后将图像转换为数字信号，拼接 DNA 的结构与参考基因组进行比对，从而识别 DNA 的结构变异和拷贝数变异及杂合型状况。该方法分辨率为 500bp，无法识别短片段的 DNA 异常。联合 NGS 技术可识别基因组的所有变异。该实验纳入 29 例 AML 和 6 例 ALL 患者，根据 ELN2022 风险分层。

结果 1. OGM 检测到 35 例患者通过核型分析、FISH、RNA-seq 等方法检测到的所有分子遗传学异常，准确率达到 100%。

2. OGM 在 3 例患者中检测到常规检测方法未发现的新的结构变异如 Case29 中的 MLL-PTD，该患者的风险分层由中危组变为高危组；Case3 中，OGM 检测到核型分析中的 t(8;13)(p11;q11)/ZMYM2::FGFR1 还发现 t(1;9)(q42.3;p13.2)/ZBTB5::ARID4B；Case27 中发现了未报道的易位 t(1;7)(q31.2;q31.1)，断裂位点在非编码基因内。

3. OGM 给出了两例无分裂相患者的核型结果，并分别将其划为低危组和高危组。

结论 OGM 解决了传统细胞遗传学检测技术的一些局限性，能够更准确的检测到患者体内存在的结构异常，联合 NGS 可精准遗传学危险分层，这对白血病发病机制、治疗方案和靶向药物的开发具有重要意义。

OR-0130

内皮活化和应激指数对 B 细胞肿瘤 CAR-T 细胞治疗的预测作用

陈伟、胡瑾、陆丰艺、韩倩楠、高雯暇、赵欢欢
徐州医科大学附属医院

目的 探究内皮活化和应激指数(Endothelial Activation and Stress Index , EASIX)对嵌合抗原受体 T 细胞 (Chimeric Antigen Receptor T cell, CAR-T) 疗法的疗效及细胞因子释放综合征 (Cytokine Release Syndrome, CRS) 预测作用。

方法 纳入于徐州医科大学附属医院血液内科行 CAR-T 细胞治疗的复发难治性 B 细胞肿瘤患者 70 例，计算 log2mEASIX，根据 ROC 曲线选取截断值为 5.443，分为低 mEASIX 组 (42 例) 和高 mEASIX 组 (28 例)，回顾性分析预处理前 (-7d) 内皮活化与应激指数对 CAR-T 细胞疗效及 CRS 的预测作用。

结果 (1) 高 mEASIX 组的总生存期 ($P < 0.01$) 及无进展生存期 ($P = 0.009$) 明显低于低 mEASIX 组。(2) 高 mEASIX 组 CRS ≥ 2 级的发生率明显高于低 mEASIX 组 ($P = 0.007$)。(3) CAR-T 治疗后缓解程度 ($P = 0.001$)、CRS 发生与否 ($P = 0.041$)、预处理前乳酸脱氢酶水平 ($P = 0.046$)、预处理前 mEASIX 水平 ($P = 0.047$) 是影响 CAR-T 细胞治疗患者总生存期的独立因素。

结论 预处理前 EASIX 评分能够预测接受 CAR-T 细胞治疗的复发难治性 B 细胞肿瘤患者的总生存期及 CRS ≥ 2 级的发生率。

OR-0131

Deciphering the Structural Variants in B Cell Acute Lymphoblastic Leukemia by Optical Genome Mapping

Ming Liu¹, Yang Zhang², Xue Chen¹, Fang Wang¹, Jiaqi Chen¹, Panxiang Cao¹, Xiaoli Ma¹, Jiancheng Fang¹, Xiaosu Zhou², Tong Wang¹, Hongxing Liu^{1,2}

1. 检验医学科

2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

Objective Structural variants (SVs) of the genome play a key role in the leukemogenesis and development of B cell lymphoblastic leukemia (B-ALL), including gene deletion, amplification, translocation, and other forms. Methods for analyzing SVs and CNVs include karyotype analysis, fluorescence in situ hybridization, gene chips, and high-throughput gene sequencing technologies. Optical genome mapping (OGM) is a novel ultra-long single-molecule DNA detection based high throughput SVs analysis technology, which has the characteristics of whole genome coverage, high detection incidence and sensitivity. There were few publications presenting technical concordance of SVs detection between karyotyping and OGM, and there are no systematic studies comparing the concordance of OGM and RNA-seq in detecting gene fusion. This study aimed to compare the concordance of OGM and RNA-seq in the detection of fusion genes in B-ALL cases, and the additional findings using OGM technology.

Methods Bone marrow aspirates of 70 patients with newly diagnosed or relapsed/refractory B-ALL were recruited into the study. All samples were conducted with both OGM and transcriptome sequencing (RNA-seq). Among these cases, 42 males and 28 females, 30 pediatric (< 18 years) and 40 adults (\geq 18 years) cases, ages ranged 4-60 years (median 16 years).

Results Totally 50 gene fusions were reported in 48 cases, with 2 cases each carrying two fusion genes (BCR::ABL1/PAX5::ELK3 and P2RY8::CRLF2/PAX5::GSE1, respectively). OGM and RNA-seq have complete concordance in reporting gene fusions, and OGM provides further insight into the genomic events that lead to gene fusion.

A subtype of B-ALL characterized by UBTF microdeletion leading to UBTF::ATXN7L3 fusion and PAN3 downstream deletion-induced CDX2 aberrant expression has been reported recently, and has been accepted by the International Consensus Classification as a novel molecular subtype of UBTF/CDX2 of B-ALL^{5,6}. We performed the OGM investigation on 6 UBTF/CDX2 cases which were identified by RNA-seq. OGM identified both microdeletion events in all 6 cases, and further reported 1q amplification in 3 of them.

B-lymphocyte differentiation-associated transcription factor gene defects are common and important genetic abnormalities in B-ALL, often manifested as complete or partial deletion of genes⁷. We focused on a panel including 30 genes in the OGM data and determined IKZF1 deletion in 35 patients, CDKN2A/B deletion in 32 patients, and PAX5 deletion in 25 patients. Follow-up data showed that patients with CDKN2A/B deletion had a worse prognosis than those without CDKN2A/B deletion ($P = 0.025$).

Conclusion This is the first B-ALL cohort to systematically compare OGM and RNA-seq in gene fusion detection, and the result showed complete consistency. RNA-seq has significant advantages in analyzing gene fusion transcripts, while OGM has technical advantages in analyzing SVs at the genome level. Combining the two technologies can accurately analyze gene fusion and other SVs in B-ALL, significantly improve the detection rate of SVs with important pathological/diagnostic classification significance, and may bring new discoveries on SVs and pathogenic mechanisms.

OR-0132

The Value of Peripheral Blood Lymphocyte Subsets in Predicting the Prognosis of Newly Diagnosed Multiple Myeloma

Zhaoyun Liu, Xianghong Zhao, Rong Fu
Department of Hematology, Tianjin Medical University General Hospital

Objective To explore the value of peripheral blood (PB) lymphocyte subsets in predicting prognosis in newly diagnosed multiple myeloma (NDMM) patients.

Methods 133 patients were included. We used LASSO regression to select the predictors from PB lymphocyte subsets. Best cut-off values were calculated by ROC analysis. Based on the multivariate analysis, we build a nomogram. Concordance index (C-index) and a calibration curve were used to measure the predictive performance of the nomogram. Kaplan-Meier curves and log rank test were used for analyzing overall survival and progression-free survival.

Results We select the percentage and the abundance of CD16+CD56+ NK cells, the abundance of CD3+ T cells, CD8+ T cells, CD19+ B cells. Based on the coefficient, we calculated the immune risk score. The AUC of the immune risk score was 0.737 while the best cut-off value was -1.834 and divided patients into two groups. The 3-year OS rate is 87.4% vs 49.0%, 3-year PFS rate is 70.1% vs 34.3%. By using multivariate analysis, serum calcium, high-risk chromosomal abnormalities and immune risk score were selected and built the nomogram. The C-index was 0.793. The calibration curve showed good ability in predicting prognosis. The nomogram distinguish patients in different staging system (ISS I - II 3-year OS rate 97.2% vs 63.6%, ISS-III 3-year OS rate 88.4% vs 56.9%, R-ISS I - II 3-year OS rate 89.6% vs 63.9%, R2ISS I - II 3-year OS rate 94.7% vs 57.1%, R2ISS III-IV 3-year OS rate 92.6% vs 60.5%, $P=0.003$).

Conclusion The findings suggested that lymphoid subsets have prognostic value in NDMM patients and might be a potential factor in distinguishing patients at different risk.

OR-0133

Whole-genome DNA methylation landscapes and viral DNA integration in children with chronic active EBV infection

Ran Wang

Beijing Key Laboratory of Pediatric Respiratory Infection diseases, Key Laboratory of Major Diseases in Children, Ministry of Education, National Clinical Research Center for Respiratory Diseases, Research Unit of Critical Infection in Children, Chinese Academy of Medical Sciences, 2019RU016, Laboratory of Infection and Virology, Beijing Pediatric Research Institute, Beijing Children's Hospital, National Center for Children's Health, Capital Medical University, Beijing 100045, China

Objective The study aims to investigate the methylation characteristics of the EBV genome and the host genome in patients with chronic active EBV infection (CAEBV) using whole-genome DNA methylation sequencing and viral integration analysis to better understand the role of EBV in the progression of CAEBV.

Methods Whole-genome EBV DNA methylation sequencing and viral integration analysis were performed on samples from 24 CAEBV patients. The results were compared with those from patients with infectious mononucleosis (IM). DNA methylation sequencing technology was used to analyze the methylation status of the EBV genome, and viral integration analysis identified the integration sites and characteristics of EBV in the host genome.

Results EBV Genome Methylation: The EBV genome exhibited global hypermethylation in CAEBV patients compared to IM patients.

Host Genome Methylation Characteristics: Unique DNA methylation signatures were observed in the host genome of CAEBV patients in comparison with controls. Specifically, the tumor-suppressor genes E2F1 and PTPN6 were hypermethylated in CAEBV patients, and their transcript levels were lower than those in the IM group.

Integration Breakpoints: The number of integration breakpoints was significantly higher in CAEBV samples than in IM samples. These breakpoints were frequently located at EBNA-LP, EBNA 1, and BZLF1 regions of the EBV genome in CAEBV patients.

Integration Sites in Host Genome: EBV showed a strong tendency to integrate into vulnerable regions of the human genome, particularly near cancer-related and DNA damage-related genes in CAEBV samples.

Conclusion The study defines the DNA methylation and integration landscapes of EBV at a genome-wide level in CAEBV patients. The findings provide new insights into the role of EBV in CAEBV progression, highlighting the potential impact of EBV DNA hypermethylation and specific integration sites on the host genome, which may contribute to the poor prognosis associated with CAEBV.

OR-0134

大剂量地西他滨强化方案(MegaDAC)较 Bu/Cy 方案改善高危 MRD+患者生存:一项多中心前瞻性 II 期研究(NCT03793517)

郑浩¹、闫晨华^{1,2}、刘竞¹、张圆圆¹、莫晓冬^{1,2}、孙于谦^{1,3}、王昱^{1,2}、许兰平¹、张晓辉¹、黄晓军^{1,2,3}、吕萌¹

1. 北京大学人民医院

2. 北京市清河医院

3. 北京陆道培血液病医院

目的 造血干细胞移植前高危残留阳性(如 KMT2A-r, 即 MLL 基因等)的急性髓系白血病(AML)患者行 Bu/Cy 方案移植后复发率较高(>50%)。多中心、单臂、前瞻性 II 期试验(NCT03793517)研究“大剂量 400mg/m²”地西他滨强化预处理方案用于移植前高风险 MRD 阳性急性髓系白血病 (AML) 患者的有效性和安全性。

方法 入排标准: 1) 高危 AML (ELN2017) 移植前存在异常基因(KMT2A-r, DEK, etc.)MRD 阳性; 移植前存在高水平 MRD, 即与初诊相比, 移植时异常基因(RUNX1:RUNX1T1, etc.)的减少 $\leq 2\log$ 。2) 年龄 ≥ 18 ;无造血干细胞移植史; ECOG 0-2, HCT-CI 0-3。预处理方案: -12~-11 天使用大剂量地西他滨 (200mg/m²/day), 随后进行 BU/CY 方案。主要终点: 累积复发率(CIR)。在 R4.21 中构建竞争风险分析和实时 Cox 模型。

结果 2018.12-2023.2 期间, 21 名患者接受造血干细胞移植 (全合 2 名, 单倍体 19 名)。其中 KMT2A-r 患者 13 名, 高危基因 DEK::NUP214 等 (>1%) 6 名, 高负荷基因 RUNX1::RUNX1T1 (>10%) 5 名。移植后中位随访时间为 19(4.6-58)个月。中性粒细胞 30 天 (中位 13 天) 植入率为 100.0%, 血小板 100 天 (中位 21 天) 植入率为 95.2%;所有患者 HSCT 后流式检测 MRD 均为阴性。MegaDAC 方案耐受性良好, 围植入期无不可逆 III-IV 级毒性。主要终点:2 年 CIR5.6% (95%CI: 0.3-23.3)。次要终点:2 年 NRM4.8% (0.3-20.2), LFS89.6% (77-100), OS89.3%(76.2-100)。移植后 1 个月, 伴有异常基因的白血病负荷(log10)减少 3.6(1.3-5.1)。配对移植前 KMT2A-r $\geq 0.1\%$ 的患者共计 84 例, MegaDAC 方案显著降低移植后复发率 (43.3% vs. 18.0%, p=0.01), 改善 LFS (43.3% vs. 73.8%, p=0.045) 和 OS (46.7% vs.76.2%; p=0.044)。多因素分析提示 MegaDAC 方案是降低复发 (HR 0.37, p=0.043), 改善 LFS(HR 0.43, p=0.044)、OS(HR0.39, p=0.034)的独立危险因素。

结论 与 Bu/Cy 方案相比, MegaDAC (地西他滨 400mg/m²)是一种可提高根除 HSCT 前 MRD 并减少 HSCT 后复发的新型方案。

OR-0135

人脐带间充质干细胞治疗激素耐药的 II-IV 度 aGVHD 患者的多中心、随机双盲、平行、安慰剂淋巴细胞亚群变化的探索性研究

陈胜、钱坤、王楠、葛冬雪、窦立萍、刘代红
中国人民解放军总医院第一医学中心

目的 依托人脐带间充质干细胞治疗激素耐药的 II-IV 度 aGVHD 患者的多中心、随机双盲、平行、安慰剂对照的 II 期临床试验，探究真实人体环境下，回输间充质干细胞后较对照组对淋巴细胞亚群分化、增殖的差异。

方法 在回输间充质干细胞后的四个时间点(predose,D15,D28,D56),对试验组和对照组患者签署知情同意后留取血液标本进行淋巴细胞亚群以及四种免疫细胞亚群(Th1、Th2、Th17、Treg)的流式细胞术检测。因启动间充质干细胞治疗时患者的免疫重建基础不一致，对流式检测数据进行数学转换，分成 predose 至 D15，predose 至 D28，predose 至 D56 三个时间段，比较三个时间段试验组与对照组淋巴细胞亚群以及四种免疫细胞亚群的变化差异。

结果 四种淋巴细胞：间充质干细胞回输后 Th1 比例下降更为明显，Th2 比例明显增高，MSCs 回输后减少了 Th17 细胞比例，而在对照组表现为增加，在 predose 至 D15 两组变化有统计学差异 ($P=0.018$)，MSCs 显著增加 Treg 比例，两组在 predose 至 D28、predose 至 D56 变化值有统计学差异 ($P=0.043$ ， $P=0.001$)。

淋巴细胞亚群：MSCs 逆转了 CD3+T 淋巴细胞快速下降的趋势，对 CD4+T 淋巴细胞持续稳定地呈抑制作用。

MSCs 逆转了 CD8+T 淋巴细胞快速下降的趋势，试验组与对照组在 predose 至 D15、predose 至 D28、predose 至 D56 三个时间段变化值均有统计学差异 ($P=0.05$ 、 $P=0.049$ 、 $P=0.028$)。

结论 与前期基础实验与体外实验结果一致，在真实人体环境中，间充质干细胞回输后患者的淋巴细胞亚群较对照组有明显差异，证实了间充质干细胞具有良好的免疫调节作用，对于促进炎症的淋巴细胞亚群，间充质干细胞主要呈现抑制作用，对于抗炎以及维持免疫平衡的淋巴细胞亚群，间充质干细胞主要呈促进作用。

OR-0136

Application of Olverembatinib, a Third-Generation TKIs in The Prophylaxis Relapse of Adult Philadelphia Chromosome-positive Leukemia post HSCT

Han Yao^{1,2,3}, Cheng Zhang¹, Qing Wen¹, Xu Tan¹, Lu Zhao¹, Yuqing Liu¹, Ting Chen¹, Jia Liu¹, Li Li¹, Lidan Zhu¹, Jia Liu¹, Lu Wang¹, Shichun Gao¹, Huanfeng Liu¹, Gao Lei¹, Yimei Feng¹, Xi Zhang¹

1. Medical center of hematology, Xinqiao hospital, Army medical university

2. Chongqing Key Laboratory of Hematology and Microenvironment

3. State Key Laboratory of Trauma and Chemical Poisoning

Objective Allogeneic hematopoietic cell transplantation (allo-HSCT) can potentially cure Philadelphia chromosome-positive (Ph+) acute lymphoblastic leukemia (ALL), but relapses often occur and are the leading cause of death. To prevent these relapses, one approach is the use of tyrosine kinase inhibitor (TKI) maintenance after HCT. Application of olverembatinib, a third-generation TKI in the prophylaxis of adult Ph/BCR-ABL1-positive acute lymphoblastic leukemia post HSCT.

Methods Retrospective analysis of 35 Ph+ ALL patients who received olverembatinib for recurrence prevention after hematopoietic stem cell transplantation, collecting clinical characteristics, transplantation information, and follow-up of survival after transplantation, occurrence of GVHD and recurrence of the disease.

The diagnostic criteria are based on the WHO leukemia classification from 2016. The final follow-up date was 2024-6-5. The Declaration of Helsinki and the principles for good clinical practice were followed when conducting the study. Participants provided written informed permission, and the Ethics Committee approved the retrospective analysis's exemption from ethical approval.

Overall survival (OS) was the primary study endpoint. Secondary endpoints were Leukemia-free survival (LFS). All endpoints were measured from the date of transplantation. All tests were two-sided with a type 1 error rate fixed at 0.05. Statistical analyses were performed with R 4.3.2 (R Core Team (2024). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>)

Results Totally 35 cases were included, with median age: 36 years [IQR: 29.00, 51.50], of which 21 (60%) were male and 14 (40%) were female. As for the clinical features of immune type: B cell dominated were 24 (68.6%), B cell with myeloid cell expression was 10 (28.6%), B cell with both T cell and myeloid cell expression was 1 (2.9%). Prior to HSCT, the median number of chemotherapy cycles was 3 [IQR: 3, 5]. Of those, 32 (91.4%) had a complete response (CR); 3 (8.6%) did not; 9 (25.7%) had a positive MRD status; the remaining 26 (74.3%) had a negative MRD status; and 5 (14.3%) had extra-medullary disease. Usage of TKI prior to HSCT: 9 (25.7%) used dasatinib, while 5 (14.3%) used OLV as a first-line treatment. II-IV acute graft versus host disease (GVHD) was present in 3 (8.0%), and clinical chronic GVHD 6 (17.1%). With a median follow up of 406 days (range 88-791), 31 were alive (88.6%), 4 died (11.4%), 2 year OS was 97.1% and 2 year LFS were 77.1%. 8 cases developed relapse, with 2 were central nervous system leukemia (CNS-L) relapse and 1 was extra-mendullary relapse and 5 cases developed bone marrow relapse.

Conclusion Olverembatinib is a beneficial prophylactic treatment for adult Ph/BCR-ABL1-positive acute lymphoblastic leukemia following allo-HSCT.

OR-0137

大剂量阿糖胞苷联合伊达比星作为急性髓性白血病 (AML) 首次完全缓解后的巩固治疗：一项开放标签、 多中心、随机化 III 期临床试验

冯子楠、张钰、刘启发
南方医科大学南方医院

目的 目前关于在巩固治疗中添加蒽环类药物是否获益仍存在争议。本研究旨在评估大剂量阿糖胞苷 (HDAC) 单药方案和大剂量阿糖胞苷与伊达比星 (IA3+3) 的联合方案作为 AML 患者首次巩固治疗的疗效和安全性。

方法 我们在中国的 16 家医院进行了一项开放标签、随机化 III 期临床试验。符合条件的 AML 患者，在诱导治疗后达到完全缓解，被随机分配 1: 1 接受 IA3+3 方案 (伊达比星 10mg/m², 第 1-3 天, 阿糖胞苷 2g/m² q12h, 第 1-3 天) 或 HDAC (阿糖胞苷 3g/m² q12h, 第 1-3 天) 方案作为首次巩固治疗。主要终点是在首次巩固治疗结束后第 28 天的微小残留病 (MRD) 阴性率。次要终点包括复发率、3 年总生存率 (OS)、无病生存率 (DFS)、不良事件 (AEs) 和治疗相关死亡 (TRM)。

结果 2018 年 11 月至 2021 年 12 月, 共有 407 名年龄在 18 至 60 岁之间, ECOG 评分 ≤ 2, 经诱导治疗后达到首次完全缓解 (CR1) 的患者被纳入本研究。患者随机分配接受 IA3+3 (n=204) 或 HDAC 方案 (n=203)。首次巩固后 IA3+3 和 HDAC 组第 28 天的 MRD 阴性率分别为 66.8% 和

54.3% (P=0.010)。中位随访时间为 37.3 月 (IQR, 33.9-40.7), 3 年复发率分别为 22.6%和 34.0% (P=0.014), 3 年 DFS 分别为 68.4%和 52.9% (P=0.003), 3 年 OS 分别为 75.5%和 69.6% (P=0.18), 3 年 TRM 分别为 8.8%和 13.0% (P=0.23)。两组桥接异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 的人数分别为 87 和 114 人 (P=0.0064)。在首次巩固结束后 28 内, IA3+3 组发生 3 级及更高级感染的比例显著高于 HDAC 组 (P=0.041), 并且 IA3+3 组出现 1 例 5 级感染。在其他不良事件中两组未见显著差异。

结论 与 HDAC 方案相比, 在 CR1 的 AML 病人中, IA3+3 方案加强了缓解深度, 降低复发并且是可耐受的。这种更深度的缓解进一步转化为治疗优势, 在不牺牲 OS 的情况下, 减少了桥接 allo-HSCT 的病人数量。对 CR1 的 AML 病人而言, IA3+3 方案可能是一种合适的巩固治疗方案。

OR-0138

Zuberitamab, an innovative anti-CD20 monoclonal antibody, for patients with primary immune thrombocytopenia in China: a randomized, double-blind, placebo-controlled, phase 2 study

Jinhui Shu¹, Min Xu¹, Shenxian Qian², Jingming Guo³, Yuping Gong⁴, Zeping Zhou⁵, Ruibin Huang⁶, Shuye Wang⁷, Guolin Yuan⁸, Meijuan Huang⁹, Li-E Lin¹⁰, Shifeng Lou¹¹, Yanping Song¹², Qingchi Liu¹³, Hu Zhou¹⁴, Heng Mei¹, Yu Hu¹

1. 武汉协和医院血研所
2. 杭州市第一人民医院
3. 宜昌市中心人民医院
4. 四川大学华西医院
5. 昆明医科大学第二附属医院
6. 南昌大学第一附属医院
7. 哈尔滨医科大学附属第一医院
8. 襄阳市中心医院
9. 福建医科大学附属协和医院
10. 海南省人民医院
11. 重庆医科大学附属第二医院
12. 西安市中心医院
13. 河北医科大学第一医院
14. 河南省肿瘤医院

Objective Primary immune thrombocytopenia (ITP) is an autoimmune disease, and rituximab (RTX) induces long-term effect as second-line treatments. Zuberitamab is an innovative anti-CD20 monoclonal antibody, which was first developed in China and launched in diffuse large B lymphoma. This study aimed to investigate the safety, efficacy, and anticipated therapeutic dose of zuberitamab in Chinese ITP patients.

Methods This randomised, double-blind, placebo-controlled, phase 2 study was conducted at 26 hospitals in China. Eligible patients were aged 18–70 years, had primary immune thrombocytopenia for more than 6 months, and did not respond or relapsed after previous treatment and had a pre-treatment platelet count of $<30 \times 10^9/L$. Patients randomly received zuberitamab in a dose escalation (100/300/600 mg) or placebo once-weekly for 4 weeks and followed up to 24 weeks. The primary endpoint is the proportion of patients with a platelet count $\geq 50 \times 10^9/L$ at week 8. Secondary endpoints include the proportion of patients with platelet counts $\geq 50 \times 10^9/L$ or $\geq 100 \times 10^9/L$ at least once within week 12/24, the proportion of patients experiencing platelets increased twice more than baseline as well as $\geq 30 \times 10^9/L$ at least once during the treatment. Adverse events, pharmacokinetic, B cell depletion and immunogenicity were also assessed. This study is registered with <https://www.chictr.org.cn/> as ChiCTR2100050513.

Results From October 2021 to March 2023, 50 patients were screened for eligibility, of whom 32 patients were enrolled and randomly assigned to placebo (n=4), zuberitamab 100 mg (n=10), 300 mg (n=8) and 600 mg (n=10) groups. The primary endpoint (PLT \geq 50 \times 10⁹/L at week 8) was achieved by 40% of patients in the 100 mg group, while none in the other groups. Within 12 weeks, the proportions of patients in each treatment group achieving at least one instance of platelet count \geq 50 \times 10⁹/L or \geq 100 \times 10⁹/L or an increase twice more than baseline as well as \geq 30 \times 10⁹/L were (70%, 38%, 50%), (60%, 13%, 30%), and (80%, 50%, 70%) in zuberitamab 100/300/600 mg groups, respectively. By week 24, the proportions of patients achieving these secondary endpoints remained relatively stable or showed a mild increase of around 10%. The anticipated therapeutic dose of zuberitamab was 100 mg. The plasma concentration of zuberitamab showed an increasing trend with dose (100mg~600mg) and linear pharmacokinetic behavior. CD19+ B cells and CD20+ B lymphocytes rapidly declined to 0% within one week and consistently maintained reduced levels throughout the entire treatment phase in three groups. Adverse events occurred in all patients with most of them were mild to moderate, no severe infections occurred. A slight decrease in immunoglobulins was observed in the 600 mg group, but gradually recovered at week 20. Three patients (2 in 100mg and 1 in 600mg group) were tested positive for anti-zuberitamab antibodies. We also observed that women, disease duration <12 months, and MAIPA+ patients may have higher response rates.

Conclusion This study preliminarily confirmed that 100mg zuberitamab was safe and effective in treating ITP and was recommended to support further investigation.

OR-0139

奥托珠单抗治疗复发性 iITP 的探索性研究

殷杰、李云、田竑、何海菊、吴德沛、余自强

国家血液系统疾病临床医学研究中心，江苏省血液研究所，苏州大学附属第一医院，国家卫生健康委员会血栓与止血重点实验室

目的 免疫性血栓性血小板减少性紫癜 (iTTP) 是由于产生 ADAMTS13 抗体，引起 ADAMTS13 数量减少或功能缺陷，而导致严重的血栓性微血管病。复发性 iTTP 虽然罕见，但病情凶险、病死率高，需要临床医师快速地给出合适的治疗方案。指南推荐利妥昔单抗联合激素、血浆置换、卡普赛珠单抗作为 iTTP 的一线治疗，但对于复发性 iTTP 的治疗尚无推荐。本研究拟初步探讨奥托珠单抗治疗复发性 iTTP 的疗效及安全性。

方法 本研究纳入 3 例复发性 iTTP 患者，采用激素、奥托珠单抗联合血浆置换（或免疫吸附）治疗。收集患者的临床特征、实验室检查结果和治疗经过，评估患者的疗效及副作用，并随访患者的长期疗效。

结果 3 例 iTTP 患者均为复发患者，1 例第 5 次复发，2 例第二次复发。之前均接受过激素、硼替佐米和利妥昔单抗治疗，有 1 例患者因利妥昔单抗输液过程中出现低血压停药。复发时中位血小板数 15 (6-30) \times 10⁹/L，中位乳酸脱氢酶 432 (294-482) U/L，两例患者合并肾功能损害，1 例患者有神经系统异常。3 例患者复发时 ADAMTS13 活性均为 0，抑制物阳性。2 例患者奥托珠单抗 1000mg d1,15 治疗 1 个疗程，1 例患者仅使用 1 次奥托珠单抗 1000mg。治疗后 3 例患者均获得完全缓解 (CR)。曾使用利妥昔单抗出现低血压的那例 TTP 患者，奥托珠单抗治疗未出现输液反应和过敏反应。中位随访时间 7 (3-12) 个月，3 例患者至今均处于 CR，未观察到感染、复发等不良反应。

结论 以奥托珠单抗为基础的联合治疗，成功诱导 ADAMTS13 抑制物转阴，使得 TTP 再缓解，可为复发性 iTTP 患者提供一个新的选择。

OR-0140

维奈克拉联合标准诱导、巩固方案治疗初治急性髓系白血病

毛玥莹、沈恺妮、常龙、魏冲、张路、王为、杨辰、蔡华聪、冯俊、王孜、李剑
中国医学科学院北京协和医院

目的 探索维奈克拉联合标准“3+7 方案”强化化疗（DAV 方案）诱导、维奈克拉联合大剂量阿糖胞苷方案（HAV）巩固治疗急性髓系白血病（AML）的疗效和安全性。

方法 收集 2022 年 1 月至 2024 年 3 月期间北京协和医院确诊，并使用维奈克拉联合标准 DA60 方案诱导治疗、维奈克拉联合大剂量阿糖胞苷巩固治疗的初治非急性早幼粒细胞白血病的 AML 患者的临床资料。

结果 使用 DAV 方案诱导治疗的 AML 患者共 48 例，60 岁及以上患者 14 例。48 例患者中，40 例为原发性 AML，8 例为继发性或治疗相关性 AML；高危、标危、低危患者分别为 11 例（22.9%）、11 例（22.9%）、26 例（54.2%）。经过 1 程 DAV 方案诱导化疗，CR 率 83.0%，流式 MRD 阴性率（ $<0.1\%$ ）44.7%。中位粒细胞、血小板恢复时间分别为 21（16-34）天、20（12-31）天；化疗期间感染发生率 95.7%，出血发生率 14.9%，1 例患者因血流感染早期死亡。39 例 AML 患者进行了共 97 个疗程的 HAV 方案巩固化疗，中位疗程数为 3（1-5）程。中位粒细胞、血小板恢复时间分别为 16（14-22）天、15（12-21）天，感染发生率 89.2%，感染性休克死亡 1 例。目前中位随访 6（0.5-26.5）个月，6 例疾病复发、4 例死亡，中位 PFS、中位 OS 均未达到。

结论 维奈克拉联合标准诱导、巩固方案治疗初治 AML 有效，且安全性可控。

OR-0141

**泊沙康唑肠溶片预防造血干细胞移植患者侵袭性真菌病：
一项倾向性匹配队列研究**

曹佳欣、庞爱明、姜尔烈
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 评估造血干细胞移植（HSCT）患者应用泊沙康唑（POS）肠溶片预防侵袭性真菌病（IFD）的有效性和安全性。描述 HSCT 患者 POS 血药浓度的分布特征。

方法 研究纳入自 2020 年 12 月至 2022 年 5 月在中国医学科学院血液病医院完成 HSCT 的 144 名患者，移植后第 1 天至 90 天应用 POS 肠溶片预防 IFD，并监测血浆浓度。随后，我们倾向评分匹配获得 2018 年 1 月至 2020 年 12 月接受其他抗真菌预防治疗的回顾性队列作为对照。终点是移植后 90 天的 IFD 累积发生率。

结果 移植后 90 天，POS 肠溶片组的 IFD 累积发生率显著低于非 POS 肠溶片组（2.81% vs 7.69%； $P=0.044$ ）。两组肝脏不良事件的发生率无统计学差异（1.39% vs 3.14%； $P=0.278$ ）。移植后第 4、8、15、22 和 30 天的 POS 血浆平均浓度分别为 930.97ng/ml、1143.97ng/ml、1569.8ng/ml、1652.57ng/ml 和 1644.75ng/ml。

结论 POS 肠溶片组 IFD 的累积发生率更低。HSCT 患者的 POS 血浆浓度在用药 15 天趋于稳定。

OR-0142

恶性血液病患者复发性血流感染：一项多中心回顾性研究

唐亦舒、李昕
中南大学湘雅三医院

目的 恶性血液病患者复发性血流感染(BSI)的发生率及临床特点尚不清楚，本研究旨在分析恶性血液病复发性 BSI 的流行病学及危险因素，旨在为临床治疗提供参考。

方法 本回顾性研究纳入 2010 年 1 月至 2023 年 8 月湖南地区三家大型三甲医院恶性血液病诊断为血流感染患者临床资料，复发性血流感染定义为在血培养阴性和临床症状明显改善>7 天后再次出现感染症状或体征，伴或不伴相同病原菌检出。采用统计学方法回顾性分析与复发性 BSI 相关的临床特征、流行病学和危险因素。

结果 共 1153 名患者在研究期间内发生 1398 次血流感染，173 (15.0%) 出现复发性 BSI。患者的死亡率与复发次数明显相关，仅发生 1 次 BSI、发生 1 次 BSI 复发、发生 2 次及以上 BSI 复发患者的住院死亡率分别为 10.7%、19.0%、30.5% ($P<0.01$)。复发的 398 株病原菌中，G+菌占比较前明显减少 (28.4% vs 15.2%, $P<0.05$)，G-菌及真菌占比较前升高 (65.8% vs 75.9%, 5.9% vs 8.9%, $P>0.05$)，且病原菌对常见抗生素的耐药率较前升高。疾病状态未缓解、近 1 月未行化疗、出现呼吸衰竭为菌血症复发的独立危险因素。31.2% (54/113) 病原菌为表型相同病原菌复发，高达 85.2% (46/54) 的表型相同复发 BSI 病原菌为革兰氏阴性菌，表型相同病原菌复发中位时间与非表型相同病原菌复发中位时间无显著差异 (86.5d vs 81.0d, $P=0.783$)。分析临床常见病原菌的复发情况，结果显示，大肠杆菌的复发率高于肺炎克雷伯菌及铜绿假单胞菌 (45.5% vs 21.9% vs 20.0%)。经多因素分析结果显示，大肠杆菌、查尔森指数 ≥ 4 分为表型相同病原菌复发的独立危险因素。

结论 血流感染的复发在血液肿瘤患者中并不少见，血流感染的复发引起死亡率升高。对于血液肿瘤粒缺合并发热患者而言，复发病原菌警惕 G-菌复发感染，疾病状态未缓解、近 1 月未行化疗、出现呼吸衰竭为血流感染复发的独立危险因素。对于存在血流感染复发高危因素患者，初始经验用药需考虑耐药菌的覆盖。

OR-0143

**奥雷巴替尼联合 VP 方案治疗新诊断
成人 PH 阳性急性淋巴细胞白血病**

谭翔、陈果、马影影、王买红、文钦、刘红、张曦、张诚
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探索奥雷巴替尼联合 VP 方案治疗新诊断成人 PH 阳性急性淋巴细胞白血病 (PH+ALL) 的疗效及安全性

方法 前瞻性纳入我中心 2022 年 2 月~2024 年 2 月 28 例新诊断 PH+ALL 患者，予以奥雷巴替尼 (40mg QOD d1-28) 联合 VP 方案 (长春地辛 4mg/d1、8、15，泼尼松 1mg/kg/d1-14，后逐渐减量 28d 停药) 诱导治疗，诱导治疗后予以观察疗效及安全性；

结果 奥雷巴替尼联合 VP 方案诱导治疗结束后患者 CR 率达 100%，60% (17/28) 患者获得主要分子学反应 (MMR) 率；诱导治疗期间无治疗相关死亡，无患者因不良反应导致减量或停药，未观察到治疗相关非血液学不良反应；截至数据收集，除 2 例病人诱导治疗结束后失访，26 例患者均进入巩固治疗，77% (20/26) 的患者在 3 个月获得完全分子学缓解；中位随访 354 天，仅 1 例患者因移植并发症死亡，其他 25 例患者均存活且无疾病复发；

结论 奥雷巴替尼联合 VP 方案诱导缓解 Ph+ALL 安全有效，有助于提高患者早期完全分子学缓解率，有望提高 PH+ALL 患者的长期生存率。

OR-0144

DPP-4 抑制剂预防替代供者 allo-HSCT 后 aGVHD 的一项多中心随机对照研究：2 年随访结果

乔曼¹、张彦明²、缪扣荣³、周继豪⁴、仇惠英¹、王荧¹、薛胜利¹、韩悦¹、苗瞄¹、唐晓文¹、尤涛¹、吴小津^{1,5}、何雪峰^{1,5}、胡晓慧^{1,5}、马骁^{1,5}、陈苏宁¹

1. 苏州大学附属第一医院；国家血液系统疾病临床研究中心；江苏省血液研究所；
2. 淮安市第二人民医院
3. 江苏省人民医院
4. 深圳市人民医院
5. 苏州弘慈血液病医院

目的 评估西格列汀用于预防替代供体 allo-HSCT 后 aGVHD 发生的有效性及其安全性。

方法 我们开展了一项前瞻性、多中心、开放标签的随机对照研究（NCT05149365），来自全国的 5 个移植中心患者竞争入组。研究对象为 18-60 岁的恶性血液病患者，移植前处于 CR1 或 CR2，第一次接受 allo-HSCT 治疗，干细胞来源为单倍体亲缘或无关供体的 PB，均采用改良 Bu/Cy+rATG 方案进行预处理。计划纳入 190 例患者，按 1:1 平行随机分组。纳入对照组的患者接受标准预防方案（CNI、MTX、MMF）预防 GVHD；纳入实验组的患者，自-1d 至+14d 口服西格列汀 600mg BID 联合标准预防方案。主要研究终点是第 100 天的 II 至 IV 度 aGVHD。

结果 自 2021 年 12 月至 2023 年 5 月，共纳入 191 名患者，男女比例为 113:78，中位年龄为 38(18-60)岁，西格列汀组 95 例和对照组 96 例。两组 ITT 数据集患者的临床和移植特征基线平衡。随访至 2024 年 2 月 6 日或死亡、失访终止，中位随访时间为 529(21-776)天。西格列汀组与对照组比较，第 100 天 II-IV 度 aGVHD 的累积发生率分别为 15.9 (±3.9) % 和 32.0 (±4.8) % (P=0.009)，III 或 IV 度 aGVHD 累积发生率分别为 6.8 (±2.7) % 和 17 (±3.9) % (P=0.031)；西格列汀组较对照组明显降低。2 年 OS 分别为 89.4 (±3.3)% 和 91.6 (±2.9)%，P=0.732；2 年 RFS 为 85.0 (±3.9)% 和 80.0(±7.4)%，P=0.738；2 年 TRM 为 8.3 (±3.0)% 和 6.3(±2.5)%，P=0.715。2 年累积 cGVHD 发生率为 20.3 (±4.4) % 和 25.4 (±4.7) %，P=0.394；2 年 GRFS 为 65.8 (±5.1) % 和 55.0 (±5.9) %，P=0.166。此外，两组在巨细胞病毒再激活、EB 病毒再激活、中性粒细胞植入时间和移植相关并发症方面无显著差异。仅有 5/(95)例患者因 AE 停止西格列汀治疗。

结论 西格列汀明显降低了替代供者 allo-HSCT 后 aGVHD 的发生，经济安全。

OR-0145

A multi-center clinical trial of allogeneic hematopoietic stem cell transplants in transfusion dependent thalassemia

Hongwen Xiao,Zhenbin Wei,Meiqing Wu,Rongrong Liu,Yongrong Lai
The First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

Objective Graft-failure and graft-versus-host disease (GvHD) are barriers to success of allogeneic haematopoietic stem -cell transplants(allo-HSCT) in transfusion-dependent thalassemia. We previously reported a 3-year event-free survival (EFS) of 97% in 184

subjects transplanted with HLA-matched sibling donors . We now attempted to confirm these results also after allo-HSCT from alternative donors.

Methods A prospective, multi-center trial in subjects receiving transplants from HLA-matched sibling donors and alternative donors. Conditioning was with busulfan, cyclophosphamide, fludarabine and anti-thymocyte globulin. GvHD prophylaxis was cyclosporine, methotrexate (MTX) and mycophenolate mofetil (MMF) for recipients of matched sibling donors and tacrolimus, MTX and MMF for others. Primary endpoints were 2-year overall survival (OS) and EFS. The study was registered at www.clinical trials.gov (NCT04009525).

Results 823 subjects were transplanted with matched sibling donors (n=331),and alternative donors (matched unrelated donors,n=352; haploidentical related donors,n=140). 473 (57%) were male. Median age was 8 years (IQR 5-11 years). Median follow-up was 23 months (IQR 13-36 months). Two-year OS and EFS were both 97% (95% CI, 95, 99%) for matched sibling donors, 93% (91, 96%) for matched unrelated donors and 95% (92, 99%) for haploidentical related donors. The 2-year transplant-related mortality was 4.4% (95% CI, 3.0-5.9%) and graft-failure was <1%. In multi-variate analyses, OS and EFS were associated with recipient age > 15 years (HR 3.07, 95%CI 1.06–8.88; and 2.88,1.01–8.23); grade 2-4 acute GvHD (5.24, 2.70–10.20 and 4.56, 2.40–8.69) and previous splenectomy (3.36,1.49–7.54 and 3.15, 1.41–7.02).

Conclusion We report excellent 2-year OS and EFS after allo-HSCT in children and adolescents with transfusion dependent thalassemia using diverse donors. The risk of graft-failure was less than 1%. Allo-HSCT with alternative donors can be considered as a frontline option for TDT patients lacking matched sibling donors. Patients receiving alternative donors will also benefit from an improved GvHD-prophylaxis strategy.

OR-0146

A Novel JAK1 Inhibitor SHR0302 Combined with Prednisone for First-Line Treatment of Chronic Graft-versus-Host Disease: a Phase I Clinical Trial

Huiying Qiu¹, Xi Sun¹, Qiaomei He¹, Jiahua Niu¹, Ying Wang², Jun Yang¹, Chongmei Huang¹, Kun Zhou¹, Yin Tong¹, Yu Cai¹, Baoxia Dong¹, Liping Wan¹, Xianmin Song¹

1. Department of Hematology, Shanghai General Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China
2. Clinical Research & Development, Jiangsu Hengrui Pharmaceuticals Co., Ltd., Shanghai, China

Objective Chronic graft-versus-host disease (cGVHD) is a potentially life-threatening complication after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation. Standard steroid first-line treatment could not satisfy therapeutic needs due to limited efficacy. As a highly selective Janus kinase (JAK) 1 inhibitor, SHR0302 exhibits a reduced inhibition effect on JAK2, and might have less effect on hematopoiesis. This phase I clinical trial investigated the tolerability and safety of SHR0302 in combination with prednisone, and its early efficacy evidence as a potential first-line treatment to moderate/severe cGVHD.

Methods This was a single-center, open-label, and phase I study. The study enrolled patients who had a confirmed diagnosis of first-episode moderate/severe cGVHD requiring systemic immunosuppressive therapy after allo-HSCT with an age limitation of 18-70. cGVHD was defined according to 2014 national institutes of health (NIH) criteria. Patients were treated with SHR0302 plus prednisone daily. For every patient, prednisone was administered at an initial dose of 1 mg/kg/d, and was tapered according to patient's response after two weeks of treatment. Dose-escalation of SHR0302 was performed in a 3 + 3 design at doses of 1mg/d, 2mg/d, 4mg/d, 6mg/d, and 8 mg/d. The primary endpoint was safety and tolerability. The secondary endpoints included overall response rate (ORR; complete or partial response) at day 28 and week 24, proportion of patients with prednisone discontinuation, etc.

Results Eighteen patients were enrolled in the study. The median follow-up period was 20.7

months (95% CI 17.1-24.2). The median age of the patients was 47 years (range, 31-64). Eleven (61.1%) patients had severe cGVHD, and the other 7 had moderate cGVHD. Grade \geq 3 treatment-related adverse events were observed in 38.9% of patients. Only one patient developed DLT (grade \geq 3 hypercholesterolemia) in the highest dose-level group who had preexisting hypercholesterolemia. The maximum tolerated dose was not reached. No patient discontinued treatment due to AEs. 16 out of 18 patients were evaluable for responses, the ORR at week 4 and week 24 were 94.4% and 87.5%, respectively. Only one patient experienced mortality attributed to relapse of the primary hematological disorder. Prednisone was discontinued in 8 patients at week 24.

Conclusion In summary, the treatment of SHR0302 combined with prednisone was safe and well-tolerated, preliminary clinical results presented a high response for previously untreated cGVHD and a significant reduction in prednisone use in this study. A phase II trial will be conducted to further investigate its therapeutic effects clinically.

OR-0147

血液肿瘤患者发生 SARS-CoV-2 再感染： 一项前瞻性、多中心注册研究

李军¹、刘怡¹、张小梅¹、唐艺峰¹、张勇²、刘占术³、杨在亮⁴、丁瑶¹、雷海科¹、李杰平¹、吴永忠¹、刘耀¹

1. 重庆大学附属肿瘤医院
2. 重庆医科大学附属第三医院
3. 重庆医科大学附属永川医院
4. 重庆大学附属涪陵医院

目的 评估中国重庆地区血液肿瘤患者经历首次 Omicron BA.5.2 感染潮半年后 SARS-CoV-2 再感染的发生率、严重程度和危险因素

方法 我们在中国重庆 Omicron BA.5.2 感染潮期间（2022 年 11 月至 2023 年 1 月）进行了一项注册的多中心、前瞻性队列研究（ChiCTR2300071830）。对血液肿瘤队列(HMC)、健康对照队列(HCC) 和实体瘤队列 (SCC) 总计 620 例确诊感染病例随访 6 月。检测初次感染 3-6 周后的血清 anti-S-RBD IgG 水平。SARS-CoV-2 再感染通过病毒 PCR 确诊。主要研究结果是比较 HMC 和 HCC、SCC 之间的再感染发生率；次要研究结果是探讨血液肿瘤患者的 anti-S-RBD IgG 水平与再感染之间的相关性，以及确定 anti-S-RBD IgG 的 cutoff 值；探索性研究结果是血液肿瘤患者再感染的危险因素。另外，汇总分析血液肿瘤队列发生 SARS-CoV-2 再感染后的住院率、肺炎率、病死率等指标。

结果 随访 6 月，共纳入 572 例患者（HMC 432 例、HCC 108 例、SCC 32 例）。HMC 的再感染率为 31.5%，显著高于 HCC（17.6%， $P<0.01$ ），但与 SCC（18.8%， $P=0.19$ ）无统计学差异。在 HMC 中，非再感染组的中位 anti-S-RBD IgG 为 30.8 ng/mL，显著高于再感染亚组（19.4 ng/mL， $P<0.0001$ ）。Anti-S-RBD IgG 水平与 SARS-CoV-2 再感染的时间间隔之间存在正相关趋势，Spearman 相关系数为 0.4436（95% CI: 0.2929-0.5728， $P<0.0001$ ），anti-S-RBD IgG 预测再感染的 cutoff 值为 27.01 ng/mL。血液肿瘤患者 SARS-CoV-2 再感染的危险因素为：①既往接种(1-2)剂 COVID-19 疫苗（OR=2.03，95% CI: 1.18-3.48， $P=0.010$ ）、②既往未接种 COVID-19 疫苗（OR=2.25，95% CI: 1.25-4.04， $P=0.010$ ）、③Anti-S-RBD IgG 水平较低（ $<16.2\text{ng/mL}$ ）（OR=2.42，95% CI: 1.52-3.86， $P<0.001$ ）。发生 SARS-CoV-2 再感染后的 COVID-19 肺炎、住院率、ICU 入住率和病死率分别为 7.4%、10.3%、2.2% 和 0.7%。

结论 本研究发现血液肿瘤患者感染 Omicron BA.5.2 半年内 SARS-CoV-2 再感染率明显高于健康对照组，但严重程度明显减轻，探讨了再感染的危险因素并确定了预测再感染的 anti-S-RBD IgG 的 cutoff 值。本研究弥补了该领域国内研究空白，对防控血液肿瘤患者发生 SARS-CoV-2 再感染具有重要临床价值。

OR-0148

Carbapenem-resistant organism screening using Xpert® Carba-R reduces infection mortality in hematopoietic stem cell transplant patients

Chenjing Qian, Qiuling Wu, Jiaxin Hong, Wei Shi, Zhaodong Zhong, Fang Liu, Weiming Li, Zhipeng Cheng, Linghui Xia, Mei Hong

Institute of Hematology, Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective The emergence of carbapenem-resistant microorganisms (CRO) poses a major challenge to clinical infection control in hospitals. Patients undergoing hematopoietic stem cell transplants (HSCT) infected by CRO are at high risk of mortality. Proactive screening of HSCT patients for CRO colonization may enable early and accurate anti-infective therapy, reduce the probability of secondary infections, improve patient prognosis, and contribute to infection prevention and control measures.

Methods Two rectal swab specimens were collected from HSCT patients for both CRO culture (RS-culture) and Xpert Carba-R testing (RS-Carba-R). CRO colonization screening was performed on admission and weekly thereafter (study group). CRO-active antibiotics were provided on the first febrile episode of neutropenia (FN) if either screening method was positive. In the historic control group, HSCT patients were screened only by rectal culture prior to the study period. Clinical outcome data for CRO-associated colonization? and infection were collected and contrasted between the two groups.

Results During the study period, the point prevalence of newly detected CRO carriage in HSCT patients decreased from 22.3% in the survey beginning in August 2021 to 5.8% in the period beginning in August 2022. The univariate and multivariate analysis indicated that the Xpert Carba-R screening group had a shorter length of hospitalization than the historic group (OR 0.94, 95%CI 0.88-0.99, $p=0.038$) and CRO-related mortality was significantly lower in the Xpert Carba-R screening group than that in the historic group (OR 0.12, 95%CI 0.01-0.75, $p=0.021$).

Conclusion Our study showed a positive effect of screening based on immediate rectal swabs Xpert Carba-R for CRO, with reductions in infection mortality in HSCT patients. Xpert Carba-R screening can guide CRO-preemptive therapy of subsequent infection, which can improve patient outcomes.

OR-0149

恶性血液病患者 *B. gladioli* 血流感染的致病机制的研究

姚蓝、千晨静、李紫璇、谢岱蓉、吴秋玲、夏凌辉、洪梅

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 恶性血液病及造血干细胞移植患者因疾病本身、放化疗引起的血细胞减少、粘膜屏障受损及新型靶向药物使用引起的免疫紊乱，发生粒细胞减少性发热的比例明显增高，同时机会致病菌经受损的粘膜屏障入血，易造成血流感染（BSI）。其感染形势日趋严峻，且多重耐药性导致抗生素治疗疗效有限，患者病死率高，已成为目前临床抗感染治疗的全球性重大公共卫生问题。此外，机会致病菌在定植前从何而来，如何从源头消灭致病菌，也是当前血流感染研究关注的重点。

方法 利用纳米孔靶向测序技术（NTS）和飞行时间质谱技术（MALDI-TOF MS）分离培养出病原菌并鉴定。溯源采样和多位点序列分析（MLST）确认 *B. gladioli* BSI 的传染源和传播途径。全基因组测序分析临床 BSI 菌株的遗传特性，毒素基因簇分析及 LC-MS/MS 验证临床 *B. gladioli* XH202207 菌株、致死产毒株 CICC 25132 和非致病标准株 CGMCC 3360 间产米醇菌酸、毒黄素

能力的差别。体外培养上述三种菌株，开展病原菌致病性检测，生长能力和稳定性检测。开展体外药敏试验、耐药基因分析及体外耐药诱导实验验证 XH202207 菌株的潜在耐药性。

结果 2021 年 4 月-2022 年 8 月，我科先后在 14 名 FN 的恶性血液病患者筛查出一种罕见机会致病菌 *B. gladioli*，通过对其中 9 名患者开展溯源发现有 3 名恶性血液病患者血液、粪便和食物中检测出 *B. gladioli*。对其中一例患者的阳性溯源样本和其血培养分离培养的 *B. gladioli* 菌株进行 MLST 测序鉴定，确认患者 BSI *B. gladioli* 来自于被污染的食物经肠道定植入血。基因簇分析确认临床 *B. gladioli* 菌株与非致病标准株 ATCC 10248 仅具有米酵菌酸合成相关的关键基因簇 *bonA* 和 *bonB*，缺少 TF 转运相关的关键基因簇 *tonI*，液质证实 XH202207 菌株不产 BKA，产生微量的 TF。体外实验表明临床 XH202207 菌株生长缓慢，致病性较弱，但能生成较强的生物膜，耐热、耐紫外杀伤性强，使其能抵抗免疫吞噬、逃避宿主免疫攻击，在宿主肠道中定植存活。体外药敏实验发现 XH 202207 的非敏感抗生素种类数分别为 11/25，且对美罗培南、亚胺培南、多粘菌素的敏感性低。体外模拟 *B. gladioli* 抗生素治疗过程，发现 XH202207 能在美罗培南刺激下，产生耐药性。

结论 结合患者发热症状、检验指标和经验性抗生素治疗效果，确认 *B. gladioli* 为恶性血液病患者血液感染的致病菌。临床 *B. gladioli* XH202207 菌株缺乏产致死性毒素米酵菌酸和毒黄素的关键基因簇，不能产生毒素，且菌株生长缓慢、致病性较弱、稳定性强，这是其在机体免疫力低下，机会致病造成血流感染的关键原因。临床医师应合理使用抗生素，提高治疗效率，同时加强住院病人饮食管理，避免食源性感染事件的发生。

OR-0150

Application of plasma metagenomic next-generation sequencing improves prognosis in hematology patients with neutropenia or hematopoietic stem cell transplantation for infection

Yuhui Chen, Jinjin Wang, Xinai Gan, Meng Li, Yi Liao, Yongzhao Zhou, Ting Niu
West China Hospital, Sichuan University, Chengdu, China

Objective Metagenomic next-generation sequencing (mNGS) is a novel technique for detecting pathogens. This retrospective study evaluated the diagnostic value of mNGS using plasma for infections in hematology patients and its impact on clinical treatment and prognosis in different subgroups of hematology patients.

Methods A total of 153 hematology patients with suspected infection who underwent mNGS using plasma were enrolled in the study. Their clinical histories, conventional microbiological test (CMT) results, mNGS results, treatment and prognosis were retrospectively analyzed.

Results In 153 plasma samples, mNGS yielded a higher positivity rate than CMT (total: 88.24% vs. 40.52%, $P < 0.001$; bacteria: 35.95% vs. 21.57%, $P < 0.01$; virus: 69.93% vs. 21.57%, $P < 0.001$; fungi: 20.26% vs. 7.84%, $P < 0.01$). mNGS had a higher positivity rate for bacteria and fungi in the neutropenia group than in the non-neutropenia group (bacteria: 48.61% vs. 24.69%, $P < 0.01$; fungi: 27.78% vs. 13.58%, $P < 0.05$). mNGS demonstrated a greater advantage in the group of patients with hematopoietic stem cell transplantation (HSCT). Both the 3-day and 7-day efficacy rates in the HSCT group were higher than those in the non-HSCT group (3-day: 82.22% vs. 58.65%, $P < 0.01$; 7-day: 88.89% vs. 67.31%, $P < 0.01$), and the 28-day mortality rate was lower in the HSCT group than in the non-HSCT group (6.67% vs. 38.89%, $P < 0.000$). The neutropenia group achieved similar efficacy and mortality rates to the non-neutropenia group (7-day efficiency rate: 76.39% vs. 71.43%, $P > 0.05$; mortality rate: 29.17% vs. 29.63%, $P > 0.05$) with more aggressive antibiotic adjustments (45.83% vs. 22.22%, $P < 0.01$).

Conclusion mNGS can detect more microorganisms with higher positive rates, especially in patients with neutropenia. mNGS had better clinical value in patients with hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) or neutropenia, which had a positive effect on treatment and prognosis.

OR-0151

宏基因组二代测序在高风险 CNSI 患者诊断中的应用价值

季渝洁¹、刘丹³、陆佳玲⁴、何哲炜¹、李蒙娜¹、金子妍¹、马骁^{2,3,5}

1. 苏州大学

2. 苏州大学附属第一医院

3. 苏州大学附属第一医院弘慈血液病医院

4. 上海中医药大学附属市中医医院

5. 江苏省血液研究所

目的 中枢神经系统感染（CNSI）在免疫缺陷群体中发病率较高，尤其在进行了造血干细胞移植的血液疾病患者中，其发病率和死亡率显著增加。目前，虽有多种传统检测方法，但在确诊 CNSI 方面仍存在挑战。本研究旨在评估宏基因组二代测序（mNGS）在高风险 CNSI 患者诊断中的应用价值。

方法 研究纳入 150 例疑似 CNSI 的患者，通过综合临床表现、实验室检测及影像学资料，最终确认 82 例为 CNSI。比较 mNGS 与传统检测方法在 CNSI 诊断中的敏感性、特异性及准确性。

结果 mNGS 在 CNSI 诊断中的敏感性为 93.90%，显著高于传统检测的 4.88%（ $P < 0.001$ ）。根据 mNGS 检测结果 39 例患者进行治疗方案的调整，其中 31 例病情得到改善。病原体分析显示，病毒是最主要病原体。此外，本研究还揭示了 CNSI 中病原体的多样性，包括细菌、真菌、病毒和分枝杆菌等。

结论 mNGS 对于 CNSI 的诊断具有显著的临床应用价值，能够提高诊断的敏感性和准确性，有助于精确调整治疗方案。鉴于其高效的病原体检测能力和时效性，mNGS 技术对于高风险患者群体特别有益。在未来的 CNSI 管理中，加强对病毒的监测和使用抗病毒药物预防，以优化治疗策略和提高患者预后。

OR-0152

Metagenomic Next-generation Sequencing in the Diagnosis of Pulmonary Infections After Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation

rong fu¹, Jun Xu¹, Zhiping Fan¹, Hong Qu², Yirong Jiang³, Wenjie Xiong⁴, Fen Huang¹, Li Xuan¹, Na Xu¹, Hui Liu¹, Zhixiang Wang¹, Jing Sun¹, Qifa Liu¹, Ren Lin¹

1. Department of Hematology, Nanfang Hospital, Southern Medical University

2. Guangzhou Panyu Central Hospital, Infection Medicine Research Institute of Panyu District, Guangzhou, China

3. Dongguan People's Hospital, Dongguan, China

4. Foresea Life Insurance Guangzhou General Hospital, Guangzhou, China

Objective Early and accurate identification of pathogens is still challenging in pulmonary infections after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). Metagenomic next-generation sequencing (mNGS) is expected to solve this problem.

Methods This retrospective multi-center study enrolled 140 allo-HSCT recipients with suspected pulmonary infections who underwent bronchoalveolar lavage fluid (BALF) at Nanfang Hospital of Southern Medical University, Guangzhou Panyu Central Hospital, Dongguan People's Hospital and Foresea Life Insurance Guangzhou General Hospital from January 2018 to August 2023. mNGS and CMTs were performed in BALF. To compare mNGS and conventional microbiological tests (CMTs) in investigating the pathogens of pulmonary infections in allo-HSCT recipients.

Results Among 140 allo-HSCT recipients with suspected pulmonary infections, the positive rate of mNGS was 71.4% whereas the positive rate of CMTs was 55.0%. mNGS identified 182

pathogens included bacteria (n = 88), fungi (n = 35) and viruses (n = 59) while 106 pathogens were detected by CMTs included bacteria (n = 31), fungi (n = 24) and viruses (n = 51). Ninety-eight patients were finally diagnosed as pulmonary infections, including 22 bacterial infections, 7 fungal, 18 viral, 48 mixed infections, and 3 with unknown pathogen. Mixed infections were identified in 50.5% of the patients with pulmonary infection. The sensitivity of mNGS and CMTs for diagnosing pulmonary infections were 88.8% and 69.4%, respectively (P=0.001) while the specificity were 81.0% and 85.7%, respectively (P = 0.688).

Conclusion mNGS might be a promising technology for diagnosis of pulmonary infections in the recipients of allo-HSCT.

OR-0153

福建省多中心儿童恶性血液病化疗合并血流感染的病原菌分布及临床预后分析

郑湧智¹、吴椿萍¹、翁开枝²、庄树铨³、郭碧赞⁴、胡建达⁵

1. 福建医科大学附属协和医院
2. 漳州市医院
3. 泉州第一医院
4. 厦门大学附属第一医院
5. 福建医科大学附属第二医院

目的 分析福建地区儿童恶性血液病化疗合并血流感染（BSI）的病原菌分布及临床特征，为优化初始抗菌药物选择提供依据。

方法 回顾性分析福建医科大学附属协和医院、漳州市医院、泉州第一医院、厦门大学附属第一医院在 2015 年 1 月至 2023 年 12 月间收治的儿童血液病化疗后合并 BSI 患儿的临床资料，重点关注分析病原学及药敏试验结果及临床预后。

结果 1. BSI 发生率及危险因素探索：436 例（20.8%）发生 491 例次 BSI。AL 化疗后 BSI 发生率非 AL（22.7% vs. 12.2%，P=0.000）；非 ALL（AML 和 MPAL）化疗后合并 BSI 的发生率显著高于 ALL（22.2% vs. 15.8%，P=0.034）；在 ALL 及 AML 中，高危（HR）组的 BSI 发生率显著高于非高危组（19.71% vs. 12.48%，P=0.001）。

2. 血培养阳性菌株中，革兰氏阴性菌（G-菌）321 株（65.4%），革兰氏阳性菌（G+菌）145 株（29.5%），真菌 25 株（5.1%）；前五位的病原菌分别为肺炎克雷伯菌 66 株（13.4%）、嗜麦芽窄食单胞菌 53 株（10.8%），大肠埃希菌 48 株（9.8%），铜绿假单胞菌 47 株（9.6%），金黄色葡萄球菌 27 株（5.5%）。非发酵菌中，嗜麦芽窄食单胞菌只对复方新诺明、米诺环素及左氧氟沙星敏感，而铜绿假单胞菌对头孢他啶、哌拉西林/他唑巴坦、碳青霉烯类抗生素耐药率低于 20%，未发现对阿米卡星及喹诺酮耐药菌株。肺炎克雷伯菌和大肠埃希菌 ESBL 菌株的检出率分别为 21.95%、45.00%，产 ESBL 菌株对抗菌药物的耐药菌明显高于非产 ESBL 菌株，肠杆菌科细菌（除外阴沟肠杆菌）对哌拉西林/他唑巴坦、碳青霉烯及喹诺酮耐药率均低于 10%，未发现对替加环素耐药菌株。大多数 G+菌对万古霉素敏感；有发现 2 株肠球菌对万古霉素耐药，但对利奈唑胺及替加环素均敏感。

3. BSI 伴随症状及可能的原发感染部位：41% 患儿仅有发热，以肠杆菌最常见；22% 伴随有咳嗽，以链球菌最常见；11% 伴随有腹泻、腹痛，以肠杆菌最常见；11% 伴随有口腔黏膜破溃、疼痛，以链球菌最常见；9% 伴随肛周破溃、疼痛，以肠杆菌最常见。

4. BSI 的死亡与病原体种类相关性：总体归因死亡率 12.6%（33/262）；G- vs G+ vs 真菌的死亡率：7.4% vs 9.5% vs 35.7%（P=0.005）；G- 中非发酵菌 vs 肠杆菌的死亡率：15.8% vs 5.5%（P=0.017）；G+ 中肠球菌 vs 链球菌 vs 葡萄球菌的死亡率：40% vs 8.5% vs 2.7%（P=0.014）。

结论 我省急性白血病儿童化疗后合并 BSI 的病原菌种类分布较广，以 G-菌为主，其中肺炎克雷伯菌最为常见，病死率较高，仍需继续优化诊疗方案。

OR-0154

Clinical data and MRI features-based nomogram for differentiation of central nervous system infection and central nervous system involvement in acute leukemia

Huiming Yi, Yansong Ren, Chunhui Xu, Wenyu Yang, Xin Chen, Sizhou Feng
Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union
Medical College

Objective To develop a model based on clinical data and magnetic resonance imaging (MRI) features to distinguish central nervous system leukemia (CNSL) from central nervous system infection (CNSI) in patients with acute leukemia.

Methods A retrospective study was performed on 108 patients with acute leukemia, including 65 cases with CNSL and 43 patients with CNSI, who underwent cranial MRI between January 2020 and December 2023 in our hospital. Univariate and multivariate logistic regression analyses were used to determine the independent predictors which could distinguish CNSL from CNSI. A nomogram was developed based on the predictors, and the performance of the nomogram was evaluated by the area under the receiver operating characteristic (ROC) curve (AUC). The validation cohort was used to test the predictive model.

Results Hyperleukocytosis at initial diagnosis, marrow state, fever, conscious disturbance, coinfection in other sites and MRI (parenchyma type) were identified as independent factors to distinguish CNSL and CNSI. A nomogram was constructed to predict the probability of CNSL or CNSI based on the independent factors. The discrimination was presented as AUC = 0.947 (95% CI 0.9105-0.984). Calibration of the nomogram showed that the predicted probability matched the actual probability well.

Conclusion The nomogram based on clinical data and MRI features could serve as an important tool to differentiate CNSL from CNSI.

OR-0155

免疫功能低下患者合并毛霉菌病的临床特征及诊疗

王彩霞、吴亮亮、周薇、邓婷芬、周铭、陈小卫、周睿卿、许世林、黎宇苗、王顺清、莫文健
广州市第一人民医院

目的 探讨免疫功能低下患者合并毛霉菌病的临床特征及诊治予转归，同时探讨宏基因组二代测序（mNGS）在毛霉菌病诊断中的价值。

方法 回顾性分析广州市第一人民医院 2018 年 1 月 1 日至 2023 年 6 月 30 日期间诊断为毛霉菌病且曾行 mNGS 检测的病例，共纳入 20 例，确诊 9 例，临床诊断 11 例，收集其临床特征、诊治及预后资料。

结果 20 例免疫功能低下合并毛霉菌病患者中，男 16 例，女 4 例，中位年龄 40（13~）岁 68。其中重型再生障碍性贫血（SAA）9 例，急性白血病 8 例，骨髓增生异常综合征（MDS）、噬血细胞综合征（HLH）及毛细胞白血病各 1 例。毛霉菌侵犯部位以肺部为主，肺型 16 例，3 例为鼻窦型，1 例为肺+肝型。9 例患者均通过活检组织病理确诊，其余患者为病原学 NGS 找到毛霉菌感染。危险因素包括粒缺、GVHD、化疗，治疗药物为两性霉素 B、两性霉素 B 脂质体及泊沙康唑。毛霉菌类型包括灰色小黑银汉霉 9 例，微小根毛霉 3 例，小孢根霉、总状毛霉各 1 例，其他未能分类毛霉菌 6 例。手术治疗 10 例，术中彻底清除病变组织，10 例均治愈。治愈 12 例，部分缓解 6 例，因毛霉菌病死亡 2 例

结论 免疫功能低下合并毛霉菌病患者临床表现多样，死亡率高，确诊主要依赖于组织病理学。

早期诊断、控制基础疾病、改善免疫抑制状态、尽早行有效的抗真菌药物治疗及彻底的手术清创治疗是提高血液病合并毛霉菌病患者生存率的关键。NGS 检测有助于早发现及早治疗毛霉菌病患者。

OR-0156

182 例血液疾病患者卡氏肺孢子菌肺炎临床特征研究

叶善炜、田磊、周晓曦
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 本研究的目的是分析我院血液内科合并 PJP 患者的流行病学、临床表现、影像学资料、实验室数据、治疗方案以及诊断方法，以期针对该疾病的预防和诊断制定合理的临床决策

方法 本研究为单中心回顾性研究，回顾了本院血液内科 2019 年 1 月至 2023 年 12 月期间，呼吸道标本耶氏肺孢子菌核酸检测阳性，和/或肺泡灌洗液 (BALF) 和/或外周血 (PB) 宏基因组二代测序 (mNGS) 检测阳性的患者，分析其临床特征、治疗方案及诊断方法，采用配对样本 t 检验分析不同样本 mNGS 的敏感性。

结果 在纳入的 182 例患者中，研究发现 PJP 患病率逐年大幅上升，且淋巴瘤患者占比最高 (58.2%)。大部分患者为初诊或仅接受一线化疗，占比为 19.2% 和 55.5%。分析患者治疗方案发现，除去造血干细胞移植外，与 PJP 高度相关的药物前五位为来那度胺、BTK 抑制剂、盐酸米托蒽醌脂质体、PD-1/PD-L1 抑制剂和苯达莫司汀。同时，本研究发现 BALF-mNGS 与 PB-mNGS 相比在检测肺孢子菌方面更敏感 ($P < 0.05$)，核酸检测与 mNGS 的阳性率相当。

结论 接受一线化疗的血液疾病患者，出现肺部症状后需警惕 PJP 的发生。盐酸米托蒽醌脂质体和 PD-1/PD-L1 抑制剂的应用可能更容易发生 PJP。诊断可以优先采用核酸检测和 BALF-mNGS 检测。

OR-0157

移植前筛查及敏感性抗生素治疗可有效降低异基因造血干细胞移植患者产 MBL 的肠杆菌(MBL-E)感染死亡率

杨一涵¹、吕萌¹、刘竞¹、朱晓璐¹、莫晓冬¹、孙于谦¹、王昱¹、许兰平¹、张晓辉¹、黄晓军^{1,2}
1. 北京大学人民医院
2. 北京大学-清华大学生命科学联合中心

目的 异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 患者面临日益严重的耐碳青霉烯肠杆菌 (CRE) 感染问题，特别是对新型 β -内酰胺酶抑制剂如阿维巴坦耐药的产金属- β -内酰胺酶肠杆菌 (MBL-E)，其 30 天死亡率高达 29.7% (Falcone et al., 2024)。本研究旨在提供一种有效的 MBL-E 感染预防和治疗策略，以改善 allo-HSCT 患者的预后。

方法 2018 年 7 月至 2023 年 12 月，本中心对 5226 名 allo-HSCT 患者进行了 MBL-E 筛查，包括肛拭子、鼻咽和腋窝拭子。检测方法从 2021 年 12 月前的 Vitek 2 系统 (mCIM+eCIM) 过渡为 2022 年 1 月后的 NG-Test CARBA 5 (检测金属酶亚型: NDM, IMP, VIM)。抗生素治疗根据临床判断和体外活性抗生素选择，涵盖氨曲南 (ATM)、头孢他啶-阿维巴坦 (CZA)、多粘菌素 (colistin) 和其他体外活性抗生素 (OAAs)。感染类型包括血流感染 (BSI)、医院获得性/呼吸机相关肺炎 (HAP/VAP)、尿路感染 (UTI)、腹腔内感染 (IAB)、骨与关节感染 (BJI)、皮肤/软组织感染 (SST)。主要终点是确诊后 30 天的死亡率。

结果 128 例患者 (2.5%) 检出 162 株 MBL-E。其中大肠埃希菌 (54.3%)；阴沟肠杆菌 (18.5%)；肺炎克雷伯杆菌 (16.0%)，弗氏柠檬酸杆菌，奇异变形杆菌等 (11.1%)；共 71 株有具体的金属酶分型，其中 NDM (97.2%)，IMP (2.8%)，VIM (0%)。氨曲南敏感菌株 (37%)；多粘菌素敏感菌株 (89.0%)；

替加环素敏感菌株(89.6%); 30.2%的菌株对美罗培南的 MIC 在 4~8 之间。供者类型主要为半相合 (82.0%), 其中有 13 例(10.2%)患者接受了 ≥ 2 次移植。中位粒细胞植入时间 14 天。56.6%(n=72)的患者移植前 MBL 筛查阳性, 多因素分析显示, 围移植期黏膜炎是筛查阳性转化成感染的危险因素[OR=5.83(1.13-29.99, p=.035)]。

按照 CDC/NHSN 指南确诊感染 41 例, 中位起病时间为移植后 +6d; 其中 BSI (68.3%) HAP/VAP(14.6%); UTI (4.9%); IAB(2.4%); BJI (2.4%); SST(7.3%)。筛查阳性至感染的中位间隔时间 10 天。33 例(80.5%)感染发生在粒细胞植入前。 34.1%患者接受了包含多粘菌素的方案, 22.0%接受了 CZA+ATM, 43.9%接受了 OAs。51.2%的患者在 72h 内接受了敏感性抗生素治疗。确诊感染病人中 30 天死亡率为 4.9% (n=2)。

结论 与先前的研究结果相比, 移植前 MBL-E 筛查和敏感性抗生素治疗显著改善了 allo-HSCT 患者 MBL-E 感染的结局及 30 天死亡率。

OR-0158

Clinical manifestations, prognostic factors, and outcomes of adenovirus pneumonia after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation

Yuewen Wang, Xiaohui Zhang, Lanping Xu, Yu Wang, Chenhua Yan, Huan Chen, Yuhong Chen, Fangfang Wei, Wei Han, Fengrong Wang, Jingzhi Wang, Xiaojun Huang, Xiaodong Mo
Peking University People's Hospital

Objective Severe pneumonia is one of the most important causes of mortality after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). Adenovirus (ADV) is a significant cause of severe viral pneumonia after allo-HSCT, and we aimed to identify the clinical manifestations, prognostic factors, and outcomes of ADV pneumonia after allo-HSCT.

Methods Twenty-nine patients who underwent allo-HSCT at the Peking University Institute of Hematology and who experienced ADV pneumonia after allo-HSCT were enrolled in this study. The Kaplan–Meier method was used to estimate the probability of overall survival (OS). Potential prognostic factors for 100-day OS after ADV pneumonia were evaluated through univariate and multivariate Cox regression analyses.

Results The incidence rate of ADV pneumonia after allo-HSCT was approximately 0.71%. The median time from allo-HSCT to the occurrence of ADV pneumonia was 99 days (range 17-609 days). The most common clinical manifestations were fever (86.2%), cough (34.5%) and dyspnea (31.0%). The 100-day probabilities of ADV-related mortality and OS were 40.4% (95% CI 21.1%-59.7%) and 40.5% (95% CI 25.2%-64.9%), respectively. Patients with low-level ADV DNAemia had lower ADV-related mortality and better OS than did those with high-level ($\geq 10^6$ copies/ml in plasma) ADV DNAemia. According to the multivariate analysis, high-level ADV DNAemia was the only risk factor for intensive care unit admission, invasive mechanical ventilation, ADV-related mortality, and OS after ADV pneumonia.

Conclusion We first reported the prognostic factors and confirmed the poor outcomes of patients with ADV pneumonia after allo-HSCT. Patients with high-level ADV DNAemia should receive immediate and intensive therapy.

OR-0159

造血干细胞移植过程中肠道微生物群 与血清/尿液代谢物的动态变化及其临床意义

陈少桢^{1,2,5,9}、刘婉莹^{3,9}、朱浩杰^{1,2}、孔晖^{1,2}、叶辰婧⁹、孙佳齐⁹、张冠斌^{4,6,7,8}、胡建达^{3,4,9}、杨婷^{1,2,4,9}

1. 国家区域医疗中心复旦大学附属华山医院福建医院
2. 福建医科大学附属第一医院(滨海院区)血液科&血液移植中心
3. 福建医科大学附属第二医院
4. 福建医科大学精准医学研究院
5. 福建省肿瘤医院
6. 成都中医药大学智能医学学院
7. 福建医科大学医学检验系
8. 绵阳市人民医院
9. 福建医科大学附属协和医院血液科

目的 分析异基因造血干细胞移植 (Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, Allo-HSCT) 患者肠道菌群、血清及尿液代谢物在纵向时间上的动态变化, 并解析其与临床特征的相关性和预测价值。

方法 本研究纳入 2022 年 10 月至 2023 年 4 月本中心 21 例确诊血液病并接受 Allo-HSCT 治疗的患者, 运用 16s rDNA 测序及广靶代谢组学技术检测肠道菌群及血清/尿液代谢物, 分析 Allo-HSCT 肠道菌群及代谢物的动态变化特点, 探讨患者粒细胞减少伴发热时菌群及代谢物的特征及预测价值。

结果 在 Allo-HSCT 患者中, 肠道菌群的检出丰度最高的菌科依次为肠杆菌科、拟杆菌科和毛螺菌科。从移植前至移植后 30 天, 患者肠道微生物群的多样性呈现先下降后逐渐恢复的动态变化, 其中韦荣氏球菌科表现最为显著。粒细胞减少伴发热 (Febrile neutropenia, FN) 组与非粒细胞减少发热组的差异菌科为坦内雷拉菌科、肽链球菌科和支原体科。通过筛选相关临床检测指标, 发现坦内雷拉菌科与血小板计数联合预测 FN 的曲线下面积 (Area under the receiver operating characteristic curve, AUC) 为 0.752。同时对 FN 组血清和尿液代谢物进行差异及 KEGG 分析主要富集在发热通路。通过联合分析坦内雷拉菌科、血小板计数、血清肉碱 5:0 及尿液肉碱 8:1, 预测 FN 的 AUC 为 0.880。

结论 Allo-HSCT 患者的肠道菌群及血清/尿液代谢物在造血干细胞移植过程中呈现出动态变化。研究发现, 坦内雷拉菌科、血小板计数、血清肉碱 5:0 及尿液肉碱 8:1 的组合预测模型对 FN 具有良好的预测能力。这些发现提示, 微生物组学和代谢组学分析能够作为筛选和预测 Allo-HSCT 并发 FN 的新型工具。

OR-0160

嵌合抗原受体 T 细胞治疗 B 淋巴细胞血液肿瘤后 巨细胞病毒再激活的观察性研究

王子豪^{1,2,3}、李凌浩^{1,2,3}、薛胜利^{1,2,3}、曹涵钰^{1,2,3}、黄斯漫^{1,2,3}、万超玲^{1,2,3}、戴海萍^{1,2,3}、谭凯文^{1,2,3}、邱艳^{1,2,3}、李岩岩^{1,2,3}、孙爱宁^{1,2,3}、吴德沛^{1,2,3}

1. 苏州大学附属第一医院
2. 国家血液系统疾病临床医学研究中心
3. 江苏省血液研究所

目的 描述血液病患者接受嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 治疗后巨细胞病毒 (CMV) 再激活情况, 探究 CART 治疗后 CMV 再激活的危险因素。

方法 收集 2021 年 1 月至 2023 年 12 月就诊于苏州大学附属第一医院接受 CART 细胞治疗并在治疗后 100 天内至少进行两次 CMV-DNA 检测或病原体宏基因组测序的患者，收集患者 CAR-T 治疗资料和 CMV 再激活相关数据，通过 Logistic 回归分析 CART 治疗后 CMV 再激活的危险因素。

结果 共纳入 86 例患者，男性 40 (52.3%)，女性 36 例 (47.8%)，中位年龄为 42 (14-78) 岁。其中 B-ALL 患者 59 例 (68.60%)，NHL 患者 27 例 (31.40%) (其中弥漫大 B 细胞淋巴瘤 22 例，伯基特淋巴瘤 3 例，套细胞淋巴瘤 2 例)。18 例患者 (20.9%) 发生 CMV 再激活。CART 回输后至首次再激活的中位时间为 14.5 (1-95) 天。所有患者均为 CMV 病毒血症，未观察到 CMV 病的发生。11 例患者在接受更昔洛韦、膦甲酸钠等一线药物治疗后转阴，7 例患者在接受阿昔洛韦单药治疗后转阴。无患者死于 CMV 激活。多因素分析结果显示：CART 回输前 2 年内有异基因造血干细胞移植史、CART 回输后接受大剂量糖皮质激素 (连续 7 天内使用 $\geq 10\text{mg}$ 地塞米松超过 3 天) 和 (或) 托珠单抗治疗是 CMV 再激活的独立危险因素。

结论 CART 治疗后 CMV 再激活发生率较高。CART 治疗前 2 年内有异基因造血干细胞移植史或回输后使用大剂量糖皮质激素和 (或) 托珠单抗的患者，在接受 CART 治疗后，建议加强 CMV-DNA 监测。

OR-0161

Identifying mortality-related risk factors of bloodstream infections due to *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* in hematological patients

Yuqing Cui, Sizhou Feng

State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital

Objective Background: After chemotherapy and hematopoietic stem cell transplantation, the chance of infection greatly increased in patients with hematological diseases. Especially gram-negative bacteria (GNB) bloodstream infections (BSI) infection, which is the main complication and important cause of death. In GNB BSI, the most common pathogens are *Escherichia coli* (EC) and *Klebsiella pneumoniae* (KP). The article aims to explore the general characteristics and clinical outcomes of patients with hematological diseases with ECKP (EC and KP) BSI.

Methods Methods: We retrospectively analyzed the general characteristics of ECKP BSI patients in our hospital between January 2017 and December 2022. The Kaplan-Meier curve described the survival of overall population and different subgroups. Multivariate regression analysis was employed to identify important risk factors affecting the prognosis.

Results Results: A total of 1709 patients with ECKP BSI were included, and 127 patients was carbapenems resistant (CR) (7.43%), the proportion of extended-spectrum β -lactamase (ESBL)-producing ECKP BSI was approximately 43.42%, and 804 patients was fluoroquinolones (FQ) resistant. The total 30-day mortality was 7.67%, among which the CR patients had the highest mortality rate of 26.0%. On multivariate analysis, pulmonary source of infection (OR 14.629 95%CI 7.08-30.228, $P < 0.001$), shock (OR 10.037 95%CI 5.445-18.502, $P < 0.001$), pneumonia (OR 5.524 95%CI 2.808-10.868, $P < 0.001$), CR (OR 3.323 95%CI 1.47-7.509, $P = 0.004$), previous FQ (OR 2.442, 95%CI 1.284-4.643, $P = 0.006$) were risk factors for 30-day mortality.

Conclusion Conclusions: For hematological diseases patients with ECKP BSI, CR, prior antibiotic exposure, especially FQ, greatly increased the risk of death. In addition, appropriate antimicrobials should be given as early as possible in Pulmonary source of infection patients and salvage patients to improve survival.

OR-0162

慢病毒载体基因治疗输血依赖型 β 地中海贫血的安全性和有效性

高珍^{1,2}、黄金祺³、方力维^{1,2}、张宇明³、刘利军^{1,2}、匡哲湘^{1,2}、孙佳丽^{1,2}、邹德慧^{1,2}、邹尧^{1,2}、李强^{1,2}、于潇^{1,2}、潘虹^{1,2}、李伟望^{1,2}、张乐乐^{1,2}、梁亮³、吴家园³、李晓倩³、叶中绿³、林斌³、马镜志³、赵婧余^{1,2}、王安妮^{1,2}、徐静^{1,2}、王为为^{1,2}、李丽云^{1,2}、刘燕杰^{1,2}、董瑾^{1,2}、许纯^{1,2}、汪正亮⁴、苏玲玲⁴、叶青⁴、孙佳楠⁴、孙保贞⁴、胡晓东⁴、吕朋⁴、陶建军⁴、党颖⁴、童有仁⁴、吴昊泉⁴、施均^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所），血液与健康全国重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室
2. 天津医学健康研究院
3. 广东医科大学附属医院
4. 康霖生物科技（杭州）有限公司

目的 评价慢病毒载体转导自体造血干细胞移植治疗输血依赖型 β -地中海贫血安全性和有效性。

方法 多中心、单臂、单剂量、开放性设计，17名患者采用 KL003（表达功能性 β -珠蛋白基因的慢病毒载体）离体转导的自体造血干细胞进行移植治疗。监测安全性和有效性，包括细胞植入、造血系统重建、输血需求和不良事件。

结果 94%患者（16/17）脱离输血。中位末次输血时间为移植后 18 天（范围：10-177 天），脱离输血最长时间为 28 个月。KL003 治疗相关的严重不良事件为 0%。11 名入组时血清铁蛋白 $<5000 \mu\text{g/L}$ 患者，中位中性粒细胞和血小板植入时间分别为 13 天（范围：8-15 天）和 19 天（范围：13-28 天），中位血小板 $>50 \times 10^9/\text{L}$ 时间为 22 天（范围：11-63 天）。6 名入组时铁蛋白 $\geq 5000 \mu\text{g/L}$ 患者，中位中性粒细胞植入时间为 14.5 天（范围：9-18 天），中位血小板植入时间为 39 天（范围：19-121 天），中位血小板 $>50 \times 10^9/\text{L}$ 时间为 87.5 天（范围：33 天至 >231 天）。铁蛋白 $\geq 5000 \mu\text{g/L}$ 组血小板植入时间较铁蛋白 $<5000 \mu\text{g/L}$ 组显著延迟（ p 值=0.0240）。铁蛋白 $\geq 5000 \mu\text{g/L}$ 组血小板 $>50 \times 10^9/\text{L}$ 时间比铁蛋白 $<5000 \mu\text{g/L}$ 组明显延迟（ p 值=0.0015）。

结论 慢病毒载体基因治疗输血依赖型 β -地中海贫血植入快速，脱离输血有效率 94%，安全性好。

OR-0163

Drug-associated Porphyria: A Pharmacovigilance Study

qi wang, miao chen

Peking Union Medical College Hospital (PUMCH), Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, Beijing, China

Objective The potentially fatal attacks experienced by carriers of porphyria are triggered by various porphyrinogenic drugs; however, it is difficult to determine the safety of a particular drug. We used Drug Administration Adverse Event Reporting System (FAERS) to explore the drugs reported with adverse reactions of porphyria, and provide information about porphyria associated drugs to optimize the prescription management of carriers of porphyrias genetic mutations.

Methods we retrospectively used the FDA's Adverse Event Reporting System (FAERS) to determine drugs associated with porphyria as an adverse event (AE). Reports with porphyria as an AE were extracted from FAERS data from January 2004 to March 2022. Search terms used to identify the AEs included "Porphyria," "Porphyria screen," "Porphyria non-acute," "Porphyria acute," "Acquired porphyria," and "Pseudoporphyria." Signal mining analysis was performed to identify the association between drugs and AEs by four algorithms "ROR," "PRR," "BCPNN," and "MGPS."

Results FAERS reported 1470 cases of porphyria-related AEs and 406 drugs were obtained after combining trade and generic names of the same drug. Fifty-two drugs with signals were identified by all four algorithms. The characteristics of all the reports and signaling drugs were analyzed.

Conclusion This is the first report of drug-associated porphyria analysis, that provides critical information on drug porphyrigenicity, thus allowing rational and evidence-based prescribing of drugs and improving the accuracy of predicted porphyrigenicity by model algorithms. In addition, this study provides references for clinicians to ensure that porphyrinogenic drugs are not prescribed to carriers of porphyria genetic mutations.

OR-0164

自体 CD19 CAR T 细胞治疗难治/复发自身 免疫性溶血性贫血持续无治疗缓解

李若难^{1,2}、张乐乐^{1,2}、潘虹^{1,2}、李伟望^{1,2}、高珍^{1,2}、赵婧余^{1,2}、田林珠^{1,2}、马佳秀^{1,2}、沈昱灿^{1,2}、黄苛^{1,2}、赵馨^{1,2}、李建平^{1,2}、黄金波^{1,2}、聂能^{1,2}、王为为^{1,2}、李丽云^{1,2}、刘燕杰^{1,2}、董瑾^{1,2}、徐静^{1,2}、于潇^{1,2}、匡哲湘^{1,2}、刘利军^{1,2}、方力维^{1,2}、施均^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所），血液与健康全国重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室

2. 天津医学健康研究院

目的 探究 CD19 嵌合抗原受体（CAR）T 细胞治疗难治/复发自身免疫性溶血性贫血（r/r AIHA）患者的安全性和有效性。

方法 2023.09.06-2024.01.02 期间纳入 5 例≥3 线治疗无效、复发的 r/r AIHA 患者，经氟达拉滨（25mg/m²/d，-5~-3 天）联合环磷酰胺（1.0g/m²/d，-3 天）清淋预处理后，给予单次自体 CD19 CAR T 细胞（1×10⁶ 细胞/kg）输注。安全性评估包括细胞因子释放综合征（CRS）、免疫效应细胞相关神经毒性综合征（ICANS），以及血液学、非血液学毒性。有效性评估包括血红蛋白水平及溶血生化指标。

结果 5 例患者输注 CD19 CAR T 细胞治疗安全性良好：3 例患者发生 1 级 CRS，2 例患者发生 2 级 CRS；1 例患者发生 1 级 ICANS，无严重感染事件。5 例 r/r AIHA 患者均达到完全缓解（CR），CR 率 100%，截止 2024.05.25 日中位随访 5.9 月（4.5-8.3 月），无 1 例复发，持续无治疗缓解（TFR）中位时间 5.3（4.1-7.4）月。r/r AIHA 患者开始起效达部分缓解（PR）中位时间 14（10-25）天；达到完全缓解伴代偿性溶血状态（CRi）中位时间 21（19-56）天；获得 CR 中位时间 61（21-118）天。CAR T 细胞输注后达峰中位时间 10（4-10）天，B 细胞缺如中位持续时间 84（56-84）天。

结论 自体 CD19 CAR T 细胞治疗 r/r AIHA 患者安全性良好，初步疗效显示患者可以获得持续无治疗缓解，有望作为良性自身免疫性血液系统疾病治疗新策略。

OR-0165

STK10 mutation block erythropoiesis in acquired pure red cell aplasia via down-regulated the ribosome biosynthesis

zhangbiao long¹, Jichun Yang², Xinyao Liu¹, Danchen Meng¹, Jian Ge¹, Min Ruan¹, Hongmin Li³, Yali Du³, Bing Han³

1. The first affiliated hospital of Anhui medical university

2. School of Integrative Medicine, Tianjin University of Traditional Chinese Medicine

3. Department of Hematology, Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

Objective The underlying mechanisms of acquired pure red cell aplasia (PRCA) remain obscure, and the role of gene mutation in the pathogenesis of acquired PRCA has not been elucidated yet. Herein, we identify gene mutations in acquired PRCA patients and their role in the pathogenesis.

Methods We performed whole exome sequencing in thirty newly diagnosed patients with acquired PRCA. The candidate genes with high frequency in acquired PRCA but low frequency in 1000 genomes which may affect protein function were selected. The erythroid and megakaryocytic differentiation was evaluated in the gene-silenced K562 cell lines. STK10 gene was selected which affects the erythropoiesis. The RNA sequencing in STK10 silenced K562 cells was performed. Next, ribosome RNA synthesis was detected, and ribosome proteins and p53 signaling pathway were also detected by western blotting.

Results STK10 gene mutation is common in acquired PRCA patients, the mRNA/protein expression of STK10 was reduced and p53 increased in the bone marrow of the patients in which the gene mutated. The silence of the STK10 gene through the lentiviral vector harboring short hairpin RNAs in K562 cells could inhibit erythropoiesis after being induced by Hemin. Whereas, megakaryocytic differentiation was not impaired in STK10-silenced K562 cells. KEGG enrichment analysis of RNA sequencing in STK10-silenced K562 cells differentially expressed ribosome biosynthesis pathway and p53 signaling pathway were affected. 28S and 18S in ribosome RNA synthesis impaired in these STK10 silenced K562 cells through RNA electrophoresis. Further, through the western blotting test in STK10-silenced K562 cells, we found ribosome proteins expression down-regulated and p53, phosphor-p53, and p21 expression up-regulated due to STK10 mutated.

Conclusion STK10 gene mutation is common in patients with acquired PRCA. The underlying research revealed that STK10 gene mutation could affect the ribosome biosynthesis pathway and down-regulated the ribosome protein level, contributing to abnormal erythropoiesis.

OR-0166

髓源性抑制细胞在获得性再生障碍性贫血中的免疫抑制作用受损

董培源¹、陈凌云²、姜中兴¹、郑以州²、葛美丽²

1. 郑州大学第一附属医院

2. 中国医学科学院血液病医院

目的 本研究旨在探讨获得性再生障碍性贫血 (acquired aplastic anemia, AAA) 患者外周血髓源性抑制细胞 (myeloid-derived suppressor cells, MDSCs) 的数量和功能特点, 阐明 MDSCs 在 AA 免疫异常中的作用机制, 以及临床药物对患者 MDSCs 的影响。

方法 流式细胞术检测 AA 患者和正常供者 (healthy donor, HD) 外周血 MDSCs 的比例。磁珠分选 AA 和 HD 外周血标本中的单核系 MDSCs (monocytic MDSCs, M-MDSCs), 并检测对比其对 T 细胞增殖、活化和分化等功能的影响。对 4 例 AA 患者和 3 例 HD 来源的 M-MDSCs 进行转录组测序 (RNA-seq), 分析两者差异性表达的基因、信号通路和生物学功能等。分别向 AA 患者和 HD 的 PBMCs 中加入不同浓度的雷帕霉素, 检测药物对体外诱导 MDSCs 数量和功能的影响。微量样本多指标流式蛋白定量技术和流式细胞术检测细胞内外分子水平。

结果 AA 患者外周血中 MDSCs 尤其是 M-MDSCs 的比例较 HD 显著降低 (分别是 $3.26 \pm 2.27\%$ vs $2.80 \pm 1.84\%$, $P=0.001$ 和 $2.80 \pm 1.84\%$ vs $0.83 \pm 0.86\%$, $P=0.001$), 且与调节性 T 细胞比例、精氨酸酶 1 和 WT1 的表达水平呈正相关, 而与 CD8+T 细胞比例呈负相关。AA MDSCs 抑制 T 细胞增殖、活化和向辅助性 T 细胞分化的能力均显著弱于 HD MDSCs。RNA-seq 显示 AA MDSCs 中 DNA 损伤、凋亡和 JAK-STAT 等相关信号通路显著上调, 而与 MDSCs 扩增和功能相关的信号通路 (白介素 6、糖代谢、转化生长因子 β 和活性氧等) 显著下调。通过抑制 MDSCs 分化为成熟的髓系细胞, 雷帕霉素显著提高 AA 患者和 HD 体外诱导 MDSCs 的数量以及胞内功能分子精氨酸酶 1 和诱导型一氧化氮合酶的表达水平。

结论 AA 患者外周血 MDSCs 数量减少且具有显著的功能缺陷, 在 AA 免疫异常中可能发挥一定的作用。雷帕霉素可以扩增 AA 患者 MDSCs 的比例并改善其免疫抑制功能。该发现为临床上雷帕霉素治疗 AA 提供了新的解释, 并提出了以 MDSC 为靶标的免疫治疗策略。

OR-0167

GATA2 突变相关成人骨髓增生异常性肿瘤的临床和分子生物学特征及预后

杨辰、陈苗、庄俊玲、韩冰
中国医学科学院北京协和医院

目的 遗传易感性髓系肿瘤是一类 WHO 新提出的临床分类，GATA2 缺陷综合征（GDS）作为具有代表性的一种，虽然发生率较低，但表现为一类高度异质性、进展性的谱系疾病，迄今为止国内仅有少数个案报道，只需一个异常的 GATA2 基因拷贝就会患 GATA2 缺陷综合征（GDS）临床资料较少，无成组队列研究，因临床表现多样，受累表现较多，诊断相对复杂，为提高临床医师对此类疾病的认识，本文将我院确诊的 41 例 GDS 的临床资料进行总结，探讨 GATA2 突变相关成人 MDS 的临床特征、分子生物学特征及预后。

方法 回顾性分析 2019 年 1 月至 2024 年 1 月北京协和医院确诊的 41 例成人 MDS 伴有 GATA2 突变患者的临床资料，根据病情及治疗意愿接受免疫抑制剂、雄激素、去甲基化、allo-HSCT 或支持治疗。采用二代测序技术检测患者外周血/骨髓 GATA2 及髓系恶性肿瘤相关基因突变情况，胚系对照 DNA 提取自患者的口腔粘膜，部分病例进行了家系验证，分析 GATA2 基因突变及其与临床表现型的关系。

结果 41 例成人 MDS 患者伴发 GATA2 突变（5.9%，41/691），男性 24 例（58.5%），中位诊断年龄 34（19~72 岁），MDS-h、MDS-LB、MDS-IB 分别 9、24、8 例，占 22.0%、58.5%、19.5%。染色体核型中+8、-7、正常核型、复杂核型分别占 26.8%、12.2%、24.4%、9.8%。8 例患者存在骨髓衰竭或白血病家族史（占 19.5%）。病程中除骨髓衰竭 MDS 外，伴发的其他疾病包括：免疫缺陷 8 例（包含复发性病毒感染如 HPV、EBV、CMV、HSV、侵袭性真菌病、分枝杆菌感染、肺泡蛋白沉积症即 MonoMAC 综合征），还伴随有肺动脉高压、感音神经性耳聋、噬血细胞综合征、自身免疫性疾病、淋巴增殖性疾病、淋巴水肿（Emberger 综合征）。从初次出现症状到诊断的时间中位 11 个月（4~32 月），所有病例随访至 2024 年 3 月，中位随访时间为 26 个月（2~36 月），中位生存期 16 个月（3~42 月），6 例患者进行了去甲基化治疗，有效率 50%，仅 2 例患者进行异基因造血干细胞移植并改善了生存。41 例患者中检测到 24 个致病性胚系突变（其中 4 个为新发突变），及 6 个意义未明突变。致病变异位于高度保守的第二锌指结构域(ZF2)，破坏 DNA 结合或蛋白质交互或导致 mRNA 剪接异常，影响造血功能，包括 5 个移码、2 个大缺失、2 个错义、2 个无义、1 同义变异，与临床表型无明确对应。

结论 应警惕 GATA2 突变的成人 MDS 患者存在遗传易感性，较原发 MDS 患者的发病年龄较轻，更易出现骨髓衰竭、免疫缺陷，伴发-7、+8 号较为常见，因临床表现异质性强，当存在潜在和特定的器官系统时应通过多学科协作尽早明确诊断，建议一级亲属筛查，在器官发生不可逆损伤之前进行异基因造血干细胞移植有望改善生存。

OR-0168

阵发性睡眠性血红蛋白尿症患者血栓形成的诊治现状及危险因素分析

王景娣、李英梅、姜中兴、付秋豪、赵卓然、张银银、陈丹丹、陈黎、谢新生
郑州大学第一附属医院

目的 分析阵发性睡眠性血红蛋白尿（PNH）患者的临床特征，探索未接受 C5 抑制剂治疗的 PNH 患者血栓形成的发生现状及危险因素。

方法 收集 2019 年至 2024 年在郑州大学第一附属医院就诊并随访的 180 名 PNH 患者的资料进行统计学分析。记录 PNH 患者的实验室相关临床资料、并发症、治疗等情况。比较并发血栓的 37 例患者与 143 例未发生血栓患者各项检查指标。用 T 检验、Mann-Whitney U 检验或卡方检验筛选 PNH 患者发生血栓形成的相关因素，应用 Logistic 回归分析确定 PNH 患者发生血栓形成的危险因素。

结果 1.180 例 PNH 患者中有 119 例入院科室为血液内科，余患者入院科室为肝胆胰外科、产科、心内科、消化内科、呼吸内科、肾内科、神经内科、ICU 等科室，男 107 例（59.4%），女 73 例（40.6%），合并血栓形成的患者 37 例，占 20.6%，其中男性 22 例（59.5%），女性 15 例（40.5%）。脑血栓 15 例（40.5%）、下肢深静脉血栓 14 例（37.8%）、布加综合征 7 例（18.9%）、脾栓塞 4 例（10.8%）、肺栓塞 3 例（8.1%）、肾静脉血栓 1 例（2.7%），有 5 名患者并发多种类型血栓形成。

2.血栓组患者的中位年龄为 40.5（11~75）岁，与非血栓组 39（22~78）岁比较差异无统计学意义（ $P=0.687$ ）；且两组白细胞计数、红细胞计数、血红蛋白、血小板、网织红细胞计数、红细胞 PNH 克隆比例等比较差异均无统计学意义（ $P>0.05$ ）；而非血栓组与血栓组的中性粒细胞绝对值[2.0896vs3.4103， $P=0.020$]、平均红细胞体积[102.3132vs97.4666， $P=0.034$]、D 二聚体[1.33534vs2.50235， $P=0.018$]、FDP[7.907vs13.056， $P=0.030$]、粒细胞 PNH 克隆比例[68.4825vs81.8817， $P=0.018$]、单核细胞 PNH 克隆比例[69.78211vs84.1459， $P=0.003$]比较差异有统计学意义。

3.Logistic 回归模型结果显示：患者的中性粒细胞绝对值（ $OR=1.818$ ， $P=0.004$ ）、单核细胞 PNH 克隆比例（ $OR=1.042$ ， $P=0.011$ ）为血栓发生的独立危险因素。

结论 PNH 虽是良性疾病，但其并发症严重影响患者生活质量和生存时间，其中最常见的严重并发症是血栓，尤其以下肢深静脉血栓、脑血栓、布加综合征最为常见，临床医生应采取有效防治措施来改善患者的生活质量及预后。性别、年龄等均不是导致 PNH 患者发生血栓的危险因素，但中性粒细胞绝对值、单核细胞 PNH 克隆比例等与 PNH 患者的血栓发生间存在较密切的联系。这些发现将帮助在临床工作中更好的预防及治疗 PNH 患者血栓的形成。

OR-0169

铁过载通过氧化应激损伤非输血依赖型地中海贫血的骨髓红系造血、心脏和肝脏

潘霖¹、谢燕妮¹、殷贤青²、黄语妹¹、杨高晖¹、李婵¹、陈泳宇¹、刘凤玲¹、张宁¹、梁潇¹、甘钊萍¹、韦振斌¹、梁海燕³、刘启发⁴、赖永榕¹、刘容容¹

1. 广西医科大学第一附属医院

2. 柳州市人民医院

3. 湛江中心人民医院

4. 南方医科大学南方医院

目的 探讨铁过载对非输血依赖型地中海贫血（NTDT）患者和 Hbb th3(th3+)小鼠骨髓红系造血、心脏和肝脏的影响。

方法 以 19 ~ 47 岁的 NTDT 患者和 12 月龄的 Hbb th3(th3+)小鼠为非输血依赖型地中海贫血组，健康人与正常小鼠为对照组。分别采用酶联免疫吸附试验、流式细胞术、实时荧光定量 PCR 和蛋白质印迹法检测各组研究对象的铁过载、骨髓红细胞生成、氧化应激、细胞凋亡和铁死亡的相关指标。

结果 与对照组相比，NTDT 组的血清铁蛋白显著升高且存在铁代谢调节失衡。心铁、肝铁的磁共振结果提示 NTDT 组中肝脏铁沉积程度较心脏更明显。NTDT 组红系造血损伤较对照组严重，表现为红系造血活跃，未成熟红系前体细胞大量扩增，细胞成熟停滞。NTDT 组铁过载介导的氧化应激相关指标活性氧、脂质过氧化和丙二醛也较对照组显著升高。和对照组比较，NTDT 组的骨髓中可观

观察到凋亡征象，包括骨髓细胞凋亡率显著增加，透射电镜下红系集落的线粒体可见凋亡征象，但是骨髓中铁死亡关键指标 GPX4 水平升高。而在铁沉积的心脏和肝脏中，铁死亡的相关指标 GPX4、VDAC2 和 SLC7A11 表达降低，透射电镜下也观察到铁死亡的征象。

结论 我们的研究发现 NTDT 不同组织器官的铁过载和损伤表现存在差异。骨髓铁过载引起的氧化应激主要通过细胞凋亡损害红细胞生成，而 Hbb th3(th3/+)小鼠的肝脏和心脏可观察到铁死亡的征象。这些结果提示，随着铁循环的逐渐积累，损伤呈现为一种动态过程，不同的组织器官表现出不同的损伤征象，这可能与不同组织器官的损伤机制、耐受性和代偿机制不同有关，但具体仍需进一步深入研究。

OR-0170

环磷酰胺联合标准免疫抑制方案提升重型 再障早期缓解率-II 期临床试验初步结果

潘虹^{1,2}、张乐乐¹、高珍^{1,2}、李伟望^{1,2}、李建平^{1,2}、聂能^{1,2}、李园^{1,2}、赵馨^{1,2}、黄金波^{1,2}、赵婧余^{1,2}、于潇^{1,2}、匡哲湘^{1,2}、方力维^{1,2}、葛美丽^{1,2}、施均^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）
2. 天津医学健康研究院

目的 环磷酰胺联合标准免疫抑制方案一线治疗重型（SAA）及极重型再生障碍性贫血（VSAA）提升早期有效率

方法 单臂、前瞻性 II 期、Simon 二阶段临床研究设计，主要研究终点是 3 个月总反应率（ORR）。初诊 SAA/VSAA 患者接受环磷酰胺联合猪 ALG、环孢素、海曲泊帕治疗：猪 ALG 25mg/kg/天，第 1-5 天；环孢素 3-5mg/kg/天，持续应用；海曲泊帕 15mg/天，第 1 天起，持续 6 月；环磷酰胺 20mg/kg/天，第 29-30 天，第 43-44 天。

结果 可评价主要研究终点的 31 名患者，3 个月 ORR 为 64.5%（20/31），CR 率 9.7%（3/31），高质量缓解率 22.5%（7/20）。应用环磷酰胺最常见不良反应为 1-2 级消化道反应（100%）和 3-4 级中性粒细胞减少（77.4%），中位持续时间 6 天（范围：4-33）。3 个月内感染发生率为 48.4%（15/31）。3 个月内死亡率为 0%。

结论：环磷酰胺一线联合标准免疫抑制方案安全性好，约 2/3 的患者 3 月内获得有效，脱离输血依赖。

结论 环磷酰胺一线联合标准免疫抑制方案安全性好，约 2/3 的患者 3 月内获得有效，脱离输血依赖。

OR-0171

Dysregulated T-cell homeostasis and decreased CD30+ Treg proliferating in aplastic anemia

nannan sun, Mengmeng Zhang, Jin Li, Yingmei Li, Rongqun Guo
The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

Objective Aplastic anemia (AA) is an autoimmune hematopoietic disease mediated by autoreactive T cells leading to bone marrow failure. However, the precise role of autoreactive T cells in the development of AA is not fully understood. The purpose of this study is to elucidate the potential disruption of T cell homeostasis in patients with AA.

Methods Flow cytometry, scRNA-seq, and bulk RNA-seq were applied to analyze the immune states of different T subsets, such as CD4+ Tconv cells, CD8+ T cells, and Treg cells. ELISA was applied to analyze the CD30L (TNFSF8) serum levels in PB and BM from AA patients and HD.

And qPCR was applied to analyze the mRNA expression levels of TNFSF8 in granulocytes from PB and BM from AA patients and HD.

Results We identified the characteristic features of naïve/memory state loss in conventional T cells. CCR4, CCR6, and IL7R were used to identify the immune states of T cells. The expression of STAT4, STAT1, IL4R, STAT6, RORC, and IL6R indicated that the CD4+ T cells were driven into highly differentiation with the features of TH1, TH2, and TH17 cells in patients with AA. Additionally, we identified naïve and memory CD8+ T cells that were enforced into an effector state, with CD127 serving as an ideal surface marker for assessing the immune state of CD8+ T cells. These hyperactivated T cells exhibited a decrease in TNFSF8 expression, a phenomenon also observed in other autoimmune diseases. TNFRSF8 (CD30), the receptor for TNFSF8, was found to be predominantly present in Treg cells. Furthermore, we found a novel CD30+ Treg subset with a remarkable immunosuppressive phenotype and robust proliferative activity, which decreased in patients with AA. CD30+ Treg population is a subset of CCR4+ Treg cells, expressing high levels of cell proliferation-related genes and immunosuppressive function-related transcriptional factor (EZH2 and SOX4).

Conclusion Our study reported the imbalance between naïve/memory conventional T cells and effector T cells in AA patients, and also provided new surface marker combinations (CCR4, CCR6, and CD127) to assess the functional states of T cells in AA patients. TNFSF8 is downregulated in CD4+ T cells of aplastic anemia and other autoimmune diseases. AA patients have a decreased CD30+ Treg subset with high proliferation and remarkable immunosuppressive phenotype. These results indicated the communication of conventional CD4+ T cells and Treg cells mediated by TNFSF8-TNFRSF8 is important for maintaining T cell homeostasis to avoid autoimmune diseases.

OR-0172

多组学分析揭示阵发性睡眠性血红蛋白尿症患者 血栓形成的发病机制及治疗启示

陈颖莹、付蓉
天津医科大学总医院

目的 探讨阵发性睡眠性血红蛋白尿症（PNH）患者血栓形成的潜在机制，并为其治疗提供新的见解。

方法 收集两例急性血栓事件的 PNH 患者（PT 组）的外周血，进行全外显子测序（WES）、单细胞 RNA 测序（scRNA-seq）和基于 iTRAQ 的蛋白质组学分析，并与未发生血栓事件的 PNH 患者（P 组）进行比较。

结果 WES 分析发现 PT 组患者特有的 17 个突变位点涉及 14 个基因，其中 MUC4 和 ANKRD36 可能与血栓形成相关。scRNA-seq 分析显示，PT 组患者的血小板聚集和激活以及髓系细胞的粘附和迁移在血栓形成中起重要作用。iTRAQ 蛋白质组学分析揭示 PT 组患者血浆中促凝物质（如凝血酶原、凝血因子 VII/VIII、vWF 和纤维蛋白原）显著增加，而抗凝物质（如 AT III 和肝素辅因子 II）减少。

结论 多组学分析表明，血小板激活、凝血级联反应和白细胞粘附在 PNH 患者的血栓形成中起关键作用。对高风险 PNH 患者进行基因筛查和预防性抗凝治疗是必要的。监测 AT III 水平并调整肝素剂量可以提高抗凝治疗的效果和安全性。PF4V1/PF4 等血小板激活因子可能成为未来 PNH 血栓治疗的新靶点。

OR-0173

T 大颗粒淋巴细胞白血病恶性克隆新标志物鉴定及 PI3K 靶向抑制剂治疗临床疗效

张乐乐¹、邱晨¹、李若难¹、沈昱灿¹、常红²、梁倩³、潘虹¹、高珍¹、李伟望¹、赵婧余¹、方力维¹、黄金波¹、赵馨¹、李建平¹、聂能¹、徐静¹、于潇¹、匡哲湘¹、初雅婧¹、袁卫平¹、施均¹

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

2. 四川大学华西医院

3. 周口市中心医院

目的 鉴定 T 大颗粒淋巴细胞白血病（T-LGLL）恶性克隆标志物，分析克隆性大颗粒淋巴细胞（LGLs）生物学特征，探索靶向治疗药物临床疗效。

方法 解析 T-LGLL 患者外周血免疫细胞转录组数据，鉴定克隆性 LGLs 分子标志，流式与 Bulk 测序验证该分子的特异度与敏感性；分析并验证克隆性 LGLs 的关键致病通路，设计临床试验（NCT05676710）探索 PI3K 靶向抑制剂治疗难治性 T-LGLL 疗效。

结果 ① 转录组分析发现 T-LGLL 中存在单克隆扩增的终末效应 T 细胞亚群（TE3）：TE3 细胞群比例升高，毒性、增殖能力增强，KLRG1 分子表达减低；② 蛋白及转录组水平证实 KLRG1- LGLs 为致病的白血病性 LGLs：T-LGLL 患者中 CD3+CD8+CD57+KLRG1- LGLs 为 TE3 细胞群，具有单克隆性、占比优势及高毒性；③ 白血病性 LGLs 中 PI3K-AKT 通路上调是关键致病机制：TE3 细胞群中 PI3K-AKT 通路上调，CD3+CD8+CD57+KLRG1- LGLs 的磷酸化 AKT 表达升高，体外实验证实靶向 PI3K 抑制 LGLs 增殖与毒性；④ PI3K 抑制剂（林普利塞）在难治性 T-LGLL 中具有较好的疗效与安全性：8 例难治性 T-LGLL 患者中 7 例达血液学缓解（87.5%），中位达缓解时间仅 2（1-7）周，无患者出现 III/IV 级不良反应。

结论 KLRG1 分子可作为鉴定克隆性 T-LGLs 的标志；克隆性 LGLs 中 PI3K-AKT 通路上调，林普利塞靶向抑制 PI3K-AKT 通路，在难治性 T-LGLL 中具有较好的疗效与安全性。

OR-0174

利妥昔单抗联合硼替佐米治疗难治复发温抗体型自身免疫性溶血性贫血的 2 期前瞻性研究

陈苗、林溪涓、韩冰

中国医学科学院北京协和医院

目的 复发难治温抗体型自身免疫性溶血性贫血（RR-wAIHA）的治疗具有挑战性。目前推荐的二线治疗利妥昔单抗长期缓解率不足 50%且起效较慢。联合硼替佐米抗浆细胞治疗清除产生抗体的浆细胞和长生存浆细胞可能起效更快且有效率更高。

方法 这项前瞻性 2 期临床研究评估了使用利妥昔单抗 500 mg 静脉输注 单次 和硼替佐米 1.3 mg/m² 皮下注射 每周 2 次 共 4 次 治疗 RR wAIHA 的效果（共 2 个疗程，间隔 3 个月）。有效患者给予利妥昔单抗 500 mg 静脉输注 每三个月一次 为维持治疗。评估治疗的疗效、影响疗效的因素、复发及影响因素、不良反应、患者免疫功能变化。

结果 共有 32 名患者被纳入分析，其中 26 名女性（81.3%），中位年龄为 50.5 岁。入组时，17 名（53.1%）患者为复发患者，15 名（46.9%）患者为激素难治患者。有效患者（血红蛋白增加 >20 g/L 且不依赖输血）的中位应答时间为 13 天。6 个月时，总有效率为 78.1%，完全缓解率 56.3%。中位随访 21.5 个月后，复发率为 24.0%。入组时激素难治性患者比复发性患者应答率更高（比值比（OR）0.030，95%CI 0.002–0.907，P=0.018），男性患者比女性患者复发率高（OR 14.622，95%CI 1.496–142.891，P=0.021）。7 名患者（21.9%）出现 ≥3 级不良事件。

结论 利妥昔单抗联合硼替佐米治疗 RR-wAIHA 疗效显著，反应迅速。

OR-0175

高原红细胞增多症大鼠中红细胞数量、形态、功能及代谢改变

余松、易海

中国人民解放军西部战区总医院

目的 高原红细胞增多症(HAPC)是一种常见的慢性高原病，以红细胞、血红蛋白、血细胞比容显著增高，动脉血氧饱和度降低为主要特征。低氧刺激导致红细胞过度增生，导致血液黏稠度增加、微循环障碍、易形成血栓。红细胞增多是一种慢性低氧适应性代偿改变，高原红细胞增多症发生发展机制非常复杂，目前尚不完全清楚。

方法 将 12 只 SD 大鼠分为两组，分别为常氧组（C 组）和高红组（H 组），H 组使用低压低氧氧舱模拟高原环境建立 HAPC 大鼠模型。血常规及血气分析评估造模结果；用流式细胞术测量大鼠骨髓、外周血网织红细胞（Rets）表达水平和外周血红细胞凋亡情况；红细胞渗透脆性（EOF）实验评估红细胞的渗透脆性；电镜检测计数异常形态红细胞数量；用酶联免疫吸附测定（ELISA）测量血浆游离血红蛋白、血浆 CD73、血浆腺苷、红细胞胞浆腺苷、红细胞胞浆 S1P、红细胞胞浆 2,3-BPG 的含量；用 Western Blot 去测量红细胞代谢通路相关蛋白表达水平。

结果 HAPC 大鼠模型建立成功，Hb 浓度均 $>210\text{g/L}$ 。C 组骨髓 RETs 比例为 $9.22\% \pm 2.87\%$ ，H 组骨髓 RETs 比例为 $14.58\% \pm 2.89\%$ （ $P=0.009$ ）；C 组外周血 RETs 荧光强度为 1248.50 ± 67.09 ，H 组外周血 RETs 荧光强度为 1572.00 ± 108.07 （ $P<0.001$ ）。C 组外周血红细胞凋亡比例为 $1.04\% \pm 0.23\%$ ，H 组凋亡比例为 $0.19\% \pm 0.09\%$ （ $P<0.001$ ）。电镜下 C 组泡型红细胞数量为 18.80 ± 7.29 个/500 个红细胞，H 组泡型红细胞数量为 56.83 ± 11.20 个/500 个红细胞（ $P<0.001$ ），C 组棘型红细胞数量为 12.80 ± 6.38 个/500 个红细胞，H 组棘型红细胞数量为 25.33 ± 7.94 个/500 个红细胞（ $P=0.019$ ）。EOF 实验结果显示 C 组红细胞 50%溶血率均在 $4.0\text{—}4.5\text{g/L}$ （NaCl 浓度），H 组 50%溶血率均在 $4.5\text{—}5.0\text{g/L}$ （NaCl 浓度）。HAPC 大鼠血浆游离血红蛋白、血浆 CD73、血浆腺苷、红细胞胞浆腺苷、红细胞胞浆 S1P、红细胞胞浆 2,3-BPG 表达水平均高于 C 组，H 组红细胞 ADORA2B、eENT1、P-SPHK1、S1P、BPGM、GAPDH 蛋白表达水平明显高于 C 组。

结论 HAPC 大鼠红细胞增多与骨髓造血功能增强和红细胞凋亡减少有关。HAPC 大鼠红细胞出现了大量异形红细胞、EOF 增加、溶血抵抗力降低可能都与红细胞代谢存在一定的关系。HAPC 大鼠红细胞 CD73/Adenosine/S1P/2,3-BPG 代谢通路和 eENT1/Adenosine/BPGM/2,3-BPG 代谢通路都被激活，产生大量 2,3-BPG，促进氧气的释放。

OR-0176

重型/极重型再生障碍性贫血(V/SAA)和输血依赖性非重度再生障碍性贫血(TD-NSAA)患者体细胞基因突变及其对免疫抑制治疗(IST)疗效的影响

叶蕾

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨极/重型再生障碍性贫血(V/SAA)和输血依赖性非重度再生障碍性贫血(TD-NSAA)患者体细胞突变（somatic mutation, SM）特点及其对免疫抑制治疗(IST)疗效的影响。

方法 IST 治疗前应用二代测序技术检测 114 个血液肿瘤相关基因，分析其特点及其对 IST 疗效的

影响。

结果 共 312 例患者于 IST 治疗前完善该检测, 56 例患者(17.9%)发现体细胞突变, 男性: 女性为 0.93, 中位年龄为 44 (7-72) 岁, 共涉及 25 个基因, 包括 DNMT3A (14, 20.9%), BCOR (9, 13.4%), PIGA (9, 13.4%), TET2 (4, 6.0%), ASXL1 (3, 4.5%), FAT1 (3, 4.5%), 和 RUNX1 (3, 4.5%) 等。85.7% 的患者 (48 例) 携带一个体细胞突变。中位等位基因变异频率 (VAF) 为 5.0 (1.1-74.1) %。分析 SM 患者基线特征, SM 组的患者年龄较大, 淋巴细胞计数较低 ($P=0.026, 0.024$)。分析 SM 对 IST 疗效影响, 未发现 SM 对 IST 治疗后 3、6、12 个月的血液学反应、复发、疾病进展、死亡、总生存期(OS)和无事件生存期(FFS)等有影响($P>0.05$)。根据突变基因的类型将患者分为三组: 有 PIGA 或 BCOR/BCORL1 (第一组), 有 DNMT3A 或 TET2 或 ASXL1 或 FAT1 或 RUNX1 (第二组), 没有或有其他突变 (第三组)。各组之间疗效无显著差异 ($P>0.05$)。15 例患者发生克隆性演变, 4 年克隆演变的累积发生率为 $6.6\pm 2.0\%$ 。第二组患者克隆演进累积发生率高于其他组, 但未做出统计学差异 ($P=0.501$)。

结论 V/SAA 和 TD-NSAA 的 SM 发生率及突变频率较低。IST 前的突变对 IST 的治疗反应、克隆演进及生存率没有显著影响, 携带 DNMT3A 或 TET2 或 ASXL1 或 FAT1 或 RUNX1 者克隆演进累积发生率高于其他

OR-0177

Serum Ferritin is a Risk Factor for Pulmonary Dysfunction in Patients with Transfusion-dependent Thalassemia

Xiao Liang¹, Gaohui Yang², Rongrong Liu², Yongrong Lai²

1. Guangxi Medical University

2. The First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

Objective The primary objectives of this research were twofold: 1. to ascertain the prevalence and primary categories of lung function abnormalities among TDT patients; 2. to delve into the factors influencing lung function abnormalities in this patient population and establish whether they are associated with iron overload. Ultimately, our goal is to facilitate early intervention strategies aimed at preserving patients' lung function and enhancing their overall quality of life.

Methods We carried out a retrospective study involving 140 patients with TDT. All participants underwent pulmonary function tests and were asymptomatic for respiratory conditions or underlying cardiopulmonary disorders.

Results The mean patient age was 8.7 ± 3.2 years, with a median serum ferritin (SF) level of 3791.4 ng/ml (IQR: 2424.1-5733.3 ng/ml). Pulmonary function abnormalities were detected in 46.43% (65 out of 140) of patients, primarily manifesting as diffusion impairment (26.43%), followed by ventilatory dysfunction (5.0%), and a combination of the two (15.0%). A serum ferritin level above 2500ng/ml significantly correlated with the occurrence of these abnormalities (OR=3.187, 95%CI:1.312-7.741, $P=0.010$), while higher hemoglobin concentrations demonstrated a protective effect (OR = 0.966, 95%CI: 0.943-0.989, $P=0.004$).

Conclusion Our study highlights diffusion dysfunction as the most prevalent type of pulmonary impairment in TDT patients. Furthermore, it establishes a correlation between elevated ferritin levels and compromised pulmonary function. These findings highlight the critical importance of standardizing iron chelation therapy and regularly assessing pulmonary function in TDT treatment to optimize patient outcomes.

OR-0178

Experimental study on the induction of apoptosis in acute myeloid leukemia cell line Kasumi-1 by the combination of total coumarins of *Hedyotis diffusa* and Akt inhibitor Perifosine

Zhi Chen¹, hao xiong¹, Fang Tao¹, Li Yang¹, Ming Sun¹, Shengyun Lin²

1. 武汉儿童医院

2. 浙江省中医院

Objective The purpose is to study the killing impact of TCHD combined with Akt inhibitor Perifosine on AML cell line Kasumi-1 and to discover combined action mechanisms, providing new ideas and strategies for clinical leukemia treatment.

Methods High-performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry (HPLC-MS/MS) and UV-vis spectrophotometry, respectively, were utilized to analyze the chemical structure and overall coumarin concentration of TCHD. The effectiveness of TCHD on Kasumi-1 cells was evaluated employing MTT assay, Hoechst 33258 DNA staining, and Annexin V-FITC/PI double labelling. Western blot was utilized to identify the expression changes of Caspase family proteins and connected proteins in the PI3K/Akt/NF- κ B signaling pathway after drug combination treatment.

Results The combination of TCHD and Perifosine has a synergistic inhibitory impact on the proliferation of Kasumi-1 cells. Flow cytometry results show that the combination treatment can induce more cell apoptosis. The Hoechst33258 fluorescence staining exhibited that the cell apoptosis in the mixture group is more significant compared to the single medication group. When TCHD is combined with Perifosine to induce apoptosis in Kasumi-1 cells, Caspase-3, Caspase-9, and PARP proteins are activated, and the expression of CytC is upregulated while P-P65 is downregulated.

Conclusion TCHD and Perifosine exhibits a synergistic effect in suppressing the Kasumi-1 cell growth, and its pathway of action may be connected to the PI3K/Akt/NF- κ B signaling pathway.

OR-0179

金卷升板方治疗新诊断 ITP 与网络药理学机制探讨

刘清池¹、马兵¹、申笑芳¹、张丽红¹、王玲娇²、周春华²

1. 河北医科大学第一医院血液内科

2. 河北医科大学第一医院药剂科

目的 探讨金卷升板方治疗初治原发免疫性血小板减少症 (ITP) 的临床疗效与安全性。

方法 选取 2016 年 1 月至 2021 年 6 月在河北医科大学第一医院门诊新诊断的采用金卷升板方治疗的 62 例 ITP 患者为中药组, 选取同期性别与年龄相匹配的单纯采用糖皮质激素甲泼尼龙治疗的新诊断的 31 例 ITP 患者作为激素组。观察两组患者的临床疗效和不良反应发生情况。

结果 中药组 62 例, 达完全反应(CR)28 例 (45.2%), 有效(E)28 例 (45.2%), 无效(NR)6 例 (9.7%), 总缓解率(RR)56 例 (90.3%), 持续有效(ME)56 例, 达缓解(Rem)50 例, 复发(Rep)6 例。激素组 31 例, 达 CR17 例 (54.8%), E7 例 (22.6%), NR7 例 (22.6%), RR24 例 (77.4%), ME3 例 (9.7%), Rem1 例 (3.2%), Rep18 例 (58.1%)。中药组常见的不良反应为轻微的胃肠道反应, 激素组不良反应血糖升高、血压升高、下肢浮肿、口轻溃疡等。

结论 金卷升板方治疗新诊断的 ITP 有较好的远期临床疗效, 复发率低, 不良反应较轻, 而甲泼尼龙治疗新诊断的 ITP 见效快, 但远期疗效较差, 复发率高, 不良反应较多。

OR-0180

冰片联合甲氨蝶呤治疗 PCNSL 的临床前探究

刘瑞敏、李其璟、郑晓燕、贺鹏程
西安交通大学第一附属医院

目的 原发中枢神经系统淋巴瘤（PCNSL）是一种原发于中枢神经系统而无全身其它淋巴结和淋巴组织浸润的非霍奇金淋巴瘤（NHL），具有恶性程度高、进展迅速等特点。由于血脑屏障（BBB）的存在，其预后较全身性 NHL 差。基于高剂量甲氨蝶呤（HD-MTX）的化疗是目前 PCNSL 患者的主要治疗手段，但 PCNSL 好发于老年人，不能耐受 HD-MTX 者居多。冰片作为小分子脂溶性单萜类物质，具有较好的促透作用，能够增加药物在脑组织中的浓度，有效提高其治疗效果。本研究拟探讨冰片对 PCNSL 模型小鼠脑组织中 MTX 的影响，分析冰片辅助 MTX 穿越血脑屏障的作用，以期 HD-MTX 治疗 PCNSL 提供减毒增效的新途径。

方法 脑立体定位注射 A20-Luc 细胞，建立 PCNSL 小鼠模型。造模 17d 时，活体成像剔除造模失败小鼠。将模型小鼠随机分为对照组（0.9% 生理盐水），冰片高、低剂量组（100，40 mg/kg）。灌胃冰片给药 1 h 后，3 组小鼠均尾静脉注射 MTX 20 mg/kg，分别于注射后 0.25、0.5、1、4、24h 的收集脑组织，采用液相色谱-质谱联用技术（HPLC-MS），测定脑组织中 MTX 的浓度，并计算其主要药动学参数。

结果 与对照组相比，冰片高、低剂量组 PCNSL 小鼠的脑组织匀浆中 MTX 的 C_{MAX} 、 AUC_{0-t} 、 $AUC_{0-\infty}$ 均显著增高（ $P < 0.05$ ），其中冰片低剂量（40 mg/kg）的促透作用最为显著（ $P < 0.01$ ）。

结论 天然冰片可增加 MTX 在 PCNSL 模型小鼠脑组织中的分布，提高其在脑组织中的生物利用度。以上发现为保证 MTX 入脑达到治疗效果的同时，降低其毒副作用，提高临床疗效提供了有力的实验依据。

OR-0181

汉防己甲素对继发性噬血细胞综合症的改善作用及机制研究

丁丽、王兴兵
安徽省立医院（中国科学技术大学附属第一医院）

目的 探讨汉防己甲素（Tetrandrine, Tet）对继发性噬血细胞综合症（secondary hemophagocytic lymphohistiocytosis, sHLH）的炎症、凋亡、氧化应激和脂质代谢积累的影响及其相关机制。

方法 巨噬细胞（RAW264.7）和雄性 C57BL/6J 小鼠给予 TLR3 激动剂（Poly I:C）和脂多糖（LPS）联合（简称为 PL）诱导建立继发性噬血细胞综合症体外和体内模型，通过细胞 MTT 实验、Real time qPCR、免疫印迹、生化分析仪和 ELISA 试剂盒等方法进行检测。

结果 体外实验结果显示，Poly I:C 和 LPS 联合能诱导 RAW264.7 细胞产生类似 sHLH 的炎症表型，白介素 6（interleukin-6, IL-6）和白介素 1 β （interleukin-1 β , IL-1 β ）表达水平显著升高，Tet 可降低 IL-6 和 IL-1 β 的表达水平（均 $P < 0.05$ ）。Poly I:C 和 LPS 同样能诱导 C57BL/6J 小鼠产生典型的 sHLH 症状。Tet 干预可改善小鼠 sHLH 症状，包括升高血细胞和血小板；降低谷丙转氨酶（alanine transaminase, ALT）、谷草转氨酶（aspartate transaminase, AST）、乳酸脱氢酶（lactate dehydrogenase, LDH）和甘油三酯（triglyceride, TG）；改善 PL 引起的炎症、凋亡、脂质积累及氧化应激（均 $P < 0.05$ ）。机制研究表明 Tet 能够抑制 PL 激活的 p-mTOR 和 p-ERK1/2（ $P < 0.05$ ）。

结论 汉防己甲素可以改善 PL 诱导的继发性 HLH，其作用机制可能与抑制 p-mTOR 和 p-ERK1/2 信号通路有关。

OR-0182

三氧化二砷联合 G-CSF 通过 TP53-SLC7A11-GPX4 途径 诱导 TP53 突变急性髓性白血病铁死亡的发生发展

朱格兰¹、付婉彬¹、王昕芃²、徐岚¹、蔡佳翌¹、王婷¹、侯健¹、钟华¹

1. 上海交通大学医学院附属仁济医院

2. 复旦大学附属肿瘤医院

目的 急性髓性白血病是一种高度异质性的疾病。约 8%AML 患者携带 TP53 突变，而 TP53 突变与侵袭性病程和低生存率相关。三氧化二砷治疗急性早幼粒细胞白血病疗效显著，但在其他 AML 亚型中的临床仍然有限。最近的研究表明，ATO 可以挽救多种 TP53 突变，有望成为针对突变 p53 的白血病的个体化治疗策略。并且在我们之前的研究表明，G-CSF 上调 AQP9 可增强 ATO 在非 APL 细胞中的作用。为研究 ATO 及其联合 G-CSF 对携带 TP53 突变的 AML 患者是否具有治疗前景，我们对此进行了进一步的研究。

方法 在全基因组分析队列中对白血病中 TP53 突变进行了全面的分析，确定 TP53 突变的频率和分布。采用 KM 法计算中位总生存期。在不同 TP53 突变类型的细胞系（KASUMI-1、THP-1、HL-60、MOLM13）中采用 C11 BODIPY 流式细胞数及荧光显微镜观察细胞内脂质氧化水平，QRT-PCR 和 WB 检测 RNA 和蛋白表达，双荧光素酶实验检测突变 p53 与 SLC7A11 启动子的相互作用关系。

结果 1005 例初诊患者数据库样本显示有 120 个样本存在 TP53 突变，错义突变是常见的 TP53 突变，其中 R248Q 的突变频率最高。TP53 突变和患者 OS 显著相关。ATO 可诱导各细胞系的细胞死亡。KASUMI-1 细胞株对 ATO 最敏感，加入抑制剂 Fer-1 后可阻止这一细胞死亡。在 KASUMI-1 细胞系中，ATO 增加了脂质氧化水平和 MDA 水平，降低了 GPX4 和 SLC7A11 的表达，表明 ATO 能够促进铁死亡的发生。但在 MOLM13 细胞系中，ATO 增加了脂质氧化水平，但抑制剂不能阻止 GPX4 和 SLC7A11 的表达。THP-1 和 HL-60 中 ATO 并未产生作用。这些表明 ATO 对错义突变有更明显的影响。在 KASUMI-1 细胞系中，联合 G-CSF 可促进脂质氧化水平，并进一步降低 GPX4 和 SLC7A11 的表达，也通过双荧光素酶报告基因实验证实了 ATO 能够通过 p53 对 SLC7A11 的转录产生作用

结论 ATO 通过 GPX4/SLC7A11 信号传导途径诱导 TP53 突变 AML 细胞铁死亡。G-CSF 的加入能够增强上述效果。ATO 和 G-CSF 的联合使用可能成为治疗伴有 TP53 突变的 AML 的新策略。

OR-0183

雄黄纳米晶促进骨髓增生异常综合症患者骨髓细胞的红系造血

王涛¹、韩冰²、许海燕¹

1. 中国医学科学院基础医学研究所

2. 中国医学科学院北京协和医院

目的 骨髓增生异常综合征（myelodysplastic syndromes, MDS）是一类由髓系细胞发育异常导致的克隆性疾病，难治性贫血是 MDS 患者最常见的症状，目前缺乏有效的治疗药物。我们前期工作中制备了一种表面包裹亲水性高分子的雄黄（As₄S₄）纳米颗粒（ee-As₄S₄），并发现其诱导慢性髓系白血病细胞系 K562 中发生红系分化的现象。ee-As₄S₄ 在 K562 细胞中诱导红系分化的效应提示其可能具有缓解 MDS 贫血的潜能，本研究中探讨了 ee-As₄S₄ 在 MDS 治疗中的效应和机制。

方法 通过热熔共挤出、冷冻干燥等方法制备了亲水性的雄黄纳米制剂（ee-As₄S₄），并通过动态光散射和透射电镜等方法检测了 ee-As₄S₄ 的粒径和细胞内定位。在 MDS 患者来源的骨髓单个核细胞、红系分化模式细胞系 K562 和 HEL 中研究了 ee-As₄S₄ 对红系分化的影响及其作用机制。

结果 本研究中,我们发现 ee-As4S4 可增加 MDS 患者骨髓细胞中珠蛋白的基因和蛋白水平,增加红系分化表面标记物 CD235a 的表达和 CD235a 阳性细胞的比例,减小 CD235a 阳性细胞的体积,提示 ee-As4S4 可诱导 MDS 骨髓单个核细胞发生红系终末分化,促进红细胞生成。我们在共计 15 例、包含全部亚型的 MDS 患者来源的骨髓样本中证实, ee-As4S4 可促进各种亚型的 MDS 患者骨髓中单个核细胞的红细胞生成。机理研究表明, ee-As4S4 通过激活转录起始因子 2 α (eIF2 α) 的磷酸化增加珠蛋白的转录和表达。除此之外, eIF2 α 的磷酸化导致细胞内应激颗粒形成,转录起始因子 4E (eIF4E) 被隔离在应激颗粒内而失活,从而抑制红系终末分化过程中一般蛋白质的合成。除此之外, ee-As4S4 通过清除细胞内 ROS 缓解 MDS 患者骨髓单个核细胞中的氧化应激,从另一个角度缓解了 MDS 患者的无效造血。

结论 综上所述,本研究证实 ee-As4S4 可促进 MDS 患者骨髓的红系造血,为 MDS 患者的难治性贫血提供了一种潜在的治疗药物。

OR-0184

加味金匱肾气丸预防单倍型异基因造血干细胞移植后 出血性膀胱炎的疗效观察

刘慧霞

上海市闸新中西医结合医院

目的 观察加味金匱肾气丸预防单倍型异基因造血干细胞移植后出血性膀胱炎的临床疗效。

方法 对 2020 年 1 月至 2023 年 10 月接受单倍型异基因造血干细胞移植的 65 例血液病患者,肾气丸组 31 例 (5g, 一日两次口服,批准文号:国药准字 z53021294 昆明中药厂有限公司),对照组 34 例进行真实世界前瞻性队列研究,中位随访时间为 277 (14 - 902) 天。对比两组患者出血性膀胱炎的累积发生率及临床特征以及尿病毒的检出率。

结果 肾气丸组和对照组出血性膀胱炎累积发生率为 29.0 \pm 2.6% 与 52.9 \pm 3.3%,重度累积发生率为 9.7 \pm 3.4% 及 17.6 \pm 2.7%,前组显著低于后组,差异具有统计学意义。两组患者出血性膀胱炎发生的中位时间分别为移植后 26 (7 - 48) 天和 37 (8 - 126) 天,持续的中位时间为 13 (7 - 29) 天和 16 (8 - 103) 天,差异无统计学意义。两组患者移植后尿液 BK 多瘤病毒 (BKV) 阳性率分别 41.9% 及 67.6%,差异具有统计学意义。

结论 单倍型异基因造血干细胞移植后予加味金匱肾气丸预防,能够降低出血性膀胱炎累积发生率以及重度出血性膀胱炎的发生,可能通过降低尿液 BKV 感染率实现。

OR-0185

扶正解毒方序贯治疗化疗后弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 患者的生存观察及其对 T 淋巴细胞亚群的调控作用探究

李希¹、周雯怡¹、袁欣蓓¹、颀孙诗雅¹、杨轶杰¹、傅华¹、沈伟¹、徐旻¹、甘欣锦¹、陆嘉惠²

1. 上海中医药大学附属龙华医院

2. 上海中医药大学附属市中医医院

目的 回顾分析扶正解毒方序贯治疗化疗后弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 患者的生存情况,并探究 T 淋巴细胞亚群水平与化疗后 DLBCL 患者生存情况的关联及本方序贯治疗对 T 淋巴细胞亚群水平的影响。

方法 收集本中心血液科 2013 年 1 月至 2023 年 8 月确诊 DLBCL 的患者信息,筛选出已完成初始

化疗后获得疗效达到完全反应（CR）及部分缓解（PR）的共 234 例 DLBCL 患者，根据是否服用扶正解毒方加减进行序贯治疗分为治疗组（126 例）和对照组（108 例）。观察回顾统计两组患者初始治疗后 1 年及 2 年的无进展生存率（PFS%）及总生存率（OS%），统计分析两组患者的中位无进展生存时间（mPFS）、中位生存时间（mOS）及疾病持续缓解时间（DOR），同时分层分析影响患者生存预后的影响因素（包括年龄、Ann Arbor 分期）。分析对比两组患者 T 淋巴细胞亚群计数水平，观察患者免疫状态对生存预后的影响及扶正解毒方序贯治疗的作用。

结果 初始化疗结束后 2 年（EOI 后 2 年）的 PFS% 比较，治疗组（84%）高于对照组（64%）， $P<0.001$ ，差异有统计学意义；EOI 后 2 年 OS% 比较，治疗组（90%）高于对照组（81%）， $P=0.0481$ ，差异有统计学意义；治疗组与对照组中位无进展生存时间（mPFS）分别为 46.5（3,157）个月和 38（3,126）个月，治疗组高于对照组， $P=0.005$ 差异有统计学意义；治疗组与对照组持续缓解时间（DOR）分别为 43（0,153）个月和 34（0,122）个月，治疗组高于对照组， $P=0.005$ 差异有统计学意义；两组总生存分析比较，无进展生存时间（PFS）比较， $P=0.003$ ，治疗组高于对照组，差异有统计学意义；总生存时间（OS）比较， $P=0.098$ ，差异无统计学意义；亚组分析 DLBCL 患者生存预后，结果显示：年龄 <60 岁、AA 分期 III-IV 期 DLBCL 患者中，治疗组 PFS 高于对照组，差异有统计学意义，余分组中对比差异无统计学意义；DLBCL 患者 T 淋巴细胞亚群计数相关分析，初始化疗结束时 CD4+T 绝对计数 $<$ 正常值下限（LLN）的患者 PFS 及 OS 均低于 CD4+T 绝对计数正常的患者， $P=0.012$ 、 $P=0.005$ ，差异有统计学意义；治疗组患者 EOI 后 2 年 CD3+T、CD4+T、CD19+T 淋巴细胞水平较 EOI 时升高， $P=0.001$ 、 $P<0.001$ 、 $P<0.001$ ，差异有统计学意义。

结论（1）扶正解毒方序贯治疗可提高化疗后 DLBCL 患者的 2 年 PFS% 及 OS%，延长患者的 mPFS 及 DOR；（2）扶正解毒方序贯治疗可提高不同年龄段化疗后 DLBCL 患者的 PFS 以及 AA 分期 III-IV 期患者的 PFS；（3）扶正解毒方序贯治疗可提高化疗后 CD4+T 细胞水平低下 DLBCL 患者的 PFS，并可提高化疗后 DLBCL 患者 CD3+T、CD4+T、CD19+T 淋巴细胞水平，恢复患者的免疫功能。

OR-0186

康复新液联合 G-CSF 冷冻疗法预防造血干细胞移植患者 口腔黏膜炎的随机对照研究

冯一梅、王丹、王丽、唐杰、孙恒蕊、陈小丽、张曦
陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 口腔黏膜炎在造血干细胞移植中发病率较高，尤其严重的黏膜炎给患者带来恶心、疼痛、感染甚至胃肠道出血等并发症，影响移植效果。目前，常规预防方案的效果有限。本文探讨康复新液联合 G-CSF 冷冻疗法预防造血干细胞移植患者口腔黏膜炎发生的随机对照临床研究。

方法 分析 2022 年 9 月 1 日至 2023 年 2 月 28 日重庆新桥医院接受造血干细胞移植患者 34 例采用冷疗法，按照随机数字表法进行分组，试验组 17 例采用康复新液联合重组人粒细胞集落刺激因子冷冻疗法，对照组 17 例采用冰盐水冷疗。试验组（康复新+G-CSF）：0.9%生理盐水 100ml+G-CSF150ug+康复新液 100ml 配置后冻成 2-3cm 大小的冰块，预处理期间从用药前 30 分钟到用药后 30 分钟口含。对照组：冰盐水预处理期间用药期间含漱。观察指标包括：口腔溃疡发生率，III-IV 度口腔溃疡发生率，患者口腔疼痛严重情况，粘膜损伤的恢复时间，冷疗相关不良反应发生情况。

结果 试验组口腔黏膜炎发生率为 54.48%，对照组口腔黏膜炎发生率为 54.92%，无明显差别。但是，试验组 3-4 级口腔黏膜炎发生率明显减少，为 8.23%，对照组 3-4 级口腔黏膜炎发生率为 20.5%（ $P<0.05$ ）；两组疼痛评分平均分别是试验组 1.5 分，对照组 3.1 分（ $P<0.05$ ）；口腔黏膜炎持续时长试验组为 4.63 ± 1.13 天，对照组为 7.28 ± 1.57 天（ $P<0.05$ ）；两组患者造血重建时间无统计学差异（ $P>0.05$ ）；两组均未出现冷疗相关不良反应。

结论 在造血干细胞移植预处理中，康复新液联合 G-CSF 冷冻疗法，缩短了口腔粘膜炎持续时间，减少了 3-4 级口腔粘膜炎的发生率，降低了口腔粘膜炎疼痛程度，未出现冷疗相关不良反应，值得临床推广应用。

OR-0187

ABC-14 方案（阿扎胞苷、维奈克拉和西达苯胺） 对初治急性髓系白血病的诱导疗效与“3+7”方案相当： 来自 ABC-14 协作组真实世界的经验

翁建宇¹、吴萍¹、邓程新¹、张宇明²、李敏明¹、黄欣¹、黄振倩³、叶絮⁴、姜义荣⁵、林丽娥⁶、郑润辉⁷、李小亮⁸、罗成伟¹、赖沛龙¹、李扬秋⁹、杜欣¹

1. 广东省人民医院
2. 广东医科大学附属第一医院
3. 广州医科大学附属第一医院
4. 广州医科大学附属第二医院
5. 东莞市人民医院
6. 海南省人民医院
7. 广州医科大学附属第五医院
8. 珠海市人民医院
9. 暨南大学附属第一医院

目的 诱导早期死亡率和耐药是影响 AML 治疗效果重要因素，迫切需探索低毒有效的治疗方案。西达本胺与阿扎胞苷和维奈克拉具协同诱导 AML 细胞凋亡作用，可部分克服维奈克拉耐药。本研究比较“ABC-14”方案与“3+7”方案治疗初治 AML 的疗效和安全性。

方法 回顾性分析 134 例初诊 AML(非 APL)患者：53 例接受 ABC-14 方案治疗【阿扎胞苷(75 mg/m², 1-7 天)、维奈克拉(400mg, 1-14 天)和西达本胺(5mg, 1-6 天和 8-13 天)】；来自 AML-2010 协作组中广东省人民医院的 81 例 AML 患者作为对照组，接受“3+7”方案（去甲氧柔红霉素 10mg/m², 1-3 天；阿糖胞苷 100 mg/m², 1-7 天）。

结果 相较于“3+7”组，ABC-14 组患者平均年龄更大且 ELN 预后不良患者比例更高（ $p < 0.001$ ）。一疗程 ABC-14 诱导治疗后，ABC-14 组的 ORR (CRc+PR)率显著高于“3+7”组(92.5% vs 75.3%， $P=0.012$)，而 CRc 率(CR+CRi)与“3+7”组无显著差异（77.3% VS 67.7%， $P=0.813$ ），对于 M4/M5 亚型两组 CRc 率亦显著差异(73.9% vs 66.7%， $P=0.838$)。

ABC-14 组 88% 的患者发生了 3 或 4 级血液学不良事件，但血小板恢复时间明显短于“3+7”组(10.86±14.73 vs 20.87±9.83, $P=0.002$)，中性粒细胞恢复时间两组间无统计学差异(15.5±13.71 vs 16.25±8.91, $P=0.779$)。30 天内早期死亡两组无显著差异（ABC-14 组 1 例 vs“3+7”组 6 例， $P=0.244$ ）。

结论 初步结果显示 ABC-14 方案治疗初治 AML 的疗效与传统的“3+7”方案相当，且耐受性更好。

OR-0188

Multicenter Data Analysis of Discontinuation of Chronic Myeloid Leukemia Treatment with Tyrosine Kinase Inhibitors in China

Fang Cheng¹, Yu Wang², Na Xu³, Yanli Zhang⁴, Xin Du⁵, Yu Zhu⁶, Huanling Zhu⁷, Yunfan Yang⁷, Zhenfang Liu⁸, Hongbo Ren⁹, Jian Huang¹⁰, Jianyu Weng¹¹, Weiming Li¹

1. Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology
2. Dian Diagnostic Group
3. Nanfang Hospital Southern Medical University
4. Henan Cancer Hospital Affiliated Cancer Hospital of Zhengzhou University
5. The Second People's Hospital of Shenzhen
6. Jiangsu Province Hospital
7. West China Medical Center, Sichuan Medical University
8. Guangxi Medical University
9. The First People's Hospital of Jingzhou (Jingzhou Cancer Hospital, The First Affiliated Hospital of Yangtze University)
10. The First Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine
11. Guangdong General Hospital

Objective The advent of tyrosine kinase inhibitors (TKI) has significantly improved the prognosis of chronic myeloid leukemia (CML) patients, particularly for those in the chronic phase. The pursuit of treatment-free remission (TFR) is now a tangible clinical objective and considerable research efforts have been directed toward identifying precise stop conditions. The current guidelines suggest that patients who have been treated with TKIs for at least three years and have sustained a deep molecular response (DMR) for at least one year may consider discontinuing TKI therapy. However, many of these patients experience molecular recurrence (lost major molecular response (MMR)) within the first six months after cessation of TKI treatment. It is becoming increasingly evident that patient-specific factors might have complicated interactions with the outcomes of TKI discontinuation. A thorough understanding of these factors and their statistical interplay is essential for further study.

Methods A multi-center retrospective cohort was established for CML patients diagnosed between 1999 and 2020, enrolling 540 patients from 10 centers in China. Patients who had received any TKI for at least 3 years without treatment failure and had a confirmed DMR for at least 1 year after discontinued TKI therapy were identified. Their clinical and laboratory records were reviewed for demographic data and treatment history, which resulted in 493 eligible patients.

Results The average diagnosis age of the patients is 38.5 ± 13.6 years, with 51.1% male. The age at the discontinuation of TKI therapy is 45.9 ± 13.5 years. The time to achieve MMR is 13.5 ± 12.7 months. The time to achieve DMR is 19.8 ± 18.6 months. The duration for TKI therapy is 7.1 ± 2.7 years. The duration of MMR before stopping TKI is 5.9 ± 2.5 years. The duration of DMR before stopping TKI is 5.4 ± 2.7 years. The EUTOS long-term survival score distribution is as follows: 65.9% low risk, 14.5% intermediate risk, 3.9% high risk, and 15.7% data unavailable. 256 (51.9%) successfully maintained MMR 6 months after discontinuation and 237 (48.1%) experienced molecular relapses. The suggested predictor for the safety of TKI discontinuation was DMR exceeding 3.1 years, which has a sensitivity of 92.8%, specificity of 33.6%, and overall accuracy of 64.4%.

Conclusion Identifying patients at risk of discontinuation is crucial for optimizing treatment strategies. The relatively low specificity and accuracy underline the necessity for more reliable predictors and suggest that Chinese patients may have different statistics. Future studies will focus on the analysis of larger cohorts and exploring more effective biomarkers with more sophisticated methods.

OR-0189

组蛋白在 Ph 染色体阴性的慢性骨髓增生性肿瘤患者的间充质干细胞中表达并作为潜在的药物靶点

赵苗苗、张敏

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探索组蛋白在 MPN 患者骨髓间充质干细胞 (BM-MSCs) 中的表达特征和生物学功能, 并通过西达本胺作为组蛋白抑制剂(HDACi)研究 HDACi 对 MPN 患者 BM-MSCs 的调节作用

方法 收集华中科技大学协和医院血液病研究所 2023 年 1 月-2023 年 12 月确诊的慢性骨髓增生性肿瘤 (MPN), 包括: 原发性血小板增多症 (ET)、真性红细胞增多症 (PV) 和原发性骨髓纤维化 (PMF) 患者的骨髓标本和健康对照的骨髓标本。将收集的标本通过全血法分离培养 BM-MSCs。首先, 通过 RT-qPCR 检测 MPN 患者和健康供体的 BM-MSCs 中肌成纤维细胞分化的标志物 α -SMA 和 FAP 的 mRNA 表达量, 并通过 Western blot 检测 α -SMA 和 FAP 蛋白的表达量。将 TGF- β 1 加入 BM-MSCs 培养基, 分别检测 48h、72h α -SMA 和 FAP 的 mRNA 和蛋白表达量。检测 MPN 患者和健康对照的 BM-MSCs 中 HDACs 的表达量以及组蛋白 H3 和 H4 的表达量。其次, 西达本胺作为组蛋白抑制剂和 BM-MSCs 共培养, 检测 BM-MSCs 中 α -SMA、FAP 的 mRNA 和蛋白表达, 并通过 Western blot 检测 mTOR 通路的激活情况, 通过流式细胞术检测 BM-MSCs 的活力。

结果 MPN 患者的 BM-MSCs 中高表达 α -SMA 和 FAP。PMF 患者骨髓间充质干细胞中 HDAC1、HDAC2 和 HDAC8 表达上调。TGF- β 1 诱导骨髓间充质干细胞 α -SMA 和 FAP 上调, 激活 mTOR 信号, 而西达本胺可逆转这种影响, 还能诱导骨髓间充质干细胞凋亡。

结论 Ph 染色体阴性的 MPN 的发病机制可能涉及组蛋白失调, 而组蛋白抑制剂 (如西达本胺) 有可能用于治疗这类疾病

OR-0190

HIV 相关淋巴瘤患者的淋巴细胞亚群及体内炎症状态变化

肖晴、全茜、陈双、杨再林、刘耀

重庆大学附属肿瘤医院

目的 HIV 相关淋巴瘤 (HIV+淋巴瘤) 患者相较未感染 HIV 的淋巴瘤 (HIV-淋巴瘤) 患者, 其淋巴细胞亚群表达情况及其对预后的影响目前尚不完全清楚。本研究旨在分析某三甲医院初诊 HIV 相关淋巴瘤患者与 HIV-淋巴瘤对照组的淋巴细胞亚群表达情况, 并进一步探究其对淋巴瘤的预后影响。

方法 研究对象是重庆大学附属肿瘤医院血液肿瘤中心 2022 年 7 月-2023 年 12 月初诊的 99 例淋巴瘤患者, 其中含 32 例 HIV 相关淋巴瘤患者, 以及按照性别和年龄匹配的 64 例初诊 HIV-淋巴瘤患者。收集病人的临床信息, 流式细胞术检测初诊时外周血淋巴细胞亚群情况、颗粒酶与穿孔素表达及炎症因子含量, 同时随访病人的疗效情况、生存情况。分析两组间淋巴细胞亚群等指标的差异。

结果 HIV 相关淋巴瘤组和 HIV-淋巴瘤组之间, 性别、年龄、初诊时骨髓浸润情况无明显差异。HIV+淋巴瘤患者组的 CR 率低于 HIV-淋巴瘤组。淋巴细胞亚群方面, HIV+淋巴瘤组相比 HIV-淋巴瘤组, 淋巴细胞总数更低, CD8+ T 淋巴细胞占比及计数更高, CD4+ T 淋巴细胞占比及计数更低, CD4/CD8 更低; HIV+淋巴瘤患者的 NK 细胞、Treg 细胞、DNT 细胞计数更低。关于炎症因子, 相比 HIV-淋巴瘤患者, HIV+淋巴瘤患者的白细胞介素 2 受体(IL-2R)、白细胞介素 6(IL-6)表达更高。

结论 综上, 本研究显示, HIV+淋巴瘤患者外周血 CD4+ T 淋巴细胞、NK 细胞、Treg 细胞、DNT 细胞均不能程度减少, CD4/CD8 也更低, 但 CD8+ T 淋巴细胞计数明显增加。另外, HIV+淋巴瘤患者体内部分炎症因子水平升高, 提示其炎症状态更高。

OR-0191

国内多中心进展期系统性肥大细胞增多症患者临床特征的回顾性分析

张智博¹、尹佳¹、廉国利²、胡萌³、刘振芳⁴、于媛⁵、米瑞华⁶、左雅蓓⁷、史鹏程⁸、郑伟燕⁹、江倩¹⁰、晁红颖¹¹、肖佩芳¹²、于威娟¹³、韩艳秋¹⁴、吴昊¹⁵、曾彦¹⁶、闫睿¹⁷、张敏¹⁸、沈文怡¹⁹、刘金虎²⁰、王欢²¹、路康²²、陈建玲²³、张新友²⁴、李炳宗²⁵、邵燕萍²⁶、陈苏宁¹

1. 苏州大学附属第一医院
2. 西安交通大学第一附属医院
3. 河南科技大学第一附属医院
4. 广西医科大学第一附属医院
5. 山东大学齐鲁医院
6. 河南省肿瘤医院
7. 河北医科大学第二医院
8. 南方医科大学南方医院
9. 浙江大学医学院附属第一医院
10. 北京大学人民医院
11. 常州市第二人民医院
12. 苏州大学附属儿童医院
13. 烟台市毓璜顶医院
14. 内蒙古医科大学附属医院
15. 四川大学华西医院
16. 成都市第二人民医院
17. 哈尔滨血液肿瘤研究所
18. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
19. 江苏省人民医院
20. 兰州大学第二医院
21. 昆山市第一人民医院
22. 山东省立医院
23. 平顶山市第二人民医院
24. 深圳市人民医院
25. 苏州大学附属第二医院
26. 浙江省台州医院

目的 回顾性分析全国多中心诊治的进展期系统性肥大细胞增多症（advanced systemic mastocytosis, AdvSM）及其各亚组患者的临床特征。

方法 收集 2018-2023 年国内多中心诊治的 48 例 AdvSM 患者的信息，分析比较侵袭性 SM（aggressive SM, ASM）、SM 伴相关血液肿瘤（SM with an associated hematologic neoplasm, SM-AHN）和肥大细胞白血病（mast cell leukemia, MCL）三组患者的临床特征。

结果 48 例 AdvSM 患者的中位年龄为 54（5-89）岁，男性占 62.50%。中位随访 7.25 个月后，17/44（38.64%）的患者死亡，中位生存时间为 20.87 月。确诊 SM 时，皮肤症状、骨骼受累和器官肿大的发生率分别为 8/39（20.51%）、6/40（15.00%）和 23/40（57.50%），单核细胞增高、嗜酸性粒细胞增高的发生率分别为 12/32（37.50%）和 4/28（14.29%），7/33（21.21%）患者的血清总类胰蛋白酶 > 100ng/mL。在骨髓病理组织中，肥大细胞（mast cell, MC）的中位比例为 30.00%（2.00%-80.00%）。在分子学异常方面，23/40（57.50%）的患者检出异常核型；24/46（52.17%）的患者融合基因阳性，均为 RUNX1::RUNX1T1；39/48（81.25%）的患者有 KIT 基因突变。

ASM、SM-AHN 和 MCL 的患者分别有 7 例、27 例和 14 例。ASM 组的骨骼症状发生率最高（66.67% vs 4.55% vs 8.33%， $p=0.004$ ），SM-AHN 组的器官肿大发生率最高（66.67% vs 33.33% vs 15.38%， $p=0.005$ ），ASM 组无单核细胞增多（0.00% vs 47.06% vs 50.00%，

$p=0.021$)，MCL 组的骨髓 MC 比例最高 (50.00% vs 30.00% vs 12.50%， $p<0.001$)。SM-AHN 组的 KIT 突变发生率最高 (100.00% vs 57.14% vs 57.14%， $p<0.001$)。MCL 的总体生存 (overall survival, OS) 显著差于 SM-AHN 和 ASM (中位生存期: 9.70 月 vs 20.90 月 vs 未达到, $p=0.022$)。

结论 1.国内 AdvSM 患者以男性居多，常有皮疹、骨骼受累、器官肿大、单核细胞增多和嗜酸性粒细胞增多等临床表现，且大多携带 KIT 突变。

2.AdvSM 各亚型中以 SM-AHN 最常见，MCL 的预后最差。

3.SM-AML 在 SM-AHN 中占比显著高于国外报道水平，提示可能有大量伴发 SM 的慢性血液肿瘤患者被漏诊。

OR-0192

儿童特发性多中心型 Castleman 病的临床特征及预后： 一项双中心、回顾性研究

高雨菡¹、姚佳峰²、李思源¹、党悦¹、张路¹、张蕊²、李剑¹

1. 中国医学科学院 北京协和医院 血液内科

2. 国家儿童医学中心 首都医科大学附属北京儿童医院 血液病中心

目的 特发性多中心 Castleman 病 (iMCD) 是具有特征性病理改变的罕见血液病，以多发淋巴结肿大、全身性炎症和多器官功能障碍为特征，根据临床表现不同可分为 TAFRO 亚型和 NOS 亚型。虽然国际 Castleman 病协作组 (CDCN) 在 2018 年主要基于成人数据发布了首个 iMCD 治疗共识，但对儿童 iMCD 患者了解尚不充分。既往国外文献报道显示儿童 iMCD 患者中 TAFRO 亚型较多且预后差，不过样本量较小 ($n=19$)。本研究旨在通过更大样本量的中国儿童 iMCD 队列分析，描述儿童 iMCD 的特点。

方法 回顾性分析 2012-2024 年间在北京协和医院及北京市儿童医院确诊且年龄 ≤ 18 岁 iMCD 患者。治疗缓解定义为 CDCN 标准的生化和症状均达到部分缓解及以上。

结果 研究共纳入 23 例患者，男女比例 16: 7，中位 (范围) 确诊年龄 12 (2-18) 岁。组织病理学分型: 浆细胞型 16 例，混合型 5 例，透明血管型 3 例。临床分型: iMCD-NOS 16 例 (70%)，iMCD-TAFRO 7 例 (30%)。12 例患者一线接受了含有靶向 IL-6 的治疗方案，其中 6/7 例 iMCD-NOS 和 1/5 例 iMCD-TAFRO 患者获得缓解。9 例患者一线接受了含利妥昔单抗、沙利度胺等的联合化疗。2 例患者未经治疗自发缓解。经过中位 2 线治疗后，截止随访结束 (中位 33 个月)，96% 的患者处于缓解状态，没有患者死亡。

结论 与既往国外数据不同，中国儿童 iMCD 患者中，NOS 亚型多见，TAFRO 相对少见。IL-6 靶向治疗对 NOS 亚型疗效好，总体预后较好。

OR-0193

依马利尤单抗联合芦可替尼治疗噬血细胞综合征

宋悦¹、周斐¹、杜丰²、王子妍²、白丽云²、姚奕芳²、刘立民¹、马骁¹、陈苏宁¹、吴德沛¹、何雪峰¹

1. 苏州大学附属第一医院

2. 苏大附一院弘慈血液病医院

目的 噬血细胞综合征 (HLH) 是一种以 T 细胞和巨噬细胞过度活化为特征的全身性炎症疾病，临床进展迅速，患者往往快速器官衰竭甚至死亡，而目前治疗方案中的细胞毒药物及大剂量糖皮质激素的副作用进一步加重了不良预后风险。干扰素- γ (IFN- γ) 是 HLH 病理过程中最关键的细胞因子，

IFN- γ 中和抗体依马利尤单抗 (Emapalumab) 已获 FDA 批准用于治疗难治/复发性 HLH。细胞因子共同下游通路 JAK-STAT 抑制剂芦可替尼 (Ruxolitinib) 在活动性 HLH 中疗效显著。作为最具前景的两种靶向细胞因子的药物, 目前国际上 IFN- γ 阻断联合芦可替尼用于 HLH 的研究仅限于动物实验。本研究拟通过报告两药联合的首次临床应用, 为其有效性和安全性提供临床参考。

方法 回顾性分析就诊于本中心的接受依马利尤单抗联合芦可替尼治疗的 HLH 患者。依马利尤单抗剂量为 50-100 mg (1~2mg/kg) /每次, 芦可替尼剂量为 20-30 mg/m²/d。主要评估指标为总反应率 (ORR), 包括完全缓解 (CR)、部分缓解 (PR) 和 HLH 改善 (Improvement) 率, 次要评估指标为安全性、移植情况、2 个月生存率和最终转归等。

结果 共 13 例患者, 中位年龄 34 岁 (18-79 岁)。病因方面, EBV 感染 5 例, 恶性肿瘤 5 例, 自身免疫性疾病 2 例, 不明原因 1 例。8 例既往接受过 HLH 常规治疗, 5 例无效, 3 例一过性好转后迅速复发。出现 HLH 症状至联合治疗的中位时间为 4.6 周 (1.7-13.3 周)。总反应率 77% (10/13), 其中 CR 率 31% (4/13), PR 率 31% (4/13), HLH 改善率 15% (2/13)。后续 5 例 (38%) 接受异基因造血干细胞移植, 4 例死亡 (3 例死于 HLH, 1 例死于与 HLH 无关的心源性猝死), 4 例存活。5 例接受 allo-HSCT 的患者中, 3 例存活至末次随访, 另 2 例死于移植相关并发症。中位随访时间 5.8 个月 (4.9-6.9 个月), 治疗后 2 个月的生存率为 72.9%, 5 个月的总生存率为 44.4%。治疗后 1 周内患者实验室指标即明显改善。治疗前所有患者血浆 IL-6 浓度均明显升高, 92% (12/13) 的患者 IL-10 升高, 62% (8/13) 的患者 IFN- γ 升高。治疗后, 所有 IFN- γ 迅速降低至正常水平, 其下降与治疗效果无关 ($p>0.05$)。IL-6 ($p_1=0.008$, $p_2=0.025$) 和 IL-10 ($p=0.007$) 的下降则与有效治疗相关。观察到的可能药物副作用仅为 1 例 CMV 持续感染, 在 3 周的抗病毒治疗后好转。

结论 本研究为全球首个使用依马利尤单抗联合芦可替尼治疗 HLH 的临床应用研究。结果表明, 小剂量依马利尤单抗联合芦可替尼治疗活动期 HLH 有效且安全。为无法耐受大剂量激素及细胞毒药物的患者提供了治疗选择, 是更精准和安全的 HLH 靶向治疗的新方向。细胞因子变化与疗效的相关性为未来的联合用药机制探索提供方向。

OR-0194

唇腺活检联合免疫电镜及质谱分析技术诊断淀粉样变性的价值

王惊华、廖鹏军、钟立业
南方医科大学附属广东省人民医院 (广东省医学科学院)

目的 淀粉样变性是一类由不同错误折叠蛋白质的细胞外沉积引起的罕见病, 淀粉样蛋白的准确分型对诊断至关重要, 免疫电镜 (IEM) 及激光显微切割联合质谱蛋白质组学 (LMD/MS) 技术被认为是用于分型的新的金标准。本研究旨在探索 IEM 及 LMD/MS 对于诊断淀粉样变性的优缺点及互补性。

方法 回顾性分析我院 2021 年 11 月至 2024 年 5 月期间 68 例接受唇腺活检并最终确诊为系统性淀粉样变性的患者的临床资料。IEM 所用抗体包括胶体金标记的抗 κ 轻链、 λ 轻链、转甲状腺素 (TTR) 和淀粉样蛋白 A 抗体。刚果红染色阳性的唇腺组织做 LMD/MS。

结果 68 例患者中, 诊断 AL 型淀粉样变性 65 例、ATTR 型淀粉样变性 1 例、AA 型淀粉样变性 1 例、AHL 型淀粉样变性 1 例。唇腺活检的阳性率为 82.3% (56/68)。94.6% (53/56) 的患者可通过 IEM 鉴定出淀粉样蛋白原纤维的特异性染色, 96.4% (54/56) 的患者可通过 LMD/MS 鉴定出淀粉样蛋白的前体蛋白。3 例 IEM 阴性的患者中, 2 例在电镜下观察到少量淀粉样纤维丝沉积, 但无抗体特异性染色, 且 LMD/MS 无法鉴定; 1 例在电镜下观察到淀粉样纤维丝但无抗体特异性染色, 通过 LMD/MS 确诊为 AHL 型淀粉样变性。2 例 LMD/MS 阴性的患者, 疑似取到刚果红染色假阳性部位。重要的是, 两种方法的联合使用将鉴定水平提高到 100%。

结论 唇腺活检操作用于诊断淀粉样变性简单、安全、阳性率高。LMD/MS 可以一次性鉴定出标本中的所有蛋白质, 包括罕见类型的淀粉样蛋白。IEM 可以观察组织的超微结构, 且不受刚果红染色

的限制。二者联合使用对于淀粉样变性的精准分型具有重要价值。

OR-0195

基于细胞因子和临床状态的儿童噬血细胞综合征的分层治疗研究

缪婧^{1,2}、徐晓军^{1,2}、骆泽斌^{1,2}、宋华^{1,2}、徐卫群^{1,2}、张晶樱^{1,2}、廖婵^{1,2}、梁娟^{1,2}、赵芬英^{1,2}、赵宁^{1,2}、汤永民^{1,2}

1. 浙江大学医学院附属儿童医院
2. 国家儿童健康与疾病临床医学研究中心

目的 噬血细胞性淋巴组织细胞增多症 (Hemophagocytic lymphohistiocytosis, HLH) 是一种由免疫调节失调引起的快速致死性疾病。及时有效治疗对于改善预后至关重要。但同时, 过度积极使用化疗药物可能会增加毒性和死亡率, 所以 HLH 的治疗应更加个体化。

方法 本研究提出了一种基于细胞因子和临床病情的分层治疗策略, 并进行了单中心前瞻性研究。根据患儿诊断时的细胞因子水平和临床病情的严重程度对患儿进行危险度分层, 给予不同的初始治疗方案, 在给予初始治疗 48-72h 后患再次进行评估, 并根据评估结果调整治疗方案, 后续治疗中加强监测。本研究于 2017 年 1 月 1 日至 2021 年 12 月 31 日期间共纳入 129 例新诊断的儿童 HLH 患儿, 其中 13 例患儿因违反协议退出实验, 最终共有 116 例儿童 HLH 患儿纳入统计分析。

结果 在 116 例患儿中, 根据患儿诊断时 IL-10 和 IFN- γ 水平以及临床病情严重程度, 73 例患儿属于低风险患儿, 予以地塞米松初始治疗; 43 例患儿属于高风险患儿, 予以 HLH-94/04 方案初始治疗。所有患儿中, 92 例患儿 (79.3%) 在 8 周治疗内达到 CR。截至最后一次随访, 共有 23 例患儿 (19.8%) 死亡, 10 例患儿 (8.6%) 在达到 CR 后出现疾病复发。所有患儿的 12 个月 OS 和 EFS 率分别为 80.7% \pm 7.3%和 71.2% \pm 8.2%, 5 年 OS 为 79.8% \pm 7.4%。低风险患儿的 12 个月 OS 和 12 个月 EFS 显著高于高风险患儿 (OS: 85.7% \pm 8.2% vs. 72.1% \pm 13.3%, $P=0.022$; EFS: 80.3% \pm 9.2% vs. 58.1% \pm 14.7%, $P=0.003$), 这提示本分层治疗策略在疾病早期可以很好将患儿进行了分群。在 73 例低风险患儿中, 30 例患儿在后续评估中升级为 HLH-94/04 方案, 与 43 例可持续使用地塞米松治疗的患儿相比, 持续使用地塞米松的患儿表现出显著更高的 8 周 CR 率、12 个月 OS 和 EFS 率 (8 周 CR 率: 97.7% vs. 73.3%, $P=0.003$; OS: 97.6% \pm 4.7% vs. 69.0% \pm 16.8%, $P<0.001$; EFS: 95.2% \pm 6.5% vs. 59.3% \pm 17.8%, $P<0.001$)。并且这 30 例从地塞米松治疗方案升级为 HLH-94/04 方案的低风险患儿与最初就接受 HLH-94/04 方案治疗的高风险患儿相比, 表现出相似的 12 个月 OS (72.1% \pm 13.3%对 69.0% \pm 16.9%, $P=0.840$)。这提示本研究的分层治疗理念并不会延误重症患儿的治疗, 影响预后。

结论 基于细胞因子 IL-10 和 IFN- γ 水平以及临床病情严重程度的分层治疗策略可以很好将患儿进行分层, 进行精准治疗, 在避免过度化疗的基础上又不延误治疗。

OR-0196

儿童血友病合并中枢神经系统出血的减量治疗疗效分析

郭雯铃、朱璐、郑文献、彭雯琦、何丽雅
广州医科大学附属妇女儿童医疗中心

目的 探讨本中心血友病合并中枢神经系统出血患儿的临床特点、治疗及预后。

方法 回顾性分析在本中心治疗的中枢神经系统出血的 27 例血友病患儿的病例资料并进行随访。

结果 1. 本中心血友病患者中枢神经系统出血发生率 6.10%, 在本中心治疗的中枢神经系统出血, 70.59%为血友病 A 患儿, 29.41%为血友病 B 患儿, 40.06%有头部外伤史, 52.94%无明确外伤史。

2.出血时年龄为: 1天-13岁(中位年龄: 2岁), 临床表现以头痛、呕吐、前凶膨隆等高颅压症状为主(占70.73%), 脊柱及脊柱旁出血以肌力下降为主, 伴有发热、抽搐、贫血以及不同程度的意识障碍, 甚至昏迷。多发部位出血(2处或以上)占39.39%。脑出血评分(儿童总分5分)0分的患儿未出现神经系统后遗症。

3. 14人中枢神经系统出血前为按需治疗, 13人首发为中枢神经系统出血, 治疗中确诊血友病。27人33次均给予替代治疗。血友病A患儿ICH治疗的前3天凝血因子Ⅷ剂量20~90IU/(kg·d)[平均剂量46.94IU/(kg·d)], 分q8-12h使用; 血友病A患儿脊柱及脊柱旁出血的前3天凝血因子Ⅷ剂量20~53.33IU/(kg·d)[平均剂量30.19IU/(kg·d)], 分q8-12h使用; 血友病B患儿ICH治疗的凝血酶原复合物或凝血因子Ⅸ前3天剂量28.57~78.12IU/(kg·d)[平均剂量44.44IU/(kg·d)], 分q12h或qd使用。25.93%患儿同时进行了手术治疗。患儿住院时间2~52d(中位数8.5d)。3例患者遗留了明显后遗症包括癫痫、肢体活动障碍、语言障碍, 死亡率为0。

结论 血友病A和血友病B患儿中枢神经系统出血治疗中, 减低输注凝血因子或凝血酶原复合物的治疗剂量, 仍可到达良好的止血效果, 未延长住院时间, 有明显中枢神经系统后遗症患者占11.1%(与患儿延误诊治、出血部位特点、出血后未预防治疗再次出血等因素相关), 死亡率为0。

OR-0197

应用血小板相关参数鉴别遗传性大血小板减少症和获得性血小板减少疾病

王雅丹、陈文兰、庾麒、Abdul Rehman Arif、丁雅洁、薛梅、蔡丽、梅恒
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 遗传性大血小板减少症(IMTs)是一组由异常基因突变导致血小板减少伴有体积增大的罕见病。由于该类疾病发病率较低, 人们对其缺乏足够认识, 极易误诊为较为常见的获得性血小板减少疾病(ATs), 危害极大。本研究旨在评估血常规中血小板计数(PLT)、平均血小板体积(MPV)、血小板大细胞比例(P-LCR)、血小板分布宽度(PDW)等血小板相关参数鉴别IMTs和ATs的诊断效能, 寻找适合中国人群的血小板相关参数临界值, 以期早期识别IMTs、降低误诊漏诊率。

方法 回顾性收集2022年1月至2024年1月在华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科确诊的IMTs患者和ATs患者的相关临床信息, 选择同期年龄性别与之匹配的健康人作为对照。比较三组PLT、MPV、P-LCR、PDW值。采用受试者工作特征(ROC)曲线评估血小板相关参数鉴别IMTs和ATs的效能, 并根据约登指数确定最佳截断值。

结果 共纳入52例血小板减少患者, 其中IMTs组13例(包括MYH9相关性疾病4例、谷固醇血症8例和mBSS1例), ATs组39例(ITP 25例、结缔组织病继发血小板减少8例、慢性肝病相关血小板减少2例、B淋巴细胞增殖性疾病2例、骨髓纤维化1例、MDS 1例), 健康对照组87例。三组在性别构成和年龄无差异。ATs患者MPV、P-LCR水平显著高于正常对照($P<0.05$); 5例IMTs患者血细胞自动计数器无法计算出MPV和LPR, 镜下复检见到较多巨大血小板; 8例IMTs患者PLT、MPV、P-LCR水平显著高于ATs患者($P<0.05$), 而PDW与ATs患者差异无统计学意义($P>0.05$)。此外, MPV和P-LCR两个参数对血小板减少患者的IMTs诊断效能较强, 其AUC分别为0.806和0.818。而MPV和P-LCR的cut-off值分别为14.55fl和58.00%。

结论 在血小板减少患者中, 血小板相关参数对IMTs有初步的鉴别诊断作用, 尤其是当血细胞自动计数器无法计算出MPV和LPR, 镜下复检见到较多巨大血小板时。但尚需进一步大样本量、多中心研究确定适合中国人群的血小板相关参数的最佳截断值。

OR-0198

中国西部 AL 型淀粉样变患者的临床特征、治疗和结局的变化：一项多中心、回顾性、真实世界研究

余泓彬¹、张春兰¹、刘钦瑜¹、李佳蔚²、周婕³、许芳⁴、肖艰⁵、袁颖⁶、吴昊¹

1. 四川大学华西医院
2. 四川大学华西公共卫生学院
3. 德阳市人民医院
4. 绵阳市中心医院
5. 自贡市第一人民医院
6. 广元市中心医院

目的 AL 型淀粉样变是一种危及生命的血液系统罕见病，在中国的真实世界数据报道有限。

方法 本多中心、回顾性研究（AMY4002）纳入了 2010 年 1 月至 2022 年 12 月期间于中国西部五个国家级或省级三甲医院病理确诊的 AL 型淀粉样变患者。收集的数据包括患者的人口统计学特征、临床特征、治疗情况和随访信息。

结果 这是中国大陆公开报道的最大规模 AL 型淀粉样变队列（n = 505）。大多数患者表现出心脏（72.5%）和肾脏（67.7%）受累。和西方患者不同，中国患者最主要的遗传学改变是 1q21（27.8%），且通常在诊断时处于分期晚期阶段，症状出现到诊断的时间较长，存在显著的延迟诊断。然而，2018 年后数据显示，整体生存期（OS）从 2018 年前的 29 个月增加到 48 个月。硼替佐米为基础的治疗是主要的一线方案，可达到 77.8% 的血液学总体反应率（ORR）和未达到的中位 OS。达雷妥尤单抗为基础的治疗是首选的二线方案，血液学 ORR 高达到 88.9%。对于在诱导化疗后达到血液学完全缓解的患者，巩固性自体干细胞移植并未显著延长预后。

结论 2018 年后，中国 AL 淀粉样变患者的医疗质量显著改善，这归因于新药的可及性、可负担性的增加以及多学科团队管理策略的实施。提高诊断测试的可及性和增加医生对该疾病的认识至关重要。这些进展为改善其他罕见疾病的预后提供了宝贵的经验。

OR-0199

具有早期高质量血液学缓解的初治轻链型淀粉样变患者的心脏缓解动力学

徐承阳、关艾、张路、田庄、周道斌、沈恺妮、李剑
中国医学科学院北京协和医院

目的 轻链（AL）型淀粉样变患者在接受抗浆细胞治疗后的血清游离轻链变化规律及血液学疗效目标相对明确，但鲜有心脏淀粉样变患者心脏缓解模式的研究。本研究旨在探讨获得早期高质量血液学缓解患者的心脏缓解动力学。

方法 本项回顾性研究纳入 2008 年 1 月 1 日至 2023 年 11 月 18 日北京协和医院确诊的、且在治疗开始后 3 月内达到血液学完全缓解或非常好的部分缓解的初治心脏 AL 型淀粉样变患者。收集治疗开始后 3、6、12、18 和 24 个月的心脏缓解评估数据（采用 2023 年四分类评估法），探讨心脏缓解深度的变化规律、与预后的相关性、及心脏缓解的预测因素。

结果 研究共纳入 201 例患者，其中男性患者占 58.2%，中位年龄为 59 岁，梅奥 2004 分期情况为 II 期 46.0%，IIIa 期 39.0%，IIIb 期 15.0%。61.7% 的患者在治疗开始后 3 个月时达到血液学完全缓解（CR），38.3% 的患者达到非常好的部分缓解（VGPR）。心脏缓解在治疗开始后 24 个月左右达到平台期，分别有 21.4%、38.9% 和 20.6% 的患者获得心脏 CR、心脏 VGPR 和心脏部分缓解（PR）；其中，达到心脏 PR 患者的预后明显优于心脏未缓解患者，且与心脏 CR 和 VGPR 患者

的预后相当。治疗开始后 12 个月内达到心脏 PR 患者的总生存优于在 13-24 个月内达到 PR 的患者($p=0.0063$)。治疗后 3 月 N 末端前体脑钠肽 $\geq 2275\text{pg/mL}$ 是 12 个月内无法达到心脏 PR 的独立危险因素。

结论 治疗后 12 月达到心脏 PR 是早期获得高质量血液学缓解的 AL 型淀粉样变患者的器官疗效目标。

OR-0200

无症状性多中心型 Castleman 病 (aMCD) 作为 HHV-8 阴性 MCD 的潜在新亚型：一项基于中国多中心的回顾性研究

张路¹、刘沁华²、周辉³、张会来⁴、董玉君⁵、王晓波⁶、王鲁群⁷、苏丽萍⁸、颜晓菁⁹、李燕¹⁰、张明智¹¹、丁凯阳¹²、王慧涵¹³、彭宏凌¹⁴、钟立业¹⁵、杨琳¹⁶、毕林涛¹⁷、高大¹⁸、高广勋¹⁹、黄亮²⁰、孙春艳²¹、宋嘉²²、钱文斌²³、黄文荣²⁴、李振玲²⁵、刘耀²⁶、李剑¹

1. 中国医学科学院北京协和医院
2. 安徽医科大学第一附属医院
3. 湖南省肿瘤医院
4. 天津医科大学肿瘤医院
5. 北京大学第一医院
6. 大连医科大学附属第二医院
7. 山东大学齐鲁医院
8. 山西省肿瘤医院
9. 中国医科大学附属第一医院
10. 新疆维吾尔自治区人民医院
11. 郑州大学第一附属医院
12. 中国科技大学附属第一医院
13. 中国医科大学附属盛京医院
14. 中南大学湘雅二院
15. 广东省人民医院
16. 河北医科大学第二医院
17. 吉林大学中日联谊医院
18. 内蒙古医科大学附属医院
19. 西安西京医院
20. 华中科技大学附属同济医院
21. 华中科技大学附属协和医院
22. 天津医科大学总医院
23. 浙江大学附属第二医院
24. 中国人民解放军总医院
25. 中日友好医院
26. 重庆大学附属肿瘤医院

目的 2017 年, 国际 Castleman 病协作组 (CDCN) 发布了首个针对特发性多中心 Castleman 病 (iMCD) 的诊断标准, 将 HHV-8 阴性多中心 Castleman 病 (MCD) 都归为 iMCD。然而, 据既往文献报道, 约 19.3% 的 HHV-8 阴性 MCD 患者无高炎状态, 并不满足 CDCN 的 iMCD 标准。该组患者被我国共识定义为无症状性 MCD (aMCD)。目前尚不清楚 aMCD 是否会随时间最终进展为 iMCD, 或是否属于 MCD 的独特亚群。本研究旨在探究 aMCD 患者的临床特征和潜在的临床转化及预后特点。

方法 回顾性分析 2000-2021 年间 26 个国内医院的符合我国 2021 年 Castleman 病诊疗共识定义的 aMCD 诊断的患者的临床特征和转归。

结果 本研究共纳入了 114 例 aMCD 患者, 男女比例 1.1:1, 中位诊断年龄为 45.5 岁 (范围: 10-79)。中位随访 46.5 个月后, 仅有 6 名患者 (5.3%) 进展为符合 CDCN 定义的 iMCD, 中位进展

时间为 28.5 个月（范围：3-60）。43 名 aMCD 患者接受了针对 MCD 的治疗，其中 28 例（65.2%）接受了类似淋巴瘤的强化疗（如 CHOP、R-CHOP 方案等）。性别、诊断年龄、淋巴结受累部位、病理亚型和接受针对 MCD 的治疗均与是否转变为 iMCD 无统计学相关性。随访期间，7 名患者死亡，其中 3 名死于 MCD 的进展。在 aMCD 阶段，对 MCD 进行干预的策略既未降低 iMCD 的转变率，也未降低死亡率。所有 aMCD 患者的 5 年估计生存率为 94.1%（95% CI 88.8-99.6%）。转变为 iMCD 是死亡的重要预测因子（ $P=0.01$ ），这部分患者的 5 年估计生存率为 83.3%。

结论 aMCD 应被视为 HHV-8 阴性 MCD 的独特亚型，这类患者不需要立即接受针对 MCD 的治疗，但应接受密切的医学随访。

OR-0201

补体 C3 在成人 HLH 中的预测及预后意义

舒雪梅¹、王大威²、高欣洁¹、王宇翔¹、郭涛¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
2. 上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 噬血细胞性淋巴组织细胞增多症(HLH)是一种危及生命的过度炎症反应综合征。补体 C3 是补体通路的中枢效应分子，与炎症性疾病密切相关。本研究目的是探讨补体 C3 在 HLH 中的临床意义。

方法 回顾性收集武汉协和医院 2012 年 12 月至 2023 年 11 月的患者资料。满足 HLH-2004 诊断标准 5 项以上的分到 HLH 组，不足 5 项的分到噬血倾向（pre-HLH）组。将低于截断值的定义为低 C3 组，高于截断值的定义为高 C3 组。对 HLH 组且 C3 值无缺失的病人进行电话随访，随访终点为 2023 年 12 月 10 日。

结果 本研究最终纳入 1215 例患者，其中 HLH 组 627 人，pre-HLH 组 588 人。与 pre-HLH 组相比，HLH 组 C3 水平显著降低($P<0.0001$)，C3 是预测 pre-HLH 向 HLH 发展的危险因素($OR =0.16$, $P<0.001$)。其次，低水平 C3 与更严重的细胞减少、凝血异常和肝功能异常相关。生存分析发现低 C3 患者总体生存率更差 ($P<0.0001$)，C3 是影响成人 HLH 患者早期死亡的独立危险因素 ($HR=0.45$, $P=0.046$)。最后，研究发现 C3 在 8 周内生存的患者中呈现升高的趋势 ($P=0.0003$)，而在 8 周内死亡的患者中呈现下降的趋势 ($P=0.09$)。

结论 本研究首次证明补体 C3 是预测 HLH 发生和预后生物标志物。低水平 C3 与疾病严重程度增加和预后不良有关。监测 C3 的动态变化可以帮助临床医生更好地了解疾病进展。

OR-0202

司妥昔单抗治疗特发性多中心型 Castleman 病的疗效与安全性：一项单中心、回顾性研究

李思源、高雨菡、党悦、常龙、沈恺妮、蔡华聪、赵丹青、魏冲、冯俊、张路、李剑
北京协和医院

目的 司妥昔单抗作为国际共识中特发性多中心型 Castleman 病（iMCD）的一线治疗药物，中国的临床应用数据较为匮乏。本研究旨在评估司妥昔单抗在中国 iMCD 患者中的疗效与安全性。

方法 本研究为单中心回顾性研究，纳入 2022 年 7 月至 2024 年 3 月在北京协和医院接受司妥昔单抗治疗的 iMCD 患者。治疗方案包括司妥昔单抗单药治疗及联合 BCD 方案治疗，多数患者接受每 3 周 1 次输液治疗，部分重型患者在治疗初期接受每周 1 次输液。研究终点为治疗第 3、6、9、12

周的总体有效率（ORRs）及治疗期间的不良事件。基于国际 Castleman 病协作网络（CDCN）的疗效评估标准，本研究的总体疗效包括症状和生化疗效。

结果 本研究共纳入 43 名 iMCD 患者，治疗第 3 周的 ORRs 为 59%，至第 12 周增至 91%。43 名患者中，有 18 人接受司妥昔单抗联合硼替佐米-环磷酰胺-地塞米松（BCD）方案，这 18 名患者均符合 CDCN 的“重型”iMCD 定义，他们在第 3 周的 ORRs 为 50%，第 12 周时提升至 100%。单因素 Logistic 分析显示，以司妥昔单抗为一线治疗的患者，相比于接受后线治疗的患者，有更好的治疗反应（OR = 0.040, 95% CI, 0.004-0.390, p=0.006）。司妥昔单抗安全性好，没有出现 3 级以上不良反应。

结论 司妥昔单抗在中国 iMCD 患者中展示出显著的疗效与安全性。对于重型 iMCD 患者，司妥昔单抗联合 BCD 方案也可取得较好的疗效。

OR-0203

大颗粒淋巴细胞白血病中 STAT3 突变及 KIR 基因多态性研究

朱焕玲¹、李向龙²

1. 四川大学华西医院

2. 川北医学院附属医院血液科

目的 通过分析大颗粒淋巴细胞白血病（LGLL）STAT3 常见基因突变和突变后蛋白水平的变化以及大颗粒淋巴细胞白血病与 KIR 多态性的关系及和 IR 基因各个基因间连锁不平衡状态，以探讨 STAT3 突变后蛋白水平变化、KIR 多态性与疾病关系。

方法 收集我院 LGLL 患者 132 例，其中 T-LGL 为 110 例，NK-LGL 为 22 例，中位年龄为 58 岁（23-83 岁），性别比中男性 82 例，女性 50 例。T-LGL 和 NK-LGL 组的中位年龄分别为 57 岁和 58 岁。然后分别采用 Sanger 一代双向测序法和 ARMS-PCR 检测 STAT3 基因点突变热点区域所在的 20、21 号外显子和非热点 13 外显子的突变情况。同时分别检测 LGLL 患者中外周血和骨髓标本的 STAT3, pSTAT3 表达，并采用 PCR-SSP 分别检测正常汉族人群和 LGLL 患者 KIR 多态性，分析 KIR 多态性与 LGLL 的关系

结果 LGLL 患者的 STAT3 基因突变位点主要位于 SH2 区的 20 和 21 号外显子上，13 外显子未发现突变。我们总共发现 18 种突变，其中常见突变为 S599C, Y640F, T600S 和 D661V。外周血蛋白电泳分析显示不同突变间 STAT3 表达基本没有差异，pSTAT3 的表达则不同，其中未突变患者中 pSTAT3 表达少，Y640F 突变与 D661V 突变的 pSTAT3 有明显增多。S599C 突变患者未发现 pSTAT3 增多，这与本课题组前期的蛋白三维结构模拟结果一致。骨髓标本组化结果显示不同标本间的 STAT3 表达不存在差异，突变患者的 pSTAT3 表达水平不一致，部分高于未突变患者，部分与未突变患者一致。在这些突变的患者中，Y640F 突变的 pSTAT3 表达水平增高较明显，而 S599C 突变的 pSTAT3 表达水平较低，与未突变类似。研究发现四川汉族人群 KIR 基因多态性研究发现 16 个 KIR 基因均可见表达，四个框架基因携带频率为 100%。抑制型基因携带频率均 >90%。2DL5、3DSI、2DS4 的携带频率为 50%~80% 之间。除 2DS4 外，活化型基因的携带频率均 <50%。基因的携带率与国内其他汉族人群的携带情况类似。分析 LGL 的 KIR 多态性后，与正常对照组基因携带频率发现，全部 5 个活化型基因均是 LGLL 疾病组高于正常对照组，抑制型 2DL1、2DL3 基因正常人群对照组较高，而抑制型基因 2DL2 和 2DL5 则是疾病组较高。进行 χ^2 检验后得到疾病组与正常对照组间 2DL2、2DL3、3DL1、2DS1 和 2DS2 携带频率的差异具有统计学意义。

结论 大颗粒淋巴细胞白血病 STAT3 基因突变会导致 STAT3 蛋白水平的变化。pSTAT3 中 Y640F 突变的会增加表达、但 S599C 突变后的影响不大。大颗粒淋巴细胞白血病与 KIR 多态性与正常人群不同，提示 KIR 的不同表达模式在疾病的发生过程中可能存在一定的作用。

OR-0204

Tolerability of Asciminib vs Investigator-Selected (IS) Tyrosine Kinase Inhibitors (TKIs) in the Phase 3 ASC4FIRST Study in Newly Diagnosed Patients With Chronic Myeloid Leukemia in Chronic Phase (CML-CP)

Ghayas C. Issa¹, Richard A. Larson², Timothy P. Hughes³, Andreas Hochhaus⁴, Naoto Takahashi⁵, Felice Bombaci⁶, Jianxiang Wang⁷, Dong-Wook Kim⁸, Dennis Dong Hwan Kim⁹, Xin Du¹⁰, Yu Hu¹¹, Qian Jiang¹², Yi Wang¹³, Ennan Gu¹⁴, Yifan Zhang¹⁵, Shruti Kapoor¹⁵, Nithya Agrawal¹⁵, Rajendra Jinwal¹⁶, Andrea Damon¹⁵, Islam Sadek¹⁵, Jorge E. Cortes¹⁷

1. Department of Leukemia, The University of Texas MD Anderson Cancer Center, Houston, TX, USA
2. University of Chicago, Chicago, IL, USA
3. South Australian Health and Medical Research Institute and University of Adelaide, Adelaide, SA, Australia
4. Hematology and Medical Oncology, Universitätsklinikum Jena, Jena, Germany
5. Department of Hematology, Akita University, Akita City, Japan
6. CML Patients Group, CML Advocates Network, Turin, Italy
7. State Key Laboratory of Experimental Hematology, Institute of Hematology and Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, Tianjin, China
8. Uijeongbu Eulji Medical Center, Geumo-dong, Uijeongbu-si, Republic of Korea
9. Princess Margaret Cancer Centre, University Health Network, University of Toronto, Toronto, ONT, Canada
10. Shenzhen Second People's Hospital, Shenzhen, Guangdong, China
11. Huazhong University of Science and Technology, Tongji Medical College, Union Hospital, Wuhan, China
12. Department of Hematology, Peking University People's Hospital, Beijing, China
13. Department of Hematology, Provincial People's Hospital, Xi'an, China
14. Novartis Pharmaceuticals Corporation, Cambridge, MA, USA
15. Novartis Pharmaceuticals Corporation, East Hanover, NJ, USA
16. Novartis Healthcare Pvt. Ltd, Hyderabad, India
17. Georgia Cancer Center, Augusta University, Augusta, GA, USA

Objective Intolerance is a major reason for treatment discontinuation in frontline CML. ASC4FIRST (NCT04971226), a phase 3 study comparing asciminib with current standard-of-care frontline TKIs, demonstrated asciminib's statistically superior efficacy and favorable safety/tolerability.

This exploratory post-hoc analysis further evaluated tolerability of asciminib vs imatinib and second-generation (2G)-TKIs.

Methods Adults with CML-CP were prerandomized by investigator to imatinib or 2G-TKI, then randomized 1:1 to asciminib or IS-TKI, stratified by ELTS risk category and prerandomization-selected TKI. Exploratory tolerability analyses by drug received included frequency, duration, and type of AEs, discontinuations, dose reductions, or interruptions. Patients receiving asciminib in each corresponding prerandomization stratum were compared with those receiving imatinib or 2G-TKIs respectively.

Results Patients received asciminib (imatinib stratum; n=100; 2G-TKI stratum; n=100), imatinib (n=99), or 2G-TKI (n=102); median follow-up ranged between 13.7 to 17.4 months across groups (cutoff: November 28, 2023). Any-grade diarrhea was the most common nonhematologic AE (asciminib vs imatinib within imatinib stratum, 11.0% vs 26.3%; asciminib vs 2G-TKIs within 2G-TKI stratum, 20.0% vs 25.5%); median duration: 24.0 vs 75.5 days (asciminib; imatinib) and 8.5 vs 14.5 days (asciminib; 2G-TKIs). Any-grade anemia was the most common hematologic AE (asciminib; imatinib, 10.0% vs 26.3%; asciminib; 2G-TKIs, 13.0% vs 22.5%); median duration: 56.0 vs 127.5 days (asciminib; imatinib) and 30.0 vs 169.0 days (asciminib; 2G-TKIs). Rates of any-grade lipase increase were 19% vs 14.1% (asciminib; imatinib) and 4.0% vs 9.8% (asciminib; 2G-TKI); median duration: 28.0 vs 30.0 days (asciminib; imatinib) and 17.0 vs 21.5 days (asciminib; 2G-TKI). Overall, 35.0% vs 39.4% of patients receiving asciminib vs imatinib and 37.0% vs 53.9% of patients receiving asciminib vs 2G-TKI had recurring (≥ 2 occurrences) any-grade nonhematologic AEs; frequently gastrointestinal disorders. Rates of discontinuation due to AEs were 6.0% with asciminib vs 11.1% with imatinib and 5.0% with asciminib vs 9.8% with 2G-TKIs;

most of these were nonhematologic. Fewer patients required dose reduction/interruption with asciminib (39.0%) than imatinib (49.5%) and with asciminib (40%) than 2G-TKIs (63.7%). Median duration of dose reduction was 38 vs 208 days and 43 vs 84 days, respectively.

Conclusion These results further support asciminib's markedly favorable tolerability vs current standard-of-care frontline TKIs.

OR-0205

谱系不明急性白血病的临床特征及预后分析

刘一字

苏州大学附属第一医院

目的 回顾性分析 219 例谱系不明急性白血病(ALAL)患者的临床资料、实验室特征、治疗反应、生存预后等，提高 ALAL 的诊断准确性和风险分层能力，有望改善 ALAL 患者的临床预后，提供更有有效的治疗方案。

方法 1、回顾性分析 219 例 ALAL 患者的临床、实验室及遗传学特征。

2、ALAL 患者对不同诱导方案的治疗反应及生存预后。

结果 1、219 例 ALAL 患者以 T/My (45.2%) 为主，中位年龄 48 岁 (13~87 岁)，男女比 1.26/1。细胞遗传学方面异常核型检出率 61.0%，主要为复杂核型、t(9;22)、t(v;11)、+21。免疫表型以 T/M (45.2%) 和 B/M (42.0%) 为主。T/My 和 AUL 有相似的突变谱特征，以 DNMT3A、NOTCH1、NRAS 突变为特征，此外 T/My 还表现有较多的 CEBPA 和 WT1 突变；Ph+组以 RUNX1 突变为主；B/My 组主要有 FLT3、WT1、NRAS、RUNX1 突变；B/T 组以 NOTCH1、PHF6 突变为主。通过相关性分析显示 ASXL1 突变与 JAK3 突变、IDH1 突变与 RUNX1 突变、IDH2 突变与 CSF3R/IDH1/BCOR 突变有相关性，而 PHF6 突变与 KRAS/DNMT3A/BCOR 突变突变互斥。

2、ALAL 患者诱导治疗一疗程完全缓解率 (CR) 为 66.9%，诱导化疗方案中，VEN+HMA 方案 CR 率为 94.1%，与 ALL 方案 (87.5%)、CAG 预激方案 (68.4%) 和 AML+ALL 联合方案 (63.0%) 无明显差异，显著高于 AML 方案 (47.1%)，但无统计学差异。

3、在 166 例有随访信息的患者中，中位随访时间 20.2 月，中位生存时间 26.5 月，5 年总生存率 (OS) 40.0%，5 年无事件生存率 (EFS) 32.2%，6 个亚组间 CR 率、OS ($p=0.17$) 及 EFS ($p=0.34$) 均无明显差异。一疗程诱导化疗后 MRD 转阴患者 2 年累计复发率 (CIR) 显著低于 MRD 阳性患者 ($p<0.001$)。K-M 生存分析显示，巩固期行异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) (68.1% vs 13.6%， $p<0.0001$)、一疗程诱导化疗后获得 CR (76.0% vs 39.8%， $p=0.0058$) 和 MRD 转阴 (67.0% vs 41.1%， $p=0.018$) 的患者显示出更高的 OS。COX 单因素回归分析也证实了这一点。此外，单因素回归分析结果示初诊年龄 ($p<0.001$) 和 NOTCH1 突变 ($p=0.004$) 也是影响 ALAL 患者预后的因素。COX 多因素回归分析提示巩固治疗行 allo-HSCT 是改善患者长期预后的独立影响因素 ($p=0.003$)。

结论 1、VEN+HMA 诱导方案治疗 ALAL 患者是有效的，显著提高了 ALAL 患者的 CR 率，但不能改善 OS。

2、伴 NOTCH1 突变、第一疗程获得 CR、MRD 转阴、巩固期行 allo-HSCT 的患者有更好的预后。

壁报交流

PO-0001

平潭综合实验区医院内贫血的调查研究及分析

徐珍珍¹、连晓岚¹、赵小琴¹、翁捷²、林艳娟¹、许贞书¹、李强²、张玮嘉²

1. 福建医科大学附属协和医院

2. 平潭综合实验区医院

目的 为了解福建省平潭综合实验区就诊患者贫血状况、程度分类、类型分类、危险因素、干预措施及预防对策，为今后贫血患者的规范诊断治疗策略提供有力佐证，进而减低输血需求，促进院内患者血液管理标准化，为改善患者的健康水平和预防治疗贫血提供科学依据。

方法 从信息科调取 2018 年 6 月 1 日至 2023 年 6 月 30 日数据进行统计，对福建省平潭综合实验区医院住院部、门诊部及体检中心 253552 就诊人的血常规、5512 份贫血测定（铁蛋白、叶酸、维生素 B12）结果进行回顾分析，确定各科室贫血发生率及性别的相关性，缺铁性贫血首发症状及原因，并研究预测及防治贫血的手段。

结果 院内贫血患者比例 20.57%，其中男性 23%，女性 18.92%。按细胞形态分类，均以正细胞贫血为主（男性 73.26%，女性 70.16%），其次小细胞贫血（男性 18.96%，女性 23.96%），大细胞贫血比例最少。按贫血严重程度分类，均以轻度贫血为主（男性 65.28%，女性 67.38%），极重度贫血最少。在不同部门贫血发生率不同，其中，住院患者贫血发病率最高 37.19%，门诊 13.83%，体检中心 2.72%。在不同科室贫血发生率不同，排名前 10 的有：重症医学科、肿瘤科、肾内科、血液科、消化科、骨科、泌尿外科、呼吸科、神经外科、心内科。在缺铁性贫血患者中，女性以 82.2% 的比例明显高于男性（17.8%），从年龄段来看以 15 岁~50 岁的青年女性居多（比例占 83.5%），这可能与妊娠、月经失血有很大关系。其中，缺铁性贫血排名前 10 的首诊诊断：妊娠、贫血、消化道出血、头晕、腹痛、缺铁性贫血、子宫肌瘤、健康查体、甲状腺疾病、胃癌。

结论 通过对院内患者贫血发生率、分类类型及病因剖析，对于院内、院外贫血的早预防、早发现及早治疗，提供重要依据。同时，促进院内血液管理标准化进程，减低住院时间及手术并发症等。

PO-0002

真性红细胞增多症合并肺结核 1 例并文献复习

黄敏

遵义医科大学附属医院

目的 真性红细胞增多症是血液系统中少见的疾病，该病起病隐匿，且临床特征不典型，易造成漏诊及误诊，当临床上可疑合并肺结核时应早期完善相关检查，及时抗结核治疗。通过报道本文，旨在提高临床医生对该病诊治思路。

方法 回顾性分析我院明确诊断为真性红细胞增多症合并肺结核 1 例患者的临床资料并进行文献复习。

结果 54 岁男患，因“头晕、头痛伴呕吐 1 月，加重 3 天”入院。既往史：癫痫病史 5 年，发现高血压病史 3 年，未规律口服降压药，查体：血压 160/101mmHg，血常规示白细胞 7.08x10⁹/L，血红蛋白 202g/L，血小板 360x10⁹/L。为进一步寻找二系增高原因，予以骨髓象示三系增生，成熟红细胞呈堆积样分布。外送骨髓分子病理检测：p.JAK2 基因 p.V617F 热点突变，突变频率为 72.2%。促红细胞生成素 2.21MIU/ml(4.3-29 MIU/ml)，入院查胸部 CT 提示双肺多发结节状、斑片状及条索状密度增高影，密度不均，双肺上叶居多并见空洞，考虑继发性肺结核，结核/非结核分枝杆菌检测：结核分枝杆菌检测阳性。明确诊断为真性红细胞增多症合并继发性肺结核。予以羟基脲片 0.5g po bid 抑制细胞增殖，同时予以异烟肼、利福平、吡嗪酰胺、乙胺丁醇抗结核治疗。治疗三天后复查血红蛋白 190g/L，诉症状较前好转，目前仍在治疗中。

结论 真性红细胞增多症临床表现无特异性，需根据综合考虑病人的症状、体征，结合血常规、内源性红系集落形成、促红细胞生成素、骨髓细胞学、突变基因检测等综合分析诊断该病。当合并结核病时，应在使用免疫抑制剂治疗的同时，尽早加用抗结核药物，及时有效的治疗有助于改善患者预后。

PO-0003

再生障碍性贫血患者应该定期去医院检查血常规

杨雁斌

北京茗视光眼科医院

目的 再生障碍性贫血是一组由多种原因引起，全血象下降 急性慢性再障性贫血 男性发病率多于女性 通过定期检查血常规 应用药物治疗判断疗效

方法 半个月检查血常规 主要检查血小板和血色素 采血针要扎的深一点，让血液自然流出，避免挤压出现组织液，影响血小板的检测报告结果。

结果 通过定期检查血常规，主要是血小板和血色素的结果。可以为内科医生提供一些药物疗效的治疗结果方法。

结论 通过定期检查血常规，可以对再障的治疗提供很好的参考依据。为临床医生保驾护航。

PO-0004

Cyclosporin related adverse events in aplastic anemia patients treated with immunosuppressive therapy

Lingxiao Xing^{1,2}, Xin Zhao^{1,2}, Yufei Zhao^{1,2}, Weiru Liang^{1,2}, Yimeng Shi^{1,2}, Baohang Zhang^{1,2}, Rui Kang^{1,2}, Jiewen Qiu^{1,2}, Peiyun Guo^{1,2}, Fengkui Zhang¹

1. Department of Hematology, Institute of Hematology and Blood Diseases Hospital

2. Tianjin Institutes of Health Science, Tianjin 301600, China.

Objective Aplastic anemia (AA) is a disorder characterized by bone marrow failure and pancytopenia. Immunosuppression therapy (IST) containing anti-thymocyte globulin (ATG) /anti-lymphocyte globulin (ALG) and cyclosporin (CsA) is an important treatment for severe patients not eligible for bone marrow transplantation. However, long-term maintenance of CsA brings with it many side effects while ensuring disease remission. There has been no related research on the association of CsA concentration with CsA related adverse events in these patients until now.

Methods A total of 382 patients diagnosed with SAA and received IST in our center were enrolled. Adverse events (AEs) including nephrotoxicity (including elevated creatinine levels, hyperuricemia), metabolic abnormalities (including hyperlipidemia, hypertension, and hyperglycemia), digestive system abnormalities, gingival hyperplasia, hypertrichosis, tremor, hyperpigmentation, and joints and muscle problems were documented. AEs were graded according to the National Cancer Institute Common Terminology Criteria for Adverse Events, version 5.0. The association of AEs with CsA concentration was further analyzed and prognostic models were constructed followed by the external validation in another cohort of 113 patients.

Results It is demonstrated that patients presented any of the AEs mentioned above except gastrointestinal side effects were with higher CsA concentration. Besides, most of the AEs were associated with older age and without sex tendency. The optimal cutoff values of trough levels (C0) and peak levels (C2) were defined for different AEs respectively. Most of the cutoff values were 170—250ng/ml for C0 and 700-900ng/ml for C2. Patients recovered had significantly lower C0 and C2 compared with their onset CsA concentration. C0, C2 and age were

independent prognostic indicators for most of the AEs in multivariate analysis. For elevated creatinine levels, baseline creatinine is also an essential predictor. Based on this, prognostic models for elevated creatinine levels, hyperuricemia, hyperlipidemia, and hypertension combined age, C0 and C2 was established respectively and proven to be with satisfying accuracy and calibration. We also found patients responded and not responded to IST at 3 months, 6 months, 9 months, 12 months showed no difference in CsA blood levels. CsA concentration under the optimal cutoff values we defined above didn't affect the effectiveness of treatment.

Conclusion Side effects of CsA were associated with higher CsA concentration. We defined optimal cutoff values to predict AEs. CsA blood levels under the optimal cutoff values didn't decrease the reponse rate. Appropriate reduction in CsA concentration to reduce AEs should be considered and it is not at risk of affecting response rates.

PO-0005

海南省输血依赖型地中海贫血造血干细胞移植治疗进展

董秀娟

海南省妇女儿童医学中心

目的 就海南省输血依赖型地中海贫血造血干细胞移植治疗进展，分析地贫救助体系建立的紧迫性与必要性。

方法 调研海南省输血依赖型地贫移植相关信息，包括移植医院、移植例数、移植救助、移植方式、存活状态等。

结果 回顾 2023 年 1 月 1 日至 2023 年 12 月 31 日，海南省输血依赖型地贫移植共计 72 例。省内移植 50 例，海南省人民医院 7 例，海南省妇女儿童医学中心 16 例，海口市人民医院 26 例，三亚市妇幼保健院 1 例。省外造血干细胞移植 22 例，分别至广州、深圳、东莞、长沙等，赴上海接受基因治疗 1 例。移植方式：非血缘全相合、单倍体为主。随访：移植后死亡 2 例，均为移植后合并新冠感染。其余生活状态好。接受异基因造血干细胞移植治疗患者最低自付费用数千元，最多自付费用七万余元。

结论 造血干细胞移植是目前输血依赖型地中海贫血唯一根治方式，2023 年移植例数较往年明显增加，医保多层次救助体系使得自付费用大部分家庭可以承受。移植后病毒感染是最大风险。基因治疗已取得初步成效，海南尚未开展。现有救治体系主要问题集中于：输血不足、家庭医疗支出压力大、对移植风险不能接受等。社会各界联合构筑救助地贫体系有助于地贫患儿尽早接受移植。

建议：多部门协作，提高海南全民地贫防控意识，未来可望重型患儿出生率降为零。加强基层多学科医师培训，强化地贫基础治疗诊疗常规，推进现症患者规范诊疗。进一步优化地贫低保及医保政策，降低移植及相关治疗自费费用也是提高地贫治疗顺应性的重要一环。积极寻求社会面关注与各界社会团体救助，加快现症患者根治性治疗工作，同时做好地贫移植后患者管理工作，提高长生存率。

PO-0006

Identification of novel mutations in hereditary spherocytosis patients by whole-exome sequencing

Li Qin, Yujiao Jia, Bingqing Huang, Haoxu Wang, Huijun Wang
Institute of Hematology and Blood Diseases Hospital

Objective Defects in erythrocyte membrane proteins can cause the most common type of congenital hemolytic anemia, so called hereditary spherocytosis (HS). To date, pathogenic

mutations in five genes (ANK1, SPTA1, SPTB, SLC4A1, EPB42) are identified to cause HS. Here, we have studied the molecular spectrum and genotype-phenotype correlations of forty-one patients with clinical suspected HS and their families.

Methods Whole-exome sequencing was utilized to analyze the disease-causing variants in 41 HS patients. Sanger-sequencing was tested for pedigree analysis in family members.

Results Pathogenic mutations in ANK1, SPTB, SLC4A1 and SPTA1 were found in 17 (41.5%), 12 (29.3%), 7 (17.1%) and 5 (12.2%) patients, respectively. Deleterious variants include 12 missense, 15 nonsense, 12 frameshift, and 4 splicing variants. Among them 32 variants were novel. Patterns of inheritance were available for analysis in 15 families. Among them six patients were found to be de novo. In our genotype-phenotype analysis, platelet levels in SPTB ($p=0.021$) and SLC4A1 ($p=0.02$) patients were found to be significantly lower than ANK1 patients. In addition, LDH levels in SPTB patients were remarkably lower than patients with ANK1 mutations ($p=0.025$).

Conclusion Next-generation sequencing (NGS) is a fast, economic, and accurate way to detect and identify pathogenic alterations of inherited diseases, highlighting the potential usage of NGS in clinical practice.

PO-0007

Causal relationships between immune cells and iron deficiency anemia: a bidirectional Mendelian randomization study

Xuanxuan Xu, zhiping huang, tao xiong, yuanyan tang
血液内科

Objective Observational studies have shown a potential link between immune factors and the risk of iron deficiency anemia (IDA), yet the causal relationship between immune cells and IDA remains enigmatic. Herein, we used Mendelian randomization (MR) to assess whether this association is causal.

Methods We selected IDA genetic variants, including 8376 samples and 9810691 single nucleotide polymorphisms, and immune cells from a large open genome-wide association study (GWAS) for a bidirectional MR study. The primary method was inverse variance weighting (IVW), and auxiliary analyses were MR-Egger, weighted median, simple mode and weighted mode. The reliability of the results was subsequently verified by heterogeneity and sensitivity analysis.

Results IVW method showed that 19 types of immune cells may be the risk factors of IDA, whereas 15 types of immune cells are the protective factors of IDA. Reverse MR analysis suggested that immune cells from upstream etiology of IDA are not involved in follow-up immune activities. Next, we selected 731 immune cell types as the results. The research revealed that IDA may result in a rise in 23 kinds of immune cells and a reduction in 12 kinds of immune cells. In addition, sensitivity analysis demonstrated no evidence of heterogeneity or horizontal pleiotropy.

Conclusion From a genetic standpoint, our study suggests that specific immune cells are involved in the occurrence of IDA. Inversely, IDA may also contribute to immune dysfunction, thus guiding future clinical investigations.

PO-0008

蔗糖铁治疗儿童缺铁性贫血的临床有效性和安全性研究

赵莎莎、姜锦

首都医科大学附属北京儿童医院

目的 本研究主要探讨蔗糖铁治疗儿童 IDA 的有效性和安全性，以期为我国儿童 IDA 临床合理使用静脉铁剂提供参考

方法 回顾性分析 2022 年 7 月至 2023 年 12 月北京儿童医院收治的 40 例蔗糖铁治疗 IDA 患儿的临床资料，同期门诊 IDA 患儿 1936 人，口服补铁患者 970 人。对所有患儿的基线特征及铁剂应用情况进行分析

结果 40 例 IDA 患儿，男 22 例，女 18 例，青春期患儿为主，蔗糖铁治疗前 HGB 平均水平 $75.65 \pm 6.23 \text{g/L}$ ，蔗糖铁使用剂量均值为 $(901.6 \pm 524.08) \text{mg}$ ，使用次数平均为 8.1 次，平均使用时间 16 天。蔗糖铁治疗 2 周血液学反应率为 85% (34/40)。蔗糖铁治疗 4 周、8 周血液学反应率分别为 100% (40/40) 和 97.5% (39/40)，HGB 分别升高 44.4g/L 、 49.3g/L ，显著高于治疗前基线平均值 ($P < 0.001$)，蔗糖铁治疗 4 周、8 周分别有 77.5% (31/40) 和 87.5% (35/40) 的患儿 HGB 可达到正常水平。蔗糖铁治疗 8 周，血清铁均值 $14.5 \mu\text{mol/L}$ ，较治疗前基线值均值明显升高 ($P < 0.001$)，转铁蛋白饱和度均值 22.4%，显著高于治疗前 ($P < 0.001$)。铁蛋白均值 85.9ng/ml ，显著高于治疗前 ($P < 0.001$)，其中 87.5% (35/40) 的患儿铁蛋白 $\geq 30 \mu\text{g/L}$ 。仅 1 例 (2.5%) 患儿出现药物相关不良反应。

结论 蔗糖铁在儿童 IDA 治疗中，疗效显著，安全性高。可快速改善机体相关临床指标，快速纠正贫血症状，缩短治疗时间，值得临床运用和推广。

PO-0009

血小板生成素受体激动剂加入再生障碍性贫血免疫抑制治疗的疗效分析

杨碧熙¹、王乐宇²、傅玲玲¹、马洁¹、陈苗²、韩冰²

1. 首都医科大学附属北京儿童医院

2. 中国医学科学院北京协和医院

目的 评估成人和儿童重型再生障碍性贫血患者接受单独应用免疫抑制治疗和免疫抑制治疗联合艾曲泊帕的疗效和生存率。

方法 回顾性分析 2013 年至 2022 年间接受免疫抑制治疗±艾曲泊帕治疗的重型再生障碍性贫血患者的临床数据。在成人 (年龄 > 18 岁) 和儿童 (年龄 ≤ 18 岁) 患者之间比较单独应用免疫抑制治疗或免疫抑制联合艾曲泊帕治疗的患者的基线特征、血液学反应、总生存率、无事件生存率、复发和克隆演变。

结果 共纳入 366 名患者，包括 141 名成人患者和 225 名儿童患者。在免疫抑制治疗组，成人患者在 12 个月时的总有效率 (ORR, 76% vs. 75%, $P = 0.000$) 与儿童患者相似，但完全有效率 (CRR, 31% vs. 48%, $P = 0.048$) 低于儿童患者。与儿童患者相比，成人患者的 5 年 OS 较低 ($83.6 \pm 4.0\%$ vs. $95.3 \pm 2.7\%$, $P = 0.007$)，5 年 EFS 较低 ($63.7 \pm 5.2\%$ vs. $77.0 \pm 3.4\%$, $P = 0.047$)。添加艾曲泊帕后，成人患者的 ORR 高于儿童患者 (89% vs. 73%, $P = 0.027$)，两组的 CRR 相似 (54% vs. 50%, $P = 0.614$)。成人的 5 年 OS 和 5 年 EFS 显著改善，与儿童患者无显著差异 (分别为 $96.7 \pm 1.8\%$ vs. $91.4 \pm 4.2\%$, $P = 0.081$; $72.3 \pm 4.7\%$ vs. $75.1 \pm 6.3\%$, $P = 0.834$)。无论是否添加艾曲泊帕，成人的复发率与儿童无显著差异 ($P > 0.05$)。无论是单独免疫抑制治疗

组（9.2% vs.1.4%， $P=0.040$ ）还是免疫抑制联合艾曲泊帕组（5.5%vs.0%， $P=0.017$ ），成年患者患骨髓增生异常综合征（MDS）或急性髓系白血病（AML）的发生率均显著高于儿童患者。

结论 在重型再生障碍性贫血的免疫抑制治疗中联合艾曲泊帕，成人患者的 ORR、CRR、5 年 OS 和 EFS 均比儿童患者改善更多。无论是否添加艾曲泊帕，成人的恶性克隆率均高于儿童患者。

PO-0010

Avatrombopag as Alternative Therapy for Severe Aplastic Anemia Patients who are Intolerant or Unresponsive to Eltrombopag

Ting Zhang¹, guangsheng he², jinning shi¹, yu fang¹

1. The Affiliated Jiangning Hospital of Nanjing Medical University, Nanjing, China

2. The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital, Collaborative Innovation Center for Cancer Personalized Medicine, Nanjing, China

Objective To evaluate the efficacy and safety of avatrombopag (AVA) in replacing eltrombopag (EPAG) for patients with severe aplastic anemia (SAA) who are intolerant or refractory to intensive immunosuppressive therapy (IST) combined with EPAG

Methods A prospective registry was conducted to analyze the efficacy and safety of AVA conversion therapy in 20 SAA patients who were intolerant or unresponsive to EPAG combined with IST

Results Among the 20 patients, 8 had no response to EPAG, 6 had renal impairment, and 9 had liver abnormalities (2 of them had concurrent liver and kidney damage) before switching to AVA treatment. The median treatment duration of AVA was 6 (3-24) months, and 17 patients (85%) achieved hematologic responses (HR): complete response (CR) in 3 cases (15%), good partial response (GPR) in 4 cases (20%), partial response (PR) in 10 cases (50%), and no response (NR) in 3 cases (15%). The median time to response was 1.7 (0.5-6.9) months, and 9 patients (50%) became transfusion-independent. After AVA conversion therapy, neutrophil count ($0.8 \times 10^9/L$ vs $2.2 \times 10^9/L$, $p=0.0003$), platelet count ($11 \times 10^9/L$ vs $39 \times 10^9/L$, $p=0.0008$), hemoglobin level (59 g/L vs 98 g/L, $p=0.0002$), reticulocyte percentage (1.7% vs 3.4%, $p=0.036$), and red blood cell count ($1.06 \times 10^{12}/L$ vs $2.97 \times 10^{12}/L$, $p=0.001$) significantly increased compared to before treatment. Liver and kidney function remained within the normal range during AVA conversion therapy, and there were no grade 2 or higher AVA-related adverse events or thrombotic events.

Conclusion Switching to AVA can be a good therapeutic option for SAA patients who are intolerant or refractory to EPAG.

PO-0011

输血依赖型地中海贫血症患者重要脏器铁过载临床观察

董秀娟、韦勇、吴瑞娟、胡玲
海南省妇女儿童医学中心

目的 了解海南省现症输血依赖型地中海贫血重要脏器铁过载情况，并予以移植前评估。

方法 2022年3月20日至2024年5月10日，应用心脏、肝脏MRI T2*铁沉积评估方法，监测海南省现症输血依赖型地中海贫血患者心脏及肝脏铁过载情况。

结果 2022年3月至2024年5月10日，接受心脏、肝脏MRI T2*铁沉积检查患者共计139例，其中，男，78例，女，61例。年龄范围：3岁-38岁，中位年龄11岁；<14岁，112人，其中 ≤ 7

岁，24人；>14岁，29人。单次检查，99人；2次，34人；3次，4人；4次，2人。门诊检查，101人，住院检查38人。

心脏铁过载：61例，占比43.9%。<14岁，心脏铁过载占比45.5%；>14岁，心脏铁过载占比55.6%。其中，心脏铁重度沉积，23人，<14岁，5人，>14岁，18人；心脏铁中度沉积，15人，其中<14岁，2人，>14岁，13人。

肝脏铁过载：112例，占比80.6%。<14岁，肝脏铁过载占比82.1%；>14岁，肝脏铁过载占比74.1%。其中，肝铁重度沉积，2人，均<14岁；肝铁中度沉积，15人，其中<14岁，50人，>14岁，6人。已接受移植治疗25人。

结论 海南省输血依赖型地贫患者有个别成年患者坚持输血排铁治疗。现症患者重要脏器铁过载比例较高，肝脏铁过载发生比例高于心脏，或与铁过载去铁治疗药物可及性相关。重度铁过载影响患者移植前准备流程，部分患者可经过强化排铁接受造血干细胞移植治疗。

PO-0012

抗人胸腺细胞免疫球蛋白治疗儿童重型再生障碍性贫血所致的急性肺损伤

杨碧熙、傅玲玲、王瑞欣、李红敏、陈慧、马洁
首都医科大学附属北京儿童医院

目的 通过对9例重型再生障碍性贫血（SAA）患儿接受免疫抑制治疗（IST）后发生抗人胸腺细胞免疫球蛋白（ATG）相关的急性肺损伤（ALI）病例的临床资料进行分析，为该病诊疗提供临床数据。

方法 收集9例ATG相关的ALI患儿的临床资料，结合文献进行回顾性分析。

结果 本文9例SAA患儿接受IST治疗后发生了ATG相关的ALI，分别发生于ATG治疗第3-12天。临床表现为呼吸困难、低氧血症，肺部体征表现为三凹征（+）、双肺湿罗音，影像学表现为肺部磨玻璃影、间实质病变。9例患儿经糖皮质激素、雾化等治疗后均病情好转。

结论 SAA患儿接受ATG治疗期间应警惕ALI，在出现低氧血症时应积极完善肺部影像学、病原学、炎性指标等检查，尽早识别ALI，及时停药并给予呼吸支持、应用糖皮质激素冲击治疗，防止ALI进展影响疾病预后。

PO-0013

T淋巴细胞LAG-3表达在再生障碍性贫血发病中作用研究

张志鹏¹、林赠华¹、刘海燕¹、李玟^{1,2}、陆锴^{1,2}、任海鹏^{1,2}
1. 南通大学附属医院
2. 南通大学医学院

目的 研究T淋巴细胞LAG-3表达在再生障碍性贫血发病中的作用，为再障的治疗提供新的理论基础。

方法 通过全身辐照联合不同供鼠来源的异基因淋巴结细胞腹腔注射的方法分别构建免疫介导的重型再生障碍性贫血小鼠模型，分为实验组（腹腔注射LAG-3敲除B6小鼠淋巴结细胞）和对照组（腹腔注射普通B6小鼠淋巴结细胞），分析模型鼠血常规、对胸骨组织行HE染色观察骨髓造血组织情况以评价疾病严重程度。流式细胞术检测小鼠脾脏及骨髓中T淋巴细胞亚群，分析两组小鼠T淋巴细胞亚群的变化。ELISA检测各组小鼠外周血血浆IFN- γ 、TNF- α 、EPO、铁蛋白表达水平。

结果 (1) 与对照组相比, 实验组小鼠模型血常规血红蛋白、红细胞计数明显下降。(2) 胸骨 HE 染色显示实验组小鼠造血组织减少。(3) 实验组再障小鼠模型脾脏和骨髓中 CD3+CD8+T 淋巴细胞比例分别为 (70.9±1.05) %、(68.0±3.92) %, CD3+CD4+T 淋巴细胞比例分别为 (17.9±1.74) %、(21.9±4.99) %, CD4+CD25+FOXP3+T 淋巴细胞比例 (6.6±1.57) %、(3.0±0.76) %; 对照组再障小鼠模型脾脏和骨髓中 CD3+CD8+T 淋巴细胞比例分别为 (66.24±10.47) %、(54.6±4.69) %, CD3+CD4+T 淋巴细胞比例分别为 (23.8±5.51) %、(31.5±4.08) %, CD4+CD25+FOXP3+T 淋巴细胞比例为 (4.3±2.12) %、(4.9±0.72) %, 与对照组相比实验组模型鼠骨髓中 CD3+CD8+T 淋巴细胞比例上升, CD3+CD4+T 淋巴细胞比例下降, CD4+CD25+FOXP3+T 淋巴细胞比例下降, 且 CD4+T/CD8+T 比例下降, 而在脾脏中无明显变化。(4) ELISA 检测实验组小鼠外周血血浆 IFN- γ 、TNF- α 、EPO、铁蛋白表达水平均升高。

结论 (1) B6 小鼠 LAG-3 缺失并不影响自身造血功能 (2) 腹腔注射 LAG-3 缺失的淋巴结细胞会促进骨髓衰竭, 特别是对红系造血影响较大。

PO-0014

Sex differences in the U-Shaped Curve association between night sleep duration and anemia in adults: A cross-sectional study from NHANES 2005-2020

Congcong Lv, Xiaoxu Ren, wenjun Xie, erlie Jiang
中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

Objective Objective: We aimed to assess the association between night sleep duration and anemia in the 2005-2020 NHANES.

Methods We examined the association between night sleep duration and anemia in the NHANES individuals, categorizing sleep duration into short (≤ 5 hours), long (≥ 9 hours), and stable (5.5–8.5 hours) groups. The robustness of the results was assessed using weighted logistic multivariate regression analyses, restricted cubic spline models, threshold effects, and sensitivity analyses.

Results Among 22,519 patients, 2,772 (6.4%) were found to have anemia. Considering the removal of potential confounders, the adjusted odds ratio (OR) for anemia was 1.25 (95% CI: 1.06-1.47, $p = 0.010$) in the short sleep duration group and 1.35 (95% CI: 1.14-1.60, $p < 0.001$) in the long sleep duration group. Furthermore, the risk of anemia increased by 25% for every 1-unit decrease in sleep duration when it was less than or equal to 7 hours and by 38% for each 1-unit increase in sleep duration when it was greater than 7 hours.

Conclusion Conclusions: Our research showed that adult male sleep duration and anemia had a "U"-shaped association, with an inflection point at 7 hours. Male adult anemia risk was shown to be greater for short sleep durations (≤ 5 hours) and long sleep durations (≥ 9 hours), while night sleep durations between 5.5 and 8.5 hours were associated with the lowest risk.

PO-0015

中西医结合治疗阵发性睡眠性血红蛋白尿症 1 例报告并文献复习

李昕¹、陈斌^{2,3}
1. 湖北中医药大学
2. 湖北省中医院
3. 湖北中医药大学附属医院

目的 探讨阵发性睡眠性血红蛋白尿症的中西医结合治疗策略, 为疾病临床管理拓展思路。

方法 报道 1 例于湖北省中医院血液病科就诊的阵发性睡眠性血红蛋白尿症患者，分析其既往病史、诊疗经过、临床特征，对相关文献进行复习并展开讨论。

结果 患者为 26 岁男性，确诊为经典型阵发性睡眠性血红蛋白尿症近 15 年，既往采用肾上腺皮质激素及对症支持维持治疗无效，联用司坦唑醇/十一酸睾酮后仍表现为长期的输血依赖，调整雄激素为达那唑治疗后，并联合使用辨证中药汤剂，疾病获得近期缓解。

结论 目前，经典型 PNH 患者的临床治疗仍是对症支持治疗为基石，以辨证中药为主的中西医结合治疗策略可为该类患者临床管理提供有效而可行的方法。

PO-0016

江西赣南地区输血依赖型地中海贫血患者的生活质量调查

黄走方、刘萍芳
赣南医科大学第一附属医院

目的 调查及评价输血依赖型地中海贫血患者的生活质量及其影响因素，为制定输血依赖型地中海贫血患者的治疗决策及提高患者的生活质量提供理论依据。

方法 采用儿童生活质量普适性核心量表及 SF-36 量表中文版两个量表问卷方式，对赣州市输注过红细胞的 2 岁至 35 岁的输血依赖型地中海贫血患者进行治疗现状及生活质量调查，通过 t 检验和 Mann-Whitney 检验比较移植组与非移植组的输血依赖型地中海贫血患者的生活质量；使用点双列相关系数和 Spearman's Rank 相关系数来分析各个因素与 QOL 维度之间的相关性；通过单因素与多因素线性回归分析影响生活质量的各因素。

结果 回收问卷 118 份。输血依赖型地中海贫血患者造血干细胞移植后在生活质量总得分及生理功能、情感功能、社会功能、学校表现 4 个维度的得分均显著高于非移植组。其中，生理功能及学校表现差异最为显著。生活质量影响因素回归分析显示：是否输血、是否有并发症对生活质量存在影响。

结论 输血依赖型地中海贫血患者造血干细胞移植后的生活质量显著高于非移植。患者的生活质量与是否输血、是否有并发症有明显关系，故应加强输血依赖型地中海贫血患者规范化输血治疗，减少并发症的出现，提高患者的生活质量。

PO-0017

一例遗传性葡萄糖-6-磷酸脱氢酶（G6PD） 缺乏症家系的致病变异研究

刘丽琼、徐海霞、尚寅
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 通过对遗传性葡萄糖-6-磷酸脱氢酶（G6PD）缺乏症家系 G6PD 基因突变分析，确定变异位点及推测变异来源，为疾病的诊断和遗传咨询提供帮助。

方法 收集先证者临床资料及家族史（先证者表现为溶血性贫血，临床怀疑为地中海贫血或 G6PD 缺乏症，先证者母亲有家族史。）采用 Sanger 方法检测先证者 G6PD 基因突变情况，同时对先证者父母进行致病位点验证。

结果 测序发现先证者 G6PD 基因上存在纯合错义变异 c.1478G>A(p.Arg493His)，为文献和数据库报道的病理性突变。家系成员变异分析证实，先证者母亲为 c.1478G>A (p.Arg493His)杂合子，为携带者；先证者父亲为野生型，先证者及其家系成员表型及基因型共分离。

结论 G6PD 基因伴 X 染色体隐性遗传方式，先证者为女性，母亲为携带者，父亲的该位点是野生型，按照遗传规律，先证者应为携带者，但是先证者检测到纯合错义变异

c.1478G>A(p.Arg493His)。其纯合变异的原因可能是父亲的 c.1478G 散发变成 c.1478A,或是该区域的散发缺失,或者其他未知原因。这些原因需要进一步研究以确定先证者纯合错义变异 c.1478G>A (p.Arg493His)的具体机制。

PO-0018

罗特西普用于 β -地中海贫血儿童患者的 II 期研究: 剂量探索队列中的安全性数据

Antonis Kattamis¹、Khaled M. Musallam²、Silverio Perrotta³、Yesim Aydinok⁴、Giovanni Battista Ferrero⁵、Thomas D. Coates^{6,7}、Olga Grabowska⁸、Iryna Bluemmert⁸、Mathew Simcock⁹、Luciana Moro Bueno⁸、Viprakasit¹⁰

1. National and Kapodistrian University of Athens, Athens, Greece

2. Center for Research on Rare Blood Disorders (CR-RBD), Burjeel Medical City, Abu Dhabi, United Arab Emirates

3. Università della Campania, Naples, Italy

4. EGE University Hospital, Izmir, Turkey

5. Azienda Ospedaliero-Universitaria San Luigi Gonzaga, Turin, Italy

6. USC Keck School of Medicine, Los Angeles, CA, United States of America

7. Cancer and Blood Disease Institute, Children's Hospital Los Angeles, Los Angeles, CA, United States of America

8. Celgene International Sàrl, a Bristol-Myers Squibb Company, Boudry, Switzerland

9. Celgene Europe Ltd., a Bristol-Myers Squibb Company, Uxbridge, United Kingdom

10. Siriraj Hospital, Mahidol University, Bangkok, Thailand

目的 β -地中海贫血(地贫)是以无效造血和不同程度贫血为特征的疾病,许多患者需要终生红细胞输注(RBCT)和铁螯合治疗。 β -地贫儿童患者存在较高未被满足的治疗需求,包括减轻贫血、降低长期 RBCT 和减轻继发性铁过载。研究显示罗特西普可降低输血依赖型(TD) β -地贫成人患者的输血负荷,并可提高非输血依赖型(NTD) β -地贫成人患者的血红蛋白(Hb)水平。

本研究评估罗特西普用于 TD 和 NTD β -地贫儿童患者的安全性并确定推荐剂量(RD)。

方法 研究纳入 6~<18 岁的 TD 或 NTD β -地贫患者。TD 患者须在入组前 24 周内接受过 ≥ 4 次 RBCT(无 ≥ 24 周无输血期且有 ≥ 2 年规律输血史)。NTD 患者须在入组前 24 周内接受 < 4 次的 RBCT,无规律输血史,在入组前 ≥ 8 周末接受 RBCT,且平均基线 $Hb \leq 10$ g/dL。本研究分为 A 部分(12~<18 岁)和 B 部分(6~<12 岁)。在 A 部分的剂量探索阶段,TD 患者接受皮下注射罗特西普 0.75 mg/kg(队列 1)或 1.0 mg/kg(队列 2) Q3W 治疗 ≤ 4 个周期,以确定 RD。NTD 患者可在剂量确认队列(类似 TD 人群的队列 1 和队列 2)中接受罗特西普治疗。对于 NTD 患者,确定 RD 后将继续在剂量扩展队列中进一步评估;对于 TD 患者,剂量扩展队列目前正在招募中。B 部分将基于 A 部分 ≥ 12 个月的安全性数据,根据数据监察委员会的建议启动。获益患者可持续治疗长达 5 年。本试验主要目标为确定罗特西普用于 TD 和 NTD 患者的安全性、耐受性和药代动力学(PK)。安全性评估包括不良事件(AE)和剂量限制性毒性(DLT)的发生频率。次要目标包括 RBCT 负荷的平均变化(TD 患者)、Hb 水平的平均变化(NTD 患者)、铁参数和免疫原性。本文报告 A 部分剂量探索阶段 TD 患者的安全性数据。

结果 截至 2023 年 10 月 2 日,12 例患者接受罗特西普治疗(2 个剂量探索队列中各 6 例)。2 个队列中患者中位年龄均为 14 岁,人口统计学特征相似。队列 1 和队列 2 的中位治疗时长分别为 651.5 天(范围:405~718)和 219.0 天(范围:21~551),中位治疗次数分别为 31.0 次(范围:19~36)和 10.5 次(范围:1~27)。2 个队列中均有患者将剂量上调至 1.25 mg/kg(队列 1: 4/6;队列 2: 1/6),未报告剂量降低或 DLT 事件。所有患者均报告发生治疗后 AE (TEAE),队列 1 和队列 2 中分别有 2 例和 4 例患者发生罗特西普治疗相关 TEAE(表)。所有患者均未发生罗特西普治疗相关 3~4 级 TEAE,也未发生导致罗特西普停药的 TEAE。

结论 TD β -地贫儿童患者剂量探索阶段的安全性数据显示,罗特西普治疗的安全性特征与在成人患者人群中观察到的结果一致,未发生 DLT 或导致停药的 TEAE。NTD 人群的剂量确认和 TD 人群

的剂量扩展队列正在招募中。PK 和有效性评估研究正在进行中。

PO-0019

免疫抑制联合艾曲泊帕治疗儿童重型再生障碍性贫血的预后因素分析

傅玲玲、杨碧熙、李红敏、王瑞欣、陈慧、马洁
首都医科大学附属北京儿童医院

目的 分析评价儿童初治重型再生障碍性贫血应用艾曲泊帕联合免疫抑制（immunosuppression therapy, IST）和单用 IST 治疗的疗效影响因素。

方法 回顾性研究，选择 2017 年 3 月 1 日至 2020 年 5 月 1 日在我院初治并应用 IST 治疗的 SAA 患儿为研究对象，收集入组时临床特征、实验室检查和预后等数据。根据治疗方案分为艾曲泊帕联合 IST 组（简称艾曲泊帕组）和单用 IST 组，患儿 6 个月时的治疗反应分为反应（overall response, OR）组与无反应（no response, NR）组，随访末期时的治疗反应分为完全反应（complete response, CR）组与非 CR 组。应用二分类 Logistic 回归模型分析两组患儿治疗 6 个月时的疗效影响因素，以及艾曲泊帕组随访末期时的的疗效影响因素。

结果 艾曲泊帕组 75 例，单用 IST 组 49 例。6 个月时的疗效影响因素：艾曲泊帕组两组间比较显示，治疗前血红蛋白【69（61, 77.5）g/L vs. 64（59, 68）g/L, P=0.04】、血小板【10（6, 16） $\times 10^9$ /L vs. 6（3, 8） $\times 10^9$ /L, P=0.03】、网织红细胞绝对值计数(absolute reticulocyte count, ARC)【34（15.8, 57.3） $\times 10^9$ /L vs. 6.5（4.6, 16.8） $\times 10^9$ /L, P=0.00】及治疗后对 G-CSF 的反应率（84% vs. 56%, P=0.04），差异存在统计学意义。二分类 Logistic 回归模型分析结果显示 ARC（P=0.02, OR=1.09, 95%CI 为 1.02, 1.18）和中性粒细胞绝对值计数（P=0.05, PR=0.00, 95%CI 为 0.00, 0.89）是 6 个月反应的独立影响因素；单用 IST 组两组间比较显示，治疗前病程【1.6（1, 2）月 vs 2.25（1.5, 3）月, P=0.04】是反应的影响因素。艾曲泊帕组在随访末期通过两两比较的方法及二分类 Logistic 回归模型分析方法，均表明 ARC 是 CR 的独立影响因子（P=0.00, OR=1.04, 95%CI 为 1.01, 1.07）。

结论 治疗前血细胞计数及 ATG 治疗初始阶段对 G-CSF 的反应性为艾曲泊帕联合 IST 治疗的 OR 的影响因素。治疗前 ARC 越高，应用艾曲泊帕联合 IST 治疗其获得 OR 及 CR 的可能性更高。

PO-0020

阿伐曲泊帕转换治疗 TPO 受体激动剂难治性儿童再生障碍性贫血疗效及安全性

傅玲玲、王瑞欣、杨碧熙、李红敏、陈慧、马洁
首都医科大学附属北京儿童医院

目的 评估阿伐曲泊帕（APAG）转换治疗在曾应用免疫抑制治疗（IST）联合 TPO 受体激动剂（TPO-RA）无效的儿童再生障碍性贫血（AA）患者中的近期疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2021 年 6 月至 2023 年 5 月首都医科大学附属北京儿童医院免疫抑制治疗联合 TPO-RA（艾曲泊帕/海曲泊帕）治疗无效的 7 例 AA 患者，接受 APAG 转换治疗的疗效及安全性。

结果 7 例 AA 患者中，中位年龄 12.5（14.5~13.9）岁，男 2 例、女 5 例，转换 APAG 中位治疗 7.0（3.3~9.5）个月，治疗 1 个月时，4 例（57.1%）获得至少 1 系血液学反应；治疗 3 个月时，5 例（71.4%）获得血液学反应（HR）[完全治疗反应（CR）1 例、部分治疗反应（PR）4 例，其中

3 例为 3 系血液学反应, 1 例为 2 系血液学反应], 治疗 6 个月时, 5 例 (71.4%) 获得血液学反应 (HR) [完全治疗反应 (CR) 1 例、部分治疗反应 (PR) 4 例, 其中 2 例为 3 系血液学反应, 2 例为 2 系血液学反应]。APAG 转换治疗过程中, 未发生 APAG 相关 2 级以上不良事件, 无血栓事件发生, 治疗 6 个月时复查骨髓病理未见纤维组织增生, 无一例患者因不良事件停药。

结论 对于 TPO-RA 难治的儿童 AA 患者, APAG 可作为较好的转换治疗选择。

PO-0021

儿童反复巨幼细胞性贫血伴行走困难 1 例报道

郎长会、田茂强、杜作晨、陈艳、何志旭、黄佩
遵义医科大学附属医院

目的 报道 1 例儿童脊髓亚急性联合变性 (Subacute combined degeneration of spinal cord, SCD) 伴有自身免疫性疾病, 以提高临床医生对该病的认识。

方法 回顾性分析 1 例反复贫血、左侧多关节肿痛、双下肢瘫痪、多腺体受累及多种自身抗体阳性, 诊断为 SCD 伴自身免疫性疾病患儿的临床资料, 以提高临床医生对本病的认识。

结果 患儿, 女, 13 岁, 临床表现为左侧多关节 (肘、膝、踝) 肿痛半年余, 近 2 周出现双下肢无力, 进行性加重, 逐渐站立不能、独坐不能, 伴感觉异常、二便失禁。既往 2 年前有巨幼细胞性贫血病史。查体 神清, 对答切题, 口唇、甲床及耳廓苍白, 双上肢肌力 5 级, 双下肢肌力 2 级, 四肢肌张力正常, 双下肢轻微上抬即出现肢体震颤, 时有全身痛觉敏感, 双下肢远端 (膝关节以下) 浅感觉 (痛觉、触觉) 消失、深感觉 (位置觉、运动觉) 障碍; 左侧膝关节、踝关节及肘关节肿胀, 疼痛明显、皮温稍高、局部不红; 足背动脉搏动可; 双侧膝反射活跃, 双侧踝阵挛阳性, 肛门反射消失。入院后血常规示血红蛋白 74g/L (呈正细胞性), 血清维生素 B12 明显下降 (13 pg/mL, 参考值 189-914 pg/mL), 骨髓象提示有核细胞增生活跃, 红系增生明显, 成熟红细胞大小不均, 以大细胞为主, 可见巨大红细胞, 粒系及淋巴未见明显异常, 提示巨幼细胞性贫血。脊髓 MRI: 颈、胸、腰段后份见不规则长 T1、长 T2 信号, 可见“倒 V 征”。血清抗内因子抗体 IgG (+), 抗壁细胞抗体 IgG (+)。胃镜示胃体粘膜萎缩, 活检提示胃底、胃体肠化 (+)。甲功全套 TSH 增高, FT3、FT4、T3 及 T4 正常, 甲状腺过氧化酶抗体 (ATA) 明显增高及甲状腺球蛋白抗体明显增高。抗核抗体+抗核抗体谱 ANA 1:100 阳性, 1:320 弱阳性, 余阴性。类风湿因子及狼疮细胞阴性。核周型抗中性粒细胞胞浆抗体 (pANCA) 强阳性, 胞质型抗中性粒细胞核抗体 (cANCA) 阴性。家系全外显子测序未见致病性变异。诊断为脊髓亚急性联合变性, 未分化结缔组织疾病及自身免疫性多腺体综合征, 治疗上予维生素 B12、维生素 B1 肌肉注射同时口服维生素 C、琥珀酸亚铁; 大剂量甲强龙 (15mg/kg) 激素冲击, 随后改为强的松口服; 萘普生抗炎, 输注红细胞纠正贫血等对症治疗, 12 月余随访患儿已恢复正常。

结论 SCD 伴自身免疫性多腺体综合征及未分化结缔组织疾病在儿童少见, 临床表现差异较大, 早期识别、早期治疗可改善患儿预后。

PO-0022

湖北人群香港型地中海贫血检出率分析

陶文庭¹、胡东²、舒思敏¹、周围¹

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司
2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 香港型地中海贫血(HongKong $\alpha\alpha$, HK $\alpha\alpha$)是一种较为罕见的 α -地中海贫血, 其分子机理是同一条染色体上同时存在 $-\alpha 3.7$ 片段和 $\alpha\alpha\alpha\text{anti}$ 4.2 片段。目前常规检测试剂盒中缺乏对 $\alpha\alpha\alpha\text{anti}$ 4.2 片

段的检测，因此常规检测试剂盒无法区分 $\alpha 3.7$ 与香港型地中海贫血 HK $\alpha\alpha$ 。本研究探讨 1555 例湖北地区来源样本中初筛为 $\alpha 3.7$ 的受试者是否携带 $\alpha\alpha\alpha\text{anti } 4.2$ 片段，用以提高 HK $\alpha\alpha$ 的检出率。
方法 用流式荧光杂交法从 1555 例湖北地区人群血液样本中筛查出 $\alpha 3.7$ 的阳性样本，再用多重连接探针扩增技术，检测上述阳性样本中 $\alpha\alpha\alpha\text{anti } 4.2$ 片段。

结果 1555 例湖北地区人群血液样本中，检出 α -地中海贫血阳性 123 例， α -地中海贫血在湖北人群中的携带率为 7.90%，与报道的中国内地 α -地中海贫血发病率基本持平；123 例 α -地中海贫血阳性中有 43 例是 $\alpha 3.7$ 阳性， $\alpha 3.7$ 阳性占 α -地中海贫血阳性人群的比例为 34.96%；43 例 $\alpha 3.7$ 阳性样本中，有 5 例是香港型地中海贫血 HK $\alpha\alpha$ ，HK $\alpha\alpha$ 在 $\alpha 3.7$ 阳性样本中检出率为 11.63%，在湖北人群中检出率为 0.32%。

结论 常规检测出地中海贫血基因突变的型别为 $\alpha 3.7$ 时，需要用多重连接探针扩增技术做进一步检测，以提高 HK $\alpha\alpha$ 的检出率。

PO-0023

CDAN1 基因突变导致的先天性红细胞生成障碍性贫血 I a 一例

郑湧智、李健

福建省血液病研究所，福建省血液病学重点实验室，福建医科大学附属协和医院

目的 总结 CDAN1 基因突变导致的先天性红细胞生成障碍性贫血临床特征及诊疗思路。

方法 回顾性分析 1 例 CDAN1 基因突变导致的先天性红细胞生成障碍性贫血患儿的临床资料并复习相关文献。

结果 患儿，男，12 岁，以“面色苍白 12 年”为主诉就诊。新生儿期即出现贫血、黄疸，血常规提示：血红蛋白最低 53 g/L，白细胞和血小板计数正常；血生化提示：总胆红素和间接胆红素升高，转氨酶正常； α -SEA 基因杂合缺失，葡萄糖-6-磷酸脱氢酶活性 4.51 U/gHb（正常值 6.8~12.0 U/gHb），予间断输血，血红蛋白波动于 59~79 g/L。遗传分子检测（全外显子测序并父母验证）提示：G6PD, c.1478G>A（chrX: 153760472 半合子突变）；CDAN1, c.2140C>T（chr15: 43022830 杂合突变）；CDAN1, c.2059C>T（chr15: 43022911 杂合突变）。进一步骨髓检查，骨髓常规提示：红系增生明显，以中晚幼红细胞为主，可见花瓣核、核间桥、双核红细胞；骨髓组织电镜提示：大量成熟红细胞，散在异常幼红细胞。幼红细胞核大，胞质少，核呈典型海绵状结构，核孔增大，成熟红细胞形态无明显异常，提示：先天性红细胞生成异常性贫血（CDA I 型）。诊断：先天性红细胞生成障碍性贫血 I a， α 地中海贫血（轻型），葡萄糖-6-磷酸脱氢酶缺陷症。予聚乙二醇干扰素 α -2b 治疗后，血红蛋白一度回升至 102 g/L，但患儿及家属无法长期依从而停药，停药后血红蛋白波动于 80-90 g/L。

结论 CDAN1 基因突变导致的先天性红细胞生成障碍性贫血临床罕见，二代测序技术有助于诊断，干扰素 α 可能为其有效治疗方案，但疗程及依从性问题仍有待进一步探讨。

PO-0024

基于保护动机理论的健康教育方案 在进行 IST 的再生障碍性贫血患者中的应用

郭洁、李昕砾

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 构建行免疫抑制治疗的再障患者健康教育方案，并评价该方案的应用效果，为患者及护理人

员提供理论指导。

方法 以保护动机理论为依据,结合文献研究的结果和半结构式访谈,初步拟订健康教育方案初稿,运用德尔菲法对 15 名专家进行 2 轮函询,形成行 IST 的再障患者健康教育方案。采用便利抽样法,选取在天津市某三甲血液专科医院行 IST 的 92 名再障患者为研究对象,对照组进行常规的健康管理,对试验组实施以保护动机理论为指导的健康教育方案。比较两组患者在干预前后的健康知识掌握率、自我效能、自我护理能力及并发症的发生率的差异,评价方案的初步应用效果。

结果 2 轮专家函询问卷回收率均为 100%,专家权威系数分别为 0.828 和 0.880,肯德尔系数分别为 0.503、0.406 和 0.559、0.414 ($P<0.05$),最终构建的健康教育方案包括 2 个一级指标、7 个二级指标、31 个三级指标。干预后试验组健康知识知晓率、自我效能、自我护理能力得分均高于对照组 ($P<0.05$)。试验组的并发症发生率明显低于对照组 ($P<0.05$)。

结论 本研究构建的以保护动机理论为依据的行 IST 的再障患者健康教育方案具有科学性和可靠性,应用该方案能够提高患者自我护理能力,减少并发症的发生。

PO-0025

意义未明克隆性血细胞减少症临床特征分析

付秋豪

郑州大学第一附属医院

目的 分析总结 CCUS 临床特征,包括血细胞计数、骨髓细胞形态和组织病理、染色体核型分析、阵发性睡眠性血红蛋白尿 (Paroxysmal nocturnal hemoglobinuria, PNH) 克隆、体细胞基因突变谱、突变负荷,并与 AA 和 MDS 相关数据作比较,协助临床医生鉴别诊断 CCUS 和 AA、MDS。

方法 我们纳入 48 例符合 CCUS 诊断的患者,并以同时期入院的 120 例和 24 例二代测序髓系肿瘤相关基因突变阳性的 MDS 和 AA 患者为对照,对比 CCUS 与 AA 和 CCUS 与 MDS 组之间的血象、骨髓象、突变基因及突变频率和突变负荷。

结果 1. CCUS 组患者较 MDS 组贫血程度更轻,相较于 AA 组,CCUS 组患者中性粒细胞减少、贫血及血小板减少的程度更轻,淋巴细胞比例低于 AA 组。此外,CCUS 较 AA 组单核细胞比例显著增高,分别为 9.1 (3.3-27.4) 和 5.5 (1-16.3), $P=0.024$ 。

2. CCUS 组骨髓中原始细胞占比和骨髓增生程度低于 MDS 组。CCUS 组的骨髓增生程度、原始粒细胞占比、单核细胞比例、粒系比例和红系比例、巨核细胞数目均高于 AA 组,而淋巴细胞比例低于 AA 组。

3. 48 例 CCUS 组患者有 38 例 (79%) 含有 1 种体细胞突变,10 例 (21%) 存在 2 种及 2 种以上突变。常见的突变基因依次为 TET2 (37.5%)、ASXL1 (22.9%)、DNMT3A (18.7%)。120 例 MDS 组患者 39 例 (32%) 有 1 种个突变,81 例 (68%) 存在 2 种及以上突变,常见的突变基因集中于 U2AF1 (35.8%)、ASXL1 (26.7%)、TP53 (19.1%)。CCUS 携带 2 种及以上突变的患者比例 (21% vs. 68%, $p=0.001$) 以及每位患者的平均突变数目 (1.2 vs. 1.6, $p=0.029$) 低于 MDS 组。CCUS 组 U2AF1、TP53 的突变频率以及剪接体基因 (U2AF1、SF3B1、SRSF2、ZRSR2) 的总突变频率低于 MDS。此外,两组中位变异等位基因频率 (Variant allele frequency, VAF) 分别为 14.6% 和 28.4%, $P=0.265$, 差异无统计学意义。24 例 AA 患者中 20 例 (84%) 存在 1 种突变,4 例 (16%) 出现 2 种或 2 种以上的突变。最常见的突变基因依次是 ASXL1 (37.5%)、TET2 突变 (20.8%)、DNMT3A (20.0%)。CCUS 组与 AA 组共同存在的突变基因的频率无显著差异,CCUS 组中位 VAF 高于 AA 组 (14.6% vs 6.1%), $p<0.001$ 。

结论 1. CCUS 贫血程度低于 MDS, 较 AA 骨髓衰竭程度轻, 单核细胞比例高于 AA。

2. CCUS 恶性基因突变频率低于 MDS, 突变负荷与 MDS 相当。突变基因谱与 AA 相似, 突变负荷高于 AA。

3. 较高的单核细胞和 VAF 提示高风险恶性转化, 需重视其病情发展, 加强监测。

PO-0026

PD-1 抑制剂治疗膀胱癌继发纯红细胞再生障碍性贫血 1 例并文献复习

陈猛、杨曦、张伟锋、张莹
天津中医药大学第一附属医院

目的 提高对 PD-1 抑制剂替雷利珠单抗治疗膀胱癌后继发纯红细胞再生障碍性贫血的认识及探索治疗方案。

方法 回顾性分析天津中医药大学第一附属医院 2024 年 3 月收治的 1 例膀胱癌接受 PD-1 抑制剂替雷利珠单抗后出现贫血，最终诊断为纯红细胞再生障碍性贫血患者的临床资料及诊治经过。

结果 患者，男，69 岁，2021 年诊断为膀胱恶性肿瘤，局部切除及膀胱灌注化疗药物，2022 年 11 月复发，局部切除并膀胱灌注吉西他滨 17 次，后接受紫杉醇和替雷利珠单抗共 8 次，末次化疗时间为 2024 年 2 月。2024 年 3 月患者血常规：白细胞计数 $4.0 \times 10^9/L$ ，血红蛋白 56 g/L，血小板计数 $163 \times 10^9/L$ 。网织红细胞绝对值 $0.003 \times 10^{12}/L$ ，血清铁 46.2 $\mu\text{mol}/L$ ，不饱和铁结合力 0.90 $\mu\text{mol}/L$ ，总铁结合力 47.1 $\mu\text{mol}/L$ 。铁蛋白 692.27 ng/ml。促红细胞生成素 1002 mIU/ml。骨髓象：增生程度略减低，红系少见。免疫表型：淋巴细胞比例 53.38%。其中 T 淋巴细胞占 76.35%，CD4/CD8 为 6.44。染色体核型分析：45, X, -Y [3]/ 46, XY [17]，活检提示骨髓增生较活跃，红系少（5%），T 细胞易见，未见转移癌，T 克隆性评估为阴性。考虑纯红细胞再生障碍性贫血，筛查常见继发因素如胸腺瘤，细小病毒 B19 感染均为阴性，检索文献考虑与 PD-1 抑制剂治疗后免疫系统激活相关，予口服甲泼尼龙 0.5mg/kg 治疗，10 天后脱离输血，1 月后血红蛋白升至正常值。

结论 膀胱癌接受 PD-1 抑制剂治疗后可出现纯红细胞再生障碍性贫血，糖皮质激素单药治疗有效，且起效快，耐受性良好。

PO-0027

Management strategy in aplastic anemia patients with HBV infection following intensive immunosuppressive therapy

Yawen Zhang, Yuemin Gong, Guangsheng He, Lei Fan
Jiangsu Province Hospital, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University

Objective Acquired aplastic anemia (AA) results from bone marrow failure and intensive immunosuppressive therapy (IST) is one of the standard treatments for AA. However, elimination of lymphocytes may lead to the reactivation of hepatitis B virus (HBV) in patients with HBV infection, and whether to administrate antiviral drugs for prevention remains uncertain.

Methods From May 2014 to July 2023, a total of 137 AA patients treated with anti-thymocyte globulin combined with cyclosporin A were enrolled to investigate their HBV reactivation and management strategies according to their HBV serologic status.

Results Patients following IST A were divided into three groups according to HBV serologic status. Seven (5.11%) patients had chronic HBV infection, six of them received antiviral drugs and did not develop HBV reactivation, one patient developed HBV reactivation due to personal reason of rejection. For patients with resolved HBV infection (62, 45.26%) or without HBV infection (68, 49.64%), prophylactic antiviral treatment was not administrated and none of these patients developed HBV reactivation. Patients without HBV infection showed a shorter time to have a partial response (2.62 ± 4.24 vs 3.27 ± 5.23 , $P = 0.036$) and univariate and multivariate analysis revealed that HBV infection ($P = 0.037$), infection within one month after IST ($P = 0.034$)

had negative correlation to efficacy. Fifteen deaths occurred during the follow-up, and HBV infection ($P = 0.202$) did not impact the all-cause death.

Conclusion Overall, AA Patients with chronic HBV infection need to receive prophylactic antiviral drugs during IST, while patients with resolved HBV infection only need to be closely monitored.

PO-0028

In Vivo Effects of Porcine and Rabbit Antithymocyte Globulin in Patients with Severe Aplastic Anemia

Yawen Zhang, Yuemin Gong, Xiaoyu Chen, Guangsheng He, Lei Fan
Jiangsu Province Hospital, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University

Objective Severe aplastic anemia (SAA) is a bone marrow failure disorder mediated by T lymphocytes, resulting in severe deficiency of hematopoietic stem cells. Horse antithymocyte globulin (H-ATG) plus cyclosporin was the first-line therapy for SAA patients in the absence of an HLA-matched sibling¹. The inhibitory effect of Rabbit-ATG (R-ATG) on lymphocytes is deeper than that of H-ATG, and the recovery of CD4 T cells is slower, resulting in poor efficacy in SAA patients². Porcine ATG (P-ATG) and R-ATG are two available immunosuppressive choices in China mainland, the first-line formulation of ATG remains unknown.

Methods From November 2020 through September 2022, we performed a prospective, multi-center, non-randomized trial comparing two ATG formulations. 15 patients received R-ATG therapy and 45 patients treated with P-ATG were collected by prospective registration (ChiCTR2200055696) in the Chinese Eastern Collaboration Group of Anemia (CECGA). The pharmacokinetics, dynamic changes of peripheral blood cells and cytokine levels were evaluated. Hematologic responses were also evaluated at 3 and 6 months after treatment.

Results In both P-ATG-treated and R-ATG-treated patients, ATG reached highest concentration 5 days after treatment (1268.4 ± 381.1 ug/ml and 641.2 ± 448.5 ug/ml for P-ATG and R-ATG, respectively), and gradually decreased. At week 2, week 3 and 1 month from the peak values when be assessed, the P-ATG concentration decreased by 70.3%, 81.7%, and 85.4%, while the R-ATG concentration decreased by 68.9%, 88.5%, and 92.2%, respectively. R-ATG showed more powerful effects in depleting peripheral blood lymphocytes than P-ATG, while P-ATG displayed rapid recovery of T cells (CD3+ T cells, CD4+ T cells and CD8+ T cells) (P-ATG vs R-ATG, CD3+ T cells: $30.18 \pm 6.04\%$ vs $0.49 \pm 0.37\%$, $p=0.0036$; $60.58 \pm 8.02\%$ vs $7.16 \pm 7.16\%$, $p=0.0016$; $77.83 \pm 3.17\%$ vs $59.67 \pm 7.93\%$, $p=0.015$ for day 3, week 1 and week 3, respectively; CD4+ T cells: $9.13 \pm 2.20\%$ vs $0.03 \pm 0.02\%$, $p=0.013$, $24.49 \pm 4.21\%$ vs $1.75 \pm 1.75\%$, $p=0.0076$; $38.49 \pm 3.02\%$ vs $17.62 \pm 3.79\%$, $p=0.0007$ for day 3, week 1 and week 3, respectively; CD8+ T cells: 16.77 ± 4.15 vs 0.10 ± 0.067 , $p=0.015$; $27.55 \pm 3.56\%$ vs $4.94 \pm 4.94\%$, $p=0.0036$; $33.80 \pm 2.19\%$ vs 35.67 ± 6.20 , $p=0.72$ for day 3, week 1 and week 3, respectively). There were lower number of neutrophils in patients treated with R-ATG than those treated with P-ATG during the first week after immunosuppressive therapy (P-ATG vs R-ATG, Day 3: 3.46 ± 0.49 vs 1.29 ± 0.56 , $p=0.02$; Day 5: 3.73 ± 0.56 vs 1.12 ± 0.55 , $p=0.02$). IL-10 levels showed a transient increase at day 1 after ATG therapy ($p=0.0029$). IL-6 and TNF- α levels were higher in the R-ATG cohort than in the P-ATG patients after 1 month ($p=0.012$) and 2 months ($p=0.0062$) after infusion of ATG, respectively.

The overall response rates were comparable between P-ATG and R-ATG at third month and sixth month (60% vs 40%, $p=0.24$; 60% vs 60%, $p=1$). Early infection rates (within 1 month) showed no significant differences in the two formulations (P-ATG vs R-ATG, 33.33% vs 46.67%, $p=0.76$). There were five deaths in patients treated with P-ATG and three deaths in R-ATG-treated patients (P-ATG vs R-ATG, 11.1% vs 20.0%, $p=0.40$).

Conclusion P-ATG and R-ATG showed different pharmacokinetics and effects on neutrophils, lymphocyte subsets, which may lead to diverse immunosuppression. These two kinds of globulins showed comparable overall response rates after treatment.

Reference

1. Scheinberg P, Nunez O, Weinstein B, et al. Horse versus rabbit antithymocyte globulin in acquired aplastic anemia. *N Engl J Med*. 2011;365(5):430-438.
2. Feng X, Scheinberg P, Biancotto A, et al. In vivo effects of horse and rabbit antithymocyte globulin in patients with severe aplastic anemia. *Haematologica*. 2014;99(9):1433-1440.

PO-0029

Causal Relationship Between 731 Immune Cells and Nutritional Anemias: A Two-Sample Mendelian Randomization Analysis

Yang Hong, Kai Shen, Culin Zhang, Xiaoqing Dong, Bing Chen
Nanjing Drum Tower Hospital Affiliated to Nanjing University

Objective Nutritional anemias are diseases characterized by reduced erythropoiesis or functional disorders of red blood cells due to a deficiency of essential nutrients. These primarily include iron deficiency anemia, folate deficiency anemia, and vitamin B12 deficiency anemia. Nutritional anemias have a high global prevalence, particularly in developing countries. According to the World Health Organization (WHO), approximately one-third of children and women of reproductive age and nearly one-quarter of adult men worldwide are affected by anemia, with most cases being nutritional anemias. While these conditions can often be corrected by improving dietary habits and supplementing necessary nutrients, some patients experience recurrent or persistent anemia requiring ongoing nutritional therapy. The role of immune status in the development and progression of nutritional anemias remains under-researched. This study aims to explore the causal relationship between circulating immune cells and nutritional anemias using a Mendelian randomization approach.

Methods This study focused on a European population. Summary data for 731 types of immune cells were obtained from the GWAS catalog, while outcome data were sourced from the FinnGen database, including anemia, iron deficiency anemia, blood loss-induced iron deficiency anemia, vitamin B12 deficiency anemia, and folate deficiency anemia. We filtered the GWAS data for the 731 immune cells (P -value $< 1.0 \times 10^{-5}$, linkage disequilibrium (LD) threshold of $r^2 < 0.001$) and excluded weak instruments ($F > 10$). Single nucleotide polymorphisms (SNPs) corresponding to each immune cell type were used as instrumental variables (IVs). The inverse-variance weighted (IVW) method was the primary analysis approach, ensuring consistency with the MR-Egger direction. Through comprehensive two-sample Mendelian randomization analyses, we identified immune cell types potentially causally associated with the five types of anemias ($P < 0.05$). Heterogeneity and horizontal pleiotropy tests were conducted to exclude unstable results, establishing the causal links between immune cells and nutritional anemias and performing comparative analyses.

Results A total of 37 immune cell types were found to have a causal relationship with anemia. Specifically, 24 immune cell types were linked to iron deficiency anemia, 35 to blood loss-induced iron deficiency anemia, 37 to vitamin B12 deficiency anemia, and 27 to folate deficiency anemia. HLA DR on B cells emerged as the most frequent risk factor across the five types of anemia, with significant associations in anemia ($P=0.022$, OR=1.046, 95%CI=1.006 to 1.087), iron deficiency anemia ($P=0.014$, OR=1.047, 95%CI=1.010 to 1.086), and folate deficiency anemia ($P=0.001$, OR=1.402, 95%CI=1.157 to 1.700). Conversely, CD4 on HLA DR+ CD4+ cells was identified as a protective factor for anemia ($P=0.014$, OR=0.948, 95%CI=0.909 to 0.989), iron deficiency anemia ($P=0.028$, OR=0.946, 95%CI=0.901 to 0.994), and blood loss-induced iron deficiency anemia ($P=0.005$, OR=0.914, 95%CI=0.859 to 0.974). B cells and Treg cells were the two immune cell categories most frequently associated with nutritional anemias. Most immune cells associated with different nutritional anemias did not overlap, highlighting the diversity and complexity of

immune cell involvement in the development and progression of these conditions.

Conclusion This study reveals potential causal relationships between immune cells and various nutritional anemias, providing insights into the mechanisms by which immune cells may influence anemia development. These findings could offer new diagnostic and therapeutic avenues for refractory nutritional anemias. However, due to the limitations of the sample population, these conclusions require validation in larger cohorts and clinical studies. Overall, this research uncovers the complex interactions between immune cells and nutritional anemias, suggesting that further investigation into specific immune cells could enhance our understanding of these conditions.

PO-0030

海曲泊帕联合治疗再生障碍性贫血的疗效及安全性： 一项回顾性、多中心临床研究

常红¹、牛挺¹、潘峻¹、向兵¹、李萌¹、邢宏运²、许芳³、袁颖⁴、练颖⁵、杨丽华⁶

1. 四川大学华西医院
2. 西南医科大学附属医院
3. 绵阳市中心医院
4. 广元市中心医院
5. 成都市第一人民医院
6. 达州市中心医院

目的 评估海曲泊帕治疗再生障碍性贫血（AA）患者的疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2021 年 8 月至 2024 年 1 月来自四川省 6 个血液病治疗中心连续应用海曲泊帕治疗至少 3 个月的 AA 患者临床资料。

结果 纳入 33 例初治 AA 及 35 例免疫抑制治疗（IST）无效的难治性 AA 患者，中位海曲泊帕治疗时间为 6（3-30）个月，中位海曲泊帕最大稳定使用剂量为 7.5（5-15）mg/d。33 例初治患者中：应用海曲泊帕联合治疗的 AA 患者 3 个月血液学反应（PR）率为 63.3%，完全缓解（CR）率为 3.3%；治疗 6 个月患者的 PR 率为 74.1%，CR 率为 11.1%；治疗 12 个月患者的 PR 率为 61.5%，CR 率为 30.8%。35 例 IST 治疗无效的难治性 AA 患者，应用海曲泊帕联合治疗的 AA 患者，3 个月 PR 率为 28.1%，CR 率为 3.1%；6 个月的 PR 率为 38.5%，CR 率为 7.7%；12 个月的 PR 率为 47.4%，CR 率为 20.5%。可收集评估患者的不良反应发生率，不良事件发生率≥10%的主要为肌酐升高及谷氨酰转肽酶升高。

结论 海曲泊帕治疗初治及难治 AA 疗效较好，无明显不良反应；海曲泊帕治疗 AA 患者，随着治疗时间延长，血液学反应率进一步提高。

PO-0031

真性红细胞增多症（PV）患者 Lnc-FOXS1-2-1/mRNA-BCL2L1 网络表达异常

王德好、胡晓梅
中国中医科学院西苑医院

目的 基于转录组学，构建 PV 患者的核心 lncRNA/mRNA 网络。

方法 随机选取中国中医科学院西苑医院门诊治疗前 PV 患者 6 例与健康人 6 例采集外周血液样本，使用转录组学技术分析样本 lncRNA、mRNA 表达差异。随后，通过分析差异 lncRNA 与差异

mRNA 的 Cis 顺式调控、Trans 反式调控、表达相关性等预测可能存在调控关系的差异 lncRNA 与差异 mRNA, 构建 lncRNA/mRNA 网络。最后, 使用 cytoscape 对相关的 lncRNA/mRNA 网络进行分析, 做出相互作用的网络图, 同时根据在网络中连接点数量的贡献度进行排序, 找到排名第 1 的核心 lncRNA/mRNA 网络, 分析该核心网络在 PV 患者中的表达水平。最后, 使用 PCR 等技术分别对核心 lncRNA/ mRNA 网络的表达水平进行验证。

结果 与健康人相比, PV 患者外周血共有差异 mRNA 2139 个, 其中上调 1606 个, 下调 533 个; 差异 lncRNA 共 738 个, 其中上调 586 个, 下调 152 个。富集分析发现差异 mRNA 与 lncRNA 主要集中在增殖异常相关通路。差异 lncRNA、mRNA 中可能有 80 个 lncRNA、66 个 mRNA 存在调控关系, 其中 lnc-FOXS1-2-1/mRNA-BCL2L1 在调控关系网中贡献度排第 1, 位于网络中核心位置。lnc-FOXS1-2-1/mRNA-BCL2L1 及其蛋白在 PV 患者中表达显著上调 ($P < 0.05$)。

结论 lnc-FOXS1-2-1/mRNA-BCL2L1 是 PV 患者的核心 lncRNA/ mRNA 网络, 且 lnc-FOXS1-2-1/mRNA-BCL2L1 及其蛋白表达水平在 PV 患者中明显上调。

PO-0032

血常规-铁代谢指标引导的地中海贫血筛查 与三代测序诊断策略：精准医疗实践与遗传特征分析

徐珍珍^{1,2}、赵小琴^{1,2}、翁捷²、高巧珍²、郑静¹、许贞书¹、林艳娟¹、高钦²、李强²、连晓岚^{1,2}

1. 福建医科大学附属协和医院

2. 平潭综合实验区医院

目的 本研究通过血常规、铁蛋白与铁代谢指标初筛的地中海贫血疑似病例, 运用三代测序技术进行精准基因分型, 以优化诊断流程, 深化理解遗传特征与指导临床实践。

方法 首先, 通过血常规初筛收集 2023.6-2024.5 平潭综合实验区血液科门诊红细胞异常患者总共 276 例, 其中贫血 153 例, 平均红细胞体积减小 122 例。其次, 检测铁蛋白、铁代谢, 确诊缺铁性贫血患者 127 例。最后, 采用三代测序技术, 对红细胞体积明显减小且排除铁缺乏的患者, 检测 621 个位点进行深度测序分析。

结果 通过血常规及铁代谢评估初筛 15 例可疑地中海贫血者, 经三代测序全部确诊为地中海贫血携带者。8 个轻型 α -地贫携带者, 其中, 7 个检出--^{SEA} α 型杂合缺失, 1 个检出- $\alpha^{3.7}\alpha^+$ 型纯合缺失。6 个 β -地贫携带者, 其中, 3 个 CD17(A>T) β 型杂合突变, 3 个 IVS-II-654(C>T) β^+ 型杂合突变。1 个静止型或轻型 α -地贫携带者检出 Hb Constant Spring(CS)非缺失型杂合突变。

结论 血常规与铁代谢结合初筛能够有效节约诊断成本, 并且优化地中海贫血的精准诊断。利用三代测序技术的特性, 能够更准确、高效地检测出 α 和 β 珠蛋白基因的各种突变类型, 包括点突变、小片段插入或缺失、大片段重排等, 揭示了遗传多样性, 对指导治疗选择、家庭遗传咨询及预后评估产生深远影响。

PO-0033

罗沙司他治疗红系反应不充分再生障碍性贫血患者的初步研究

史忆萌^{1,2}、赵雨霏^{1,2}、梁维如^{1,2}、张保航^{1,2}、康瑞^{1,2}、杨文睿^{1,2}、赵馨^{1,2}、张凤奎^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院(血液学研究所), 血液与健康全国重点实验室, 国家血液系统疾病临床医学研究中心, 细胞生态海河实验室, 天津, 300020

2. 天津医学健康研究院, 天津, 301600

目的 探索罗沙司他能否改善免疫抑制治疗红系反应不充分再生障碍性贫血(AA)患者的血红蛋白

(HGB)水平。

方法 分析 2021 年 12 月至 2023 年 3 月在中国医学科学院血液病医院贫血诊疗中心经免疫抑制治疗获得部分血液学反应而红系反应不充分 AA 患者接受罗沙司他治疗的资料。设定罗沙司他治疗 8 周时的血红蛋白反应作为主要疗效终点。

结果 共有 13 例非重型 AA (NSAA) 及 1 例重型 AA (SAA) 患者纳入本研究, 罗沙司他中位治疗时间为 14 (4-30) 周。12 例患者接受了大于 8 周的罗沙司他治疗, 治疗 8 周时, 9 例患者获得血红蛋白反应, 反应率为 64.3% (9/14), 其中 2 例患者 (2/14, 14.3%) HGB 恢复正常。截至末次随访时, 10 例患者 (71.4%, 10/14) 获得血红蛋白反应, 4 例患者 (28.6%, 4/14) HGB 恢复正常。4 例获得血红蛋白反应的患者减量或停用罗沙司他, 1 例患者在减量 12 周后复发, 3 例患者维持疗效。1 例患者在治疗 4 周时发生阵发性睡眠性血红蛋白尿症 (PNH) 而停药。4 例患者 (4/14, 28.6%) 在治疗期间发生轻微不良反应。

结论 罗沙司他可以明显改善免疫抑制治疗红系反应不充分 AA 患者的 HGB 水平, 且不良反应轻微, 安全性及耐受性良好。

PO-0034

Targeting STAT1 as a Potential Therapeutic Approach for Autoimmune Hemolytic Anemia

Linhui Hu, Jing Xu, Zhenjinag Li

Department of Hematology, The Second Hospital of Nanchang University, Nanchang, Jiangxi Province, People's Republic of China

Objective Autoimmune hemolytic anemia (AIHA) is an immune-mediated disorder characterized by destruction of red blood cells. The pathogenesis of AIHA involves complex interplay between immune cells, but the underlying regulatory mechanisms remain to be fully elucidated. This study aimed to elucidate the transcriptomic differences in CD4+, CD8+, and CD19+ cells between AIHA patients and healthy controls, with a focus on identifying potential therapeutic targets.

Methods CD4+, CD8+, and CD19+ cells were isolated from peripheral blood of 5 AIHA patients and 4 healthy controls. Transcriptomic profiling was conducted using RNA sequencing. Bioinformatics analyses were conducted to identify differentially expressed genes and enriched signaling pathways. ChEA3 database were used for transcription factor analysis. STAT1 inhibitors ruxolitinib and resveratrol were used to treat peripheral blood samples from AIHA patients in vitro. Serum lactate dehydrogenase (LDH) levels were measured to evaluate the extent of hemolysis.

Results Significant transcriptomic differences were observed in CD4+, CD8+, and CD19+ cells between AIHA patients and controls. Pathway analysis revealed enrichment of cell cycle, cytokine-cytokine receptor interaction, and JAK-STAT signaling pathways in AIHA. Transcription factor analysis identified STAT1 as a common key regulator upregulated in all three cell types in AIHA patients, with STAT1 being upregulated in AIHA patients. Further experiments showed that inhibition of STAT1 by ruxolitinib and resveratrol both decreased serum LDH levels, indicating a decrease in hemolysis in vitro, suggesting a potential therapeutic role of STAT1 inhibition in AIHA.

Conclusion This study provides insights into the transcriptomic changes in immune cells of AIHA patients and demonstrates that STAT1 plays a crucial role in the pathogenesis of AIHA by regulating transcriptomic changes in multiple immune cell subsets. Targeting STAT1 using pharmacological inhibitors may represent a promising therapeutic approach for AIHA.

PO-0035

RNA 甲基转移酶 WTAP 介导的 m6A 甲基化在红系正常发育中的作用及机制研究

吴霞
四川大学华西医院

目的 贫血是一种常见的健康问题，影响全球大约 5 亿多人群。红细胞的生成不足与功能障碍是导致贫血发生的主要原因。m6A 甲基化是 mRNA 最常见的表观遗传学修饰。研究发现甲基转移酶 WTAP 能促进白血病的发生发展，但其在正常造血中的作用却极少被报道。因此，本研究拟进一步明确甲基转移酶 WTAP 介导的 m6A RNA 甲基化修饰在红系正常造血中的作用。

方法 以造血系统特异性 Wtap 基因条件性敲除小鼠和人红白血病细胞株 HEL 作为研究对象。首先，诱导敲除小鼠骨髓中 Wtap 后，分别用流式细胞学和组织病理学等检测红系的变化；接着，体外用慢病毒转染 HEL 细胞株，构建 WTAP 基因敲减细胞模型，并检测细胞红系相关的表型变化；最后，将诱导敲除后的小鼠骨髓细胞进行转录组测序，并结合 GEO 公共数据库联合分析。

结果 诱导敲除小鼠骨髓中 Wtap 后，导致外周血中血红蛋白逐渐降低，骨髓中有核红细胞比例、晚期红系祖细胞 CFU-E 比例减少，和有核红细胞凋亡增加。体外敲除 WTAP 后，导致 HEL 细胞表面 CD235a 表达和联苯胺染色阳性率降低。转录组测序显示差异表达基因主要富集到与红系发育及红细胞生成相关的通路等。

结论 WTAP 是维持红系正常造血的关键甲基转移酶，包括红系的分化和血红素生成等过程，且可能通过调控某些红系发育的关键基因而参与红系正常造血。

PO-0036

1 例铁剂抵抗性缺铁性贫血病例报道并文献复习

王景娣、李英梅、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 探讨一种罕见的铁代谢异常性疾病，提高对铁剂抵抗性缺铁性贫血的认识

方法 描述我科收治的 1 例铁剂抵抗性缺铁性贫血的诊断情况，复习相关文献

结果 患者为女性，56 岁，以“发现贫血、血小板减少 12 年”为主诉入院，12 年前因糖尿病住院发现贫血、血小板减少，血常规：Hb 95g/L，PLT $40 \times 10^9/L$ ，未规律治疗，期间复查血常规：Hb 88-105g/L，PLT $40-90 \times 10^9/L$ 。查体：神志清，精神可，贫血面容，心肺听诊无异常，肝脏肋缘下未触及，脾脏肋下 4cm，质中等。血常规：WBC $4.34 \times 10^9/L$ ，RBC $3.97 \times 10^{12}/L$ ，Hb 88.0g/L，PLT $23 \times 10^9/L$ ，MCV 78.3fL，MCH 24.90pg，MCHC 307.00g/L，RDW 16.50%，RET# $48.3 \times 10^9/L$ ；外周血细胞形态及性质：单核 5%，淋巴 33%，中性分叶 60%，中性杆状 1%，嗜酸粒 1%；血生化：葡萄糖 6.16mmol/L， β_2 微球蛋白 3.29mg/L，谷氨酰转肽酶 374U/L，碱性磷酸酶 159U/L；叶酸、维生素 B12 正常。血清铁 5.28 μ mol/L，铁蛋白 137.6 μ g/l；尿常规：亚硝酸盐 +，酮体 1+，隐血 1+，蛋白 3+，红细胞 15/ μ L；传染病、病毒全套、血小板抗体检测、结缔组织病全套、PNH 等未见明显异常。超声：肝大并肝实质弥漫性回声改变，肝右叶最大斜径约 156mm；脾大并脾静脉增宽，脾脏厚径 55mm，长径约 161mm；双肾、输尿管、膀胱未见明显异常；双侧颈部、腋窝、腹股沟、锁骨下未见明显异常肿大淋巴结；骨髓像：骨髓增生活跃，粒：红=5.88：1。粒系增生活跃，形态大致正常。红系增生减低，中晚幼红细胞比值增高，幼红细胞偶见双核。淋巴细胞比值正常，形态正常。巨核细胞 14 个/片，血小板单个或小簇状可见。骨髓铁染色：细胞外铁：+，细胞内铁：阳性率 30%。骨髓活检：骨髓组织增生大致正常，三系造血细胞增生，巨核细胞数量正常，MF-1 级，未见急性白血病和淋巴瘤证据，未见转移瘤细胞。染色体：46，XX[20]。诊断为免疫

性血小板减少、缺铁性贫血，给予升血小板、口服铁剂等治疗，口服铁剂治疗 1 月后复查 RBC $3.65 \times 10^{12}/L$ ，Hb 91.0g/L，PLT $55 \times 10^9/L$ ，MCV 82.8fL。长期口服铁剂治疗无反应，完善红细胞相关疾病基因突变筛查检测报告：TMPRSS6 基因突变阳性，诊断为铁剂抵抗性缺铁性贫血。

结论 对于口服铁剂治疗无效的缺铁性贫血患者应进行红细胞相关疾病基因检测排除是否患有铁代谢异常等疾病，从而选择有效的治疗方案。

PO-0037

高原红细胞增多症和高尿酸血症的患病率 及高原官兵高尿酸血症的危险因素

孙海燕

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 高原官兵慢性高山病(CMS)流行病学研究较少。很少有研究调查超高海拔地区人群高尿酸血症的患病率或危险因素。本研究评估了生活在超高海拔地区的中青年高原官兵中红细胞增多症和高尿酸血症(HUA)的患病率及 HUA 的危险因素。

方法 对 2018 年至 2021 年在西藏高原生活的 1000 名 18-45 岁的官兵进行横断面研究。从每个参与者的常规体检中获得信息。采用二元 logistic 回归分析确定 HUA 的几个危险因素之间的相关性。

结果 与当地居民相比，高原官兵 HAPC 和 HUA 的患病率高。多因素 logistic 回归显示，高尿酸血症的风险与体重指数、甘油三酯、红细胞计数和肌酐水平呈正相关。相反，高尿酸血症的风险与糖尿病呈负相关。亚组分析显示，高尿酸血症在红细胞增多症患者中的患病率明显高于无红细胞增多症患者，UA 水平与血红蛋白水平呈正相关。

结论 高原官兵易患 HAPC 和 HUA。高原官兵 CMS 的高发可能与 Hb 浓度、体重指数、甘油三酯、红细胞计数和肌酐有关。

PO-0038

异麦芽糖酐铁与右旋糖酐铁治疗 缺铁性贫血患者的临床有效性及安全性比较

严瑾¹、王利²

1. 江汉大学

2. 武汉市中心医院

目的 比较异麦芽糖酐铁与右旋糖酐铁治疗缺铁性贫血患者的临床有效性及安全性。

方法 将 2021 年 12 月至 2023 年 5 月武汉市中心医院符合入选标准的 102 例缺铁性贫血患者根据静脉注射铁剂的种类，分为研究组和对照组。研究组单次静脉给予 500mg 或 1000mg 的异麦芽糖酐铁。对照组在治疗当日给予 100mg 右旋糖酐铁，随后数日每日给予 200mg，直至补足总铁需求量。观察两组患者治疗前及治疗后第 1、2、4、8 周的血常规指标：血红蛋白、血细胞比容、平均红细胞血红蛋白含量，并收集两组治疗前后的血清铁蛋白水平以及不良反应发生率。采用 GraphPad Prism 9.0 统计软件进行分析及绘图，比较两种药物之间的临床疗效、各项指标的变化趋势及安全性。

结果 研究组平均补铁累计剂量高于对照组，差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)。两组患者的总有效率比较，差异无统计学意义 ($P < 0.05$)。相比于右旋糖酐铁，异麦芽糖酐铁对于血清铁蛋白的提

升更为显著, 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。治疗后第 1、2、4、8 周两组各项血常规指标均显著高于同组治疗前, 差异均具有统计学意义 ($P < 0.05$)。第 8 周研究组血红蛋白、血细胞比容及第 2 周平均红细胞血红蛋白含量均高于同一时间对照组同一血常规指标, 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。研究组患者不良反应总发生率显著低于对照组, 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。异麦芽糖酐铁能单次静脉输注更大剂量的铁, 其安全性高于右旋糖酐铁, 临床疗效也不劣于右旋糖酐铁。在短时间内, 异麦芽糖酐铁升高血红蛋白的能力明显高于右旋糖酐铁。且相比于右旋糖酐铁, 异麦芽糖酐铁在治疗后第 8 周仍有升高血红蛋白的能力。

结论 在缺铁性贫血患者的治疗中, 异麦芽糖酐铁临床疗效不劣于右旋糖酐铁, 且治疗周期更短、安全性更高、升高血清铁蛋白的效果更好。异麦芽糖酐铁短期升高血红蛋白的疗效更好, 且至少能够持续 8 周。目前国内缺乏异麦芽糖酐铁治疗缺铁性贫血的临床疗效、安全性研究以及与其他静脉铁剂的头对头临床研究。因此本研究对于国内异麦芽糖酐铁的临床应用具有一定的参考价值。

PO-0039

Efficacy and Safety of Avatrombopag in Combination with Standard Immunosuppressive Therapy for Severe Aplastic Anemia

Weiru Liang, Jianping Li, Xin Zhao, Fengkui Zhang

State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Tianjin 300020, China

Objective Severe aplastic anemia (SAA) is life-threatening bone marrow failure disease. The addition of eltrombopag to immunosuppressive therapy (IST) improves the response rate and quality of SAAs, but its hepatotoxicity is concerning. Avatrombopag, another small-molecule thrombopoietin receptor agonist without hepatotoxicity, has unknown effectiveness in treating SAA.

Methods We performed a retrospective cohort study on the clinical outcomes of patients with SAA who underwent IST therapy with avatrombopag (AVA+IST group) and those who did not receive avatrombopag (IST group) as a matched historical cohort in our center by using a propensity score matching (PSM) analysis.

Results Patients who received avatrombopag showed better complete response (19% vs. 4.8% at 3 months, $P = 0.024$; 31.0% vs. 14.3% at 6 months, $P = 0.145$) and overall response (39.3% vs. 54.8% at 3 months, $P = 0.145$; 71.4% vs. 51.2% at 6 months, $P = 0.048$) at 3 months and 6 months compared to the IST group. In the AVA+IST group, a shorter interval from disease onset to ATG treatment (< 6 months) ($P = 0.012$) and approaching normal levels of liver function ($ALT \leq 75U/L$) ($P = 0.007$) at baseline predicted a higher response rate at 6 months. No difference was observed in the event-free survival (EFS) or overall survival (OS) rates. Avatrombopag was well-tolerated, and hepatic injury was not found during treatment, even among those with hepatodysfuction at diagnosis.

Conclusion The addition of avatrombopag to IST improves both the response rate and response quality in SAA patients while ensuring hepatic safety.

PO-0040

CD38 单克隆抗体治疗再生障碍性贫血患者 血小板无效输注-探索性研究初步结果

高珍^{1,2}、潘虹^{1,2}、张乐乐^{1,2}、李伟望^{1,2}、李建平^{1,2}、赵馨^{1,2}、黄金波^{1,2}、聂能^{1,2}、赵婧余^{1,2}、
李丽云^{1,2}、徐静^{1,2}、于潇^{1,2}、匡哲湘^{1,2}、方力维^{1,2}、施均^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所），血液与健康全国重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室
2. 天津医学健康研究院

目的 CD38 单克隆抗体治疗再生障碍性贫血患者血小板无效输注的安全性及有效性。

方法 单臂、单中心、前瞻的探索性临床研究，主要研究终点为治疗 12 周内至少 2 次血小板输注总有效率（ORR）。血小板无效输注的再生障碍性贫血患者：至少 2 次输注后血小板校正增加指数（CCI）下降（1 小时 CCI<7500 或 24 小时 CCI<4500）。接受达雷妥尤单抗 8mg/kg/次，每周 1 次，连续 4 次治疗。

结果 可评价主要研究终点的 8 名患者，其中 2 名患者达雷妥尤单抗单药治疗，5 名患者联合环孢素治疗，1 名患者联合他克莫司及达那唑治疗，中位基线血小板为 $2.5 \times 10^9/L$ （范围：1-13 $\times 10^9/L$ ）。治疗 12 周内 ORR 为 87.5%（7/8），中位起效时间为 3 周（范围：1-6 周）。12 周内最常见不良反应为 1-2 级电解质代谢紊乱（75%）和 1 级一般症状表现（乏力、头痛、失眠等）（62.5%）。12 周内感染发生率为 50%（4/8），2-3 级。随访期间患者死亡率为 0%。

结论 CD38 单克隆抗体改善再生障碍性贫血患者血小板输注初步效果好，安全性好。

PO-0041

HIV/AIDS 合并结核感染患者贫血情况 及其与 CD4+T 淋巴细胞计数和 BMI 指数相关性分析

樊红丽

云南省传染病医院

目的 了解 HIV/AIDS 合并结核感染患者贫血情况，并与 CD4+T 淋巴细胞计数水平及 BMI 指数相关性进行分析

方法 回顾性分析某传染病医院 2014 年 1 月-2023 年 12 月期间确诊为 HIV/AIDS 合并结核感染的患者 289 例，收集其临床资料及实验室检测指标进行贫血相关性分析，选取同期 HIV/AIDS 患者 289 例进行对照研究，数据分析采用 SPSS 23.0 进行

结果 共收集 HIV/AIDS-TB 患者 289 例，以男性为主，年龄集中在 31-50 岁之间，大部分患者已婚，职业以农民为主，CD4+ T 淋巴细胞计数 ≤ 200 患者占 82%，BMI 指数 < 18.5 患者占 38.1%。两组患者相比，红细胞相关指数中 RBC、HGB、HCT、MCHC 差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ），且 HIV/AIDS 合并结核感染组中的 RBC、HGB、HCT、MCHC 计数更低。HIV/AIDS 合并结核感染组贫血患病率为 82%（237/289），远高于 HIV/AIDS 单纯感染组 9.7%（28/289），两组差异有统计学意义（ $P < 0.001$ ），贫血类型均以正细胞性贫血为主。HIV/AIDS 合并结核感染患者 CD4+T 淋巴细胞计数 ≤ 200 个/uI 贫血患病率为 72.2%（66/171），且 CD4 ≤ 200 个/uI 患者的贫血患病风险为 CD4 > 200 个/uI 的患者的 5.83 倍；BMI 指数 < 18.5 患者的贫血患病率为 80%（88/110），而 BMI 指数 ≥ 18.5 患者贫血患病率为 62.6%（112/179），且 BMI 指数 < 18.5 患者的贫血患病风险是 BMI 指数 ≥ 18.5 患者的 1.92 倍。

结论 合并结核的 HIV/AIDS 患者贫血发生率较高，且与较低的 CD4+T 淋巴细胞计数和 BMI 指数相关，需要对这一人群进行有针对性的干预。

PO-0042

一个家族性真性红细胞增多症的家系调查及分子病理机制研究

郭树霞、焦思璐、张文帮、张晓娟、石瑞平
郑州人民医院

目的 真性红细胞增多症 (PV) 发病率 (0.4-1.6) /10 万, 以散发病例为主, 但是也有少部分的 PV 报道是同一家庭内发生 2 例或以上 PV 病例的情况, 即存在家族聚集性。为深入探讨家族 PV 发病机制, 对我科收治的同胞姊妹同患 PV 及直系家庭成员进行研究。

方法 首先进行家系调查, 成员定三代内, 然后采集研究对象外周血样本提取 DNA。外显子基因测序, 胚系突变识别, 易感位点筛选, 评估与验证。

结果 家系三代人共 23 个成员, 全外显子测序数据显示, 两位患者除共同有 JAK2V617F 突变外, 另一个高可信度的易感种系移码突变、可能的致病性突变 PDIA5 ENST00000316218:c.436del:p.Glu146Lysfs*21 同时存在于两位患者及下一代的两位健康者。

结论 全外显子测序, 验证了两位患者 JAK2 V617F 突变。同时根据表型和基因型相关性, 鉴定了一个 PDIA5 的移码缺失突变, 可能是该家系的另一个遗传易感位点。这为探索目前家族性真性红细胞增多症的发病机制提供了可能依据。需要在更多的真红患者进一步验证该基因的临床意义。除了以上两个可信度十分高的致病突变基因以外, 本研究还检出了一些与急性髓系白血病高度相关的基因, 例如 DNMT3A, TET2, ASXL1, 以及 BRAF, CSFR, FLT3, KIT, KRAS, RUNX1; 以及癌症明星基因 TP53。这些基因的检出, 高度提示了该家系的 PV 后期进展的信号, 以及其他年龄未到发病时期的家庭成员的高发病风险

PO-0043

Erythropoietic protoporphyria and X-linked protoporphyria with liver involvement: A Chinese single-center cohort report

qi wang, miao chen

eking Union Medical College Hospital (PUMCH), Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, Beijing, China.

Objective Erythropoietic protoporphyria (EPP) and X-linked protoporphyria (XLP) are hereditary cutaneous porphyrias but the potential for liver involvement may impact prognosis. This study retrospectively analyzed the characteristics and prognosis of patients in China with EPP and XLP experiencing liver damage.

Methods This study included a cohort of patients with EPP and XLP visiting Peking Union Medical College Hospital from February 2012 to June 2023. Demographic information, genetic mutations, manifestations of liver involvement, treatment, and outcomes were analyzed. Comparisons were made with cohorts reported in the literature.

Results Twenty-two patients were included (twenty EPP, two XLP), comprising thirteen males and nine females. Median age of photosensitivity onset was 6 years, while median age of diagnosis was 35 years. Hepatobiliary complications included four cases (18.18%) of cholelithiasis, eight cases (36.36%) of mild liver disease, four cases (18.18%) of advanced liver disease, and six cases (18.18%) of end-stage liver disease. Eight patients (36.4%) were diagnosed as porphyria through liver puncture biopsy. 12 patients were anemia with 66.7% microcytic anemia and no patients showed iron overload. Missense mutations of FECH were the most common type of mutation and five (38.5%) of 13 EPP patients with gene sequencing had a homozygous FECH c.315-48T>C variant and a third pathogenic variant. After median follow-up of

24 months, median survival was not reached but the median survival for patients with liver failure is 10.5 months. No specific gene mutations, genders, or liver comorbidities were associated with liver involvement or acute liver failure.

Conclusion Liver damage in patients with EPP and XLP followed a chronic course, but the prognosis of acute progressive liver failure was very poor.

PO-0044

重组人促血小板生成素联合海曲泊帕和环孢素 治疗输血依赖性非重型再生障碍性贫血的疗效

刘紫薇、王乐宇、胡青林、杨辰、陈苗、韩冰
中国医学科学院北京协和医院

目的 探究重组人促血小板生成素（rhTPO）联合海曲泊帕和环孢素（CsA）治疗输血依赖性非重型再生障碍性贫血（TD-NSAA）的疗效和安全性。

方法 单中心，回顾性研究，纳入 2022 年 1 月至 2023 年 12 月新诊断的 TD-NSAA，应用 rhTPO、海曲泊帕及 CsA 三药联合治疗的患者。其中 rhTPO 治疗方案为 15000U/日皮下注射，每月 14 天，共 3 个月。将同期仅接受海曲泊帕和 CsA 两药的 TD-NSAA 患者作为对照。分析两组血液学反应率、复发、克隆演变及不良反应。

结果 共纳入 rhTPO+海曲泊帕+CsA 三药联合治疗的 TD-NSAA 患者 25 例，中位年龄 36（18-81）岁，中位随访时间 6.3（3.0-18.8）月。纳入海曲泊帕+CsA 两药治疗的 TD-NSAA 患者 25 例作为对照组。治疗后 1、2、3、6 个月的总反应率（ORR）分别为 36.0% vs 12.0% ($p=0.047$)，52.0% vs 20.0% ($p=0.018$)，76.0% vs 44.0% ($p=0.021$)，88.2% vs 69.6% ($p=0.162$)。三药联合组在治疗 1 至 3 个月期间的疗效显著优于双药组，6 个月时的 ORR 无显著性差异。治疗 1、2、3 个月的血小板反应率分别为 32.0% vs 8.0% ($p=0.034$)，48.0% vs 20.0% ($p=0.037$)，52.0% vs 40.0% ($p=0.395$)。随访 6 个月后，三药组及双药组各有 1 例（4%）患者复发。两组均未观察到克隆演变。在安全性方面，三药组中 3 例患者出现不良反应，包括 1 例转氨酶升高和 2 例消化道症状，与双药组的安全性数据无显著性差异。

结论 RhTPO、海曲泊帕和 CsA 三药联合治疗可改善 TD-NSAA 的早期血液学反应，且安全性良好。

PO-0045

环孢素单药或联合抗胸腺免疫球蛋白治疗儿童非输血 依赖的中型再生障碍性贫血的前瞻性随机对照研究

李红敏、傅玲玲、杨碧熙、王瑞欣、陈慧、马洁、吴润晖
首都医科大学附属北京儿童医院

目的 研究目的：比较环孢素（CsA）单药或联合抗胸腺细胞球蛋白（ATG）治疗在儿童非输血依赖的中型再生障碍性贫血（MAA）中的疗效和安全性。

方法 研究方法：纳入自 2021 年 1 月至 2023 年 1 月于北京儿童医院血液病中心就诊的符合入组条件的初治 MAA 患儿，1:1 随机分配至 CsA 单药组、CsA 联合 ATG 组，比较两组患儿治疗反应率、复发及疾病进展率、不良反应发生率等。

结果 研究结果：共纳入 29 例患儿，其中，CsA 单药组 14 例，联合 ATG 治疗组 15 例，2 组患儿基线特征比较无统计学差异（ $P>0.05$ ）。中位随访 20（6-40）月，CsA 单药组总反应率（ORR）为 78.5%（11/14），其中，1 人（7.3%）达完全反应（CR），10 人（71.4%）为部分反应

(PR)。联合 ATG 治疗组 ORR 为 73.3%，较 CsA 单药组无统计学差异；CRR 为 26.7% (4/15)，高于 CsA 单药组 (26.7% vs 7.3%)。两组中位起效时间分别为 1.5 月 (0.5-3 月)、2 月 (1-7 月)，二者比较无统计学差异 ($P>0.05$)。单药组 1 例患儿在环孢素治疗后 15 月达 CR，联合治疗组中位 CR 时间为 5.5 月 (2.5-13 月)。CsA 单药组中，1/14 例 (6.7%) 患儿发生疾病进展，3/11 例 (27.3%) 治疗有效患儿复发。联合 ATG 治疗组中，1/11 例 (9.1%) 患儿治疗有效后复发，1/15 例 (6.7%) 治疗无效患儿发生疾病进展。29 例患儿中，仅联合治疗组 1 例患儿发生 3 级肝脏转氨酶升高，余患儿均未报告严重不良反应。

结论 研究结论：CsA 单药或联合 ATG 治疗在儿童非输血依赖的 MAA 中均表现出较好的疗效及安全性。相较于 CsA 单药，联合 ATG 治疗可能能够提高完全反应率并减少复发，尚需扩大样本量并延长随访时间以进一步验证。

PO-0046

通过血小板转录组学评估再生障碍性贫血的治疗效果 并预测长期血小板恢复

毛进、赵婧余、潘虹、高珍、张乐乐、李伟望、方力维、于潇、匡哲湘、刘翠翠、苏培、王洪涛、周家喜、施均
中国医学科学院血液病医院 (血液学研究所)

目的 再生障碍性贫血 (AA) 患者中血小板减少往往发生最早、最严重，且最难恢复。临床治疗过程中一般仅关注其数量改变，缺乏对其分子层面的深入解析。本研究旨在对全病程 AA 患者的血小板转录组学特征进行全面解析，并寻找可以用于疗效评估和疗效预测的血小板分子特征。

方法 我们收集了 18 例健康供者、29 例初诊、32 例治疗后未缓解 (NR)、66 例治疗后部分缓解 (PR) 以及 37 例治疗后完全缓解 (CR) 的患者外周血。通过离心法得到高纯度血小板并进行 bulk 转录组测序。

结果 相较于健康人，初诊 AA 患者有 527 个上调和 1042 个下调 mRNAs。且 60.9% 的初诊差异基因在 CR 患者中表达恢复，其中 955 个基因与疾病缓解相关。模块化网络分析将以上基因主要分为两类：789 个基因随缓解逐渐上调 (RAG)；132 个基因随缓解逐渐下调 (RDG)。6 例连续样本中验证显示 RAG 可以用于评估疗效。对 PR 患者进行取样后 6 个月的随访，并将 PR 患者分为两组：稳定 PR 组以及深度 PR 组。两组患者取样时血小板数量无差异 (39 vs. $50 \times 10^9/L$, $p=0.089$)，但 6 个月后出现显著差异 (32 vs. $105 \times 10^9/L$, $p<0.001$)，基因集打分显示 RAG 在深度 PR 组中评分更高 ($p<0.001$)。

结论 本研究揭示了 AA 患者在整个病程中血小板转录组特征的动态变化，并发现其不仅可用于评估治疗效果，还可以预测长期血小板恢复情况。

PO-0047

遗传性球形红细胞增多症全外显子组基因测序报道

沈克锋、高强、王瑾、罗莉、肖敏
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 遗传性球形红细胞增多症的主要致病基因有 SPTA1、SPTB、ANK1、SLC4A1、EPB41、EPB42，此类基因主要参与编码红细胞膜骨架蛋白。本文探讨全外显子组测序技术在遗传性球形红细胞增多症 (HS) 辅助诊断和遗传咨询中的应用价值，并且总结 HS 的分子致病机制、临床表现和治疗管理等方面新进展。

方法 通过全外显子组测序 (WES) 技术检测 3 例遗传性球形红细胞增多症患者的致病基因突变。

讨论了 3 例 HS 患者的具体临床表现和实验室检查结果，并对其中一些不典型表现进行了分析。总结 HS 的主要致病机制，即编码红细胞膜结构蛋白的基因缺陷，如 SPTA1、SPTB、ANK1、SLC4A1、EPB41、EPB42 等基因的突变。并且介绍 HS 的主要辅助诊断检测方法，概括 HS 的主要治疗方法。

结果 通过对 3 例遗传性球形红细胞增多症患者的全外显子组测序分析，发现了 3 种新的致病基因突变：SLC4A1 基因的 R808H 突变、SPTB 基因的 Y1606*突变以及 SPTA1 基因的 L2380R 突变。这些突变导致了红细胞膜结构蛋白的缺陷，使红细胞由正常的双凹圆盘状变成球形，降低了红细胞的变形能力和悬浮稳定性，易滞留在脾脏并被破坏，引发慢性溶血性贫血、脾大和黄疸等临床表现。

结论 本研究通过 WES 技术有效地检测出 HS 患者的致病基因突变，同时结合文献复习，进一步阐明了 HS 的主要致病机制和临床表现特点，为 HS 的诊治提供了参考。

PO-0048

胰岛素受体 IR 通过核定位调控红系终末分化的作用及机制研究

王诗慧、朱尊民
河南省人民医院

目的 胰岛素受体（IR）对于维持造血干祖细胞生存和谱系分化至关重要，但目前对于其在红系发育进程中的作用和分子机制尚不明确。

方法 诱导脐带血造血干细胞向红细胞分化过程中，采用胰岛素受体竞争性抑制剂处理进入红系终末阶段的细胞，通过联合 CD71，GPA 和 CD105 检测红系发育过程，同时统计红系细胞和非红系细胞的比例；采用免疫荧光和核质分离免疫蛋白印迹实验检测 IR 抑制剂处理前后 IR 的亚细胞定位；利用转录组测序分析 IR 抑制剂处理后细胞内转录组的表达。

结果 前期研究发现，特异性 IR 抑制剂处理使红系终末分化受阻，产生粒单系细胞，细胞命运决定紊乱。亚细胞定位分析发现，进入红系终末发育阶段后 IR 向细胞核转位，提示其入核后可能直接参与转录调控。利用转录组测序结合蛋白表达检测分析，IR 抑制剂导致粒单系谱系分化转录因子 PU.1 和 CEBP α 表达升高。

结论 IR 失活导致其在终末阶段向细胞核转位受阻，引起粒单系谱系转录因子表达上调，进而引发红系终末阶段细胞命运转换。

PO-0049

中国中老年人贫血与痴呆的关联： 基于中国健康与养老追踪调查（CHARLS）队列研究

潘昭芳、周雪梅
广西医科大学第一附属医院

目的 贫血与痴呆的关联尚不明确，本研究基于中国健康与养老追踪调查（CHARLS）队列分析中国中老年人贫血与痴呆的关联。

方法 中国健康与养老追踪调查是一项开始于 2011 年且正在进行的前瞻性队列研究，该队列包含了 10467 名基线无痴呆的中老年人。本研究暴露因素为贫血，定义为男性血红蛋白<12 g/dl，女性血红蛋白<11g/dl；研究结局为自我报告的痴呆[是否有医生曾经告诉过您您有与记忆相关的疾病（包括老年痴呆症、脑萎缩、帕金森症等）]，随访截止 2018 年 7 月。采用 Cox 等比例回归分析贫血

与痴呆的关联；限制性立方样条分析血红蛋白水平与痴呆的非线性关联。

结果 共 10467 中老年人纳入分析，平均年龄（58.81±9.25）岁，男性 4 912 (46.9%)例，女性 5 555 (53.1%)例，451 (4.30%) 例发生贫血。中位随访 7.1 年，共有 453 (4.33%) 例中老年人发生痴呆。Cox 回归调整年龄、性别、婚姻状况、居住地、吸烟、饮酒、收缩压、舒张压、体质指数、糖尿病、高血压、中风、心脏疾病、血脂异常、肾脏疾病、糖尿病治疗药物、高血压治疗药物和血脂异常治疗药物等潜在混杂因素后，未发现贫血与痴呆存在统计学关联（HR=1.24; 95% CI, 0.82–1.88; P = 0.308）；限制性立方样条分析显示，血红蛋白水平与痴呆存在线性关联（非线性 P = 0.585），但该线性关联差异无统计学意义（P=0.783）。根据年龄（分为 45-60 岁和>60 岁两组）和性别进行亚组分析，亦获得类似的结果。采用竞争风险模型进行敏感性分析，亦获得类似的结果（HR=1.16; 95% CI, 0.77–1.75; P = 0.475）。

结论 在中国中老年人中未发现贫血与痴呆存在关联，两者的关系仍需开展更多的研究进行探索。

PO-0050

MDS-SF3B1 继发获得性原卟啉病肝病一例并文献复习

陈苗

中国医学科学院北京协和医院

目的 卟啉病是由于血红素生物合成途径中的酶活性缺乏，引起卟啉或其前体浓度异常升高，并在组织中蓄积，造成细胞损伤而引起的一类疾病。遗传性红细胞生成性原卟啉病（EPP）是亚铁螯合酶缺乏使骨髓红细胞产生过多原卟啉 IX 积累导致皮肤光敏性，少数患者原卟啉被肝细胞吸收并积聚，引起胆管细胞毒性，导致胆汁淤积、纤维化和终末期肝病。MDS 和 MPN 可以继发获得性 EPP，非常罕见，多表现为皮肤光敏。

方法 本例报道首例经肝穿刺病理证实的 MDS 继发获得性 EPP 肝脏受累，并复习文献总结疾病特征。

结果 一例女性患者，46 岁。20 年前开始出现全血细胞减少，16 年前诊断 MDS-RS，并发现脾大。逐渐出现光过敏，日晒后皮肤暴露部位肿痛、肤色变黑。6 年前乏力，口腔溃疡，晨僵伴 ANA、ACA 等抗体阳性，诊断结缔组织病。4 年前出现皮肤巩膜黄染，肝功能异常：ALT 158U/L，AST 197U/L，TBIL 95umol/L，DBIL 39umol/L，GGT 952U/L，MRCP:肝内胆管远端轻度扩张并粗细不均，脾大、门静脉高压。2023 年 2 月骨髓检查符合 MDS-SF3B1，先天性卟啉病及先天性铁粒幼细胞贫血基因测序阴性。2023 年 11 月行肝活检术及脾切除术，肝脏病理提示卟啉病。患者采用罗特西普治疗后血红蛋白上升，肝脏病情稳定。文献中有 20 例 MDS 或 MPN 继发 EPP 的个案报道，推测机制可能为 18q 染色体异常导致 FECH 基因缺失或者突变，或 MDS 表观遗传学异常导致亚铁螯合酶甲基化静止，或血液系统疾病干扰血红素生理合成和铁代谢，影响亚铁螯合酶活性。

结论 原卟啉肝病是 MDS 非常罕见的并发症，本例诊治经过可以增加对 MDS 疾病特征和发病机制的理解。

PO-0051

第三代测序技术在筛查及诊断地中海贫血中的应用

马金花^{1,2}、杨光丽^{1,2}、李倩^{1,2}、陈艳^{1,2}

1. 遵义医科大学附属医院小儿内科

2. 贵州省儿童医院小儿内科

目的 采用第三代测序技术筛查及诊断地中海贫血，了解地中海贫血基因类型、构成比等，为地中

海贫血的防治提供理论依据。

方法 随机选取 200 份既往于我院行地中海贫血常规初步筛查（血常规及血红蛋白电泳）后剩余的外周血样本，选择初筛阳性的样本进行第三代测序检查，并统计分析相关结果。

结果 结果 200 名受检者中，男性 92 例，女性 108 例，年龄 19-40（中位年龄 27.07±5.18）岁，其中汉族 35 例，少数民族 165 例，少数民族中侗族 76 例，苗族 44 例，布依族 21 例，壮族 11 例，水族 10 例，瑶族 3 例。常规方法检出地中海贫血初筛阳性 120 例，阴性 80 例；在 120 例初筛阳性的样本中，进一步行第三代测序检测出地中海贫血基因阳性 84 例，阴性 36 例，总体地贫检出阳性率为 42%（84/200），其中 α -地中海贫血 48 例，以基因缺失为主， β -地中海贫血 33 例，以 β -链基因点突变为主， α/β 复合地中海贫血 3 例。第三代测序共检测出地中海贫血基因类型共 21 种，其中包括 3 个罕见地贫基因类型。

结论 血常规及血红蛋白电泳能筛查出部分高度疑似地中海贫血的人群，通过第三代测序技术能明确地中海贫血的基因类型，且能检出罕见的基因突变

PO-0052

Hetrombopag alleviates systemic iron overload disorders as an emerging iron chelating agent

Yufei Zhao, Xin Zhao, Fengkui Zhang

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

Objective Iron overload is a syndrome where iron elements accumulate excessively in the body, leading to a series of tissue damage and functional disorders. This condition is common in patients with refractory anemia who have long-term red blood cell transfusions. Hetrombopag (HPAG) is a new generation of oral, small molecule, non-peptide thrombopoietin receptor agonist with an iron chelation structure that could alleviate iron overload while promoting hematopoiesis. Nevertheless, there is currently a lack of research on the iron chelating function of HPAG, and its mechanism on body iron metabolism has not been clear.

This study intends to clarify the effects of excessive iron load on hematopoiesis, immunity, and important tissues by building an iron overload animal model, and to explore the iron chelating function of HPAG and its improvement on hematopoiesis, immune abnormalities and tissue damage caused by iron overload, providing a new theoretical basis for the treatment strategy of HPAG in hematological diseases.

Methods Iron-overloaded mice were established by intraperitoneal injection of dextran iron, and treated with HPAG, deferasirox (DFX, iron chelator) and ferrostatin-1 (Fer-1, ferroptosis inhibitor). The iron chelating function of HPAG and its effect on hematopoiesis, immune abnormalities, and tissue damage caused by iron overload were clarified by in vivo trials, and its mechanism was explored through transcriptome sequencing.

Results Iron-overloaded mice showed weight loss, hepatomegaly, obvious iron deposition in histopathology, increased levels of non-transferrin-bound iron (NTBI) and malondialdehyde (MDA), with increased tissue fibrosis, decreased ratio of Long-term hematopoietic stem cells (LT-HSC), decreased Treg cells and CD4/CD8 ratio, compared with healthy control. Iron-overloaded mice treated with HPAG and DFX both showed gain of weight, decreased iron deposition in histopathology, NTBI and MDA levels compared with untreated mice. Importantly, iron-overloaded mice treated with HPAG, DFX and Fer-1 showed reduced tissue fibrosis levels, increased ratio of LT-HSC and ST-HSC, increased Treg cells and CD4/CD8 ratio compared with untreated mice. Transcriptome sequencing of the liver and bone marrow c-kit⁺ cells suggested that the biological processes causing phenotype changes in the HPAG treatment group and DFX treatment group were different, with immune response-related signaling pathways significantly enriched in the HPAG treatment group, especially the inhibition of response to type I interferon. The expression of iron metabolism and ferroptosis related genes HAMP, SLC40A1, FTH1, FTL1,

BMP6, GPX4 and SAT1 in iron-overloaded mice significantly increased, with a decreased trend in the HPAG treatment group.

Conclusion Iron overload leads to tissue fibrosis, decreased hematopoietic stem cells and injury of the immune system. HPAG has an iron chelating function, which alleviates tissue damage, hematopoiesis and immune injury caused by iron overload, with an immune regulation function.

PO-0053

Cross-sectional study of high-altitude polycythemia in Kirgiz Plateau residents

Jiali Li¹, Bin Li², Jiwei Duan², Peiyan Kong¹, Xiangjun Wang³, Xi Zhang¹, Li Gao¹

1. Hematology Medical Center of the Second Affiliated Hospital of Army Military Medical University

2. No.950 Hospital of the Chinese People's Liberation Army

3. No.948 Hospital of the Chinese People's Liberation Army

Objective To explore the prevalence, characteristics and factors influencing high-altitude polycythemia (HAPC) in Kirgiz Plateau residents.

Methods A total of 168 Kirgiz Plateau residents were enrolled, and basic physical examination data were collected. The study population was divided into an HAPC group and a non-HAPC group based on hemoglobin levels. The effects of age, sex, body mass index (BMI), and oxygen saturation (SO₂), on the occurrence of HAPC were examined, and the effects of HAPC on blood pressure, heart rate, and blood biochemical indicators were also examined.

Results HAPC patients accounted for 22.6% of all patients included. There were no differences in age, sex, heart rate, systolic blood pressure, diastolic blood pressure, smoking history, or drinking history between the HAPC group and the non-HAPC group ($P>0.05$). The proportion of obese individuals in the HAPC group was significantly higher than that in the non-HAPC group ($P=0.01$), and the SO₂ of patients in the HAPC group was lower than that in the non-HAPC group ($P<0.001$). The incidence of HAPC in obese individuals was 47.06%, which was significantly higher than that in nonobese individuals ($P=0.033$). The incidence of HAPC was increased in the population with SO₂ <90% compared with that in the population with SO₂ ≥90% ($P=0.034$). The platelet count of HAPC patients was lower than that of non-HAPC individuals; however, transaminase, uric acid, triglyceride, lactate dehydrogenase and troponin were significantly higher than those in the non-HAPC group ($P<0.05$).

Conclusion This study is the first to conduct a survey on the current status of HAPC among the Kirgiz ethnic group living in the highlands. BMI and SO₂ are independent risk factors for HAPC in Kirgiz Plateau residents. The occurrence of HAPC affects platelet, transaminase, triglyceride, uric acid, lactate dehydrogenase and troponin levels.

PO-0054

阵发性睡眠性血红蛋白尿患者血浆外泌体蛋白组学分析

刘旭、杨夏婉、胡向荣、胡靖、赵雨霏、梁维如、史忆萌、张保航、胡晓、张凤奎

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 阐述阵发性睡眠性血红蛋白尿（PNH）患者血浆外泌体蛋白组学特征，PNH患者补体抑制剂治疗前后血浆外泌体的蛋白组学谱的差异表达，探索PNH诊疗的替代生物标志物。

方法 收集我院2021年6月至2022年3月诊断的9例PNH患者及6例健康人的生物样本并制备血浆外泌体，进行蛋白组学测序及生物信息分析。

结果 PNH 患者和健康人的血浆外泌体蛋白组学分析共发现 87 个显著差异表达蛋白（29 个上调蛋白，58 个下调蛋白）。GSEA 分析表明在 PNH 患者中，Kras 信号通路显著上调，GO 分析和 KEGG 分析表明上调的蛋白主要涉及蛋白酶体及磷酸戊糖途径。PNH 患者补体抑制剂治疗前后共筛选出 57 个差异表达蛋白（29 个上调蛋白，28 个下调蛋白），KEGG 分析表明差异蛋白主要聚集在蛋白酶体、补体及凝血途径。与健康人相比，在 PNH 患者中表达上调，在补体抑制剂治疗后显著下调的 9 个蛋白分别为：ALDH16A1, PSMA2, PSMA7, PSMB4, PSMB5, PSMB6, CRP, DERA, NEU2。

结论 PNH 患者和健康人的血浆外泌体蛋白组学特征显示出明显差异。PNH 患者补体抑制剂治疗前后差异表达的蛋白主要与蛋白酶体、补体和凝血相关。

PO-0055

基因治疗地中海贫血患者造血重建生理稳态的单细胞转录组解析

李若难^{1,2}、高珍^{1,2}、张乐乐^{1,2}、沈昱灿^{1,2}、潘信安^{1,2}、黄苒^{1,2}、李伟望^{1,2}、田林珠^{1,2}、潘虹^{1,2}、李丽云^{1,2}、徐静^{1,2}、于潇^{1,2}、匡哲湘^{1,2}、赵婧余^{1,2}、方力维^{1,2}、施均^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所），血液与健康国家重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室

2. 天津医学健康研究院

目的 输血依赖型 β 地中海贫血 (β -TDT) 是一种由血红蛋白 β 基因突变引起的单基因遗传病。基因工程造血干细胞 (GE-HSCs) 自体移植在治疗 β -TDT 中取得重大进展，但尚无研究从单细胞转录组水平深入探讨慢病毒载体基因治疗 β -TDT 患者造血重建动态和疗效机制。

方法 本研究关注 IIT 临床研究 (NCT05860595) 项目中 3 例接受慢病毒载体基因治疗产品 (KL003) 移植的 β -TDT 患者，通过分选基线和产品回输后不同时间节点 Lin⁻CD34⁺造血干祖细胞 (HSPCs) 以及 CD71⁺CD235a⁺有核红样本，以及健康对照 (HDs) 的 Lin⁻CD34⁺进行单细胞转录组测序。

结果 3 例患者中位随访时间为 9.35 (9.35-10.32) 月，迄今共纳入 66,033 个 Lin⁻CD34⁺细胞，降维为 12 个 HSPCs 细胞亚群。相较于 HDs，HSCs/多能祖细胞 (MPP) 细胞亚群 HSCs 特征基因下调，随着 KL003 植入至 M6 逐渐恢复；患者红系造血亚群比例较 HDs 明显升高，基因治疗后 6 个月 (M6) 恢复；比较分析显示巨核红系祖细胞 (MEP) 和红系祖细胞 (ProE) 中、HBB^{T87Q} 亚群较 HBB^{mut} 亚群分化能力和代谢能力增强，表明 KL003 可逆转造血功能障碍和早期红系造血。将获取 74,497 个有核红细胞降维为 Ery0-7 群，HBB^{T87Q} 特异性 Ery3 亚群占比从 0.01% 逐渐升高至 34.29%，Ery3 亚群较其余亚群携氧能力和氧化应激能力增强，表明 KL003 亦可重建成熟红系发育过程及正常血红蛋白的合成。

结论 慢病毒载体转导的 HSPCs 基因治疗后生理稳态造血可以恢复。

PO-0056

温抗体型自身免疫性溶血性贫血的免疫靶向治疗进展

王琦、陈苗

中国医学科学院北京协和医院

目的 自身免疫性溶血性贫血 (autoimmune hemolytic anemia, AIHA) 是由抗红细胞表面抗原的自身抗体介导的红细胞破坏增加引起的贫血，是一种罕见的异质性疾病，根据自身抗体的特征，可分为温抗体型 (warm AIHA, wAIHA)、冷抗体型和混合型，其中 wAIHA 占成人所有 AIHA 的 60~70%。wAIHA 是自身抗体介导的自身免疫性疾病，主要治疗包括糖皮质激素、利妥昔单抗、脾切

除术和各种免疫抑制剂，如环磷酰胺、硫唑嘌呤、环孢素等，但各种药物的长期缓解率不足 50%，且长期免疫抑制增加了患者反复感染的风险。近年来，针对免疫系统的靶向药物的研发进展迅速，其中多种药物开始进入 wAIHA 的治疗探索，明显改善了 wAIHA 患者的疗效和预后。本文对近年来 wAIHA 的免疫靶向治疗进展进行综述。

方法 以“autoimmune hemolytic anemia”为搜索词，在 PubMed (nih.gov) 数据库及 ClinicalTrials.gov 网站搜索近 5 年文献，阅读摘要，纳入治疗采用针对免疫系统的靶向药物治疗温抗体型 AIHA 的临床试验、回顾性队列研究及个案报道，全文阅读，总结及评价药物的作用机制、应用现状、疗效及不良反应。

结果 随着对温抗体型 AIHA 的深入研究以及对靶向免疫系统不同作用机制的药物的研发，目前治疗 wAIHA 的针对免疫系统的靶向药物可以分为靶向 B 细胞的药物、靶向浆细胞的药物、补体抑制剂、靶向 FcRn 受体的单抗、脾酪氨酸激酶抑制剂 (SYKi) 和靶向 T 细胞的治疗。以 RTX 为基础的联合治疗、PI3K 抑制剂、BTK 抑制剂为代表的 B 细胞靶向治疗，以蛋白酶体抑制剂和 CD38 单克隆抗体为代表的浆细胞靶向治疗，补体抑制剂，Syk 抑制剂、FcRn 抑制剂治疗都取得良好的进展。

结论 wAIHA 的治疗方向为针对特定疾病和患者特征进行个体化精准治疗，以获得快速且持久的缓解，并保持短期和长期的安全性。

PO-0057

抗人淋巴细胞免疫球蛋白联合环孢素治疗老年重型再生障碍性贫血疗效及预后相关因素分析

李建平

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 老年人是再生障碍性贫血的发病高峰人群，这一群体进行造血干细胞移植风险明显增加，以抗人淋巴细胞免疫球蛋白 (ALG) 联合环孢素 (CsA) 为主的免疫抑制治疗 (IST) 是一线方案。但目前关于标准 IST 方案治疗老年重型再生障碍性贫血 (SAA) 的疗效和安全性数据极少。因此，本文回顾性分析应用标准 IST 方案治疗的老年 SAA 患者数据，对患者的疗效和预后因素进行报道。

方法 对 63 例接受 P-ALG 联合环孢素治疗的老年 SAA 患者的临床及实验室资料进行回顾性分析。治疗方案：P-ALG 20 mg·kg⁻¹·d⁻¹ 静脉输注，连用 5 d；CsA 口服，维持全血谷浓度在 150~250 μg/L，至少应用 6 个月。患者达到最佳血液学反应并数值稳定至少 3 个月后，将 CSA 缓慢减量。

结果 63 例患者中位年龄 63 (60-72) 岁，其中极重型再生障碍性贫血 (VSAA) 患者 23 例，SAA 患者 40 例。所有患者均顺利完成了 P-ALG 输注，血清病反应轻微；治疗后 3 个月内死亡 (早期死亡) 8 例，主要为 VSAA 患者，死亡原因为重症感染 (如果可以，看看有几例是侵袭性真菌感染、放在结果里)。IST 后 6 个月时，38 例患者获得血液学反应，总体血液学反应率 60.3%；其中达完全血液学反应者几例 (占%)。中位随访 45 (0.1-113) 个月，随访末有效率为% (把死亡病例均记为 NR)，CR 率% ()。无 MDS/AML 转化及溶血性 PNH 发生，5 年累计生存率为 75.5%。多因素分析显示，中性粒细胞 < 0.05 × 10⁹/L 及网织红细胞 < 4 × 10⁹/L 均为早期死亡独立预后因素；年龄 < 65 岁为 IST 后 6 个月获得血液学反应的独立预后因素。

结论 P-ALG 联合 CsA 的标准 IST 有效治疗老年 SAA，疾病转化及复发无升高，总体生存率较高。中性粒细胞计数 < 0.05 × 10⁹/L 及网织红细胞 < 4 × 10⁹/L 者早期死亡风险高，而年龄 < 65 岁及网织红细胞 ≥ 8 × 10⁹/L 者血液学反应率更高。

PO-0058

Association between human leukocyte antigen and immunosuppressive treatment outcomes in Chinese patients with aplastic

Meili Ge, Lingyun Chen, Jinbo Huang, Liwei Fang, Jun Shi, Yizhou Zheng
Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

Objective Activated cytotoxic T cells (CTLs) recognize the auto-antigens presented on hematopoietic stem/progenitor cells (HSPCs) through class I human leukocyte antigen (HLA) molecules and play an important role in the immune pathogenesis of aplastic anemia (AA).

Methods To explore the value of HLA genotyping in Chinese patients with AA, 95 AA patients treated with IST were retrospectively investigated.

Results The alleles HLA-B*15:18 and HLA-C*04:01 were associated with a superior long-term response to IST ($P = 0.025$; $P = 0.027$, respectively), while the allele HLA-B*40:01 indicated an inferior result ($P = 0.02$). The allele HLA-A*01:01 and HLA-B*54:01 were associated with high-risk clonal evolution ($P = 0.032$; $P = 0.01$, respectively), and the former had a higher frequency in very severe AA (VSAA) patients than that in severe AA (SAA) patients (12.7% vs 0%, $P = 0.02$). The HLA-DQ*03:03 and HLA-DR*09:01 alleles were associated with high-risk clonal evolution and poor long-term survival in patients aged ≥ 40 years. Such patients may be recommended for early allogeneic hematopoietic stem cell transplantation rather than the routine IST treatment.

Conclusion HLA genotype has crucial value in predicting the outcome of IST and long-term survival in AA patients, and thus may assist an individualized treatment strategy.

PO-0059

以环孢素浓度为基础的再障个体化治疗及 CYP3A4/5 基因型分析 真实世界环孢素浓度曲线与疗效研究

朱焕玲
四川大学华西医院

目的 (1) 通过多点采集环孢素血药浓度对环孢素进行血药浓度监测, 分析环孢素血药浓度与疗效的相关性。

(2) 根据环孢素血药浓度调整治疗方案以提高临床疗效。

(3) 通过患者 CYP3A4/5 基因多态性与环孢素血药浓度的相关性, 研究 CYP3A4/5 基因多态性与环孢素药动学相关。

方法 (1) 共入组 AA 患者共 71 例, 于环孢素血药浓度达到稳态后采集服药前 0h 及服药后 1.5、2、3、4.5、6h 外周血。

(2) 采用高效液相色谱/质谱法 (HPLC-MS/MS) 测量患者外周血全血环孢素浓度。

(3) 根据所检测环孢素浓度结果对患者进行治疗方案调整。采集患者临床基本资料、治疗方案及疗效。

(4) 采用 PCR 技术扩增 CYP3A4*1G 及 CYP3A5*3 片段并外送检测机构测序。

结果 (1) AA 患者个体间环孢素浓度及达峰时间差异大。

(2) 环孢素剂量与 C₀、C_{max} 和 AUC₀₋₆ 呈正相关, 但仅为弱相关。

(3) AA 患者 C₀/D、C_{max}/D 及 AUC₀₋₆/D 与年龄呈正相关 (中等相关); 服用雄激素组 AA 患者 C₀/D、C_{max}/D 及 AUC₀₋₆/D 高于未服用雄激素组; 性别与环孢素血药浓度之间没有相关性。

(4) 可行疗效评估者共 59 例, 前瞻性入组 40 例, 回顾性入组 19 例, 中位随访时间 9 (3-15) 月, 总体累计有效率 59.3%。

(5) 前瞻性入组 40 例患者治疗 3 月时总有效率 60%。有效组 C2、C3、C4.5、C6、Cmax 及 AUC 明显高于无效组, 两组间 C0 和 C1.5 差异无统计学意义。C0 对疗效没有预测价值。

(6) 应用 ROC 曲线研究示 Cmax 对环孢素治疗 AA 疗效预测作用最佳, 最佳浓度阈值为 745.5ug/l。

(7) 服用雄激素组疗效优于未服用雄激素组 ($p=0.008$)。

(8) 采用逐步回归分析得出采用两点血药浓度预测 Cmax 的最佳模型为: $C_{max}=80.310+0.758\times C_3+0.465\times C_{1.5}$ 。

(9) CYP3A4*1G 和 CYP3A5*3 基因型组间环孢素血药浓度差异无统计学意义。

结论 (1) 环孢素个体间血药浓度及达峰时间差异大, 需进行血药浓度监测, 实施个体化治疗。

(2) 治疗 2 周时的环孢素血药浓度与治疗 3 月时的疗效相关。预测疗效最佳的浓度为 Cmax, 最佳浓度阈值为 745.5ug/l, 建议采用 C1.5 和 C3 进行监测。C0 与疗效预测无关

(3) 对于血药浓度不达标的患者需视情况增加环孢素剂量, 可改善疗效。

(4) 年龄对环孢素血药浓度存在影响, 治疗时需加以考虑

(5) CYP3A4*1G 和 CYP3A5*3 基因型对环孢素个体差异可能没有影响。

PO-0060

阵发性睡眠性血红蛋白尿患者临床特症分析及 PIG-A 基因突变检测

朱焕玲、杨春丽、李赫、何川
四川大学华西医院

目的 总结我院阵发性睡眠性血红蛋白尿患者的临床特点达到对 PNH 进一步认识和重视的目的; 进行 PIG-A 基因突变检测。

方法 回顾性分析我院 92 例具有 PNH 克隆患者临床资料, 对其临床表现, 实验室数据进行总结和分析; 应用 Sanger 双氧链终止法检测 PIG-A 突变; 采用 SPSS 软件分析、t 检验、秩和检验对数据进行分析。

结果 92 例患者中男性占 47 例, 女性占 45 例; 诊断 PNH 的中位年龄 37 岁。经典型 PNH 44 例, 合并骨髓衰竭疾病或亚临床型 PNH 总共 47 例。常见症状为乏力 (73%), 尿液颜色加深 (58%), 呼吸急促 (54%), 勃起功能障碍 (20%), 肾功能不全 (27%), 血栓 (2%)。CD59-粒细胞平均 $47.1\%\pm 37\%$; CD59-红细胞平均 $25.9\%\pm 24.2\%$; 乳酸脱氢酶平均值 $903\text{U/L}\pm 846\text{U/L}$; 其中 18 例 (32%) 患者出现慢性肾功能不全, 1 例合并颈静脉血栓, 1 例疑是肠系膜静脉血栓, 1 例妊娠。PIG-A 突变比例 32%, 以插入或缺失为主, 突变类型与国际上报道相似。PIG-A 突变检测包括 40 例患者中 18 例经典型 PNH, 10 例 PNH 合并骨髓衰竭疾病, 12 例无 PNH 克隆的再生障碍性贫血或骨髓增生异常综合征。PCR 产物双向测序结果显示: 9 例患者存在 PIG-A 基因的突变, 共出现 11 个突变位点。5 例单个碱基的缺失, 2 例单个碱基的插入, 2 例患者具有碱基的缺失和碱基替代两种突变类型。发生在第二外显子的突变有 7 例, 第三外显子的突变有 2 例, 第五外显子的突变有 2 例, 第四外显子未检测到突变。一例患者出现第 659 位碱基突变由 T 替代 C, 丝氨酸被亮氨酸取代; 另一例患者出现第 259 位碱基突变由 A 替代 G, 丙氨酸被苏氨酸取代。本组研究中 PIG-A 基因突变患者主要以血管内溶血为主要表现, 他们 CD59-粒细胞平均值 $76.9\%\pm 12.4\%$; CD59-红细胞平均值 $49\%\pm 22.5\%$; 血清 LDH 平均值 $1258\text{U/L}\pm 517\text{U/L}$; 无 PIG-A 突变的患者主要以骨髓衰竭为主要表现, 他们 CD59-粒细胞平均值 $54.5\%\pm 40.7\%$; CD59-红细胞平均值 $30.2\%\pm 26.3\%$; 血清 LDH 平均值 $741\text{U/L}\pm 662\text{U/L}$ 。

结论 1. LDH 与 PNH 克隆存在正相关 ($r^2=0.635$)，LDH 随着 PNH 克隆的增高而升高，PNH 克隆越大，发生血管内溶血的严重程度越重。2. 肾功能不全患者 PNH 克隆高于肾功能正常患者，差异无统计学意义。3. 肾功能不全患者的血清 LDH 均值高于肾功能正常组，差异无统计学意义。4. 本实验检测到的 PIG-A 基因突变类型以缺失或插入为主，主要分布在第二外显子和第五外显子；5. 本研究中有 2 例出现两种突变类型；6. 本组患者均未发现相同位点的突变；7. 本组研究未能发现流式检测 PNH 克隆阴性的 AA 或 MDS 患者 PIG-A 基因突变。

PO-0061

环磷酰胺单药治疗 T 大颗粒淋巴细胞白血病长期无治疗缓解： 一项前瞻性队列研究

张乐乐、黄苛、潘虹、高珍、李伟望、赵婧余、黄金波、赵馨、李建平、聂能、于潇、匡哲湘、方力维、施均
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探索环磷酰胺单药治疗 T 大颗粒淋巴细胞白血病（T-LGLL）的疗效及长期无治疗缓解。

方法 前瞻性收集 2019.06-2023.10 中国医学科学院血液病医院再生医学诊疗中心收治的 38 例接受环磷酰胺单药口服治疗的 T-LGLL 患者，分析其临床特点、疗效及长期无治疗缓解时间。

结果 38 例 T-LGLL 中男性 24 例（63.2%），女性 14 例（36.8%），中位年龄为 59.5（28-84）岁。22 例（57.9%）患者以单纯贫血为主要临床表现，4 例（10.5%）患者以单纯粒细胞减少为临床表现，12 例（31.6%）患者表现为全血细胞减少。15 例（39.5%）患者既往未接受过免疫抑制治疗。所有患者明确诊断后均接受环磷酰胺 50-100mg/天口服治疗，1 例患者用药期间合并肺部感染，其余患者均未出现 III-IV 级药物相关不良反应。24 例患者（63.2%）治疗后达到血液学缓解，完全血液学缓解 16 例（42.1%）。达血液学缓解的中位时间为 2（1-4）月，达完全血液学缓解的中位时间为 3（2-5）月。24 例血液学缓解的患者持续口服环磷酰胺 6-10 月（中位时间 9 月），其中 20 例患者已停用所有免疫抑制治疗，中位无复发时间 18（2-40）月。5 例（20.0%）患者停药后出现复发，中位复发时间 7（4-19）月。

结论 环磷酰胺单药口服可以有效治疗 T-LGLL，且患者可维持长期无治疗缓解。

PO-0062

硼替佐米联合地塞米松治疗难治性纯红细胞再生障碍性贫血： 一项前瞻性队列研究

张乐乐、田林珠、潘虹、高珍、李伟望、李若难、黄金波、赵馨、李建平、聂能、于潇、匡哲湘、方力维、施均
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探索短疗程、脉冲式硼替佐米联合地塞米松方案治疗难治性纯红细胞再生障碍性贫血（PRCA）的疗效、安全性及无治疗缓解。

方法 前瞻性收集 2020.01-2023.06 中国医学科学院血液病医院再生医学诊疗中心收治的 18 例接受硼替佐米联合地塞米松（BD 方案：硼替佐米 1.3mg/m²/周、地塞米松 40mg/周，总计 12 周）的难治性 PRCA 患者，分析其临床特点、疗效及无治疗缓解时间。

结果 入组患者包括 12 例男性（66.7%）、6 例女性（33.3%），中位年龄 47（27-70）岁。11 例患者为原发获得性 PRCA，7 例患者继发于浆细胞疾病（6 例 MGUS 与 1 例冒烟性骨髓瘤）。7 例患者环孢素治疗无效，2 例患者不耐受环孢素，9 例患者环孢素治疗有效后复发。BD 方案治疗 12 周后 11 例患者达血液学缓解（61.1%），达血液学缓解的中位时间 40（21-77）天，原发性

PRCA 中血液学缓解率为 54.5% (6/11)、继发性 PRCA 的血液学缓解率为 71.4% (5/7)。5 例患者因药物相关不良反应(ADRs) 减低剂量, 无患者并发 III/IV 级不良药物相关不良反应。研究结束后患者停用所有药物, 中位无治疗缓解时间 7 (2-48) 月。6 例患者停药后复发, 中位复发时间 6 (2-27.5) 月。

结论 硼替佐米联合地塞米松方案治疗难治性 PRCA 具有较好的疗效与安全性, 有望为患者带来较长的无治疗缓解。

PO-0063

真实世界 532 例再生障碍性贫血患者疗效分析

张乐乐、沈昱灿、潘虹、高珍、李伟望、赵婧余、李若难、方力维、黄金波、赵馨、李建平、聂能、李丽云、徐静、于潇、匡哲湘、施均

中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

目的 探索真实世界中再生障碍性贫血 (再障) 患者的疗效分层

方法 根据治疗后血象将有效患者分为低质量缓解与高质量缓解, 后者包括完全缓解 (CR)、接近完全缓解 (near CR)、极好的部分缓解 (VGPR)、好的部分缓解 (GPR)。前瞻性收集 2019.06-2023.10 中国医学科学院血液病医院再生医学诊疗中心收治的 532 例再障患者临床资料、评估缓解质量。

结果 532 例再障患者中位年龄 35 (5-85) 岁, 男性 279 例 (52.4%)。重型/极重型再障 (SAA/VSAA) 260 例 (48.9%)、非重型再障 (NSAA) 272 例 (51.1%)。基线血红蛋白 63 (21-152) g/L、血小板 $12.5 (1-104) \times 10^9/L$ 、中性粒细胞 $0.8 (0-3.08) \times 10^9/L$ 、网织红细胞绝对值 $40.75 (1.6-166.8) \times 10^9/L$ 。524 例患者选择免疫抑制±促造血治疗, 有效者 373 例 (71.2%), 其中高质量缓解者 267 例 (51.0%), 包括 CR 86 例 (16.5%)、near CR 26 例 (5.0%)、VGPR 62 例 (11.8%)、GPR 93 例 (17.7%), 低质量缓解者 106 例 (28.4%)。SAA/VSAA 患者中有效 169 例 (65.0%), 高质量缓解者 118 例 (45.4%)、低质量缓解者 51 例 (19.6%)。NSAA 患者有效 204 例 (75.0%), 高质量缓解 149 例 (54.8%)、低质量缓解者 55 例 (20.2%)。SAA/VSAA 与 NSAA 患者的缓解质量无明显统计学差异 ($p < 0.05$)。

结论 细化真实世界再障患者的缓解质量, 有助于指导个体化治疗。

PO-0064

营养状态及血液指标对再生障碍性贫血患者免疫抑制治疗不良反应的预测价值研究

李昕砾、王俐、郭洁、匡哲湘、吴桂彬、解文君

中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

目的 探讨营养状态及血液指标对再生障碍性贫血患者免疫抑制治疗不良反应的预测价值

方法 收集 2024 年 1 月-2024 年 6 月在中国医学科学院血液病医院红细胞疾病诊疗中心接受免疫抑制治疗的 70 例再生障碍性贫血患者的病历资料, 根据《再生障碍性贫血诊断与治疗中国专家指南 (2022 版)》, 将患者分为发生免疫抑制治疗不良反应组和未发生免疫抑制治疗不良反应组。采用独立样本 t 检验和 χ^2 检验分析两组患者 BMI 值和血液相关实验室指标的差异; 采用 Logistic 回归分析影响患者发生免疫抑制治疗不良反应的独立危险因素; 采用 ROC 曲线分析独立危险因素对免疫抑制治疗不良反应的预测价值。

结果 单因素分析结果显示年龄、白细胞计数（WBC）、中性粒细胞绝对值（ANC）、血红蛋白（Hb）、淋巴细胞计数、中性粒细胞与淋巴细胞比值（NLR）、血小板与淋巴细胞比值（PLR）、白蛋白（ALb）、血清铁蛋白（SF）、总 T 细胞是再障患者免疫抑制治疗不良反应发生的影响因素（ $P < 0.05$ ）。二元 Logistic 回归分析结果显示年龄、ANC、ALb 为再障患者发生免疫抑制治疗不良反应的独立危险因素（ $P < 0.05$ ）。ROC 曲线下面积为 0.873。

结论 年龄、ANC、ALb 可作为再障患者免疫抑制治疗不良反应发生的预测因素，且具有较好的敏感性与特异性。

PO-0065

Impaired Immunosuppressive Effect of Bone Marrow Mesenchymal Stem Cell-derived Exosomes on T cells in Aplastic Anemia

Meili Ge, Shichong Wang, Jinbo Huang, Liwei Fang, Jun Shi, Yizhou Zheng
Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

Objective Previous studies have verified the dysfunction of mesenchymal stem cells (MSCs) for immunoregulation in acquired aplastic anemia (AA) patients. Exosomes derived from MSCs can partially substitute MSCs acting as immune regulator. Dysfunction of exosomes (Exos) derived from AA-MSC (AA-Exos) may play a key role in immunologic dissonance.

Methods In this study, CD3⁺ T cells were collected and cocultured with AA-Exos and exosomes derived from HD-MSC (HD-Exos). The proliferation, differentiation and activation of CD3⁺ T cells were detected to compare the immunosuppressive effects between AA-Exos and HD-Exos. An immune-mediated murine model of AA was structured to compare the therapeutic effect of AA-Exos and HD-Exos. Furthermore, total RNA including miRNA from exosomes we purified and total RNA of CD3⁺ T cells were extracted for RNA-seq in order to construct the miRNA-mRNA network for interactions and functional analysis.

Results AA-Exos had impaired inhibition effects on CD3⁺ T cells in terms of cell proliferation, activation and differentiation compared with exosomes from HD-Exos. HD-Exos showed a more effective rescue of AA mice compared to AA-Exos. Importantly, we found some differentially expressed miRNA involved in immune response, such as miR-199, miR-128 and miR-486. The Gene Ontology analysis of differentially expressed genes (DEGs) revealed involvement of various cellular processes, such as lymphocyte chemotaxis, lymphocyte migration and response to interferon-gamma, etc. The Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes analysis illustrated upregulation of critical pathways associated with T cell function after co-culturing with AA-Exos compared with HD-Exos, such as graft-versus-host disease, Th17 cell differentiation, and JAK-STAT signaling pathway. A miRNA-mRNA network was established to visualize the interaction between them.

Conclusion In summary, AA-Exos had impaired immunosuppressive effect on T cells, less ability to rescue AA mice and differently expressed miRNA profile, which might partly account for the pathogenesis of AA as well as provide a new target of AA treatment.

PO-0066

高龄急性重型再障多发压疮共病 1 例诊治体会

韩红¹、陈冉¹、严毅进²、蔡文¹、曾艳¹

1. 华中科技大学同济医学院附属梨园医院

2. 华中科技大学同济医院

目的 分析 1 例高龄急性重型再障（SAA）患者存在多发性压疮（IV 期）、软组织感染、骶骨病变、脓血症、脑梗死、抑郁状态、下肢深静脉血栓形成等共病的诊治经过，为老年多病共存的复杂状况提供诊治体会。

方法 通过网络电子、归档纸质、及在架病历数据，回顾性分析长期卧床、三系减少患者的住院记录及相关检验检查结果。评估可及性治疗方案的疗效及患者的生活质量。

结果 患者女性，80 岁。因“多处压疮 14 天”于 2023.11.23 入住梨园医院创面修复科，最重一处压疮位于骶尾部。入院前有“下肢静脉血栓及下肢溃疡滤器植入、抗凝抗板治疗”史。入院后经过手术治疗创面逐步愈合。2024.3.16 无明显诱因开始出现三系进行性减少，给予成份输血结合人粒刺激因子治疗，疗效维持时间短。经多部位骨穿活检，染色体核型分析、流式及分子基因学检测，在鉴别 PNH 等造血衰竭性疾病及继发因素后，诊断为“SAA”。停用抗凝抗板药物，给予环孢菌素、达那唑口服，观察 2 月余，提示治疗有效，血小板维持在 $10-30 \times 10^9/L$ ，输血依赖降低。未发生明显血栓及出血事件，生活质量改善。

结论 有压疮并感染及血栓高风险患者，发生再障并发血小板重度减少存在出血风险时，针对治疗矛盾、疾病状况、经济条件、及患方愿望制定的符合实际需求的方案，取得了满意疗效。

PO-0067

单细胞转录组分析 T-大颗粒淋巴细胞白血病 多谱系免疫细胞的研究

田林珠^{1,2}、黄苛^{1,2}、张乐乐^{1,2}、邱晨^{1,2}、沈昱灿^{1,2}、李若难^{1,2}、高珍^{1,2}、潘虹^{1,2}、李伟望^{1,2}、赵婧余^{1,2}、谷施龙^{1,2}、方力维^{1,2}、初雅婧^{1,2}、袁卫平^{1,2}、施均^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所），血液与健康国家重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室

2. 天津医学健康研究院

目的 通过单细胞转录组及免疫组库测序分析 T 大颗粒淋巴细胞白血病（T-LGLL）免疫细胞的基因表达特征及 T 细胞克隆型。

方法 收集 5 例 T-LGLL 患者免疫抑制治疗前后及 3 例健康对照外周血，进行单细胞转录组联合配对 5'端 V(D)J 免疫组库测序。解析免疫细胞转录组特征，鉴定 TCR 克隆类型。

结果 测得 67237 个免疫细胞，22137 个具有完整 TCR α 链与 β 链的 T 细胞。分析发现：① T-LGLL 抗原提呈细胞功能增强：单核与树突状细胞均富集到抗原合成与呈递通路；B 淋巴细胞的抗原结合能力增强。② 疾病状态 NK 细胞毒性下降，但对 TCR 信号通路、T 细胞活化的调控作用增强。③ 患者 CD8 T 细胞比例升高，与 NK 细胞转录组具有相似性；效应 CD8 T 细胞毒性、耗竭相关基因上调，缓解后该群细胞增殖及毒性功能下降。④ 疾病状态效应 CD8 T 细胞克隆多样性减低，毒性增强，上调富集 T 细胞活化、细胞因子分泌通路。缓解状态优势克隆持续存在，但毒性功能下降。⑤ 患者 Treg 比例减低，富集凋亡相关通路，缓解后 Treg 比例恢复，凋亡通路下调。

结论 T-LGLL 存在免疫稳态失衡，免疫抑制可以部分清除致病大颗粒 T 淋巴细胞，降低毒性、丰富克隆多样性，恢复 Treg 功能，改善免疫内环境。

PO-0068

CRISPR-Cas9 文库筛选再生障碍性贫血小鼠效应 T 细胞关键分子

李若难^{1,2}、田林珠^{1,2}、黄苛^{1,2}、沈昱灿^{1,2}、谷施龙^{1,2}、张乐乐^{1,2}、高珍^{1,2}、潘虹^{1,2}、李伟望^{1,2}、赵婧余^{1,2}、方力维^{1,2}、初雅婧^{1,2}、袁卫平^{1,2}、施均^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所），血液与健康全国重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室

2. 天津医学健康研究院

目的 再生障碍性贫血（AA）目前缺乏有效的靶向治疗策略。CRISPR-Cas9 文库筛选代表一种筛选开发新治疗靶点的创新模式，本研究旨在使用体内 CRISPR-Cas9 筛选方法，探寻 AA 治疗的新靶标。

方法 通过构建包含 848 个表观基因的逆转录病毒文库，用于筛选 AA 小鼠模型中的效应 CD8⁺ T 细胞关键分子，体外和体内编辑实验和药物实验验证靶向筛选的效应分子对 AA 模型治疗效果。

结果 通过 CRISPR-Cas9 表观文库筛选，共富集 99 个效应 CD8⁺ T 细胞关键分子（log₂FC > 1, p < 0.05）。MAGeCK 分析显示富集的阳性效应分子包括 Ezh2 和 Jak2 等阳性对照基因。结合 AA 患者 T 细胞单细胞转录组测序结果（GSE145669），共鉴定出 16 个交集基因，验证染色质重塑复合物（SWI/SNF）复合物家族成员 Smarca4 基因缺陷的 CD8⁺ T 细胞在 AA 小鼠模型中表现出显著的毒性降低。体外药物实验中，采用 Smarca4 小分子抑制剂 FHD-286 和 FHT-1015 显著降低了 CD8⁺ T 细胞的细胞毒性，但不影响 T 细胞的长期扩增。体内遗传模型和药理学模型显示，靶向抑制 Smarca4 能够缓解 AA 小鼠的疾病进程。这些发现揭示了 Smarca4 在协调 CD8⁺ T 细胞增殖和效应功能中的核心作用，并提出基于 Smarca4 小分子抑制剂的策略可以改进现有的免疫治疗方案。

结论 本研究通过 CRISPR-Cas9 文库筛选成功鉴定出 AA 小鼠模型中效应 CD8⁺ T 细胞的关键分子 Smarca4，为 AA 疾病治疗提供了新治疗靶点和策略。

PO-0069

西罗莫司治疗免疫性血细胞减少症 129 例

刘清池、尹婉宜、马兵、张丽红、赵丹、刘新颖、沈扬、王建英、李月贤、张慧敏
河北医科大学第一医院

目的 探讨西罗莫司治疗免疫性血细胞减少症的疗效及安全性。

方法 回顾性分析我院自 2008 年 1 月至 2023 年 5 月应用西罗莫司治疗自身免疫性溶血性贫血（AIHA）、EVANS 综合征、复发难治免疫性血小板减少症 ITP、单纯红细胞再生障碍性贫血（PRCA）、血栓性血小板减少性紫癜（TTP）病例，总结分析疗效及安全性。

结果 治疗 AIHA 36 例，完全缓解（CR）22 例（21.9%），部分缓解（PR）7 例（19.4%），无效 7 例（19.4%），总有效率（ORR）29 例（80.6%）；治疗 EVANS 8 例，CR 8 例；治疗复发难治 ITP 31 例，CR 20 例（64.5%），PR 3 例（9.7%），无效 8 例（25.8%），ORR 74.2%；治疗 PRCA 46 例，达基本治愈 37 例（80.4%）；4 例患者 CR（8.7%），3 例无效（6.5%），ORR 41 例（89.1%）；与血浆置换或血浆输注治疗 TTP 8 例，近期 8 例达 CR，随访 8-3 年无 1 例复发。不良反应观察，本组应用西罗莫司治疗的免疫性血细胞减少症 129 例，发生口腔溃疡 18 例（14%），胆固醇升高 17 例（13.1%），甘油三酯升高 26 例（20.1%），血压升高 11 例（8.5%），谷丙转氨酶、谷草转氨酶轻度升高 4 例（3.1%），面色发青 4 例（3.1%），经减量处理不良反应消失。

结论 西罗莫司治疗 AIHA、EVANS 综合征、复发难治 ITP、PRCA、TTP 有较好疗效，不良反应较轻且可控。西罗莫司治疗免疫性血细胞减少症值得临床推广应用。

PO-0070

IST 联合海曲泊帕乙醇胺片及 rhTPO 治疗重型再生障碍性贫血近期疗效的前瞻单中心临床研究

樊慧慧

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 评价初治重型再生障碍性贫血患者应用 IST（ATG+CSA）联合海曲泊帕乙醇胺片及 rhTPO 治疗的近期疗效及安全性情况。

方法 本研究为一项单中心、单臂、前瞻性队列临床研究，计划入选来自本研究组单中心的 2023 年 1 月以后确诊的年龄在 14-70 岁之间的初治重型再生障碍性贫血患者，予以 ATG+CSA 的 IST 治疗，停 ATG 第一天开始联合 rhTPO 15000U/d 90 天及海曲泊帕乙醇胺片 15mg/d 6 个月，主要终点为观察研究方案治疗初治 SAA 3 个月的良好反应率、血制品输注量及安全性情况。

结果 试验组拟入组 39 例患者，目前纳入可评估 IST 治疗 3 月疗效的 30 例患者，对照组包括既往本中心 IST 联合 rhTPO 组及 IST 联合 HPAG 组两组，队列研究三组结果。本研究目前可评估 30 例患者血液学反应率为 73.33% (22/30)，良好血液学反应率为 53.33% (16/30)。对照 IST+rhTPO 组 33 例患者血液学反应率为 66.67% (22/33)，良好血液学反应率为 36.4% (12/33)；对照 IST+HPAG 组 32 例患者血液学反应率为 46.9% (15/32)，良好血液学反应率为 21.9%。试验组血液学反应率、良好血液学反应率均明显高于 IST+rhTPO 组、IST+HPAG 组（73.33%v66.67%v46.9%；53.33%v36.4%v21.9%）（见表）；入组 30 例患者随访期内均无骨髓纤维化、骨髓增生异常综合征及急性髓系白血病等疾病转化发生。

结论 本研究目前可评估疗效的 30 例应用 IST+rhTPO+海曲泊帕乙醇胺片联合治疗的重型再生障碍性贫血患者中 22 例在 3 个月时获得血液学反应，其中 16 例获得良好血液学反应（53.33%），这是迄今为止，我们已知中国 SAA 患者前瞻性研究中最高良好疗效反应。证实了 rhTPO 联合海曲泊帕乙醇胺片可协同作用于 IST 治疗的 SAA 患者，促进骨髓造血功能恢复，其临床效果优于目前已广泛应用的各种 TPO-Ras 或 rhTPO 单药联合 IST 治疗。

PO-0071

平均红细胞体积在再生障碍性贫血患者预后中的意义

韩丽、石雪东、汪书淇、朱静静、梁秀丽、李振宇、徐开林、程海
徐州医科大学附属医院

目的 探讨平均红细胞体积（MCV）对初诊再生障碍性贫血（AA）患者预后的影响。

方法 回顾性分析 2008 年 4 月至 2017 年 9 月于徐州医科大学附属医院就诊的 178 例初诊再生障碍性贫血患者的临床资料。根据红细胞大小形态将患者分为表现为大细胞性再生障碍性贫血组（MCV>100fl）和表现为正细胞性再生障碍性贫血组（MCV≤100fl）。采用 χ^2 检验和非参数 Mann-Whitney U 检验分析两组患者一般资料的差异。采用 Kaplan-Meier 法绘制总生存期（OS）及无进展生存期（PFS）曲线并进行 Long-rank 检验对两组患者进行生存比较，采用 Cox 回归模型多因素分析影响 AA 患者预后的因素。

结果 MCV>100fl 组患者 96 例，MCV≤100fl 组患者 82 例。中位随访时间为 41 个月，MCV>100fl 组表现出优于 MCV≤100fl 组的 5 年 OS 和 PFS（94.4% vs 68.1%，71.8% vs 60.3%，P=0.001、P=0.033）。SAA/VSA 患者 MCV>100fl 组的 5 年 OS 显著高于 MCV≤100fl 组（87.4% vs 42.6%，P=0.041）。在对 AA 患者进行多因素生存分析时发现，MCV（≤100fl）是影响患者 OS 的独立危险因素（HR：2.672，95%CI：1.097~6.506，P=0.03）。

结论 治疗前 $MCV \leq 100 \text{fl}$ 的再生障碍性贫血患者的预后差，治疗前 MCV 可能为 AA 患者潜在的预后标志物。

PO-0072

1 例再障患者出现急性髓系白血病合并 PNH、 自身免疫性溶血性贫血病例报告

王战芳

平顶山市第一人民医院

目的 急性髓系白血病患者病情缓解过程中出现贫血且需要输血时，检测 PNH 克隆及 Coombs 试验，筛查 PNH 及自身免疫性溶血性贫血，保障输血安全。方法：用 EDTA 管、肝素钠管各抽取静脉血 3ml 分别送检直接、间接 Coombs 试验、FLAER。结果：发现 1 例患者 Coombs 阳性、PNH 克隆 $> 1\%$ 。结论：急性髓系白血病合并 PNH、自身免疫性溶血性贫血临床罕见，但出于医疗安全考虑，对此类患者在出现贫血且需要输血时，进行 PNH 克隆检测、Coombs 试验有其必要性。

方法 随着治疗技术的进步，部分再生障碍性贫血（AA）患者获得长期生存，同时临床中 AA 转化为阵发性睡眠性血红蛋白尿症（PNH）、骨髓增生异常综合征、急性髓系白血病（AML）等克隆性疾病报道呈增多趋势。自身免疫性溶血性贫血（AIHA）在血液系统恶性肿瘤中多继发于淋巴细胞增殖性疾病，而在 AML 中则极为少见。本例患者患 AA，病程中出现 AML，经化疗 AML 持续缓解，出现重度贫血，经进一步检查见到 PNH 克隆、COOMS 阳性，诊断 PNH、AIHA，这样复杂的病例较为罕见。现结合文献复习报告如下。

结果 本例患者最初诊断 AA，长期应用免疫抑制剂治疗，可能存在克隆演变，进而转化为 AML，也不排除患者诊断 AA 时体内即存在微量 PNH 克隆，进一步进展后表现出 PNH 临床表现，患者在病程中反复出现多发部位、非典型部位血栓，可能进一步佐证 PNH 的存在，因为血栓形成高风险性是 PNH 的较为突出的临床特征。此类患者体内克隆造血持续存在，临床治疗药物可能影响克隆造血并选择性出现克隆演变。这也造成临床治疗方面困惑。

结论 总结，在临床工作中，对于再障患者要在诊断时及治疗过程中需定期监测克隆造血情况，尤其是 PNH 克隆情况，对由 AA 病程中诊断 AML 的患者，更要警惕，在 AML 病情稳定而突然出现贫血表现时，进行 PNH 克隆检测、Coombs 试验有助于临床医师及早发现疾病、采取更为科学有效的治疗策略。

PO-0073

缺铁性贫血全程化管理中真实世界研究： 三代静脉铁剂与口服铁剂的疗效与安全性比较

徐珍珍^{1,2}、赵小琴^{1,2}、翁捷²、高巧珍²、张玮嘉²、许贞书¹、林艳娟¹、连晓岚^{1,2}

1. 福建医科大学附属协和医院

2. 平潭综合实验区医院

目的 本研究采用单中心真实世界研究设计，旨在对比分析缺铁性贫血（IDA）患者全程化管理中使用三代静脉铁剂或者口服铁剂治疗的疗效、安全性及患者满意度。探讨了两种方案在提升血红蛋白（HB）及铁蛋白（SF）水平以及患者生活品质上的差异。

方法 本研究回顾性收集 2023 年 6 月至 2024 年 5 月平潭综合实验区医院确诊 IDA 且连续就诊者为研究对象，共纳入 40 例使用羧基麦芽糖铁，42 例口服多糖铁复合物，通过配对 t 检验分析对比治

疗 4 周后 HB、SF 的提升情况、不良反应及费用，评估治疗有效性和经济性。

结果 三代静脉铁剂组与口服铁剂组比较，HB 提升值显著增高（ 41.6 ± 21.02 VS 23.55 ± 13.06 ， $p < 0.01$ ），SF 提升值显著增高（ 119.70 ± 136.83 VS 13.65 ± 39.08 ， $p < 0.01$ ）。两组均无严重不良反应，静脉铁剂组偶发轻微过敏性皮疹，口服铁剂组以胃肠道不适为主。静脉铁剂组在治疗早期的生活质量改善更为明显。尽管静脉铁剂单次治疗成本较高，但从缩短用药时间及提高治疗效率的角度考虑，其整体经济负担与口服铁剂相当。

结论 在平潭综合实验区的真实世界单中心背景下，三代静脉铁剂在治疗 IDA 方面展现出快速提升血红蛋白及铁蛋白水平、改善患者生活质量的优点，且具备良好的安全性及经济性，在 IDA 患者全程化管理中将发挥重要作用。

PO-0074

ALAS2 基因新突变致遗传性铁粒幼细胞贫血的临床特征及基因确证

聂能、葛美丽、黄金波、郑以州、施均

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所），血液与健康全国重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室，天津，300020

目的 分析 1 例小细胞低色素性贫血的成年患者的临床和基因特征，提高对遗传性铁粒幼红细胞性贫血的认识。

方法 收集患者的病史，临床实验室特征，采用高通量二代基因测序方法，确证 ALAS2 基因新突变。

结果 患者系 58 岁成年男性，家族史阴性。体格检查：颜面及双手皮肤呈古铜色，皮肤色素沉着，肝肋缘下 3cm、脾肋缘下 2cm。血象表现为重度贫血伴轻度白细胞减少：WBC $3.9 \times 10^9/L$ ，RBC $2.65 \times 10^9/L$ ，Hb 58g/L，MCV 73.2fL，MCH 21.9pg，MCHC 299g/L，平均红细胞参数呈现典型的小细胞、低色素特征，MRI 显示：肝铁沉积。生化检查显示铁代谢异常：血清铁 36.92mmol/L，总铁结合力 40.37umol/L，转铁蛋白饱和度 91%，铁蛋白 2389ug/L；骨髓显示：3 系增生，红系比例增高；外周血涂片显示：成熟红细胞大小不均一特点，部分细胞中心浅染，可见少量不规则红细胞、椭圆红、泪滴红及红细胞碎片；具有诊断意义骨髓组织化学染色提示：细胞外铁增加（+++），细胞内铁 96%，骨髓幼红细胞中环形铁粒幼细胞比例 41%，符合铁粒幼细胞贫血诊断。高通量二代测序结果显示：ALAS2 基因第 8 外显子的 ALAS2/R375C 突变，目前尚无文献报道，属于对维生素 B6 有反应的罕见新突变。

结论 X 连锁遗传性铁粒幼红细胞性贫血的分子诊断有赖于相关基因筛查。

PO-0075

异基因造血干细胞移植成功治疗 monoMAC 综合征一例

周睿卿、陈小卫、张玉平、周铭、王彩霞、吴亮亮、王顺清
广州市第一人民医院

目的 monoMAC 综合征是由 GATA2 基因突变所致的一种罕见的常染色体显性遗传病，最特征性的表现是单核细胞缺失和非结核分枝杆菌感染。大多数患者存在骨髓增生减低和粒系、红系和巨核系发育不良，或核型异常。在没有细胞遗传学异常或明显发育异常的情况下，最初易诊断为再生障碍性贫血。造血干细胞移植是目前唯一根治方法。

方法 本例患者男性，18 岁时因“感冒”查血常规发现白细胞减少。20 岁骨髓形态学检查示增生明显活跃，粒系及巨核系大致正常，红系增生明显活跃，中晚幼红比例偏高，可见双核幼红细胞。26

岁高热、全血细胞减少，行骨髓形态学检查，粒系见假性 P-II 畸变和分叶核分叶过多，病态细胞占 8%；红系可见巨幼样变，双核、豪周氏小体，病态细胞占 20%。之后患者反复感染，曾感染堪萨斯分枝杆菌，药物治疗后遗留纵膈及右肺门多发淋巴结肿大、右肺多发结节影。27 岁于我院就诊，血常规示三系减少及单核细胞缺如，淋巴细胞亚群示 B 细胞及 NK 细胞减少，骨髓检查流式示有核红细胞群体 CD71 表达减弱，发育模式异常。MDS 相关 FISH 及染色体核型分析未见异常。全外显子二代测序发现 GATA2 基因 c.1082G>A:p.Arg361His 错义突变。一代测序验证示父母均未检出该突变，患者指甲未检测到该突变，因此考虑为体细胞突变。患者明确诊断为 GATA2 基因突变的 monoMAC 综合征进展至骨髓增生异常综合征。予行非亲缘异基因造血干细胞移植，预处理方案为 DAC+BF+ATG，移植期间及移植后予异烟肼联合乙胺丁醇预防分枝杆菌复燃。

结果 移植后+15d 顺利植活。现为移植后 10 月余，患者血常规、淋巴细胞亚群及骨髓检查正常，肺部结节部分钙化、纵膈及右肺门多发淋巴结较前缩小，未发生分枝杆菌复燃。

结论 GATA2 基因突变相关疾病易向髓系肿瘤转化，因此对有移植指征的患者宜尽早行异基因造血干细胞移植。DAC+BF+ATG 方案可用于进展到 MDS 状态的 monoMAC 综合征成人患者的移植前预处理。因 monoMAC 综合征有特异性病原体感染，移植前需完善检查，移植过程及移植后注意防治。

PO-0076

Myeloid Dendritic Cells Were Expanded and Functionally Stronger in Aplastic Anemia

Meili Ge, Lingyun Chen, Jinbo Huang, Liwei Fang, Jun Shi

Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

Objective As the most important antigen-presenting cells in humans, dendritic cells (DCs) may play an important role in the upstream link of immune pathogenesis in aplastic anemia (AA) patients. In addition, abatacept, a cytotoxic T lymphocyte-associated antigen-4 (CTLA-4) fusion protein, can block T cell activation and function by binding CD80 and CD86 and blocking their interaction with CD28. Thus may be a potential direction for targeting DCs to treat AA.

Methods To investigate the potential role of DCs in the pathogenesis of AA, we measured the proportion, phenotype and function of DCs. We performed RNA-Seq analysis using DCs cultured in vitro from HD and AA patients and using DC from AA patients added with abatacept to uncover the possible molecular mechanism.

Results Results revealed that the proportion of DC, the expression rates of the co-stimulatory molecule CD80 and mature molecule CD83, the ability of differentiation and activation of CD4+ and CD8+ T cells, and the ability to promote the differentiation of Th0 to Treg cells, are different between AA and HD.

we compared the proportions of CTLA-4 and found the expression of CTLA-4 on CD4+ T cells and Treg cells in PB of AA patients was significantly decreased. Then, our in vitro tests confirmed that abatacept can bind to CD80 on the surface of DC and significantly down-regulate the expression of CD80. Adding abatacept into the co-culture system of DC and CD3+ T lymphocytes significantly inhibited the proliferation of CD3+, CD4+ and CD8+ T lymphocytes, and significantly inhibited the expression of CD25 and CD69 in CD4+ T and CD8+ T cells.

Go analysis inferred that the differentially expressed genes were mainly concentrated in cell migration, cell chemotaxis, regulation of cytokine production, and immune response. Besides, KEGG pathway analysis implied that the signaling pathway of significant enrichment of differentially expressed genes was cytokine-cytokine receptor interaction, NF- κ B signaling pathway, chemokine signaling pathway and IL-17 signaling pathway. Meanwhile, compared with AA patients, after adding abatacept, Go analysis inferred that the differentially expressed genes were mainly concentrated in immune response, cytokine secretion, regulation of hemopoiesis,

cell activation, differentiation, proliferation, and adhesion. Moreover, KEGG pathway analysis implied that the signaling pathway enriched in cytokine-cytokine receptor interaction, JAK-STAT signaling pathway, NF- κ B signaling pathway and Th1, Th2 and Th17 cell differentiation.

Conclusion Our finding revealed the increased number and hyperfunction of DC in AA patients may be involved in the immune pathogenesis of AA. Abatacept can block T cell activation by blocking the DC surface co-stimulatory molecule CD80 and is a promising strategy for AA treatment.

PO-0077

罗特西普治疗成人重型 β 地贫复合 α 地贫合并自身免疫性溶血性贫血患者的成功结果

杨方方

广州市第一人民医院

目的 探讨罗特西普治疗成人重型 β 地贫复合 α 地贫合并自身免疫性溶血性贫血患者的效果

方法 回顾性分析市一南沙医院 2023 年 5 月 9 日收治一例重型 β 地贫复合 α 地贫合并自身免疫性溶血性贫血 (AIHA) 患者临床特征和治疗效果。

结果 42 岁女性, 越南裔, 体重 45Kg, 腹痛 6 小时入院, 患者 6 小时前 (进食鸡肉后) 出现持续性上腹痛伴腹胀, 住院诊治。血常规: WBC $6.68 \times 10^9/L$ 、Hb 23g/L、PLT $46 \times 10^9/L$ 、Ret $35.9 \times 10^9/L$ (4.06%), 结合珠蛋白 0, 间接抗人球蛋白试验 (+), 直接抗人球蛋白试验 (-) 总胆红素 126.8 μ mol/l, 直接胆红素 34.7 μ mol/l, Cr 118 μ mol/l, HbA2 6.7%, HbF >40%, 地贫基因型—SEA/aa 合并 CD17(A-T) 突变纯合子, 骨髓穿刺: 骨髓增生明显活跃骨髓象, 骨髓活检造血组织容积 80%。诊断 1. 重型 β 地贫复合 α 地贫 2. 自身免疫性溶血性贫血, 住院配血困难, 交叉配血可见多个抗体, 抗-cE、抗-JKa、抗-N 合并未知抗体, 加用甲强龙、丙种球蛋白治疗, 血红蛋白无明显上升。住院第 11 天开始加用利妥昔单抗 375mg/m², qwX3 次, 第 13 天使用罗特西普 50mg 皮下注射, 1 周后血红蛋白逐渐升至 37g/l, 4 周后升至 73g/l, 出院后门诊继续每 3 周注射罗特西普 50mg 一次, 患者血红蛋白维持 70g/l, 血小板波动 $70 \times 10^9/L$, 半年后因脾脏压迫引起腹胀痛行脾脏切除术, 术后血常规白细胞 13.86-15 $\times 10^9/l$, 血红蛋白 83-90 $\times 10^l$, 血小板正常。

结论 重型地贫合并 AIHA 患者面临输血困难、激素疗效不佳或有相对禁忌时, 联合使用罗特西普可快速提高血红蛋白水平, 可能是此类难治患者一个新的治疗药物, 但具体机制和疗效仍需更多探索和实践应用。

PO-0078

骨髓增生异常性肿瘤合并白塞样综合征的患者临床特征及预后

杨辰、胡青林、陈苗、韩冰

中国医学科学院北京协和医院

目的 骨髓增生异常性肿瘤又称骨髓增生异常综合征 (MDS), 临床高度异质性, 7-25% 可伴发自身免疫现象, 如白塞病表现, 也可认为是 MDS 的一种副肿瘤综合征表现, 近 5 年国外仅有小样本的队列报道, 在白塞病 (BD) 患者中 MDS 发生率约 2% (0.4-3.1%), BD 和 MDS 同时发生者占 49.5%, 最常见于 +8 核型异常的 MDS 患者, 在 MDS 伴发白塞病改变的患者中 +8 核型约占 81.3%, 而在原发 MDS 中 +8 核型的发生率仅 7~9%。HLA-B5+、炎症因子升高、IL-7/IL-7R 依赖的信号通路活化参与了肠道、口腔黏膜损伤的发生。本文拟探讨伴发白塞样综合征的 MDS 患者的临床特征及预后。

方法 回顾性分析 2017 年 1 月至 2023 年 12 月北京协和医院确诊的伴有白塞病表现的 MDS 患者 45 例，描述其临床特征和预后。

结果 BD-MDS 病例中女性患者占 63%，51.1% 以肠道表现起病，28.9%同时发生，20%以血细胞减少为首表现，发热、消瘦、口腔溃疡最为常见，眼部受累罕见，未见中枢神经系统受累。白塞累及肠道以下消化道受累最常见，包括结肠、末端回肠、回盲部为较常见的受累部位。在无+8 核型组更易出现血管病变，其中 22.2% HLAB51 阳性。

MDS-LB, MDS-IB 分别占 68.9%，31.1%，IPSS-R 低危、中危、高危患者分别为 16.7%，38.9%，44.4%。中位随访 42 月，BD-MDS 的中位生存期为 52 个月。小肠受累、肠道并发症、高炎症状态影响患者总生存，+8 核型不是 BD-MDS 的独立影响因素（HR: 0.71, 95% CI: 0.30 至 1.68, P = 0.428），含+8 核型的 BD-MDS 患者的生存与无+8 BD-MDS 患者的生存无显著性差异，提示预后不良基因突变包括 IDH1、ASXL1、TP53 突变、复杂核型患者生存期显著缩短，中位 OS 分别为 16 vs 60 月、24.6 vs 96 月，其中 TET2 基因突变 14 例、DNMT3A 16 例，对生存无显著影响。本队列中发现 UBA1、GATA2、GATA1 基因突变各 1 例，与 BD 高炎症状态相关，生存期显著缩短。

结论 +8 BD-MDS 在一定程度上表现出独特的临床特征，如女性和回盲部病变的发生率较高。+8 对 BD-MDS 患者在治疗效果或疾病进展、生存方面都没有明显差异，不是死亡的独立因素，但染色体核型异常、不良基因突变对 OS 有明确影响，应提高临床对于这种伴发疾病的认识。由于病例少见，BD-MDS 的标准治疗仍在探索之中，低危患者可考虑环孢素联合沙利度胺，高危患者应尽早考虑 allo-SCT 但移植率低，通过 TNF- α 单抗或芦可替尼联合去甲基化药物治疗桥接移植需要进一步探索。

PO-0079

西罗莫司治疗原发性自身免疫性溶血性贫血的疗效分析

张阳、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 对比分析糖皮质激素（Glucocorticoids, GCs）与 GCs 联合西罗莫司（Sirolimus, SRL）在原发性自身免疫性溶血性贫血（autoimmune hemolytic anemia, AIHA）患者中不同治疗时期的疗效及生存情况，探究 SRL 治疗原发性 AIHA 的疗效及预后影响因素。

方法 纳入郑州大学第一附属医院 2018 年 06 月 01 日至 2023 年 09 月 30 日初次就诊的非复发/难治原发性 AIHA 患者共 163 例，按治疗方式不同分为 GCs 组和 GCs+SRL 组，回顾性分析其临床资料，采用 SPSS 25.0 及 GraphPad Prism 8.0 分析数据，R×C 列联表资料使用卡方检验，非正态分布数据使用 Mann-Whitney 非参数检验，均采用双侧检验，疗效相关性分析用非条件 Logistic 回归分析，生存分析采用 Kaplan-Meier 生存曲线，并用 Log-rank 检验进行比较，COX 比例风险模型进行多因素生存分析，P<0.05 认为差异有统计学意义。

结果 1. 与单用 GCs 相比，GCs+SRL 对 AIHA 患者的 1 月近期疗效无明显差异（P>0.05），3 月、6 月、12 月远期完全缓解率和/或总体缓解率显著提高（P<0.05）。

2. 对于 GCs 组患者，年龄>60 岁、初次复发时间≤3 个月是治疗 6 月未达缓解的独立危险因素，3 月达缓解是治疗 6 月达缓解的独立保护因素（P<0.05）。年龄>60 岁是 AIHA 患者 12 月未达缓解的独立危险因素，6 月达缓解是 AIHA 患者 12 月达缓解的独立保护因素（P<0.05）。未发现影响 GCs+SRL 组 AIHA 患者治疗 6 月及 12 月疗效的独立因素。

3. 与单用 GCs 组相比，GCs+SRL 组 AIHA 患者复发率显著下降（P<0.05），不良事件较轻微。年龄>60 岁是 AIHA 患者影响复发的独立危险因素，GCs+SRL 相较于 GCs 单药是 AIHA 患者复发的独立保护因素（P<0.05）。

4. GCs+SRL 较 GCs 能改善患者 1 年及 5 年无进展生存（Progress-free survival, PFS），而不能改善 1 年及 5 年总生存（Overall survival, OS）。年龄>60 岁、初次复发时间≤6 个月、12 月内复

发次数 ≥ 2 是影响 AIHA 患者 PFS 的独立危险因素 ($P < 0.05$)。联合 SRL 较单用 GCs 是影响 AIHA 患者 PFS 的独立保护因素 ($P < 0.05$)。

- 结论** 1. GCs+SRL 相比于 GCs 单药能提升 AIHA 患者的远期疗效,降低复发率并减轻不良反应。
2. 年龄 > 60 岁、初次复发时间 ≤ 6 个月、12月内复发次数 ≥ 2 是 AIHA 患者 PFS 的独立预后不良因素。
3. SRL 能改善 AIHA 患者 PFS。

PO-0080

胸腺瘤继发纯红细胞再生障碍性贫血进展至再生障碍性贫血 1 例长期随访并文献复习

王晓、孙京男
吉林大学第一医院

目的 探讨胸腺瘤继发纯红细胞再生障碍性贫血 (PRCA) 的转归。

方法 回顾性分析 2013 年 5 月吉林大学第一医院肿瘤中心血液科收治的 1 例胸腺瘤继发 PRCA 患者的临床资料,并进行文献复习。

结果 患者,女性,70 岁,因乏力就诊,2013 年经肺部 CT、骨髓穿刺等检查诊断为胸腺瘤继发 PRCA。一线治疗行胸腺瘤切除术后,予以环孢素、他克莫司、氢化泼尼松等治疗后效果不佳。2022 年 3 月进展至全血细胞减少 (不除外再生障碍性贫血),经 8 个月确证考虑进展至再生障碍性贫血,随访至 2023 年 9 月患者死亡。

结论 纯红细胞再生障碍性贫血罕有进展为再生障碍性贫血,目前病因不明确,是否与体内寡克隆 T 淋巴细胞增殖有关,仍需要大量的临床数据进一步研究。

PO-0081

FAS-FASLG 途径诱导的铁死亡在再生障碍性贫血患者调节性 T 细胞凋亡中的作用及其分子机制探究

付励严¹、岳保红²、郭荣群^{1,2}
1. 河南中医药大学第一附属医院
2. 郑州大学第一附属医院

目的 探究再生障碍性贫血 (AA) 患者中调节性 T 细胞 (Treg 细胞) 通过 FAS-FASLG 途径诱导的铁死亡机制,并评估这一途径如何导致 Treg 细胞凋亡比例的增加。

方法 选取 6 个健康人骨髓样本,6 个 AA 患者骨髓样本,用 ficoll 法分离患者的 PBMC,再用分选试剂盒的方法从健康供体中分离 T 细胞,将 Treg 细胞分为对照组和实验组。实验组细胞用 FASLG 蛋白处理,以模拟 FAS-FASLG 途径的激活。共培养 24h 之后收获细胞,分别提取细胞中的 RNA 和蛋白做后续的 WB 和 qPCR 实验。qPCR (定量聚合酶链反应):设计针对 FAS、FASLG、铁死亡相关基因 (如 GPX4、SLC7A11、ACOX1 等) 的 qPCR 引物。Western Blot (蛋白质印迹):提取蛋白样本,进行 SDS-PAGE 凝胶电泳和转膜。使用针对 FAS、FASLG、GPX4、铁死亡标志物 (如 ACSL4、PTGS2 等) 的抗体进行免疫检测。细胞凋亡检测:使用流式细胞仪进行 Annexin V 和 PI (碘化丙啶) 染色,检测 Treg 细胞的凋亡率,分析 FASLG 处理后凋亡细胞的比例变化。功能实验:评估 FASLG 处理后 Treg 细胞的抑制功能,例如通过混合淋巴细胞反应 (MLR) 检测其对效应 T 细胞增殖的抑制能力。体外铁死亡诱导实验:使用已知的铁死亡诱导剂 (如 RSL3) 作为阳性对照,验证铁死亡的发生。

结果 qpcr 结果显示经过 FASLG 处理后, AA 患者加 FASLG 组 GPX4、SLC7A11、ACOX1 基因表达上调最为明显。WB 结果显示 AA 患者加 FASLG 组 GPX4、SLC7A11、ACOX1 蛋白表达增多最为明显。流式结果显示 AA 患者加 FASLG 组相对健康人加 FASLG 组凋亡比例增加。

结论 AA 患者调节性 T 细胞通过 FAS-FASLG 途径诱导调节性 T 细胞发生铁死亡使得细胞死亡比例增加。

PO-0082

重型再生障碍性贫血患者使用海曲泊帕 治疗前后 TCR CDR3 免疫组库分析

王丹丹、毕慧
昆明医科大学第二附属医院

目的 探究重型再生障碍性贫血(severe aplastic anemia, SAA)患者使用海曲泊帕治疗前后在 T 细胞受体 (TCR) 互补决定区 3 (Complementary Determining Region 3, CDR3) 水平上免疫学改变, 旨在探讨海曲泊帕对 TCR CDR3 免疫组库重建的影响, 进一步研究 SAA 免疫介导的发病机制, 为 SAA 的治疗提供理论基础和新的思路。

方法 本研究为单中心、前瞻性、队列研究, 纳入诊断 SAA 并采集接受海曲泊帕治疗患者 0 月、1 月、3 月、6 月、9 月、12 月时的外周血样本, 采用新一代高通量测序技术, 对 TCR CDR3 多样性进行研究。利用外周血 T 淋巴细胞构建 TCR 文库, 进行高通量测序, 对测序数据进行香农指数、高克隆比对、CDR3 长度、TCR β 链 V、D、J 基因及 V-J 组合情况进行分析。

结果 SAA 患者使用海曲泊帕、ATG 对 TCR CDR3 长度有影响; ATG 治疗对 SAA 患者 TCR CDR3 免疫组库多样性有影响; 海曲泊帕对高度克隆扩增程度无影响, 而 ATG 对高度克隆扩增有影响; 目前尚未观察到疗效与免疫组库之间的相关性。

结论 本研究发现海曲泊帕对 SAA 患者的 TCR CDR3 长度有影响。SAA 使用海曲泊帕联合 ATG 治疗对 TCR CDR3 多样性、HEC 以及 V、J、V-J 基因使用频率有影响, 但在不联合 ATG 治疗的情况下, 对上述免疫组库指标没有影响。目前尚未观察到疗效与免疫组库之间的相关性, 还需要进一步随访。进一步的免疫组库测序有助于评估 SAA 患者的免疫状态, 有助于深入认识 SAA 发病机制, 开发治疗的靶点、预后监测的生物标志物。

PO-0083

Causal associations between immune cells and the risk of aplastic anemia based on a Mendelian randomization study

Angui Liu, Xianwei Peng, Jiaodi Liu, Yiting Zhang, Yinghui Lai
Department of Hematology, The Second Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

Objective Aplastic anemia (AA) is indeed a non-neoplastic bone marrow failure syndrome that is characterized by the destruction of hematopoietic stem and progenitor cells, leading to a reduction in the production of all types of blood cells. The destruction of these cells is often caused by an abnormal immune response. The purpose of this study is to explore the association between 731 immunophenotypes and genetic susceptibility to AA.

Methods One AA related GWAS datasets (ebi-a-GCST90018794) were obtained from IEU OpenGWAS project. The ebi-a-GCST90018794 performed a GWAS on 473,500 European individuals (Ncase = 4,128, Ncontrol = 469,372), with approximately 24,192,378 SNPs analyzed after quality control and imputation. GWAS summary statistics for each immune cell are publicly

available from the European Bioinformatics Institute (accession numbers from GCST0001391 to GCST0002121). A total of 731 immunophenotypes were included.

Results The Mendelian randomization analysis reported that 5 types of immune cells were associated with increased genetic susceptibility to AA. IVW showed that CD127⁻ CD8^{br} T cell [odds ratio (OR), 1.135; 95% confidence interval (CI), 1.032–1.247; $p = 0.009$], CD25 on IgD⁺ CD38^{dim} (OR, 1.053; 95% CI, 1.013–1.095; $p = 0.0091$), CD39⁺ resting Treg CD4 Treg (OR, 1.034; 95% CI, 1.010–1.059; $p = 0.005$), CD39⁺ secreting Treg AC (OR, 1.050; 95% CI, 1.013–1.089; $p = 0.007$), CD8 on CD28⁺ CD45RA⁻ CD8^{br} (OR, 1.127; 95% CI, 1.044–1.215; $p = 0.002$) were associated with increased genetic susceptibility to AA. On the contrary, 4 types of immune cells were associated with decreased genetic susceptibility to AA, included CD86 on CD62L⁺ myeloid DC [odds ratio (OR), 0.930; 95% confidence interval (CI), 0.882–0.981; $p = 0.008$], CD86⁺ plasmacytoid DC AC (OR, 0.923; 95% CI, 0.857–0.994; $p = 0.034$), DC AC (OR, 0.897; 95% CI, 0.838–0.960; $p = 0.002$), DN (CD4⁻CD8⁻) NKT₁ lymphocyte (OR, 0.926; 95% CI, 0.869–0.986; $p = 0.017$). MR-Egger showed no significant horizontal pleiotropy in these results.

Conclusion This study explored the association between 731 immunophenotypes and genetic susceptibility to AA, and identified multiple immune cells associated with genetic susceptibility to AA, providing a new perspective for the study of the pathogenesis of AA.

PO-0084

铁过载对非输血依赖型地中海贫血患者红系造血损伤效应研究

潘霖、谢燕妮、黄语妹、杨高晖、李婵、陈泳宇、刘凤玲、张宁、梁潇、甘钊萍、韦振斌、赖永榕、刘容容
广西医科大学第一附属医院

目的 评估铁过载对非输血依赖型地中海贫血患者红系造血的损伤效应及初步探讨相关机制：Ferroptosis? 凋亡?

方法 1.选取 2021 年 9 月至 2022 年 9 月到广西医科大学第一附属医院门诊就诊的非输血依赖型地中海贫血患者 12 例，男性 9 例，女性 3 例，年龄 29 ± 8 岁；同时，选取同期至我院进行健康体检的 6 例健康人作为健康对照组，男性 4 例，女性 2 例，年龄 37 ± 14 岁。2.通过流式细胞分析、ELISA、RT-PCR、红系集落培养等方法检测所有研究对象的铁过载及铁代谢、红系造血、氧化应激、凋亡、Ferroptosis 相关指标。

结果 1.与对照组相比，地贫组患者的网织红细胞绝对值计数、骨髓的 GDF11 水平、原红细胞比例、早中幼红细胞比例、红系集落 BFU-E 和 CFU-E 的集落数量均显著升高 ($P < 0.05$)。两组的血清 EPO、骨髓晚幼红细胞及网织红细胞的组间差异无统计学意义 ($P > 0.05$)。2.地贫组患者的血清铁蛋白、GDF15 均较对照组显著升高 ($P < 0.05$)。地贫组的骨髓、心脏和肝脏均存在不同程度的铁沉积。3.血红蛋白的表达、晚幼红细胞及网织红细胞比例均与血清铁蛋白水平呈负相关 ($r = -0.678$ 、 -0.548 ，均 $P < 0.05$)，GDF11、原红细胞、早中幼红细胞比例均与血清铁蛋白水平呈正相关 ($r = 0.668$ 、 0.612 、 0.497 ，均 $P < 0.05$)，网织红细胞绝对值计数、EPO 与血清铁蛋白水平无相关性 ($P > 0.05$)。4.地贫患者的原红细胞、早中幼红细胞的细胞内 ROS 和脂质过氧化水平的平均荧光强度较对照组升高，但差异无统计学意义 ($P > 0.05$)，晚幼红细胞及网织红细胞群的细胞内 ROS 和脂质过氧化水平的平均荧光强度和对照组相比未见明显变化。地贫组骨髓单个核细胞的 GSH 和 GPX4 的表达均较对照组显著升高 ($P < 0.05$)。5.地贫组的骨髓细胞早期凋亡率、晚期凋亡率和总凋亡率均比对照组显著升高，差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。细胞早期凋亡率、晚期凋亡率均与血清铁蛋白水平呈正相关 ($r = 0.739$ 、 0.625 ，均 $P < 0.05$)。在透射电镜下观察红系 BFU-E 和 CFU-E 集落细胞形态，地贫组的 BFU-E 集落细胞可见凋亡征象，CFU-E 集落细胞的线粒体损伤较对照组明显。

结论 铁过载主要通过介导凋亡途径遏制非输血依赖型地中海贫血患者骨髓红系分化。

PO-0085

全外显子测序技术在遗传性球形红细胞增多症诊断中的应用及基因突变特征分析

高金亚、陈龙

天津见康华美医学诊断技术有限公司

目的 本研究旨在探究遗传性球形红细胞增多症 (Hereditary Spherocytosis, HS) 患者红细胞膜蛋白基因的突变特征, 并评估这些突变与临床表现之间的关系。

方法 收集 2022 年 1 月至 2024 年 4 月期间, 在本实验室进行检测的 132 例疑似 HS 患者的临床资料。通过二代测序技术, 我们检测了这些患者的红细胞膜蛋白基因突变情况。对检出并预测为致病或可能致病突变的 34 例患者 (所有位点均经过 Sanger 测序验证为真) 进行了深入分析, 包括基因突变构成、突变类型及其与临床表现型的关系。

结果 在 34 例 HS 患者中, 我们发现 ANK1 基因突变 8 例 (24%), SPTB 基因突变 18 例 (53%), SLC4A1 基因突变 6 例 (18%), SPTA1 基因突变 1 例 (3%) 以及 EPB42 复合杂合突变 1 例 (3%)。未发现 SLC4A1 基因突变。突变类型包括无义突变 (40%)、移码突变 (30%)、剪接位点突变 (14%) 和错义突变 (14%), 其中 54% 为之前没有报道过的新发突变。另有一例 ANK1 基因 c.2558+3G>T 非经典剪接位点突变, 根据 ACMG 现有致病条件暂时无法判读为致病或可能致病, 但根据患者临床表型高度怀疑其可能致病, 已提取 RNA, 正在设计引物用于验证其是否致病。此外, 我们观察到 HS 患者的 EMA 的升高的程度与红细胞膜蛋白突变基因类型无明显相关性; 无论是轻型和中间型患者还是重型患者中 SPTB 突变的比例都最高。

结论 本研究揭示了中国 HS 患者中 SPTB 和 ANK1 基因突变的高频率, 并指出突变类型主要为无义突变和移码突变。此外, 我们发现不同 HS 相关基因突变与 HS 的严重程度之间没有明显的相关性。这些发现为 HS 的分子诊断和治疗提供了重要的遗传学信息, 并可能有助于未来的遗传咨询和生育指导。

PO-0086

糖尿病患者伴发贫血与非伴发贫血 HbA1c 水平的比较

袁振

宁夏医科大学, 上海市浦东新区公利医院研究生培养基地

目的 糖尿病是一种慢性、以异常高血糖为特征的疾病, 人体不能从碳水化合物、脂肪和蛋白质中充分获益, 从而引发机体代谢紊乱, 这主要由于胰岛素缺乏或胰岛素抵抗, 需要持续的降糖药物与胰岛素管理血糖, 空腹血糖和糖化血红蛋白, 作为糖尿病患者血糖控制的主要指标之一。糖化血红蛋白 (HbA1c) 是一种糖基化蛋白, 可以显示糖尿病患者最近 2-3 个月的血糖状态, 由于红细胞平均寿命为 120 天, 它是最常用的判断糖尿病的严重程度和慢性并发症的指标之一。糖化血红蛋白的计算方法为糖化血红蛋白与总血红蛋白的比值百分比。糖化血红蛋白受年龄、种族、遗传因素、血液系统疾病和许多其他疾病的影响。既往研究表明, 溶血性贫血、血红蛋白病、慢性肝炎、慢性肾病等疾病会影响 HbA1c 水平。考虑到贫血也是目前很常见的血液疾病, 糖尿病伴发贫血的患者中与非伴发贫血的 HbA1c 之间的水平引起了人们的好奇。本研究的目的是探讨糖尿病患者伴发贫血与非伴发贫血的 HbA1c 水平差异有何不同, 是否有统计学意义。

方法 我们研究对糖尿病患者伴发贫血与 HbA1c 水平的关系进行了调查。1. 研究对象包括 18 岁及以上的患者, 根据糖尿病患者是否伴发贫血分 4 组, 每组的贫血范围, HbA1c 水平范围不同。2. 研究还收集了患者的年龄、性别、贫血状况、血红蛋白水平、红细胞计数、平均红细胞体积、平均红细胞血红蛋白浓度、红细胞沉降率等红细胞相关数据。3. 研究采用多元线性回归分析, 探讨了贫血

状况、HbA1c 水平、年龄、性别、血红蛋白水平、红细胞计数、平均红细胞体积、平均红细胞血红蛋白浓度、红细胞沉降率等因素之间的关系。

结果 我们的研究表明，糖尿病患者中贫血和非贫血患者的 HbA1c 水平存在显著差异。贫血伴发糖尿病患者的 HbA1c 水平显著高于非贫血患者。此外，我们还发现，随着 HbA1c 水平的升高，贫血患者的比例也相应增加。这种作用呈现相互增强的局面，因此，在评估糖尿病患者的 HbA1c 水平时，应考虑患者的是否具有贫血的状况。

结论 糖尿病和贫血是非常常见的健康问题，HbA1c 水平是糖尿病患者血糖控制的重要指标，贫血等血液疾病可能影响 HbA1c 水平。过去的方法主要依赖于实验室检测，但存在检测误差和个体差异等问题。通过收集数年间在医院进行 HbA1c 检测的糖尿病患者的数据，将患者分为贫血和非贫血两组，贫血患者又分为轻度贫血，中度贫血，重度贫血组，比较四组患者的 HbA1c 水平。完成了对糖尿病患者伴发贫血与 HbA1c 水平关系的研究，发现贫血患者的 HbA1c 水平显著高于非贫血患者，重度贫血的患者 HbA1c 的水平显著高于轻度贫血患者，提示在评估糖尿病患者的 HbA1c 水平时，应考虑患者的贫血状况。及贫血严重程度的分级，并根据患者贫血状况进行补血处理。

PO-0087

PNH 合并骨髓增生异常综合征一例

戴钰婷、孙京男、杨岩、谭业辉、高素君
吉林大学第一医院

目的 PNH 并发骨髓增生异常综合征-EB2 较为少见，提高对疾病转化的认知

方法 回顾性分析一名 33 岁 PNH 患者发病时骨髓存在病态造血，4 年后骨髓提示 MDS-EB2 的临床特征

结果 33 岁男性，4 年前因乏力、尿色加深入院。就诊时 HGB 83g/L, WBC、PLT 正常，肝功胆红素正常，LDH 2129，网织红细胞百分比 12%，绝对值 $0.15 \times 10^{12}/L$ ，粒细胞 PNH 克隆 99%，骨髓涂片可见粒系病态 19%，原粒 0.8%，原单+幼单 2%，血片原粒 1%。免疫分型 0.69%异常髓系原始细胞。染色体：46, XY, +8[3]/46, XY, [17]。基因突变筛查均为阴性。考虑 PNH 诊断明确，同时骨髓粒系病态改变，行规律激素、输血治疗，疗效不佳，白细胞逐渐下降，贫血加重，于 2024.1 月规律使用依库珠单抗，LDH 及网织红细胞百分比均有所下降，发病期间监测 PNH 粒细胞克隆均为 99%。治疗 3 个月复查骨髓涂片粒系病态 30%，原粒 2%，血片原粒 11%，免疫分型 4.54%髓系原始细胞。染色体：46, XY[20]。基因突变筛查均为阴性。目前诊断 PNH, MDS-EB2，给予【VA】方案化疗 1 周，并继续规律使用依库珠单抗，拟行异基因造血干细胞移植。

结论 患者明确诊断时骨髓存在原始细胞及病态造血，PNH 克隆持续 90%，但不足以诊断 MDS，4 年后骨髓涂片及免疫分型均提示存在原始细胞，符合 MDS-EB2，提示发生克隆衍变。PNH 合并 MDS-EB2 十分少见，因此在治疗过程中，需密切监测骨穿及基因突变，警惕疾病发生转化。

PO-0088

国内依库珠单抗治疗阵发性睡眠性血红蛋白尿患者的真实世界研究

李赫¹、于欣枚¹、邱娟¹、许芳²、刘宜平²、刘志刚¹、贾蕾¹、何川¹

1. 四川大学华西医院
2. 绵阳市中心医院

目的 观察我国使用依库珠单抗治疗阵发性睡眠性血红蛋白尿（paroxysmal nocturnal hemoglobinuria, PNH）的真实世界有效性和安全性。

方法 收集 2024 年 1 月至今于华西血液联盟使用依库珠单抗治疗患者的基线、治疗前后症状、实验室检查和不良反应。

结果 共纳入 12 例 PNH 患者，男性 5 人，女性 7 人，中位年龄 37 岁。合并再生障碍性贫血患者 3 例，输血依赖患者 7 例，血栓栓塞病史 2 例，慢性肾功能不全 4 例。月平均收入 5000 元以下占 72.7%。患者用药前中位血红蛋白（Hb）53.5 g/L，网织红细胞 12.21%，乳酸脱氢酶（LDH）水平 2146 IU/L。中位中性粒细胞 CD55 阴性和 CD59 阴性比例分别为 96.8%和 93.8%，红细胞 CD55 阴性和 CD59 阴性比例分别为 42.4%和 43.5%。中位粒细胞 FLARE 阴性百分率 95.3%，单核细胞 FLARE 阴性百分率 91.2%。C5 R885H 基因突变患者 0 例。中位用药时间 14 周。用药 4 周后中位 Hb 71g/L，网织红细胞 7.61%，LDH 504 IU/L；用药 8 周后中位 Hb 80.5g/L，网织红细胞 9.55%，LDH 275 IU/L。8 周后脱离输血 5 例，输血频率减少 2 例，肌酐水平下降 2 例。末次随访胆红素较最低值轻度升高患者比例 85.7%。用药后 Coombs C3 阳性患者占 83.3%。治疗期间轻度不良事件为呼吸道感染 1 例，头痛 2 例。严重不良事件为可疑颅内感染 1 例。无新发血栓事件发生。

结论 依库珠单抗对 PNH 患者贫血及溶血相关症状有较好的控制作用，安全性较好。纳入医保后，对国内 PNH 患者适用性可。

PO-0089

艾曲波帕治疗儿童难治性非严重再生障碍性贫血： 一项回顾性研究

马洁、王瑞欣

首都医科大学附属北京儿童医院

目的 EPAG 治疗 AA 的研究主要集中在成年患者，尤其是 SAA 患者，而 EPAG 在 IST 治疗无效的情况下对 NSAA 儿童患者的疗效仍不清楚。因此，我们进行了一项回顾性研究，探讨 EPAG 对难治性/复发性 NSAA 儿童的疗效和安全性。

方法 我们对 2021 年 1 月至 2023 年 3 月诊断为 NSAA 且免疫抑制治疗 (IST) 难治的 18 岁以下患者进行了回顾性研究。患者接受 EPAG 联合或不联合 IST 治疗。主要结局为 EPAG 治疗开始后 3 个月的总体缓解（OR），包括部分缓解和完全缓解（PR+CR），旨在探讨 EPAG 对儿科 NSAA 患者的疗效和安全性。此外，在 EPAG 处理后研究了克隆进化和 PNH 克隆。

结果 九名患者参加了这项研究，并在三个月后接受了评估。三个月时的 OR 为 55.6%，其中 5 名患者达到 PR，无一人达到 CR。66.7%的患者在 EPAG 治疗期间出现不良反应，所有不良反应均为 1 级且可逆。EPAG 治疗后未观察到克隆细胞遗传学进化，并且骨髓候选基因体细胞突变的变异等位基因频率增加，但长期影响需要进一步探索。

结论 NSAA 儿童患者给予 EPAG 耐受性良好，并在一定程度上表现出令人满意的血液学反应。

PO-0090

A pilot study of orelabrutinib treatment in three cases of refractory/relapsed autoimmune haemolytic anemia/Evans syndrome

Hui Liu, Kai Ding, Wei Zhang, Limin Xing, Yihao Wang, Huaquan Wang, Jia Song, Lijuan Li, Rong Fu
Department of Hematology, Tianjin Medical University General Hospital

Currently, there is no effective treatment for refractory/relapsed autoimmune haemolytic anemia, associated with poor quality of life. Bruton tyrosine kinase inhibitors have begun to be used in some autoimmune diseases. We initiated the clinical trial of orelabrutinib treatment on R/R AIHA/Evans syndrome, which is in progress. The preliminary results showed that nine of the 12 enrolled patients responded to orelabrutinib treatment. Here, we reported 3 cases who have completed the treatment and were followed up for 6 months, achieving complete or partial remission. Orelabrutinib is expected to become a new second-line treatment for R/R AIHA/Evans syndrome.

PO-0091

CCL20 细胞因子经 SLC7A11/GLC/GPX4 通路促 AML 细胞柔红霉素耐药

陈志刚、谢雨彤、高蕾
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 评价 M2 型肿瘤相关巨噬细胞 (TAM) 分泌因子 CCL20 促急性髓系白血病 (AML) 细胞柔红霉素 (DNR) 耐药作用, 并深入探究 CCL20 激活 SLC7A11/GLC/GPX4 通路抑制 DNR 诱导的铁代谢紊乱及铁死亡的分子机制。

方法 采用原代 AML 细胞增殖实验评价 M2 型肿瘤相关巨噬细胞 (TAM) 分泌因子 CCL20 促 AML 细胞柔红霉素耐药作用。流式细胞仪测定 ROS、脂质过氧化, 测定亚铁离子水平及观察线粒体形态等方法检测铁死亡。用免疫印迹法检测铁稳态相关因子。通过 CRISP/Cas9 基因敲除技术、荧光探针染色和流式细胞术检测各浓度下 DNR 诱导的 SLC7A11/GPX4 轴的下调对铁死亡的促进作用, 同时测定 CCL20 对 DNR 诱导的铁死亡的抑制作用。

结果 DNR 对原代 AML 细胞及 AML 细胞系均具有细胞毒性作用, 其作用可被铁死亡抑制剂 (Fer-1、DFO) 所逆转。同时, 我们证实 DNR 增加 ACSL4、PTGS2 蛋白的表达, 抑制 SLC7A11、GCL 及 GPX4 的蛋白活性, 使 AML 细胞铁死亡敏感性升高。DNR 下调 IRP2 的总蛋白及其入核水平, 导致 FTH1 上调, TFR1 下调。此外, HO-1 蛋白的大幅上调在 DNR 诱导 HL-60 死亡过程中发挥负面作用, 促进铁死亡的发生。进一步, M2 型肿瘤相关巨噬细胞 (TAM) 分泌因子 CCL20 可抑制 DNR 诱导的 AML 细胞铁死亡发生。CCL20 可降低 DNR 诱导的 HO-1 升高, 进而逆转不同浓度下 DNR 诱导的亚铁离子水平升高, 同时逆转 DNR 引发的 SLC7A11/GPX4 轴的下调。

结论 本研究首次报道了 M2 型肿瘤相关巨噬细胞 (TAM) 分泌因子 CCL20 通过铁代谢途径促 AML 细胞 DNR 耐药作用, 进一步为 M2 型肿瘤相关巨噬细胞乃至肿瘤微环境促进 AML 细胞耐药提供理论依据。

PO-0092

护理干预对急性早幼粒细胞白血病患者生存质量的影响分析

陈新红

郑州大学第一附属医院

目的 探究护理干预对急性早幼粒细胞白血病患者生存质量的影响。

方法 选取我院 2020 年 4 月~2022 年 4 月期间接诊的 82 例急性早幼粒细胞白血病患者开展研究，随机抽签法分为对照组（予以常规护理干预）、观察组（予以护理干预），各 41 例，对比干预效果，包括不良情绪、癌因疲乏感、应对方式、希望水平、生存质量及护理满意度。

结果 干预后，观察组 SDS 评分、SAS 评分及 PFS 评分较对照组低（ $P<0.05$ ）；观察组 HHI 评分较对照组高（ $P<0.05$ ）；观察组屈服评分、回避评分低于对照组，面对评分高于对照组（ $P<0.05$ ）；观察组 FACT-G 评分较对照组高（ $P<0.05$ ）；观察组护理满意度 95.12%较对照组 78.05%高（ $P<0.05$ ）。

结论 护理干预较常规护理的效果较优，利于减轻患者不良情绪及癌因疲乏感，提高希望水平，进而增加积极应对方式，优化生存质量，提高护理满意度。

PO-0093

Impact of tocilizumab on anti-CD19 CAR T- cell therapy in B-cell acute lymphoblastic leukemia

xiangmin wang,Wei Sang

The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

Objective Tocilizumab was commonly used for the management of CAR T-cell therapy associated cytokine release syndrome (CRS). However, it remains unknown whether tocilizumab or its dosage will affect efficacy and safety of CAR T-cell therapy.

Methods We enrolled 93 relapsed/refractory B-ALL patients with anti-CD19 CAR T cells from May 2016 to November 2022. Forty-five patients received tocilizumab (tocilizumab group), with a median cumulative dose of 480 mg, while 48 patients did not receive tocilizumab (non-tocilizumab group). Thirteen patients received >1 dose of tocilizumab. The primary endpoint was the effect of tocilizumab on the efficacy and safety of CAR T cells. In addition, proliferation, killing and cytokine assays of anti-CD19 CAR T cells were performed in vitro in the absence or presence of tocilizumab.

Results Of 45 patients in the tocilizumab group, 42 (93.3%) achieved CR, which was comparable to 91.7% of patients in the non-tocilizumab group. Patients in the tocilizumab group showed similar OS and EFS compared with the non-tocilizumab group. Compared with patients who received ≤ 1 dose of tocilizumab, using >1 dose of tocilizumab did not affect their CR rate, OS and EFS. Up to 75% of immune effector cell-associated neurotoxicity syndrome (ICANS) and 87.5% of \geq grade 3 ICANS occurred in the tocilizumab group. Additionally, most patients experienced a transient rise of IL-6 after receiving tocilizumab. In vitro, tocilizumab did not impair the proliferation and killing effects of anti-CD19 CAR T cells.

Conclusion The use of tocilizumab does not affect the efficacy of CAR T cells but may increase the likelihood of ICANS.

PO-0094

The clinical efficacy of daratumumab-based regimen in relapsed/refractory acute leukemia-a single center retrospective study

Yi Dai, Lin Luo, Zhenbin Wei, Peng Cheng, Jun Luo, Jing Li
广西医科大学第一附属医院

Objective Relapsed/refractory acute leukemia (R/R-AL) has a low rate of re-induction of remission. It has a short survival and a poor prognosis. The treatment of R/R-AL remains challenging, with no standardized effective regimen. Hence, it is essential to find efficient therapy to improve prognosis. Expression of CD38 has been observed in acute myeloid leukemia (AML) and acute lymphoblastic leukemia (ALL). Daratumumab (Dara) is a fully humanised anti-CD38 monoclonal antibody, which has been approved for the treatment of multiple myeloma (MM). A few literature has reported on the effectiveness and safety of Dara in the treatment of R/R-AL. We assessed the efficacy of daratumumab-based regimen for R/R-AL in clinical practice.

Methods We collected 10 adult R/R-AL patients treated with Dara-based salvage regimen from July 2018 to May 2023 in our center. The clinical data of these 10 patients were analyzed retrospectively.

Results Seven AML cases and three ALL cases were included in the analysis. The median age was 39 years, and the median line of prior treatments was two. One patient relapsed after allogeneic stem cell transplantation (ASCT). Seven (70%) patients showed an overall response [complete response (CR), 60%; partial response (PR), 10%]. In particular, among the five patients with R/R AML who had prior exposure to venetoclax, three achieved a therapeutic response (2 CR, 1 PR) when re-treated with Venetoclax in combination with the Dara regimen. Of the seven responders, three underwent ASCT, including one patient who received a second ASCT. The median follow-up time was 6.15 months (range 0.9 to 21 months). Overall survival (OS) and event-free survival (EFS) rate at 21 months were 68.6% and 40.0%, respectively. The main adverse events (AEs) included grade ≥ 3 febrile neutropenia (20%) and grade ≥ 3 hematologic toxicities (60%). No induction-related death events occurred in this study. Univariate analysis did not show a relationship between CD38 expression level and efficacy.

Conclusion Dara-based salvage regimen offers patients with R/R AL the opportunity to go into remission again with acceptable tolerability, creating the possibility of bridging ASCT. The combination of Venetoclax and Dara may still provide therapeutic benefit to R/R AML patients who have been exposed to Venetoclax. To the best of our knowledge, this is the study with the largest sample involving the application of Dara in R/R-AML.

PO-0095

急性髓系白血病粒缺伴发热的诊治

胡刚
襄阳市中心医院

目的 对于急性髓系白血病粒缺伴发热的患者，在于控制体温，预防感染，同时保护重要脏器功能，提高患者生活质量。

方法 1. 经验性抗感染治疗：根据常见病原菌选择相应的抗生素。

2. 糖皮质激素：用于控制体温及抗炎治疗。

3. 支持治疗：如纠正水电解质失衡、保护胃黏膜、成分血输注、升白细胞等。

4. 个体化治疗：针对不同病因采取相应措施，如抗肿瘤治疗、免疫调节等。通过药敏试验选择敏感的抗生素治疗。

结果 因患者个体差异而异，部分患者可能因无法耐受强烈的化疗方案而影响预后。因此，治疗策略需根据患者的具体情况制定，以期达到最佳的治疗效果。

结论 急性髓系白血病粒缺伴发热的治疗需综合考虑患者的具体情况，采取个体化的治疗方案。在控制体温的同时，还需预防感染、保护重要脏器功能，以提高患者的生活质量和预后。未来的研究方向可能包括开发更有效的抗感染药物、探索新型抗炎策略，以及深入探索白血病发热的机制，以期为患者提供更为精准和高效的治疗。

PO-0096

How Induction Cycles before Remission Influence Long-Term Survival in Acute Myeloid Leukemia

feng zhu^{1,2}, Nianci Chen^{1,3,4}, Yile Zhou^{1,3,4}, Yi Zhang^{1,3,4}, Wanzhuo Xie^{1,3,4,5}, Haitao Meng^{1,3,4,5}, Wenjuan Yu^{1,3,4,5}, Jian Huang^{1,3,4,5}, Wenyuan Mai^{1,3,4}, Liping Mao^{1,3,4}, Chunmei Yang^{1,3,4}, Juying Wei^{1,3,4}, Yinjun Lou^{1,3,4}, Min Yang^{1,3,4}, Jiejing Qian^{1,3,4}, Gaixiang Xu^{1,3,4}, De Zhou^{1,3,4}, Liya Ma^{1,3,4}, Xingnong Ye^{1,3,4}, Yanling Ren^{1,3,4}, Hongyan Tong^{1,3,4,5}, Huafeng Wang^{1,3,4,5}, Jie Jin^{1,3,4,5}

1. Department of Hematology, the First Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine, Hangzhou, China
2. Zhoushan Hospital
3. Zhejiang Provincial Key Lab of Hematopoietic Malignancy, Zhejiang University, Hangzhou, China
4. Zhejiang Provincial Clinical Research Center for Hematological disorders, Hangzhou, China
5. Zhejiang University Cancer Center, Hangzhou, China

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is an aggressive hematologic malignancy characterized by accumulation and expansion of immature myeloid cells in the bone marrow, peripheral blood and other tissues. Despite the progress made in mechanisms and approval of new therapeutics, the clinical outcome of AML remains suboptimal. The achievement of complete remission (CR) after induction chemotherapy is critical because the prognosis of refractory AML was especially unfavorable. However, little is known about the association between remission after first induction therapy and the overall survival (OS) in different subgroups of AML.

Methods We retrospectively analyzed patients with newly diagnosed AML from January 2019 to August 2022. The diagnosis and treatment strategies were based on European Leukemia Net (ELN) criteria and National Comprehensive Cancer Network (NCCN) guideline. Composite complete remission (CRc) rate (CR+CR with incomplete recovery [CRi]) were assessed at the completion of induction or re-induction therapy. Minimal residual disease (MRD) was assessed using multiparameter flow cytometry with a minimum sensitivity of 0.1%. OS was measured from the day of diagnosis until death or the last follow-up date.

Results In total, 679 patients were included and the median age was 59.0 (range, 14.0–93.0) years old. There were 56.8% (386/679) of patients who achieved CRc after the induction therapy (group A), 18.1% (123/679) achieved CRc after the re-induction therapy (group B). The median follow-up period was 24.2 months. Even though there was no significant difference between group A and group B on OS, group A exhibited improved OS when censored at allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) compared to that in group B (group A vs group B: 3-year OS rates 65.7% vs 51.1%, $p=0.004$). We further explored the effects of remission depth on survival. The results showed that, after induction therapy, patients achieved CR exhibited superior OS compared

with that in CRi (CR vs. CRi, 3-year OS rates 69.4% vs 51.6%, $p=0.006$). Also, compared with these patients who failed to achieved MRD negativity within re-induction therapy, patients achieved MRD negativity within re-induction therapy showed superior OS when censored at HSCT (MRD- vs. MRD+, 3-year OS rates 64.7% vs 34.9%, $p=0.040$). After the 1st reduction therapy, patients achieved CRc but MRD positive benefit from HSCT (HSCT vs Non-HSCT, 3-year rates 83.0% vs 57.9%, $p=0.017$), but in patients with MRD negativity, HSCT did not improve the survival outcomes (HSCT vs Non-HSCT, 3-year rates 76.8% vs 65.7%, $p=0.078$). The next-generation sequencing (NGS) results were available in 520 patients. Based on the 2022 ELN risk stratification, the 3-year OS rates were 60.3%, 44.2% and 35.0% in favorable, intermediate and adverse group respectively. Moreover, there were 43, 47, 60 patients in favorable, intermediate, and adverse subgroups underwent HSCT subsequently. In intermediate risk subgroup, patients who failed to achieve CRc after the first induction therapy, HSCT may serve as an effective intervention to prolong survival (3-year rates 100% vs 12.1%, $P<0.001$). On the contrary, patients who achieved CRc in induction therapy, the overall survival were not influenced by HSCT status (3-year rates 81.5% vs 31.7%, $p=0.153$).

Conclusion Our finding indicated that remission after the 1st cycle of induction therapy may be a prognostic factor for OS. Moreover, earlier and deeper remission may lead to improved survival. For those patients in intermediate risk group, who achieved CRc in induction therapy or achieved CRc with MRD negativity within re-induction therapy, HSCT may not influence the survival outcome.

PO-0097

急性髓系白血病首疗程疗效预测模型的构建和评价

竺枫^{1,5}、陈念慈^{1,2,4}、周一乐^{1,2,4}、张仪^{1,2,4}、黄健^{1,2,3,4}、谢万灼^{1,2,3,4}、孟海涛^{1,2,3,4}、俞文娟^{1,2,3,4}、毛莉萍^{1,2,4}、麦文渊^{1,2,4}、杨春梅^{1,2,4}、韦菊英^{1,2,4}、娄引军^{1,2,4}、杨敏^{1,2,4}、钱劫靖^{1,2,4}、许改香^{1,2,4}、周德^{1,2,4}、马丽亚^{1,2,4}、叶杏浓^{1,2,4}、任艳玲^{1,2,4}、王华锋^{1,2,3,4}、佟红艳^{1,2,3,4}、金洁^{1,2,3,4}

1. 浙江大学医学院附属第一医院血液科
2. 浙江省血液肿瘤(诊治)重点实验室
3. 浙江大学癌症中心
4. 浙江省血液病临床医学研究中心
5. 浙江省舟山医院

目的 急性髓系白血病是一组侵袭性、异质性的恶性疾病，尽管近 10 年来随着新药研发的增多，但目前国际上各个中心报道的成人 AML 长期生存并没有明显得到改善。我们之前的研究显示首疗程获得完全缓解的患者能获得较好的长生存，但因为 AML 的异质性，目前不同中心报道的不同方案的首疗程缓解率仍存在很大区别，为了探索首疗程缓解的相关因素并更好的指导临床治疗，我们回顾性分析了 2019 年至 2023 年在我们中心治疗的新诊断的 AML 患者的临床资料，本研究旨在探讨首疗程缓解的相关因素、构建预测模型，并评价其有效性。

方法 搜集 2019 年 1 月 1 日至 2023 年 4 月 30 日在本中心收治的 749 例初诊急性髓系白血病患者临床资料，按照 3:1 比例根据发病时间将患者分割为训练集和验证集，筛选和首疗程相关的变量，并建立预测模型。以首疗程是否达到 CRc 为因变量，筛选变量为自变量，进行单因素和多因素 logistic 回归，确定最终有意义的预测因素。通过绘制预测模型的 ROC 曲线，计算训练集和验证集曲线下面积 AUC 及其 95%CI，评价模型的区分能力。通过绘制预测概率与实际概率的校正曲线，并采用 Hosmer-Lemeshow 检验，评价模型预测能力的一致性。在多因素 logistic 回归分析结果的基础上，绘制预测模型列线图。

结果 预测首疗程缓解的指标有：发病年龄，发病时外周血白细胞计数，血红蛋白计数，骨髓原始细胞比例，RUNX1::RUNX1T1 融合基因、CBF::MYH11 融合基因，CEBPA bZIP 区突变，具有

MDS 相关的基因突变，诱导化疗方案选择；且以上指标均为首疗程缓解的独立因素。该模型在训练集和验证集曲线下面积为 0.740（95%CI 0.699-0.781）和 0.732（95%CI: 0.656-0.807），Hosmer-Lemeshow 检验结果显示 P 值分别为 0.673 和 0.358。

结论 本研究预测模型能很好预测首疗程疗效，为临床医生选择诱导方案提供依据。

PO-0098

达沙替尼联合芦可替尼治疗合并 JAK2 V617F 阳性的骨髓纤维化和进展期慢性粒细胞白血病患者：一例个案报道

竺枫、邱雷
浙江省舟山医院

目的 慢性粒细胞白血病是骨髓造血干细胞克隆性增殖形成的恶性肿瘤，特征性基因为 BCR 和 ABL1 基因重排，而 BCR/ABL1 融合基因在其他骨髓增殖性疾病包括骨髓纤维化等是排除性诊断，后者表现为合并有 JAK2 V617F 基因突变，目前临床上报道同时有 BCR/ABL1 融合基因和 JAK2 V617F 突变的很少，且缺乏规范化治疗方案。

方法 我们诊治 1 例患者，表现为脾大、血细胞增多，诊断为骨髓纤维化，给予芦可替尼治疗，后续脾大反复，根据融合基因诊断为慢性粒细胞白血病加速期。

结果 我们给予流式分选的方法，将患者的骨髓细胞分为 4 群，分别为原始细胞，中性粒细胞，单核细胞、嗜碱细胞，4 群细胞中 JAK2 V617F 大致相仿，但 BCR/ABL1 融合基因具有很大差异。后续给予芦可替尼联合达沙替尼，6 个月后 BCR/ABL1 定量降至 0.422%。

结论 该患者的流式分选结果提示两种基因来自不同克隆的细胞，而我们给予达沙替尼联合芦可替尼的治疗方案是安全有效的。

PO-0099

Construction and evaluation of a prognostic model for patients with acute myeloid leukemia

feng zhu^{1,5}, Nianci Chen^{1,2,3}, Yile Zhou^{1,3,4}, Yi Zhang^{1,2,3}, Wanzhuo Xie^{1,2,3}, Jian Huang^{1,2,3,4}, Haitao Meng^{1,2,3,4}, Wenjuan Yu^{1,2,3,4}, Liping Mao^{1,2,3}, Wenyuan Mai^{1,2,3}, Chunmei Yang^{1,2,3}, Juying Wei^{1,2,3}, Min Yang^{1,2,3}, Jiejing Qian^{1,2,3}, Gaixiang Xu^{1,2,3}, De Zhou^{1,2,3}, Liya Ma^{1,2,3}, Xingnong Ye^{1,2,3}, Yanling Ren^{1,2,3}, Hongyan Tong^{1,2,3,4}, Huafeng Wang^{1,2,3,4}, Jie Jin^{1,2,3,4}

1. Department of Hematology, the First Affiliated Hospital, Zhejiang
2. Zhejiang Provincial Key Lab of Hematopoietic Malignancy, Zhejiang University
3. Zhejiang Provincial Clinical Research Center for Hematological disorders
4. Zhejiang University Cancer Center
5. Zhoushan Hospital

Objective Acute myeloid leukaemia is aggressive and heterogeneous. Although remission and survival rates in adults with AML have improved with advances in drug development, the overall prognosis remains poor, with a 5-year survival rate of <30%. The European Leukemianet (ELN) 2022 guidelines⁵ classify patients with AML into three groups based on the presence of gene fusions, genetic mutations, and cytogenetic abnormalities. Other patient characteristics, such as age at onset, chemotherapy sensitivity, and relevant biochemical indicators, are excluded. To comprehensively explore prognostic factors in patients with AML and better guide clinical treatment, we retrospectively analysed clinical data from patients newly diagnosed with AML treated at our centre to determine prognostic factors, construct a prognostic model, and evaluate its effectiveness.

Methods Clinical data from 718 patients with newly diagnosed AML treated at our centre from 1st January 2019 to 30th April 2023 were collected, randomly divided into training and validation sets. Univariate and multivariate Cox regression analyses were performed to assess the effects of these parameters on overall survival. The performance of the model was evaluated via discrimination assessment and calibration. Discrimination was assessed based on Harrell's concordance index (C-index) and the area under the time-dependent receiver operating characteristic (ROC) curve. The coefficients of model variables in the Cox regression analysis were summed to generate patient risk scores. Patients were classified into low-, intermediate-, and high-risk groups based on the tertiles (33.3% and 66.7%) of the risk score in the training set.

Results We found that, during the first course of treatment, age and lactate dehydrogenase level at onset; CBFB::MYH11 fusions; KMT2A rearrangements; TP53, DNMT3A, and RUNX1 mutations; and the achievement of composite complete remission independently affected patient survival. Harrell's concordance indices for the training and validation sets were 0.748 (95% CI: 0.713–0.783) and 0.825 (95% CI: 0.774–0.876), respectively, with 1-, 2-, and 3-year areas under the receiver operating characteristic curve of 0.794, 0.757, 0.764 and 0.906, 0.839, 0.870, respectively. We identified the populations that could benefit from haematopoietic stem cell transplantation by stratifying them into low-, intermediate-, and high-risk groups based on the model scores. The three-group survival-curve stratification performed better than the existing European Leukemianet 2022 stratification.

Conclusion Our model showed good discrimination ability and has potential for use in patients with AML receiving combination therapy with targeted BCL-2 inhibitors.

PO-0100

中国急性髓系白血病患者中 NPM1 突变类型的分布情况

杨敏、陈龙

天津见康华美医学诊断技术有限公司

目的 NPM1 基因突变是急性髓系白血病 (AML) 中常见的重现性遗传学异常, 22 版造血与淋巴系统 WHO 将 NPM1 突变作为诊断 AML 伴 NPM1 突变亚型的标志物, 且不需要考虑髓系原始细胞比例。本研究分析 NPM1 突变在中国 AML 患者中的检出情况, 探讨 AML 患者 NPM1 突变类型的分布特点, 为 AML 伴 NPM1 突变亚型更为精细的诊断分型和 NPM1 的个性化检测提供参考依据。

方法 采用 Sanger 测序法检测 2015 年至 2021 年送检至本实验室诊断为 AML 的患者的 NPM1 Exon11, 回顾性分析 1427 例 AML 伴 NPM1 基因突变的突变类型, 统计各个类型的占比。

结果 在 1427 例 AML 伴 NPM1 基因突变的患者中, 男性 668 例 (46.81%), 女性 753 例 (52.77%), 性别未知者 6 例 (0.42%), 女性占比高于男性。NPM1 突变类型共 45 种, 其中 9 种类型占比较高, 分别为 A 型 (c.860_863dupTCTG) 突变有 1132 例 (79.33%), B 型 (c.863_864insCATG) 突变有 101 例 (7.08%), D 型 (c.863_864insCCTG) 突变有 86 例 (6.03%), I 型 (863_864insCTTG) 突变有 16 例 (1.12%), J 型 (c.863_864insCCGG) 突变有 13 例 (0.91%), N 型 (c.863_864insTCGG) 突变有 11 例 (0.77%), K 型 (c.863_864insCCAG) 突变有 9 例 (0.63%), L 型 (c.863_864insTTTG) 突变有 9 例 (0.63%), ZM 型 (c.863_864insCAGA) 突变有 7 例 (0.49%), 这 9 种突变类型共占比 NPM1 突变的 96.99%。其余的 36 种基因突变类型中每种类型出现的例数仅有 1-2 例, 在这 36 种不常见的类型中有 30 种类型目前没有明确的命名, 为首次报道。

结论 本研究共发现 NPM1 基因突变类型 45 种, 其中 A、B 和 D 型最为常见, 与之前报道一致, 常见的前 9 种突变类型占有 NPM1 突变的 95% 以上, 并发现了 30 种新的 NPM1 亚型, 这为 NPM1 突变类型的个性化检测提供了一定的参考依据。

PO-0101

SENP7 is a novel poor prognostic biomarker of acute myeloid leukemia and its depletion ameliorates leukemia progression

Xiangtao Huang, Shuangnian Xu
Southwest Hospital, Third Military Medical University (Army Medical University)

Objective SUMO specific proteinase 7 (SENP7) has recently been implicated in various health and disease status, but its role in leukemia is unknown. We therefore sought to investigate whether SENP7 plays a role in acute myeloid leukemia (AML) or not.

Methods The relationship between SENP7 expression level and AML patients' survival was evaluated by Kaplan-Meier analysis. Cell proliferation and clone ability were assessed by CCK-8 and CFU assay, respectively. Cell cycle and apoptosis were evaluated via flow cytometry. RNA-seq and Q300 metabonomics analysis were used to explore the underlying mechanism of SENP7 in AML. Additionally, xenograft mouse models were used to investigate the effect of SENP7 in AML progression in vivo. Furthermore, small molecular inhibitors targeting SENP7 was screened by in silico screening.

Results SENP7 high expression is an independent poor prognostic biomarker of AML patients. Depletion of SENP7 suppressed AML cell proliferation and induced cell cycle arrested in G1 phase. Consistently, xenograft mouse models result demonstrated that SENP7 depletion ameliorated leukemia progression in vivo. Mechanistically, RNA-seq data showed that SENP7 depletion was significantly associated with multiple metabolic pathways, and Q300 metabonomics analysis showed that several metabolites with anti-leukemia effects were obviously upregulated. Additionally, 59 small molecule compounds and 15 natural products docking to SENP7 were obtained by in silico screening, and T3795, 8014-7923, K204-0044, 0120-0018 were verified with obvious anti-leukemia effects.

Conclusion The data indicated that SENP7 is a novel prognostic factor and molecular regulator in the progression of AML and a promising therapeutic target for AML patients.

PO-0102

High CD36 Expression Is Associated with Adverse Prognosis in Patients with de novo Acute Myeloid Leukemia

Xiangtao Huang, Yaqun Ding, Shuangnian Xu
Southwest Hospital, Third Military Medical University (Army Medical University)

Objective Acute myeloid leukemia is a heterogeneous malignant hematological disease with poor prognosis, timely diagnosis and therapy are great importance. An increased understanding of immunophenotyping findings provide valuable information to establish the AML diagnosis, CD36 is considered as a prognostic factor for newly diagnosed AML, which also expressed in myeloblasts. However, there needs more analysis to get an authentic consensus for CD36, so we investigate its prognostic significance.

Methods The expression of CD36 in bone marrow samples of de novo AML were detected by RT-PCR. Patients were divided into CD36-High and CD36-Low groups by software X-Tile at the relative expression of 3.7.

Results CD36-High was observed in 64.66% of de novo AML patients, which had a worse overall survival (OS, $p=0.017$) and event-free survival (EFS, $p=0.048$). A poor cytogenetic risk group was

associated with inferior OS ($p < 0.001$) and EFS ($p < 0.001$), complete remission (CR) rate was higher in CD36-Low group ($p = 0.037$). Excluding the influences of M3 and MDS, the prognosis of OS in patients with de novo non-M3 and non-secondary AML get consistent results ($p = 0.017$). For adults, the Kaplan-Meier curve manifest that CD36 could affect the OS and EFS ($p = 0.008$, $p = 0.019$).

Conclusion Our research testified that high CD36 expression related to adverse outcomes in de novo AML patients, suggesting that CD36 might be therapeutic target for stratified de novo AML patients.

PO-0103

Therapeutic experience with larotrectinib in acute myeloid leukemia with ETV6::NTRK3 fusion

JING LI, LI ZHOU, WENQINAG XIE, ZHONGYUAN TANG, JUN LUO
第一附属医院

Objective NTRK fusions are dominant oncogenic drivers found across a range of solid malignancies. In acute myeloid leukemia (AML), NTRK fusion gene occurs in less than 1% of cases. So, the role of NTRK fusion in AML is poorly understood and there is also very little therapeutic experience with the AML harboring this fusion gene.

Methods The therapeutic experience with larotrectinib in an AML case with ETV6::NTRK3 gene was retrospectively reported.

Results An AML-M patient with two ETV6::NTRK3 fusion gene transcripts who achieved CR with the addition of larotrectinib after failure of induction with a classical HAV regimen (homoharringtonine $1\text{mg}/\text{m}^2$ d1-7, azacytidine $75\text{mg}/\text{m}^2$ d1-7, venetoclax 100mg d1, 200mg d2, 400mg d3-28), which successfully bridged to allogeneic haematopoietic stem cell transplantation (Allo-HSCT). However, even with continuous maintenance of larotrectinib, this patient relapsed 7 months post-transplantation and underwent a failed second salvage Allo-HSCT. The OS was 16 months and the PFS was 10 months.

Conclusion AML patients harboring the NTRK fusion respond poorly to standard chemotherapy. Unlike the treatment experience in solid tumors with NTRK fusion, larotrectinib has played an important but incomplete role in overcoming AML, suggesting a more complex pathogenic molecular mechanism and the need for synergistic effects of additional drugs in the context of hematologic leukemia. To the best of our knowledge, this is the first report of the successful use of larotrectinib in AML with ETV6::NTRK3 fusion.

PO-0104

一例罕见 APL 的分子机制研究

拓文汝

天津市西青区赛达检测认证园天津见康华美医学诊断技术有限公司

目的 通过转录组测序分析 APL 的分子致病机制，探讨转录组测序在罕见 APL 中的重要作用。

方法 本研究针对一例罕见的 APL 进行转录组测序分析。采用核型分析法检测患者的克隆性异常核型；RT-PCR 法定量检测标本中 PML::RARA 融合；流式免疫分型法检测异常细胞群占有核细胞的百分比。通过提取患者标本中总 RNA，进行转录组水平的高通量测序，从 RNA 层面检测血液系统肿瘤相关融合基因，采用 ChimerDB 和 COSMIC 等公共数据库和天津见康华美实验室内部数据库对融合基因进行筛选注释，依据血液肿瘤指南对患者融合基因进行分级。

结果 患者染色体核型分析可见克隆性异常 del(5q); 融合基因 PML::RARA 定量阴性; 流式免疫分型结果: 异常髓系细胞占有核细胞 84.82%, 符合 AML 表型, 白血病细胞 CD34 和 HLA-DR 阴性, SSC 偏大, 不排除 APL 伴 PML/RAR α , 提示可能为急性早幼粒细胞白血病。高通量转录组测序结果检测到了 UBE2E1::RARB 和 HNRNPC::RARB 的融合基因, 之前未见该融合共存的病例报道。其中, 患者的 UBE2E1::RARB 融合是来自 3 号染色体 UBE2E1 基因的 3 号外显子和来自 3 号染色体 RARB 基因的 8 号外显子发生断裂和重组形成的融合基因, 产生新的融合转录本; HNRNPC::RARB 融合是来自 14 号染色体 HNRNPC 基因的 3 号外显子和来自 3 号染色体 RARB 基因的 2 号外显子发生断裂和重组形成的融合基因, 产生新的融合转录本。根据分子和流式结果, 推测 UBE2E1::RARB 和 HNRNPC::RARB 融合基因可能与患者 APL 发病的分子机制相关。

结论 本研究通过转录组测序发现了一个 APL 患者存在两个罕见融合基因的病例 (UBE2E1::RARB 和 HNRNPC::RARB), 其中 UBE2E1::RARB 融合为首次报道, 说明转录组测序对检测罕见融合的重要性。推测 UBE2E1::RARB 和 HNRNPC::RARB 融合异常可能与 APL 相关, 是可能导致 APL 异常的重要分子机制。

PO-0105

Treatment of central nervous system relapse in PLZF::RARA-positive acute promyelocytic leukemia by venetoclax combined with arubicin, cytarabine and intrathecal therapy: a case report

Zhonghao Zhou, Feng Zhu, Hui Wang, Fengyan Lu, Hongyi Xue
Zhoushan Hospital of Zhejiang Province

Objective Patients suffering from refractory acute promyelocytic leukemia with central nervous system relapse often have a poor prognosis. Among these patients, those with PLZF::RARA rearrangement exhibit poor responses to all-trans retinoic acid and conventional chemotherapy. Venetoclax, a selective inhibitor of B-cell lymphoma-2, can cross the blood-brain barrier and has been widely applied to acute myeloid leukemia therapy recently.

Methods A case of central nervous system relapse in a patient with acute promyelocytic leukemia harboring PLZF::RARA rearrangement was successfully treated with anthracycline cytotoxic chemotherapy and cytarabine in combination with venetoclax, resulting in complete remission.

Results Liquid chromatography-tandem mass spectrometry revealed that the concentration of venetoclax in the cerebrospinal fluid (CSF) was approximately 1/1000 of that in plasma. Following the first treatment course, the patient's bone marrow sample tested negative for PLZF::RARA. After the third treatment course, abnormal promyelocytic leukemia cells in the CSF were not detected using flow cytometry, and the PLZF::RARA test in the CSF remained negative.

Conclusion This case report highlights a new approach for the treatment of central nervous system relapse in patients with PLZF::RARA-positive acute promyelocytic leukemia.

PO-0106

慢性髓系白血病使用酪氨酸激酶抑制剂 继发肾功能损害的 Meta 分析

周杭群¹、张越峰¹、王艺君²、姚国丽¹、杨新新¹、杨玉静¹、周露群³

1. 杭州师范大学临床医学院附属临平院区(临平区第一人民医院)

2. 杭州师范大学附属医院

3. 台州学院医学院

目的 酪氨酸激酶抑制剂 (TKIs) 的问世, 使慢性髓系白血病 (CML) 从致命性向控制型转化, 不再局限于单纯地增加患者的生存期, 更多的是为了提高生活质量。因此药物对患者不良反应的影响越来越受到大家的重视, 可是对肾功能损害的报道很少, 本文将通过 Meta 分析, 探讨 TKIs 治疗 CML 慢性期 (CML-CP) 患者对肾功能的影响。

方法 利用中国知网、PubMed、Cochrane Library、Embase、Web of Science 等 5 个数据库, 搜索 CML、一代 TKIs (包括伊马替尼)、二代 TKIs (包括尼洛替尼、达沙替尼、博舒替尼)、肾功能不全, 采取 2 位研究人员独立的对文献进行筛选, 抽取数据, 并对纳入研究偏差危险度进行评估, 然后使用 RevMan5.4 软件进行 Meta 分析。

结果 最终共纳入 9 项研究, 包括 3087 位患者。与伊马替尼相比, 二代 TKIs 治疗 CML 患者对肾功能损害的影响更小 (RR=2.69, 95%CI (1.49-4.87), P=0.001)。此外, eGFR 降低的速度与基线肾功能正常与否无明显相关性 (P>0.05)。

结论 TKIs 对 CML 患者有一定程度的肾脏损害, 其中一代 TKIs (伊马替尼) 对肾脏的影响最大, 但由于 TKIs 相关性肾损伤是可逆的, 因此在治疗中需定期随访监测肾功能指标, 也可以通过停药或换用二代 TKIs, 减轻对肾脏的损害。

PO-0107

基于基因表达数据库急性髓系白血病患者中的铁死亡 相关基因的生物信息学分析及新药物预测

吴宁夏、汪梅花
延安大学附属医院

目的 通过生物信息学方法分析急性髓系白血病的差异表达基因 (DEGs) 及相关候选药物, 以期急性髓系白血病的药物治疗提供靶点。

方法 从美国国家生物信息中心 (NCBI) 的基因表达数据库 (GEO) 中下载 GSE84881 芯片 (包含 23 例, 其中控制组患者 4 例, 正常人 19 例的心肌组织芯片数据)。利用 R 语言中的 limma 软件包以差异表达倍数不小于 2 倍且校正 P 值<0.05 为条件, 筛选 AMI 的 DEGs, 应用 ClusterProfiler 软件包进行基因本体 (GO) 富集分析及京都基因与基因组百科全书 (KEGG) 富集分析; 应用 STRING 在线数据库进行蛋白质-蛋白质相互作用 (PPI) 网络、Metascape 数据库以及 David 数据库分析筛选关键基因。应用比较毒理基因组数据库 (CTD) 筛选作用于关键基因的药物, 应用关联性图谱 (CMAP) 数据库筛选与 DEGs 负相关的小分子化合物。

结果 与控制组相比, AML 组共筛选出 25 个铁死亡相关 DEGs。其中 12 个基因均下调, 13 个基因上调。GO 富集分析结果显示, 这些基因涉及的生物学过程主要包括细胞对细胞增殖的负调控、血管内皮生长因子的产生、序列特异性 DNA 结合转录因子活性的正调控、转录的正调控, DNA 模板化以及对金属离子的响应。KEGG 结果显示, 这些基因主要参与尿毒症的胰 流体剪切应力和动脉粥样硬化、结核以及抗叶酸耐药性。PPI 网络分析显示, 共有 13 个为关键基因, 共计生成 2 个

MOCODE, 所有基因均表达上调。随后对 13 个 Hub 基因进行分析共获得了推荐用于尿毒症治疗的前 10 种药物。在 CTD 数据库中筛选到作用于 VEGFA 的磁铁矿纳米颗粒是潜在的治疗 AML 的有效药物。在 CMAP 数据库中成功筛选到 10 种与 AML 负相关的小分子药物, 经文献检索, 白藜芦醇和磁铁矿纳米颗粒是最有潜力成为治疗 AML 的药物。

结论 基于 GEO 生物信息学分析, CEBPG、DUSP1、ENPP2、IL1B、IL6、KLF2、NR4A1、NUPR1、TFAM、TIMP1、ZFP36、NEDD4L 以及 SIAH2 是 AML 发生、发展的关键基因。白藜芦醇和磁铁矿纳米颗粒是潜在的治疗尿毒症的有效药物。通过生物信息学分析揭示了铁死亡相关基因在急性髓系白血病的潜在作用, 枢纽基因和潜在药物可能成为未来预后和精准治疗的新型生物标志物。

PO-0108

整体化理念的护理干预对慢性粒细胞白血病患者 负性情绪及生存质量的影响评价分析

魏芙蓉

中国人民解放军联勤保障部队第 940 医院

目的 探究整体化理念的护理干预对慢性粒细胞白血病患者负性情绪及生存质量的影响

方法 选择 2022 年 1 月-2023 年 1 月收治的 40 例慢性粒细胞白血病患者, 随机分组各 20 例, 对照组施以常规护理, 研究组施以整体化护理, 比对两组的干预结局。结论: 整体化护理可改善慢性粒细胞白血病患者负性情绪及生存质量。

结果 干预前两组的心理状态评分相匹配, $P > 0.05$ 。干预后心理状态评分比干预前低, $P < 0.05$ 。干预后研究组的心理状态评分比对照组低, $P < 0.05$ 。研究组的生活质量评分比对照组高, $P < 0.05$ 。

结论 整体化护理可改善慢性粒细胞白血病患者负性情绪及生存质量。

PO-0109

POT1 mutations identify inferior outcomes in chronic lymphocytic leukemia and disrupted telomere biology function

Jiale Zhang¹, Bihui Pan¹, Zhangdi Xu², Yu Ma¹, Luthuli Sibusiso¹, Li Wang¹, Jianyong Li¹, Jiazhu Wu¹, Wei Xu¹

1. the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital,
Hematology, Nanjing, China

2. National Clinical Research Center for Hematologic Diseases, Hematology, Soochow, China

Objective Telomere protection 1 (POT1) is an important subunit in the shelterin complex, considered the telomere protector. POT1 dysfunction may lead to telomere length dysregulation and genomic instability. Both germline and somatic POT1 mutations have been identified in CLL patients, suggesting the development of the disease. This study aimed to evaluate the occurrence of POT1 mutations throughout CLL's progression and determine their prognostic significance.

Methods Our study included four hundred and forty-six patients with CLL from our center, including 390 TN (treatment-naive) patients and 56 R/R (relapse/refractory) patients. All patients were diagnosed from January 2017 to December 2022 based on International Workshop on CLL guidelines. Essential clinical characteristics and biological parameters were obtained from

medical records. The next-generation sequencing panel included 126 common driver genes in lymphoid malignancies. To gain insight into the potential pathogenic mechanism of POT1 mutations in CLL, we performed RNA sequencing (RNA-seq) in three POT1 mutant and matched three wild-type CLL patients. All the differentially expressed genes (DEGs) were used to perform functional enrichment analysis to identify potential biological functions.

Results We studied a total of 17 (3.8%) individuals with POT1 mutations. The molecular and genetic characteristics of patients with POT1 mutations are illustrated in Figure 1A. Out of the 13 patients with POT1 mutations in TN CLL, 8 (61.5%) cases presented with IGHV unmutational status, and all the 4 R/R CLL patients harbored unmutated IGHV gene. The schematic diagram of the discovered POT1 variations is depicted in Figure 1B. The VAF distribution was similar in TN and R/R patients. The missense mutation was the most frequent. POT1 variants located within OB1 domains were the most prevalent (47.4%). The HumVar model demonstrated that the majority of POT1 variations were pathogenicity. The Spearman correlation analysis demonstrated that POT1 mutation had strong positive co-occurring genes (Figure 1C). Furthermore, we observed that patients with POT1 mutations frequently harbored abnormal karyotypes, especially del(6q) (Figure 1D). The survival analysis showed that patients with POT1 mutations were significantly associated with worse TTFT, PFS, and OS (Figure 1E). Heatmap demonstrated differential expression of genes between POT1 mutant and POT1 wild-type cases (Figure 1F). GO enrichment analysis revealed that DEGs were highly enriched in biological processes of stress-activated protein kinase signaling cascade. KEGG analysis found that upregulated genes in POT1 mutant CLL cells were enriched in MAPK signaling pathway, B cell receptor signaling pathway and NF- κ B pathway (Figure 1G). To further investigate the potential telomere-dependent contribution of POT1 mutations to tumorigenesis, we identified the dysregulation of telomere-related genes that were related to POT1 mutant CLL cells (Figure 1H). Intriguingly, we noticed that checkpoint genes including inhibitory receptors LAG3, PDCD1 and CD244 were significantly upregulated in the microenvironment of POT1 mutant patients via ssGSEA (Figure 1I).

Conclusion Collectively, our data showed that POT1 mutation was an independent outcome predictor in our cohort and were associated with unfavorable features. Understanding the biological mechanism by which CLL cells employ disrupted signaling pathways may provide vital hints for developing tailored therapy strategies for CLL patients harboring POT1 mutations.

PO-0110

1 例先天角化不良行造血干细胞移植术后 并发严重肛周感染结合中药治疗的护理体会

白雪丹、郭娇
河北燕达陆道培医院

目的 总结 1 例先天角化不良行造血干细胞移植术后并发严重肛周感染的护理体会。在造血干细胞移植过程中,免疫功能尚未重建、粒细胞缺乏阶段出现严重肛周感染合并耐药菌,导致患者出现感染性休克等全身症状,针对患者肛周感染情况,采用西医全身抗感染及支持治疗与中药外用促进创面感染控制相结合的方法,取得了良好的效果,患者肛周感染好转,及时纠正感染性休克的症状,使患者细胞顺利植活。

方法 患者在移植仓内细胞还未植活,免疫功能低下,经过多学科联合会诊后,遂请西苑医院肛肠科李主任会诊指导,中医治疗肛周感染有自己的理论和方法,中医认为肛周感染属于“肛痈”的范畴,有热、瘀、毒、痰互结的特点。

1、联合会诊后更改换药方法: (1) 肛周创面用庆大霉素 8 万 u+0.9%生理盐水 100ml 冲洗伤口, (2) 0.5%碘伏湿敷肛周创面 10 分钟, (3) 复方黄柏液湿敷 20 分钟,所有外敷药物均用无菌脱脂棉蘸取药液进行外敷,因脱脂棉比纱布更容易吸收储存药液, (4) 在创面上喷涂双料喉风散,每日换药 2 次。

2、出现于黑痂及生物膜时，肛周创面愈合不良，给予患者外科清创后，创面换药方法：（1）0.9%生理盐水冲洗，（2）复方黄柏液湿敷 20 分钟，（3）喷涂抹双料喉风散，每日换药 2 次。患者一周后创面脓性分泌物减少，新鲜肉芽组织生长良好。

3、新鲜肉芽组织期换药方法：（1）0.9%生理盐水冲洗创面，（2）复方黄柏液外敷 20 分钟，（3）贝复济喷创面，以上换药每日 2 次。历经 8 周时间患者肛周创面彻底愈合。

结果 患者顺利度过移植仓内细胞“0”期危险阶段，并植活细胞，顺利出仓，8 周后肛周创面愈合。

结论 造血干细胞移植是目前唯一有效的治疗先天角化不良的方法，而在移植的过程中感染是移植失败的主要原因之一，本案例中患者在移植仓内细胞处于“0”期时出现严重的肛周感染，导致感染性休克，经中西医治疗后患者感染得到及时控制，移植成功，顺利出仓，本文中药制剂为复方黄柏液，复方黄柏液涂剂包含多种中药成分，比如蜈蚣、连翘、蒲公英、黄柏、金银花，其中连翘、黄柏能够清热解毒、疏风燥湿、祛疮泻火，金银花与蒲公英可以疏散风热、清热解毒、散结消肿，蜈蚣能够通络散结、攻毒止痛，上述中药材联合应用可发挥清热解毒、消肿祛腐的功效，有利于促进创面愈合，缩短创面愈合时间，加快肉芽生长速度，减少创面渗出，减轻炎症反应，调节生长因子水平的功效。综上所述在造血干细胞移植过程中，中药外用治疗肛周感染是非常有效的方法之一。

PO-0111

白血病护理中应用综合护理干预对患者心理状态的影响研究

付如杰

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 本研究旨在探讨综合护理干预在白血病患者护理中对其心理状态的影响。

方法 研究时间跨越 2022 年 12 月至 2023 年 12 月，共纳入我院 44 例白血病患者，随机分为对照组（n=22）和观察组（n=22）。对照组接受常规护理，观察组接受综合护理干预，并对比两组患者的心理状态评分、生活质量及治疗依从度。

结果 观察组在护理期间的 SAS 评分和 SDS 评分均显著低于对照组（ $P<0.05$ ），观察组护理后的整体生活质量和治疗依从度也显著高于对照组（ $P<0.05$ ）。

结论 综合护理干预对改善白血病患者心理状态具有显著作用，值得在临床中推广应用。

PO-0112

MiR-212 基因高甲基化上调 WT1 表达促进 AML 发病

许晶¹、任方刚²、郝壮辉²、王宏伟²

1. 山西医科大学医学细胞生物与遗传学教研室

2. 血液病分子诊疗山西省重点实验室

目的 探讨急性髓系白血病（AML）患者 WT1 基因高表达的机制，阐明 miR-212 在 AML 发病中的作用。

方法 采用茎环法逆转录 miR-212，RT-qPCR 法检测初发 AML 患者和骨髓（BM）移植供者 BM 样本 miR-212 和 WT1 表达量并分析两者相关性；慢病毒感染 Kasumi-1 白血病细胞构建 miR-212 基因过表达细胞模型，Western blot 法检测 WT1 蛋白表达水平，CCK8 法检测细胞增殖能力、流式细胞术检测细胞周期和凋亡情况；双荧光素酶实验验证两者靶向结合关系；甲基化特异性 PCR（MSP）联合测序技术分析 miR-212 基因启动子甲基化情况。

结果 初发 AML 患者组 miR-212 表达水平低于移植供者组且与 WT1 mRNA 表达量负相关（ $r=-0.77$ ）。相对于空载组，过表达 miR-212 组 Kasumi-1 细胞 WT1 mRNA 和蛋白表达量均减少，细胞数量增加，S 期细胞比例减少，早调细胞比例增加。双荧光素酶实验检测共转染 293T 细胞各组

hRluc 的荧光值与 hLuc 的荧光值比值, 结果证实 WT1 野生型-miR-212-3p mimic 组比值显著低于 WT1 野生型-mimic NC 组, 表明 miR-212 与 WT1 mRNA 存在靶向结合关系。MiR-212 基因启动子测序分析结果显示 Kasumi-1 细胞启动子区 CpG 位点平均甲基化率高达 98.2%。

结论 启动子区高甲基化基因 miR-212 在 AML 中低表达, 通过靶向上调 WT1 促进疾病的发生, miR-212 可能成为 WT1 高表达 AML 患者的治疗新靶点。

PO-0113

The aberrant expression and clinical significance of small nucleolar RNA SNORA63 in acute leukemia

Yanquan Liu¹, Jian-Zhen SHEN², Xiao-Jun CHEN², Min-Juan ZENG¹

1. Department of Hematology, The First Dongguan Affiliated Hospital of Guangdong Medical University

2. Institute of Hematology, Fujian Medical University Union Hospital

Objective To investigate the expression level of small nucleolar RNA SNORA63 in bone marrow of patients with acute leukemia (AL) and its significance in the clinical diagnosis, treatment and prognosis of AL patients.

Methods Bone marrow samples from 53 newly diagnosed AL patients and 29 healthy subjects from the Affiliated Hospital of Guangdong Medical University from March 2018 to December 2021 were collected. Quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) was used to detect the relative expression of SNORA63 in bone marrow mononuclear cells of the two groups. The median expression level of SNORA63 was used as the boundary value to divide the two groups into high and low expression groups, and the relationship between the expression level of SNORA63 and the clinical characteristics, clinical indicators and prognosis of AL patients was analyzed and discussed.

Results The relative expression level of SNORA63 in AL was significantly lower than that in healthy control group [0.3018 (0.0244~1.2792) vs. 1.0882 (0.2797~1.9889)] ($P < 0.01$). The aberrant expression of SNORA63 in AL patients without remission after initial treatment and chemotherapy was significantly lower than that in healthy patients and CR patients, and the expression level of SNORA63 in CR patients was similar to that in healthy controls ($P < 0.01$), while there was no statistical difference in the expression level of SNORA63 between AML and ALL groups ($P > 0.05$). Abnormally low expression of SNORA63 was closely related to fever, hemorrhage, poor prognosis stratification and efficacy of AL patients ($P < 0.05$), but had no significant correlation with gender, age, AL classification, pallor, fatigue and extramedullary infiltration ($P > 0.05$). In addition, abnormally low expression of SNORA63 was associated with clinical indicators such as PLT, LDH, ALB and molecular biology abnormalities ($P < 0.05$), but there was no significant correlation with WBC, HGB, CRP, PCT, FIB or chromosome karyotype ($P > 0.05$). Meanwhile, OS and EFS in SNORA63 high-expression group were significantly better than those in low-expression group ($P < 0.05$). Univariate Cox regression analysis showed that SNORA63, molecular biological abnormalities, fever, PLT and LDH were the influencing factors of OS and EFS in AL patients ($P < 0.05$). Multivariate Cox regression analysis indicated that fever, molecular biological abnormalities and LDH were independent influencing factors of OS and EFS ($P < 0.05$).

Conclusion SNORA63 is significantly down-expressed in AL, and it is a molecular marker of great clinical value for disease monitoring and prognosis evaluation of AL patients.

PO-0114

Regulatory mechanisms and clinical significance of C-X-C motif chemokine ligand 8 mediating occurrence and development of acute myeloid leukemia in bone marrow microenvironment

Yanquan Liu¹, Jian-Zhen SHEN², Xiao-Jun CHEN², Huan-Wen TANG¹

1. Department of Hematology, The First Dongguan Affiliated Hospital of Guangdong Medical University

2. Institute of Hematology, Fujian Medical University Union Hospital

Objective By detecting the level changes of C-X-C motif chemokine ligand 8 (CXCL8) in acute myelogenous leukemia (AML) patients at different disease stages, to analyze its correlation with the clinical condition and prognosis of AML patients, and to explore the effect of CXCL8 in the bone marrow microenvironment on the occurrence and development of AML and the regulatory mechanism of malignant biological behavior of AML cell lines, it may be expected to provide novel reference for the basic research and clinical diagnosis and treatment of AML.

Methods Bone marrow specimens from AML patients at different disease stages were collected, and ELISA was used to detect the content of CXCL8; quantitative real-time PCR (qRT-PCR) was used to detect the expression of CXCL8-specific receptor CXCR1/2 in different AML cell lines. U937 cells were selected as the AML disease model, and different concentrations of exogenous rCXCL8 were intervened in U937 cells, and the morphological changes of the cells were observed under the microscope. BM-MSCs from newly diagnosed AML patients were co-cultured with U937 cells, and ELISA was used to detect the difference in the content of CXCL8 in the co-culture system; Annexin V/PI double staining flow cytometry was used to detect the effects of rCXCL8 and anti-CXCL8 on the apoptosis of U937 cells respectively, and Western blot was used to reveal the accompanying molecular protein mechanism.

Results The level of CXCL8 in newly diagnosed and relapsed AML patients was significantly higher than that in healthy people ($P < 0.05$), the level of CXCL8 in relapsed stage of AML was significantly higher than that in other disease stages of AML ($P < 0.01$), and the level of CXCL8 in AML patients with CR stage and no infection was significantly higher than that in healthy people ($P > 0.05$). The content of CXCL8 in the co-culture system of BM-MSC and U937 cells and the level of CXCL8 mRNA in U937 cells in the co-culture system were significantly higher than those in the monoculture group without BM-MSC ($P < 0.05$). Intervention of rCXCL8 in U937 cells could promote cell proliferation by up-regulating Bcl-2 expression and down-regulating Bax expression, and up-regulate the expression of CXCL8-specific receptors CXCR1/2. After antagonizing CXCL8 (anti-CXCL8), it will induce U937 cell apoptosis by up-regulating Bax expression and down-regulating of Bcl-2 expression while inhibiting the activation level of ERK1/2 signaling pathway.

Conclusion CXCL8 is closely related to the disease and prognosis of AML, and is an effective monitoring indicator for disease progression and prognosis evaluation of AML patients. CXCL8 in the bone marrow microenvironment is an important chemokine for malignant proliferation and immune escape of leukemia cells. By antagonizing CXCL8, U937 cells can be induced to undergo apoptosis, whose mechanism may be related to the expression changes of Bcl-2 family proteins and the inhibition of ERK1/2 signaling pathway activation.

PO-0115

Aberrant expression and clinical significance of C-X-C motif chemokine receptor 1/2 in acute leukemia

Yanquan Liu¹, Jian-Zhen SHEN², Xiao-Jun CHEN², Huan-Wen TANG¹

1. Department of Hematology, The First Dongguan Affiliated Hospital of Guangdong Medical University

2. Institute of Hematology, Fujian Medical University Union Hospital

Objective To explore the expression level of C-X-C motif chemokine receptor 1/2 (CXCR1/2) under bone marrow microenvironment in bone marrow mononuclear cells of patients with AL, and analyze the relationship between CXCR1/2 expression and the clinical characteristics, curative effect and prognosis of AL patients, so as to provide a new direction for the therapeutic target and disease monitoring of AL.

Methods Bone marrow specimens from 86 newly-diagnosed (ND) AL patients from November 2018 to December 2020 in Fujian Medical University Union Hospital were collected, including 49 males and 37 females, with a median age of 48 years (17-73 years); At the same time, 26 healthy samples were collected, including 17 males and 9 females, with a median age of 36.5 years (23-49 years). And quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) technology was used to detect the expression level of CXCR1/2 from two groups of people. Taking the median expression level of CXCR1/2 as the cut-off value, the ND-AL patients were divided into CXCR1/2 high expression group and low expression group, and the relationship between different CXCR1/2 expression levels and various clinical characteristics, indicators and clinical significance of AL patients were analyzed respectively.

Results Among the 86 ND-AL patients included in this study, there were 29 patients with acute lymphoblastic leukemia (ALL) and 57 patients with acute myeloid leukemia (AML). The relative expression levels of CXCR1 and CXCR2 in the AL group were higher than those in the healthy control group (0.691 [0.176-2.14] vs. 0.278 [0.088-0.613], $P < 0.05$), (1.938 [0.729-3.681] vs. 0.419 [0.079~1.268], $P < 0.01$), there was no significant difference in the relative expression of CXCR1/2 between the AML group and the ALL group ($P > 0.05$). The high expression of CXCR1/2 was associated with adverse clinical features and indicators of AL ($P < 0.05$), and was prone to have adverse outcomes such as extramedullary infiltration, relapse and refractory.

Conclusion CXCR1/2 is up-regulated in AL, which has important reference value for the disease detection and prognosis evaluation of AL.

PO-0116

The expression and clinical significance of Flap endonuclease 1 (FEN1) in acute myeloid leukemia

Yanquan Liu¹, Jian-Zhen SHEN², Xiao-Jun CHEN², Huan-Wen TANG¹

1. Department of Hematology, The First Dongguan Affiliated Hospital of Guangdong Medical University

2. Institute of Hematology, Fujian Medical University Union Hospital

Objective To investigate the expression level of Flap endonuclease 1 (FEN1) in bone marrow mononuclear cells of patients with acute myeloid leukemia (AML) and its relationship with clinicopathologic features and therapeutic effect, so as to provide a new direction for disease monitoring and targeted therapy in patients with AML.

Methods Bone marrow samples were collected from 57 newly treated AML patients and 26 healthy individuals from the First Clinical College of Guangdong Medical University and Fujian Medical University Union Hospital from November 2018 to December 2020. Quantitative real-time fluorescence polymerase chain reaction (qRT-PCR) was used to detect FEN1 mRNA expression

in bone marrow mononuclear cells of the two groups. Bone marrow samples from 9 newly-diagnosed AML patients and 4 healthy individuals were collected, and FEN1 protein expression was detected by western blotting. Differences in FEN1 mRNA expression in AML patients with different therapeutic effects were compared with data evaluated for efficacy. Patients with AML were divided into high FEN1 expression group (\geq critical value) and low FEN1 expression group ($<$ critical value), taking the median relative expression level of FEN1 mRNA as the critical value. The relationship between FEN1 expression level and clinicopathologic features, laboratory indicators, cellular and molecular genetic changes in patients with AML at initial diagnosis was analyzed.

Results The median relative expression of FEN1 mRNA in newly-diagnosed AML patients [median (range)] was higher than that in healthy controls [0.696 (0.025-3.661) vs. 0.246 (0.013-1.237), $P<0.05$]. Western blotting showed that the level of FEN1 protein in AML patients was higher than that in healthy people. The relative expression of FEN1 mRNA in 15 patients with AML without remission (recurrence) after chemotherapy was higher than that in CR patients (19 patients) [1.153 (0.047-4.172) vs. 0.259 (0.023-1.148), $P<0.01$]. At initial diagnosis, the proportion of patients with FAB type M5, fever and lymph node enlargement in FEN1 high expression group (32 cases) was higher than that in FEN1 low expression group (25 cases) (all $P<0.05$). There were no significant differences in gender, age, fatigue degree, pale skin mucosa and proportion of patients with large liver and spleen between the two groups (all $P>0.05$). The white blood cell count, lactate dehydrogenase, C-reactive protein and bone marrow primitive cell count in FEN1 high expression group were higher than those in FEN1 low expression group (all $P<0.001$), and the hemoglobin and platelet count were lower than those in FEN1 low expression group (all $P<0.001$). There were no significant differences in procalcitonin level, chromosome karyotype, cytogenetic prognosis grade and proportion of patients with or without gene mutation between the two groups (all $P>0.05$).

Conclusion FEN1 expression was up-regulated in AML patients and further increased in relapsed patients. FEN1 expression in AML patients is associated with adverse clinicopathological features and laboratory indicators, which may become indicators for disease monitoring in AML patients.

PO-0117

急性早幼粒细胞白血病化疗后并发耶式肺孢子菌肺炎 1 例并文献复习

黄敏

遵义医科大学附属医院

目的 探讨急性早幼粒细胞白血病（APL）化疗后并发耶式肺孢子菌肺炎的临床表现及诊治。

方法 回顾性分析遵义医科大学附属医院收治的 1 例 APL 化疗后并发耶式肺孢子菌肺炎患者 1 例的诊疗经过，并进行文献复习。

结果 25 岁男患，因“牙龈出血伴球结膜出血 6 天，发热 4 天”于 2022 年 7 月 11 日入院，6 天前无明显诱因出现牙龈出血，刷牙时明显，伴球结膜出血，感头晕、乏力，伴双下肢水肿，查体：贫血貌，全身见大片瘀斑，以右上肢、右腰部及双下肢为甚。既往史：5 年前诊断肺结核，抗结核治疗 2 年停药，寻常型银屑病 3 年病史，2 年前有不明原因胸腔积液病史。入院血常规示白细胞 $29.91 \times 10^9/L$ ，异常早幼粒细胞 0.94，血红蛋白 75g/L，血小板 $69 \times 10^9/L$ ，D-二聚体 5.53 $\mu g/ml$ ，3P 试验：24.1 $\mu g/ml$ ，HIV 阴性。胸部 CT 示双肺下叶肺炎。患者有反复发热，多次痰找病原菌均阴性。骨髓涂片：多条或呈束天交叉排列的 Auer 小体，白细胞数量明显增多早幼粒细胞占 90%。流式细胞学：急性髓系白血病。骨髓活检：骨髓有核细胞增生程度极度活跃（造血面积约 90%），粒系以幼稚阶段细胞为主。分子病理检测：PML:RAR α 融合基因由 t(15; 17) 染色体易位导致。

骨髓核型分析：46, XY, t(15; 17)(q24; q21) [20]。诊断为急性早幼粒细胞白血病、重症肺部感染（耶式肺孢子菌、嗜肺军团菌）。治疗上先后予头孢孟多、美罗培南、万古霉素、伏立康唑等治疗后仍有反复发热，故外送（8月1日）痰 mNGS 后示耶式肺孢子菌，嗜肺军团菌，调整为莫西沙星、复方磺胺甲恶唑抗感染，针对 APL 以羟基脲降白细胞、维 A 酸诱导分化、柔红霉素抑制细胞增殖等治疗，1 月后复查血常规示白细胞 $2.64 \times 10^9/L$ ，血红蛋白 85g/L，血小板 $319 \times 10^9/L$ ，D-二聚体、3P 试验正常。胸部 CT 示双肺病变吸收减少。骨髓涂片：早幼粒细胞占 0.5%，流式细胞学：未见明显异常细胞群，残留白血病细胞 $< 10^{-4}$ 。好转后出院，规律随访。

结论 APL 化疗后患者容易出现骨髓抑制及重度粒细胞缺乏，当反复发热，经验性用药后无好转，应警惕肺孢子菌肺炎的感染，其病情进展快，死亡率高。mNGS 能快速检出病原菌，对早期诊断、制定治疗策略及改善患者预后起着关键作用。

PO-0118

The molecular mechanisms of Piceatannol in inhibiting the malignant biological characteristics of acute myeloid leukemia

Yanquan Liu¹, Jian-Zhen SHEN², Xiao-Jun CHEN², Huan-Wen TANG¹

1. Department of Hematology, The First Dongguan Affiliated Hospital of Guangdong Medical University

2. Institute of Hematology, Fujian Medical University Union Hospital

Objective To explore the effect and molecular mechanism of Piceatannol on malignant biological characteristics of acute myeloid leukemia (AML) cells.

Methods HL60, U937, HL60/ADR and U937/ADR cells were treated with different concentrations of Piceatannol. The morphology of the cells was observed under an inverted microscope. CCK-8 assay was used to detect cell proliferation. Cell apoptosis was detected by flow cytometry with Annexin V/PI double staining. The expressions of apoptosis, autophagy and related signaling pathways were detected by Western blot. Real-time fluorescence quantitative polymerase chain reaction (qRT-PCR) was used to detect the expression changes of drug resistance genes in drug-resistant AML cell lines.

Results The activity of HL60 and U937 cells could be inhibited by Piceatannol and induced apoptosis. When Piceatannol interfered with AML cells for 24 h, the ratio of autophagy marker LC3-II/LC3-I increased with the increase of concentration ($r = 0.672$, $r = 0.549$). When Piceatannol interfered with AML cells for 48 h, the expression of Bcl-2 protein was down-regulated and caspase-3 was hydrolyzed and activated. At the same time, the activation level of Akt/NF- κ B signaling pathway was inhibited to induce programmed death of AML cells. Piceatannol can also down-regulate the expression of MRP1 and gradually weaken the chemotherapy resistance of AML drug-resistant cell lines, but it has a weak effect on the expression of BCRP and almost no effect on MDR1.

Conclusion Piceatannol can inhibit the proliferation of AML cells and induce programmed death, which may be related to the inhibition of Akt/NF- κ B signaling pathway, the hydrolysis of Caspase-3 and the down-regulation of Bcl-2 protein expression, and the suppression of the expression of some drug resistance genes.

PO-0119

A validated scoring model to predict the relapse in the central nervous system of pediatric acute B-cell lymphoblastic leukemia

Jiacheng Li, Yu Tao, Wenjing Shu, Yali Shen, Xianhao Wen, Yuxia Guo, Xianmin Guan, Jie Yu, Hua You
Children's Hospital of Chongqing Medical University

Objective Treating pediatric acute B-cell lymphoblastic leukemia (pB-ALL) who experience central nervous system relapses (CNSR) is challenging and often results in high mortality rates. The aim of this study was to develop and validate a predictive model for CNSR in pB-ALL, allowing for early identification and assessment.

Methods 1,495 patients of pB-ALL patients from the TARGET database were randomly assigned to a training cohort of 1,079 patients and an internal validation cohort of 416 patients. Multi-variable COX regression analysis was applied to construct the model using the training cohort. The validation cohorts comprised of an internal validation cohort and an external validation cohort of Chinese patients. The analysis was conducted using consistency index (C-index), AUROC, Kaplan-Meier curves, calibration curve, and decision curve analysis to evaluate this model.

Results The prediction model for CNSR in pB-ALL, CLOMB, was constructed using indicators selected from the training cohort. The model was found to be highly accurate in predicting CNSR in both the training and validation cohorts, as determined by AUROC. A statistically significant difference in event-free survival was observed between pB-ALL patients divided into CNSR high-risk and low-risk groups using the CLOMB calculated risk score of 0.76 as a cut-off value. In the external validation cohort, CLOMB had an AUROC of 0.590, which was significantly higher than MRD on days 19 and days 46.

Conclusion The newly developed predictive model, CLOMB, has shown strong power and utility in CNS relapse prediction and risk stratification, which may help modify treatment options in clinical routine.

PO-0120

ALL 伴非典型 BCR::ABL1 融合基因的临床和实验室特征分析

聂彦博¹、张虹¹、侯悦¹、刘丽颖¹、王嫣¹、安同翠¹、赵楚婷¹、李雪¹、蔺亚妮¹、汝昆^{1,2}

1. 天津见康华美医学诊断技术有限公司

2. 山东省肿瘤医院病理检验特检中心

目的 本研究旨在回顾性分析并探讨 15 例伴非典型 BCR::ABL1 融合基因的 ALL 患者的临床与实验室特征，并比较 BCR::ABL1 不同转录本间遗传学的差异。

方法 收集见康华美诊断中心 2015 年 10 月至 2024 年 5 月染色体核型分析存在 t(9;22) (q34;q11) 或 FISH 检测为 BCR::ABL1 阳性，同时 PCR 检测 e13a2/e14a2, e1a2 及非典型 BCR::ABL1 融合转录本阳性的 565 例 ALL 患者样本。其中对 9 例非典型 BCR::ABL1 融合基因的 ALL (非典型 ALL) 患者，52 例典型 BCR::ABL1 融合基因的 ALL (典型 ALL) 患者 (包括 19 例 e1a2 和 34 例 e13a2/e14a2) 进行高通量测序 (NGS) 检测。并对非典型 ALL 患者的临床资料及实验室结果进行回顾性分析，同时比较 ALL 患者 BCR::ABL1 不同转录本间遗传学的差异。

结果 共收集 565 例 Ph+ALL 患者，包括 550 例典型 ALL 患者 (168 例 e1a2, 382 例 e14a2/e13a2)，15 例非典型 ALL 患者 (8 例 e1a3, 2 例 e13a3, 1 例 e13a2 ins ABL1 intron1 54bp, 1 例 e14a3, 1 例 e6a2 及 2 例未分型)。15 例非典型 ALL 患者中，中位年龄 50 (1-67) 岁，各年龄段大致均匀分布；男性比例为 53.3% (8/15)，和典型 e14a2/e13a2 比例相似 (48.8%)

82/168), 而典型 e1a2 更倾向发生在男性患者(61.5% 235/382) (P=0.02); 中位 WBC 为 4.82 (2.1-98.92) $\times 10^9/L$, PLT 86 (4-768) $\times 10^9/L$, HGB 102 (60-150) g/L。遗传学分析中, 6 例非典型 ALL 患者中, 5 例 (5/6, 83.3%) 患者存在额外异常核型, 其中 4/6 (66.6%) 例携带额外-7 染色体异常, 明显高于典型 e14a2/e13a2 (9/64 14.1%) 和 e1a2 (5/23 21.7%) (P=0.007)。9 例非典型 ALL 患者 NGS 结果显示 88.9% (8/9) 患者伴随 ≥ 1 个突变, 其中 22.2% (2/9) 患者伴随 BCORL1, 而典型 ALL 患者均未发生该突变。

结论 非典型 ALL 患者以 e1a3 亚型为主; 和典型 ALL 相比, 非典型 ALL 患者更易发生额外-7 染色体异常和 BCORL1 突变。

PO-0121

中医辨证施膳联合循证护理在急性白血病化疗的患者的作用及效果

黎亚茹

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨中医辨证施膳联合循证护理在急性白血病化疗的患者的作用及效果

方法 选取 2023 年 2 月——2024 年 2 月华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科收治的 80 例白血病患者, 通过随机数字表法分为对照组 40 例, 观察组 40 例。对照组予以优质护理, 干预组实施中医辨证施膳结合循证护理, 干预组患者入院后采用 NRS-2002 评估表以及实验室生化检查中血清白蛋白水平进行营养风险评估, 在循证理念指导下结合患者中医辨证分型选择食疗方案, 对比两组护理前后营养状况、血清白蛋白水平、生活质量、中医证候积分变化以及护理满意度。

结果 干预前, 两组患者营养评估情况比较, 差异不具有统计学意义 (P>0.05), 干预后, 干预组评分优于干预前, 组间对比, 干预组明显优于对照组, 差异有统计学意义 (P<0.05)。对比接受护理后生活质量、中医证候积分变化以及护理满意度, 干预组优于对照组, 两组有明显差异 (P<0.05)。

结论 对白血病患者进行营养筛查和评估, 能够早期判断患者存在的营养不良风险, 通过循证护理结合中医辨证施膳对患者进行饮食干预, 可显著改善患者的营养状况, 提高血清白蛋白水平, 保障患者的生活质量以及满意度提升, 对改善患者预后具有重要意义。

PO-0122

一例不涉及 ETV6-PDGFR 的 t(4;12)(q12;p13)染色体异常的混合表型急性白血病患者的实验室分析

张海琴¹、贺艳丽²、李鸿瑞¹、蒋莉¹、郑珊林¹、刘建拓¹、邱学奎¹

1. 武汉康圣达医学检验中心

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院干细胞科

目的 研究一例不涉及 ETV6-PDGFR 的 t(4;12)(q12;p13)染色体异常的混合表型急性白血病患者的实验室分析。

方法 对一例 36 岁青年男性患者进行骨髓细胞学、骨髓活检、流式免疫分型、分子及细胞遗传学进行分析。

结果 血常规: 白细胞: $2.00 \times 10^9/L$; 红细胞计数: $2.09 \times 10^{12}/L$; 血红蛋白: 63g/L; 骨髓细胞形态学原始细胞占 94.5%, 胞体大小不等, 胞核呈圆形或类圆形, 核染色质细颗粒状, 核仁显隐不一,

胞浆量少或中等，染蓝色。血片：原始细胞占 34%（形态描述同骨髓），急性白血病骨髓象。骨髓活检：造血组织增生极度活跃，急性白血病骨髓象。流式免疫分型原始细胞约占核细胞的 93.5%，其中 SSC 较小的异常细胞约占核细胞的 89.5%，阳性表达 CD7、CD38、CD56、CD58、CD71、cCD3、TdT，少量表达 CD3；SSC 稍大的异常细胞约占核细胞的 4%，其阳性表达 CD15、CD33、CD38、CD56、CD58、CD117、CD123、MPO。提示为混合表型急性白血病（MPAL，T+M 可能）。染色体核型分析结果：46,XY,t(4;12)(q12;p13)[20] 提示所分析的 20 个中期相细胞，细胞核型均存在一条 4 号和一条 12 号染色体易位，分子遗传学白血病 43 种（包含 ETV6-PDGFR）常见融合基因筛查未见异常。

结论 伴 t(4;12)(q12;p13)染色体异常的急性髓系白血病常涉及 PDGFR 和 ETV6，t(4;12)(q12;p13)是慢性嗜酸性白血病(CEL)的一种染色体异常形式，本例经流式免疫分型为混合表型的急性白血病，具有该种易位的病例生存期短,预后差。

PO-0123

乳酸代谢相关基因模型的构建及其对急性髓系白血病免疫和预后的影响

黄泽敏^{1,2}、魏晶^{1,2}、陈幸标^{1,2}、潘晓雯^{1,2}、陆紫媛¹

1. 广州医科大学附属第三医院

2. 广州医科大学

目的 乳酸积累参与诱导形成免疫抑制微环境进而影响免疫治疗效果。然而乳酸基因是否与免疫治疗相关并能预测生存尚不清楚。因此，需探讨乳酸代谢相关基因在急性髓系白血病（acute myeloid leukemia, AML）的免疫影响和预后意义。

方法 收集来自 TCGA、GEO 和 GENECARDS 数据库 AML 患者 RNA 序列和临床病理学数据，根据乳酸代谢相关基因的表达情况，采用 PCA 降维区分 AML 患者为两组。对比两组的生存曲线、肿瘤突变负荷（Tumor Mutation Burden, TMB）、功能富集以及 ESTIMATE 免疫积分。采用单因素 Cox 回归分析和 Lasso 回归算法构建预后模型并对关键基因进行功能富集和 ESTIMATE 免疫积分进行分析。

结果 共筛选到 285 个乳酸代谢相关基因。根据乳酸代谢相关基因将 AML 患者分为两个群组，两组的存活率、生物学过程、分子功能、细胞成分、信号通路、TMB、ESTIMATE 免疫积分均存在差异。构建由 LMNA、HK1 和 RETN 基因组成的风险评分模型。1、3、5 年的 ROC 曲线验证该模型具有良好预测效率。高危组总生存期远短于低危组（ $P < 0.05$ ）。这三个基因各具有不同的预后意义，其在 AML 患者的表达水平、功能富集和免疫特征各不同。

结论 AML 中的乳酸代谢相关基因与生存和免疫特征显著相关。构建的风险评分模型能很好识别和预测生存和免疫治疗效果。

PO-0124

老年白血病患者经济毒性现状及其对生存质量影响的研究

潘娟

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 调查老年白血病患者经济毒性现状及主要影响因素，及其对生存质量的影响。

方法 采用便利抽样法，选取 2022 年 3 月至 2023 年 2 月收治于华中科技大学同济医学院附属协和医院的 186 例患者作为研究对象。采用一般资料调查表、中文版经济毒性综合评分量表、社会支持

评定量表、白血病生活质量评估量表(FACT-Leu)对其进行调查。

结果 老年白血病患者经济毒性总分为(21.72±7.88)分, 65.7%的患者存在经济毒性, 社会支持评定量表得分为(40.42±6.50)分, 白血病病人生活质量总分为(111.93±23.47)分。单因素分析显示, 不同年龄、文化程度、居住地、工作状况、医疗支付方式、家庭人均月收入、疾病分期、是否行造血干细胞移植的患者经济毒性得分比较, 差异有统计学意义($P<0.05$)。老年白血病患者经济毒性得分与社会支持总分和各维度得分均呈正相关($P<0.05$), Spearman 相关分析显示, 经济毒性总分与生存质量总分呈正相关($r=0.567, P<0.01$)。多元线性回归分析显示, 家庭人均月收入、年龄、疾病分期、客观支持、是否行造血干细胞移植、文化程度进入回归方程($P<0.05$), 可解释总变异的 49.1%。

结论 所调查的老年白血病患者经济毒性评分较高, 家庭人均月收入、年龄、疾病分期、客观支持、是否行造血干细胞移植、文化程度是老年白血病患者经济毒性主要影响因素, 经济毒性可以显著预测其生存质量。医务人员应全程、全面评估老年白血病患者经济毒性水平, 鼓励患者及家属参与治疗方案成本的讨论, 帮助其积极寻求社会支持, 以降低患者因治疗相关经济负担产生的痛苦。

PO-0125

Ph+ALL 患者中新型 ABL1 激酶突变的相关研究

李紫璇¹、彭丹月¹、邓君¹、熊律¹、尹平²、胡靖²、千晨静¹、姚蓝¹、殷华³、洪梅¹、吴秋玲¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 华中科技大学同济医学院公共卫生学院

3. 解放军总医院第五医学中心

目的 ABL1 激酶突变可产生对伊马替尼和其他酪氨酸激酶抑制剂 (Tyrosine Kinase Inhibitor, TKI) 高水平的耐药性, 一直是急性淋巴细胞白血病 (Acute Lymphoblastic Leukemia, ALL) 领域的研究热点。随着检测方法的发展, 二代测序 (Next Generation Sequence, NGS) 在临床上越来越多地检测到以前未见报道的突变, 其临床特征仍不清楚。第三代酪氨酸激酶抑制剂是目前临床上针对 ABL1 激酶突变最新的治疗方法, 但其在 Ph+ALL 患者中应用以及对新发现的 ABL1 激酶突变的抑制作用研究较少。因此, 本文旨在揭示新型 ABL1 激酶突变的发生发展规律及临床特征, 评价第三代 TKI 对于 Ph+ALL 患者预后以及新型 ABL1 激酶突变的抑制作用。

方法 回顾性分析华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科 2017 年 5 月至 2023 年 5 月期间诊治的 97 名 Ph+ALL 患者三个阶段 (治疗前、缓解期和复发期) ABL1 激酶突变的变化及分析其与临床指标及预后关联特点; 比较 92 名接受第一代、第二代或第三代 TKI 治疗的 Ph+ALL 患者疗效, 并且分别从临床层面以及细胞层面比较 TKI 对与新型 ABL1 激酶突变的抑制效果。

结果 总共检出 52 个 ABL1 激酶突变, 包括 14 个已知的耐药突变和 38 个新型突变, 其中耐药突变以 T315I 以及 P-loop 为主, 主要发生于复发患者中; 新型突变以 R239G、F401V/L、K262T 以及 R516L 为主, 多发于初治以及缓解患者中。未经治疗的 Ph+ALL 患者存在 F401V/L 与较高的复发风险相关 ($P=0.0928$)。第三代 TKI 在新确诊和复发的 Ph + ALL 患者的预后方面, 包括增强缓解深度、缓解短解时间和降低复发率等方面具有显著优势。用 BCR::ABL1 F401V、K262T、R239G 或 R516L 突变转染的 BaF3 细胞被 olverembatinib 强烈抑制, IC_{50} 值为 0.73-1.52 nM。

结论 新型 ABL1 突变对患者预后可能存在潜在的不良影响, 三代 TKI Olverembatinib 可以有效改善 Ph+ALL 患者预后, 是临床上针对 ABL1 激酶突变有效的治疗方案。

PO-0126

基于 RUNX1-RUNX1T1 融合 基因建立的儿童 AML 患者预后模型

寻阳^{1,4,5}、杨画^{1,4,5}、陶玉¹、刘荣秋¹、李虹麟⁴、魏丽²、游华³

1. 重庆医科大学
2. 重庆市人口计生研究院
3. 重庆医科大学附属儿童医院
4. 佛山科学技术学院
5. 重庆医科大学附属第二医院

目的 儿童急性髓系白血病 (pAML) 是儿童中罕见但具有侵袭性的血液恶性肿瘤。其诱导化疗完全缓解率仅为 80% 左右, 5 年生存率为 65-75%, 复发率高达 40%。目前 pAML 风险分层主要依赖于细胞遗传学结果。RUNX1 和 RUNX1T1 基因经染色体易位并融合发生于 10-12% 的 pAML 患儿, 是 pAML 临床最常见的遗传异常之一。大多数携带 RUNX1-RUNX1T1 融合基因的 pAML 患儿 (简称: RR-pAML) 被归类为低风险组, 是儿童 AML 预后良好生物标志。然而, 仍有相当比例的患儿仍然经历不利的总生存期和/或无事件生存期。因此, 一个特定的临床决策支持工具对于准确评估 RR-pAML 患者的生存是至关重要的, 旨在提高预后。

方法 该研究包括了 2009 例 pAML 患者, 其中 284 例患者携带了 RUNX1-RUNX1T1 融合基因 (RR-pAML)。患者数据以 3:7 的比例被随机分为训练集和验证集; 主要终点是 OS 和 EFS。采用单变量和多变量 Cox 分析构建了 RR-pAML 预后模型。利用 C 指数和 AUC 值评估了模型的性能。

结果 RR-pAML 模型基于两个关键临床数据有效地将患者分为低风险组和高风险组, 这两组具有不同的临床特征、反应率、复发风险和死亡率。低风险组的 5 年总生存率为 91.0%, 高风险组为 73.0% ($p = 0.024$, AUC 0.69)。低、高风险组的 5 年无事件生存率分别为 76.8% 和 50.2% ($p < 0.001$, AUC 0.70)。与先前的预后模型相比, 新模型在 C 指数和 AUC 方面表现出更优异的性能, 并且重新将 31.7% 的 RR-pAML 患者分类为高风险类别, 并预测了复发风险。

结论 RR-pAML 模型是一种简单而有效的临床分层工具, 适用于携带 RUNX1-RUNX1T1 融合基因的 pAML 患者, 为改进现有模型的风险分层提供思路, 促进个体化治疗策略的制定。

PO-0127

成人白血病患者症状群研究的范围综述

马月好

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 对成人白血病患者症状群的研究进行范围审查, 归纳和总结成人白血病患者症状群的种类、评估工具及干预措施, 为完善成人白血病患者症状管理提供参考。

方法 根据范围综述的研究方法, 系统检索中国知网、万方数据库、维普中文科技期刊数据库、中国生物医学文献数据库、PubMed、Embase、CINAHL、Web of Science、Cochrane Library 等国内外数据库中关于成人白血病患者症状群的研究。检索时限为建库至 2024 年 3 月 1 日。由 2 名研究者对纳入文献进行汇总和分析。

结果 共纳入 13 篇文献。共提取 7 个症状群, 频次排在前位的分别是疼痛疲劳睡眠症状群、心理症状群及营养受损症状群。成人白血病患者症状群的评估工具罕见特异性量表, 研究者多采用普适性量表和普适性量表特异性模块, 常用的包括欧洲癌症研究和治疗组织的生活质量问卷 (EORTC QLQ-C30), 安德森症状评估量表 (MDASI), 埃德蒙顿症状评估量表 (ESAS), 记忆症状评估量表 (MSAS) 以及癌症治疗功能评估量表白血病模块 (FACT-Leu)。干预措施包括认知行为疗法、

芳香疗法、触摸疗法、自助放松运动等。另外，移动健康应用程序及计算机支持的交互式定制患者测评程序可加强患者自我症状管理。

结论 成人白血病患者症状群的研究处于发展阶段，后续可开展患者症状群变化轨迹、测评工具、相关因素分析等方面的研究，并开展更多高质量的随机对照试验，验证干预效果，从而为完善成人白血病患者症状管理提供依据。

PO-0128

近单倍体 ALL 一例并文献复习

周静、郑珊林、蒋莉、张海琴、李鸿瑞
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 近单倍体急性淋巴细胞白血病为罕见的 ALL，预后差。此类病例进行常规遗传学检测时，隐蔽的近单倍体(仅见一种近单倍体复制的细胞克隆)ALL 易与超二倍体 ALL 核型混淆，影响预后判读。为丰富此类异常资料，本文分析一例近单倍体 B 系 ALL 患者的实验室检查。

方法 对 1 例全血细胞减少的 18 岁女性患者的采取其骨髓标本，进行流式免疫分型，G 显带的染色体核型分析及行荧光原位杂交 (FISH) 检测综合分析，并结合相关文献进行复习讨论。

结果 流式免疫分型结果为 B-ALL，骨髓染色体核型分析结果：28,X,+X,+8,+10,+18,+21[10]/56,idem×2[4]/46,XX[6]，20 个中期分裂相中 10 个近单倍体核型，4 个超二倍体核型，FISH 检测结果为 PDGFRB (5q32-33) 缺失，ABL9q34.12) 缺失，ABL2(1q25.2) 缺失，CSF1R(5q32) 缺失，比例分别为 79%，75%，70%，78%，CRLF2(XP22.33/YP11.32)正常。

结论 该患者的核型结果和 FISH 结果证实存在大量染色体丢失,为近单倍体 ALL。细胞遗传学上，隐蔽的近单倍体 ALL 可通过以染色体四体为主来区分，而真正的超二倍体 ALL，主要伴随染色体三体，21 四体。也可以使用 FISH 或流式细胞术进行 DNA 倍体检测来区分。并且随着单核苷酸多态性微阵列，二代测序越来越多地用于 ALL 的基因检测，近单倍体 ALL 病例被错误分类的风险将减少。

PO-0129

聚乙二醇干扰素清除 RUNX1-RUNX1T1 微残的急性髓系白血病 1 例报告及文献复习

齐南南、王艳、牛志云、张敬宇
河北医科大学第二医院

目的 探讨 1 例聚乙二醇干扰素清除 RUNX1-RUNX1T1 微残的急性髓系白血病的临床疗效。

方法 回顾性分析 1 例聚乙二醇干扰素清除 RUNX1-RUNX1T1 微残的急性髓系白血病患者的临床资料，并进行相关文献复习。

结果 1 例 26 岁男性，4 年前诊断为伴 RUNX1-RUNX1T1 阳性的急性髓系白血病，给予标准 IA 方案（去甲氧柔红霉素联合阿糖胞苷）诱导治疗后达 CR_{MRD}。后患者行 4 次中/大剂量阿糖胞苷巩固治疗，期间均获得 CR_{MRD}。2021 年 8 月停止化疗，口服达沙替尼 70mg 1/日维持治疗并规律门诊随访。3 个月后骨髓 RUNX1-RUNX1T1 融合基因阳性，比例为 0.044%。间隔 1 月复查骨髓 RUNX1-RUNX1T1 融合基因仍为阳性，比例为 0.033%。2022 年 1 月开始应用聚乙二醇干扰素 α-2b 治疗。聚乙二醇干扰素 α-2b 治疗 1 年后复查骨髓 RUNX1-RUNX1T1 融合基因阴性。RUNX1-RUNX1T1 持续转阴 2 个月后患者因食欲下降停用聚乙二醇干扰素。现患者 RUNX1-RUNX1T1 融

合基因持续阴性 10 月余。

结论 伴有 RUNX1-RUNX1T1 融合基因低表达的急性髓系白血病，应用聚乙二醇干扰素可获良好的临床疗效。但因目前病例数据有限，需大数据积累观察聚乙二醇干扰素在此类患者的临床疗效。

PO-0130

智能药物管理 app 在白血病化疗后出院患者居家过程中的应用

杨思秦、杜欣

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 研发智能药物管理 app，并探讨该 app 在白血病化疗后出院患者居家过程中的应用效果。

方法 基于协同设计理论，结合前期需求调研，于 2021 年 3-12 月，选取我科的造血干细胞移植术后出院患者作为研究对象，采用随机数字法进行分组，干预组 50 例，对照组 50 例。对照组采用口服药的常规管理模式，干预组采用智能药物管理 app 进行用药管理。干预前后调查 2 组的用药依从性、用药知识和合理用药自我效能得分，干预后收集干预组对 app 的评价量表。

结果 干预组患者的用药依从性、合理用药自我效能得分及均高于对照组 ($P<0.05$)；两组对用药知识得分及差值比较差异无统计学意义 ($P>0.05$)；92% 的患者对智能药物管理 app 具有较高的满意度。

结论 智能药物管理 app 能有效提高白血病化疗后出院患者居家过程中的用药依从性及合理用药自我效能，且具有较好的可行性与实用性，拓展了用药安全管理的服务范畴，值得进一步推广。

PO-0131

SFEE 饮食管理干预在血液科白血病化疗后患者中的应用

李雨晴、杜欣

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨自我-家庭-环境赋权 (SFEE) 饮食管理干预在血液科白血病化疗后患者中的应用效果。

方法 选取 2021 年 6 月—2022 年 6 月我院的 102 例例行血液科白血病化疗后患者为研究对象，采用随机法分为对照组和试验组各 51 例，对照组实施常规饮食护理，试验组实施 SFEE 饮食管理干预，比较两组饮食依从性、健康饮食知识、患者自我管理能力及领悟社会支持水平。

结果 干预后，试验组血液科白血病化疗后患者饮食依从性得分、健康饮食知识得分、白血病化疗后自我管理能力及领悟社会支持得分均高于对照组，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 SFEE 饮食管理干预可有效提高血液科白血病化疗后患者的饮食依从性，增加患者健康卫生知识水平，提高领悟社会支持力量及白血病化疗后自我管理能力和。

PO-0132

HIV 感染合并急性白血病十例临床分析

樊珊珊、钱川、陶鹏飞、周奇文、林森、李孔龙、王希、闵海燕

云南省传染病医院

目的 探讨 HIV(human immunodeficiency virus)感染合并急性白血病(acute leukemia)的临床特点，

总结诊疗经验，提高临床医生对该病的认识。方法 回顾性分析云南省传染病医院感染二科 2016 年 2 月至 2021 年 6 月确诊的 10 例 HIV 感染合并急性白血病患者临床特征、诊治及结局。

方法 回顾性分析云南省传染病医院感染二科 2016 年 2 月至 2021 年 6 月确诊的 10 例 HIV 感染合并急性白血病患者临床特征、诊治及结局。

结果 10 例 HIV 感染合并急性白血病患者中 8 例男性，中位年龄 40 岁（23~64），平均年龄 43.5 岁。急性髓系白血病 8 例，急性淋巴细胞白血病 2 例，均为 L3。3 例 M3 的 PML/RARA 融合基因均阳性，4 例患者呈现多条染色体结构及数目异常。10 例患者的 CD4+ T 细胞计数范围为 84 ~ 389 个 / μ L，平均 253.5 个 / μ L。接受化疗的有 6 例，3 例存活，2 例死于化疗后骨髓抑制继发败血症，1 例失访。未接受化疗 4 例，3 例死亡，其中 1 例 M3 还未开始治疗即并发脑出血死亡，1 例失访。生存时间最长 63 个月。

结论 HIV 合并急性白血病表现复杂，病情进展迅速，及早诊断，在积极抗病毒治疗的同时及时启动标准化疗，有助于提高生存。

PO-0133

新冠疫情下 CART 细胞采集的护理管理

高利梅、陶秀艳、马文文、岳佳佳、高莎莎
北京高博博仁医院

目的 探讨新冠疫情下 CART 细胞采集的护理管理方法

方法 总结疫情期间 CART 细胞采集的护理管理方法

一般资料 2020 年 1 月到 2022 年 12 月期间共 1280 例，男 720 例，女 562 例，年龄 9 月 20 天~86 岁，淋巴瘤 568 例，急性白血病 607 例，多发性骨髓瘤 76 例，粒细胞肉瘤 1 例，21 例实体癌，床旁采集 101 例。

根据院级疫情防控管理措施制定我科相关制度和护理管理方法

1. 人员管理：所有进入采集室的人员需持有 24 小时核酸阴性证明，带 N95 口罩，控制采集室人数，无关人员不得进入采集室。
2. 护理人员管理：采用二级防护，全程规范戴 N95 口罩、一次性医用帽、隔离衣、手套、面屏，每日一次核酸、两次健康监测，公共区域与他人错峰使用，保持两点一线，坚持三不原则：不聚集、不聚餐、不参加聚集性活动。
3. 环境管理：每日通风 4 次，每次 30 分钟，一人一消毒，物体表面每日使用 500mg/L 的含氯消毒液擦拭，紫外线灯照射 60 分钟。每日终末消毒使用 0.5%过氧乙酸喷雾消毒，作用 1 小时后开窗通风。
4. 特殊患者采集：疑似阳性或红码患者以及病区隔离人员，必须采集者，选择床旁采集，二级防护，着防护服。

结果 1280 例 CART 细胞采集顺利完成，无一例患者和医务人员在本科室感染。

结论 通过实施科学合理的护理管理方法，更好地保证了 CART 细胞采集的顺利完成，杜绝了交叉感染，有效控制了疫情，保障了医务人员及患者的健康安全。

PO-0134

Protein S100A8 identified based on 4D-Labelfree proteomics technology promotes microenvironmental senescence by activating NOX2 in U937

Jingyi Xia, Liumei Yu, Haoyu Luo, Jianping Xu
Fujian Medical University

Objective To investigate the role of protein S100A8 identified by 4D-Labelfree proteomics in the remodeling of bone marrow microenvironment induced by U937 cells.

Methods The co-culture model of AML cell U937 and bone marrow stromal cell HS-5 was established in vitro. 4D-Labelfree proteomics technology was used to identify the differentially expressed proteins of U937 before and after co-culture with HS-5, and GO enrichment analysis was conducted on the identified differentially expressed proteins. The expression of S100A8 in U937 cells was knock down by shRNA, and the NOX2 releasing ROS levels in U937, U937-NC and U937-KD cells co-cultured with HS-5 cells were determined by Amplex red assay. The senescence of HS-5 before and after co-culture with U937, U937-NC and U937-KD was detected by senescence associated β -galactosidase staining, and the mRNA expression changes of p21, p16 and LaminB in HS-5 cells were detected by qPCR.

Results The direct contact co-culture system between AML cell line U937 and stromal cells HS-5 was successfully constructed. Proteomic results showed that after co-culture, the expression of 449 proteins in U937 decreased significantly ($F_c < 0.5$), 27 proteins $F_c < 0.1$, a total of 489 proteins increased ($F_c > 2$), and 96 proteins $F_c > 10$. GO enrichment to superoxide-generating NADPH oxidase activation and other related pathways. The differential proteins with $F_c > 10$ included proteins S100A8 and NCF2. Amplex red assay showed that NOX2 activity of U937 co-cultured with HS-5 was significantly increased ($p < 0.05$). The positive rate of SA- β -gal of HS-5 co-cultured with U937 was higher than that of HS-5 alone, the expression of p21 and p16 was increased, and the expression of LaminB was decreased ($p < 0.05$), suggesting the senescence of HS-5 cells. The expression vector of lectin virus was successfully constructed, The S100A8 expression level of U937 was decreased. Amplex red assay showed that the NOX2 activity of U937-KD was significantly lower than that of U937-NC when co-cultured with HS-5 ($p < 0.05$). Compared with U937-KD and U937-NC co-cultured HS-5, the positive rate of SA- β -gal was significantly increased, and the expressions of p21 and p16 were decreased, LaminB expression was increased ($p < 0.05$), indicating that decreased S100A8 expression of U937 inhibited HS-5 senescence.

Conclusion The high expression protein S100A8 of U937 co-cultured with HS-5 can induce senescence of HS-5 by activating NOX2, indicating that stromal cells are remodeled by AML cells and promote the progression of AML. S100A8 as a potential treatment may ameliorate the malignant effects of AML cells on the microenvironment.

PO-0135

DHX15 缺失导致白血病细胞 DNA 损伤相关周期停滞、细胞凋亡

王雪纯、叶露雅、蔡媛华、吴婉婷、赖小林、刘樵、涂福泉、潘莉莉、王少元
福建医科大学附属协和医院

目的 RNA 解旋酶 DHX15 在细胞的各种生物学过程及不同的疾病中扮演着重要的角色。DHX15 在 AML 及 Burkitt 淋巴瘤中高表达且为疾病预后不良因素，均可通过 NF- κ B 通路介导细胞凋亡。本课题主要探讨 DHX15 在白血病细胞生物学功能的共有机制和通路，明确其在 AML 发生发展中的分

子机制。

方法 1.构建 i.H/i.V-CDX 模型,通过动物活体成像、体重和瘤体监测、流式分析 CD33%等实验,探究敲低 DHX15 对白血病细胞体内的增殖、浸润及对小鼠发病、预后的影响。2.通过竞争性生存、克隆形成、流式、WB 等实验,探究敲低 DHX15 对多个白血病细胞株增殖、细胞周期、细胞凋亡、细胞分化的影响。3.联合多细胞系的转录组学(RNA-seq)分析,对敲低 DHX15 后白血病细胞株中共有的差异基因进行 GO、KEGG、GSEA 富集分析。4.通过 RT-qPCR、彗星实验、WB、免疫荧光等实验技术检测白血病细胞株 DNA 损伤通路、损伤标志物、R-loop 滞留情况及 DDR 相关蛋白进行检测。

结果 1.敲低 DHX15 明显抑制 i.H/i.V-CDX 模型白血病细胞的增殖浸润、延缓小鼠白血病发病、延长小鼠生存期。2.敲低 DHX15 明显抑制白血病细胞体外增殖和克隆形成能力、导致细胞周期 G1/S 期阻滞、增加白血病细胞的凋亡。3.敲低 DHX15 导致白血病细胞株 UV_RESPONSE_UP 通路、抗病毒免疫反应、天然免疫反应、炎症、凋亡等通路上调富集;RNA 剪切/代谢、核糖体代谢、细胞周期、同源重组等通路下调富集。4.敲低 DHX15 导致细胞 Tail Moment 增加, DNA 损伤标志 γ -H2AX、53BP1 增加, R-loop 检测指标 S9.6 荧光强度增强, DDR 相关蛋白 PARP1、P-ATM、P-CHK2、P-DNA-PKcs、P-CHK1 显著降低。

结论 DHX15 缺失可通过 R-loop 累积引起 DNA 损伤、抑制 DNA 修复,导致 AML 细胞体外的增殖受抑、细胞周期 G1/S 期停滞、凋亡增加,进而影响 AML 细胞株 i.H/i.V-CDX 模型体内的增殖、浸润,延缓小鼠白血病的发病、改善小鼠预后。

PO-0136

奥雷巴替尼治疗达沙替尼耐药的 T315I 突变慢性粒细胞白血病急变期患者

黄赛、陈平、刘邵梅、董丽丽、李猛、刘代红、窦立萍
中国人民解放军总医院第一医学中心

目的 酪氨酸激酶抑制剂 (TKI) 使绝大多数 T315I 突变慢性粒细胞白血病 (CML) 获益,但仍有部分慢性期患者治疗失败,甚至对二代 TKI 耐药,疾病进展至加速、急变期,此类患者预后较差,如何提高二代 TKI 耐药的 T315I 突变慢性粒细胞白血病急性期患者的临床疗效、改善生存质量,是临床上亟需解决的问题。

方法 收集中国人民解放军总医院血液科诊治的 43 岁女性,既往慢性粒细胞白血病慢性期使用伊马替尼 0.4g 1/日治疗后,疾病进展至加速期,更换达沙替尼 70mg 2/日治疗后无效,考虑达沙替尼耐药,入院后骨髓形态提示原始细胞占 68.4%,考虑 CML-CP;免疫分型提示表型异常的幼稚髓系细胞占 64.58%;融合基因提示 BCR-ABL P210 阳性;ABL 激酶区突变位点提示 T315I 突变;BCR-ABL(b2a2, P210)拷贝数 60.4%;二代测序提示 ASXL1 突变。明确诊断为 T315I 突变慢性粒细胞白血病急变期合并 ASXL1 突变预后不良。

结果 患者接受奥雷巴替尼 40mg 1/隔日方案化疗 1 疗程后,达到 CCyR。主要不良反应为血小板计数减少,经对症支持治疗后好转。

结论 二代 TKI 耐药的 T315I 突变 CML 患者整体预后差,治疗面临诸多挑战,疗效仍有待提高。奥雷巴替尼是中国第三代 TKI,在多重耐药特别是合并 T315I 突变的 CML 患者中具有持久的疗效和良好的安全性,是此类患者的潜在、新型治疗方法,不良反应可控。以奥雷巴替尼为代表的第三代 TKI 治疗,可有效提升达沙替尼耐药的 T315I 突变慢性粒细胞白血病急变期患者的总反应率和长期生存,为此类患者的治疗起到参考作用。

PO-0137

异基因造血干细胞移植一线治疗首次达到完全缓解（CR1）的成人急性 T 淋巴母细胞淋巴瘤/白血病的临床分析

谷振阳、李菲、李猛、靖戎、赵瑜、薄剑、王璐、王莉莉、高春记、窦立萍、刘代红
中国人民解放军总医院第一医学中心

目的 关于异基因造血干细胞移植（Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT）一线治疗首次获得完全缓解（first complete remission, CR1）的成人急性 T 细胞淋巴母细胞淋巴瘤/白血病（T-cell acute lymphoblastic leukemia/lymphoma, T-ALL）临床研究依然很少。

方法 本研究分析了 2010 年 1 月至 2021 年 12 月期间于解放军总医院第一医学中心接受 allo-HSCT 的 94 例 T-ALL 的临床资料，包括了 76 例患者 CR1 后接受了 allo-HSCT（一线移植组），18 例患者在非 CR1 状态下（复发难治或 CR2）接受了 allo-HSCT（非一线移植组）。

结果 两组患者中位年龄相同均为 25 岁。非一线移植组中 T 淋巴母细胞淋巴瘤患者比例较高（61% 对 30%）。一线移植组有 56 例患者经 1 疗程诱导治疗达到了 CR，24 例经 2 个或 2 疗程以上才获得了 CR。在非一线移植组中，有 14 例患者为未缓解状态，4 例患者为第 2 次获得 CR(CR2)。两组中的中位随访时间类似均为 51 个月。一线移植组 5 年总生存（OS）为 54%，非一线移植组 5 年 OS 为 19%（ $P=0.013$ ）。两组 5 年无进展生存分别为 50% 和 20%（ $P=0.02$ ）。一线移植组的 5 年累计复发率显著低于非一线移植组（32% 对 64%， $P=0.006$ ）。但两组 5 年累计移植相关死亡率无明显差异（19% 对 16%， $P=0.56$ ）。疾病进展依然是最常见的死亡原因。多因素分析显示非一线移植和移植共病指数评分（HCT-CI(≥ 2 ））是生存不佳和复发风险增高的独立危险因素；而单倍体移植类型是移植后移植相关死亡率增加的独立危险因素。

结论 allo-HSCT 仍然是治疗成人 T-ALL 一种重要治疗方法，尤其对于 CR1 的患者疗效更好。

PO-0138

基于单细胞转录组测序技术探讨肌肉减少症与急性髓系白血病异质性及微环境的关系

孙倩、刘文洁、洪鸣、朱雨、李建勇、钱思轩
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 高度的肿瘤内异质性（ITH）和骨髓微环境（BMM）组分的改变对急性髓系白血病（AML）患者耐药及复发非常重要，可能对肌肉减少症的表型也存在影响。本研究旨在通过单细胞转录组测序（scRNA-seq）技术，分析肌肉减少症与急性髓系白血病异质性及微环境的关系，以为后续研究提供依据。

方法 利用生物电阻抗法诊断肌肉减少症。利用本中心 9 例复发/难治 AML 患者的骨髓标本行 scRNA-seq，分析肌肉减少症与非肌肉减少症 AML 患者肿瘤细胞及微环境组分的细胞亚群差异。进一步收集 19 例初诊 AML 患者标本进行 bulk RNA-seq，并进行反卷积，利用生物信息学方法验证肌肉减少症及非肌肉减少症组患者微环境组分的细胞亚群差异以及肿瘤细胞差异表达的基因及信号通路。

结果 scRNA-seq 确定了 AML 患者中 9 种白血病样细胞亚群。伴有肌肉减少症的 AML 患者中，造血干细胞（HSC）细胞亚群在恶性细胞中的占比显著较高，而祖细胞和单核细胞则在不伴肌肉减少症的 AML 患者中呈现较高的比例。在肌肉减少症的 AML 患者中，微环境组分中，中性粒细胞、巨核细胞、CD8+ Tcm（中央记忆型 CD8+ T 细胞）明显较少，而免疫抑制的 Treg 细胞（调节性 T 细胞）显著较多。利用 19 例初诊 AML 患者的 bulk RNA-seq 数据反卷积后，证实 Treg 细胞在伴

有肌肉减少症的 AML 患者中呈现较多分布。伴有肌肉减少症的患者中有 167 个基因显著上调，上调最显著的 5 个基因包括 ME3、UBE2E3、PCSK5、LAMC1 和 PTPRF；共发现 224 个显著下调基因，包括 RNF18B、TNFAIP3、GALNT2、ORM2 和 IL1R2 等。对差异表达基因进行通路富集发现，富集通路包括多能干细胞调节通路、Hippo 信号通路、蛋白质消化吸收通路等。

结论 肌肉减少症可能与免疫抑制的微环境有关，并影响 AML 患者的预后。

PO-0139

伊马替尼成功治疗 1 例青少年 T 淋巴母细胞白血病/淋巴瘤 伴嗜酸性粒细胞增多和 CCDC88C-PDGFRB 融合基因获得持久缓解

李艳芬、靖彧

中国人民解放军总医院第一医学中心

目的 伴酪氨酸激酶融合基因的淋系肿瘤多合并酸性粒细胞增高，我们报道一例淋巴结病理诊断为 T 淋巴母细胞白血病/淋巴瘤，骨髓和淋巴结 FISH 均检测到 t(5; 14)(q33;q32)易位，其相应的融合基因为 CCDC88C-PDGFRB，伊马替尼治疗后获得持久缓解的病例

方法 患者为 15 岁青少年男性，以双颈部淋巴结肿大起病，行淋巴结穿刺活检，病理诊断为 T 淋巴母细胞淋巴瘤/白血病。PET/CT 示双侧颈部、双侧锁骨区、纵隔、左侧肺门、左侧腹股沟区高代谢淋巴结，肝脏、脾脏明显增大，符合淋巴瘤表现。骨髓形态：嗜酸细胞比例增高占 18.8%，外周血片嗜酸占 27%。流式免疫分型未检出肿瘤细胞。染色体正常核型。二代测序技术（NGS）检测到骨髓中 CCDC88C-PDGFRB 融合基因阳性。那么淋巴结肿大是否与该融合基因有关，取淋巴结白片进行 NGS 检测，同时对淋巴结、骨髓标本进行 FISH 检测，淋巴结中发现 CCDC88C-PDGFRB 融合基因，骨髓及淋巴结均存在 t(5; 14)(q33;q32)易位，证实 CCDC88C-PDGFRB 融合基因的存在导致了此病的发生，通过 PCR 扩增及一代测序技术设计了一种实时定量 PCR 方法对 CCDC88C-PDGFRB 融合基因进行量化

结果 淋巴结病理诊断明确后给予 VDCLP 方案诱导治疗，第 8 天二代测序结果回报后果断放弃常规化疗，加用伊马替尼 400mg/天治疗，第 15 天骨髓中嗜酸细胞比例恢复正常，1 个月后 CCDC88C-PDGFRB 融合基因由 379.3%下降至 9.1%，颈部包块消失，外周血中嗜酸细胞比例仍偏高，加用小剂量泼尼松治疗 3 个月后恢复正常。4 个月后 PET/CT 达完全缓解，5 个月后融合基因转阴。患者目前仍口服伊马替尼治疗，并处于持续缓解状态

结论 t(5; 14)(q33;q32)易位形成的 CCDC88C-PDGFRB 融合基因淋系肿瘤对伊马替尼治疗有效，可能是针对此类病人的有效治疗方式

PO-0140

儿童急性淋巴细胞白血病中 CEP72rs924607 基因多态性 与长春新碱诱导的周围神经病变关系的队列研究

李闯²、金皎¹、黄璟¹

1. 贵州医科大学附属医院

2. 贵州医科大学

目的 研究急性淋巴细胞白血病患儿的 CEP72 rs924607 基因多态性及长春新碱诱导的周围神经病变（Vincristine-induced peripheral neuropathy, VIPN）的特征，探讨 CEP72 rs924607 基因与

VIPN 的关系。

方法 2018 年 1 月~2023 年 2 月于贵州医科大学附属医院使用 CCCG-ALL2015 或 CCCG-ALL2020 方案治疗的 1~18 岁 ALL 患儿为研究对象, 根据方案中的年龄对危险度分组影响, 将患儿分为 1~10 岁组和 >10 岁组, 采用单核苷酸多态性分析方法检测 CEP72 rs924607 基因多态性, 并使用国家癌症研究所不良事件通用术语标准第 5 版, 对发生的 VIPN 进行分级评估及记录, 组间比较采用卡方检验或 Fisher's 检验, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结果 1. 共 80 例 ALL 患儿纳入本研究, 其中 T 等位基因频率为 31.9% (51/160); 2. 49 例患儿至少发生 1 次 2-4 级 VIPN (发生率 61.3%), CEP72 TT 基因型发生率 > CT+CC (91.7% vs 55.8%, $P < 0.05$); 3. 在发生的 49 例 VIPN 中, CC 基因型发生严重 (3 级及以上) VIPN 为 9/20 例 (45%), CT 基因型为 5/18 例 (27.8%), TT 基因型为 4/11 例 (36.4%), 三种基因型在 VIPN 发生的严重程度无统计学意义 ($P > 0.05$); 4. 共发生 VIPN 96 例次, 类型分别为自主神经症状 42 例次 (43.8%)、周围神经损伤 44 例次 (45.8%)、颅神经损伤 10 例次 (10.4%), 三种基因型在 VIPN 发生类型的差异比较无统计学意义 ($P > 0.05$); 5. 发生 VIPN 患者的长春新碱平均剂量为 5.0mg/m², VIPN 的发生率未随着长春新碱累积剂量的增加而上升; 6. 首次发生 VIPN 与最近一次使用长春新碱的平均时间间隔为 1 周; 首次发生 VIPN 与首次使用长春新碱的平均天数为 33 天; 7. 使用对症治疗后临床症状消失为 2.6±2.0 天, 无死亡或遗留周围神经病变损伤病例。

结论 儿童 ALL 患者中, CEP72rs924607 基因多态性中 CC 基因型占比最高, TT 基因型最少; TT 基因型者有较高的 VIPN 发生率; 儿童急性淋巴细胞白血病患者中, VIPN 发生率相对较高, 其中周围神经损伤发生率最高。VIPN 预后普遍良好。

PO-0141

长春新碱诱导的周围神经病变的儿童队列研究

李闯²、金皎¹、黄璟¹、杨小燕¹、李燕¹、颜永燕¹、杨灿¹

1. 贵州医科大学附属医院

2. 贵州医科大学

目的 评估急性淋巴细胞白血病 (acute lymphoblastic leukemia, ALL) 患儿发生长春新碱诱导的周围神经病变 (vincristine-induced peripheral neuropathy, VIPN) 的特征, 探讨 VIPN 的相关性。

方法 选择 2018 年 1 月—2022 年 2 月于贵州医科大学附属医院使用 CCCG-ALL2015 或 CCCG-ALL2020 方案治疗的 1~18 岁 ALL 患儿为研究对象, 根据方案中的年龄对危险度分组影响, 将患儿分为 1~10 岁组 (91 例) 和 >10 岁组 (29 例), 并根据国家癌症研究所不良事件通用术语标准第 5 版, 对发生的 VIPN 进行分级评估及记录, 比较不同组别之间在 VIPN 发生率、严重程度、类型上的差异。

结果 共 120 例患儿纳入本研究, 56 例发生 VIPN, 发生率为 46.7%。>10 岁组患儿 VIPN 发生率高于 1~10 岁组 (69% vs 40%, $P < 0.05$), 多因素 logistic 回归分析显示, 年龄是发生 VIPN 的危险因素 ($P < 0.05$, OR=0.275, 95%CI: 0.104~0.725)。在发生 VIPN 患儿中, 3 级及以上 VIPN 12 例 (21.4%), 2 级 VIPN 44 例 (78.6%)。自主神经症状 77 例次 (59.7%)、周围神经损伤 42 例次 (32.5%)、颅神经损伤 10 例次 (7.8%)。不同年龄、性别、危险度、治疗方案组别之间 VIPN 的严重程度及类型差异无统计学意义 ($P > 0.05$)。

结论 儿童 ALL 患儿中, VIPN 发生率较高, 自主神经症状发生率最高; 10 岁以上患儿 VIPN 发生率较高, 年龄越大 VIPN 发生风险越高。

PO-0142

SLC7A11 基因在急性髓系白血病细胞中作用及其机制的研究

高慧莹

福建医科大学附属协和医院

目的 本研究旨在探究 SLC7A11 在 AML 细胞中表达情况及其可能的作用机制。

方法 1、利用 GEPIA 与 GenomicScape 数据库分析 SLC7A11 在 AML 患者表达水平及其预后，并在临床样本上进行验证；2、应用慢病毒稳转技术，敲低 MOLM-13 细胞株，过表达 THP-1 细胞株，采用 Western Blot 与 qRT-PCR 方法检测 SLC7A11 mRNA 及蛋白在各组细胞的表达水平；3、应用 CCK-8、细胞克隆形成实验检测 SLC7A11 敲低或过表达后，细胞株增殖、体外克隆形成能力的变化；4、应用流式细胞术检测 SLC7A11 敲低或过表达后细胞凋亡、周期的变化；5、应用 RNA-seq 技术对 MOLM-13 细胞株敲低对照组、shRNA2 组进行检测，寻找差异表达基因，通过 GO、KEGG 及 GSEA 分析 SLC7A11 影响白血病细胞功能的主要信号通路。

结果 1、数据库分析结果表明 SLC7A11 在 AML 患者中显著低表达，生存分析提示低表达组的总体生存期 (Overall Survival, OS) 更短；2、60 例初治 AML 患者样本 SLC7A11 表达水平显著低于 28 例健康对照；3、在 MOLM-13 细胞株中，SLC7A11 敲低显著促进细胞增殖及克隆形成；在 THP-1 细胞株中，SLC7A11 过表达显著抑制细胞增殖及克隆形成；4、在细胞凋亡实验中，MOLM-13 细胞株 SLC7A11 敲低组细胞凋亡率较对照组明显减低，THP-1 细胞株 SLC7A11 过表达组细胞凋亡率较对照组明显增加；5、细胞周期检测发现 MOLM-13 细胞株 SLC7A11 敲低组较对照组 G2 期细胞比例明显增加，THP-1 细胞株 SLC7A11 过表达组较对照组 G2 期细胞比例明显下降；6、经 RNA-seq 测序，对 MOLM-13 细胞株 SLC7A11 敲低组与对照组所有 DEGs 进行 GSEA 分析，发现差异基因在癌基因 MYC 靶点相关基因集显著富集。

结论 1、SLC7A11 在 AML 患者中明显低表达，低表达与预后差密切相关；2、SLC7A11 表达水平变化可能影响 AML 细胞表型，SLC7A11 下调可促进细胞增殖，增强体外克隆形成能力，抑制细胞凋亡，加快细胞周期的进程；3、SLC7A11 缺失可能通过激活 MYC 通路调控 AML 细胞增殖、周期与凋亡，参与 AML 的发生发展过程。

PO-0143

Change of plasma cytokine profiles in acute myeloid leukemia patients after remission

Yuze Yang^{1,2}, Yi Wang¹, Mei Zhou^{1,2}, Zhenxing Guo^{1,2}

1. Tsinghua University School of Medicine

2. First Hospital of Tsinghua University

Objective Alterations and dysregulation of cytokine expression have been found in most human cancers and new approaches have been proposed to use cytokines in cancer treatment. However, expression profile of cytokines in AML patients is still limited. Therefore, we evaluated cytokine profiles of peripheral blood plasma samples from AML patients at initial diagnosis and complete remission (CR).

Methods High-throughput plasma protein profiles of 8 AML patients were obtained by human cytokine antibody array, and 80 cytokines were analyzed.

Results Compared to the AML group at initial diagnosis, 2 upregulated (Eotaxin, IL-12p40) and 12 downregulated (IL-16, MIG, VEGF R3, SCF R, HB-EGF, NT-4, TNF RI, IL-4, VEGF R2, IGFBP-4, TNF RII, MIP-1d) proteins were observed in CR group. Consistency and interaction analysis showed three important cytokines (IL-4, MIG, IL-16) decreased significantly, while eotaxin was a higher expression after remission.

Conclusion Our data suggested that these plasma cytokines might be promising prognostic factors for AML patients.

PO-0144

DNA methylation-mediated differential expression of DLX4 isoforms has opposing roles in leukemogenesis

Jingdong Zhou, Tingjuan Zhang
Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

Objective Previously, we have reported the expression of DLX4 isoforms (BP1 and DLX7) in myeloid leukemia, nevertheless, the functional role of DLX4 isoforms remains poorly revealed. Herein, we further determined the underlying role of DLX4 isoforms in chronic myeloid leukemia (CML) leukemogenesis.

Methods DLX4 isoforms expression and methylation were detected by RT-qPCR and RT-qMSP in CML patients. The functional role of DLX4 isoforms was determined in vitro and in vivo. The molecular mechanism of DLX4 isoforms in leukemogenesis was identified based on ChIP-Seq/ATAC-Seq and RNA-Seq.

Results BP1 expression was increased in CML patients with unmethylated promoter, but DLX7 expression was decreased with hypermethylated promoter. Functionally, overexpression of BP1 increased the proliferation rate of K562 cells with the S/G2 promotion, whereas DLX7 overexpression reduced the proliferation rate of K562 cells with G1 arrest. Moreover, K562 cells with BP1 overexpression increased the tumorigenicity in NCG mice, whereas K562 cells with DLX7 overexpression decreased the tumorigenicity. Mechanistically, a total of 91 genes including 79 mRNAs and 12 lncRNAs were discovered by ChIP-Seq and RNA-Seq as direct downstream targets of BP1. Among the downstream genes, RREB1 and SGMS1-AS1 knockdown partially revived the proliferation caused by BP1 overexpression in K562 cells. Similarly, by ATAC-Seq and RNA-Seq, a number of 282 genes including 151 mRNA and 131 lncRNAs were identified as direct downstream targets of DLX7. Knockdown of downstream genes PTPRB and NEAT1 partially revived the proliferation caused by DLX7 overexpression in K562 cells. Finally, we also identified and validated a SGMS1-AS1/miR-181d-5p/SRPK2 competing endogenous RNA (ceRNA) network caused by BP1 overexpression in K562 cells.

Conclusion Our findings reveal that DNA methylation-mediated differential expression of DLX4 isoforms BP1 and DLX7 have opposite function in leukemogenesis. BP1 plays an oncogenic role in leukemia development, whereas DLX7 plays as a tumor suppressor gene. These results suggest DLX4 as a therapeutic target in anti-leukemia therapy.

PO-0145

SLIT2 promoter hypermethylation predicts disease progression in chronic myeloid leukemia

Jingdong Zhou, Yun Wang, Tingjuan Zhang, Mingqiang Chu, Zijun Xu, Qian Yuan, Jichun Ma, Jiang Lin, Jun Qian
Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

Objective Aberrant DNA methylation plays a crucial role in the progression of myeloid neoplasms. Previously, our literature reported that slit guidance ligand 2 (SLIT2) promoter methylation was associated with disease progression and indicated a poor prognosis in patients with myelodysplastic syndrome. Herein, we further investigated the clinical implications and role of SLIT2 promoter methylation in patients with chronic myeloid leukemia (CML).

Methods The level of SLIT2 promoter methylation was determined in 104 CML patients, and its clinical significance was analyzed. Moreover, demethylation studies were performed in K562 cells to determine the epigenetic mechanism by which SLIT2 promoter methylation is regulated in CML.

Results The level of SLIT2 promoter methylation was similar between CML patients and controls. However, deeper analysis revealed that the SLIT2 promoter methylation level in the accelerated phase (AP) and blast crisis (BC) was markedly higher than that in the chronic phase (CP) and controls. Additionally, a marked difference was identified between the SLIT2 promoter hypermethylated and non-hypermethylated groups among CML patients grouped by clinical stage. The frequency of SLIT2 hypermethylation was markedly increased with the progression of clinical stage, that is, it was the lowest in CP samples (12/80, 15%), higher in AP samples (4/8, 50%) and the highest in BC samples (11/16, 69%). Importantly, the level/density of SLIT2 promoter methylation was significantly higher in the advanced stage than in the early stage among the 6 tested paired CML patients. Epigenetically, the expression of the SLIT2-embedded non-coding genes SLIT2-IT1 and miR-218 expression was decreased in patients with CML. SLIT2 promoter hypermethylated cases had a markedly lower SLIT2-IT1 expression level than SLIT2 promoter non-hypermethylated cases. Moreover, SLIT2-IT1 and miR-218 expression was remarkably upregulated in a dose-dependent manner after demethylation treatment of K562 cells.

Conclusion Hypermethylation of the SLIT2 promoter is correlated with disease progression in CML. Furthermore, SLIT2 promoter methylation may function by regulating the expression of the SLIT2-embedded non-coding genes SLIT2-IT1 and miR-218 during CML progression.

PO-0146

Inhibition of XPO1 enhances daunomycin-induced cell death in acute myeloid leukaemia by overcoming HIF-1 α -mediated lysosomal sequestration.

Yunxin Zeng, Minyi Zhao, Yuling Huang, Dongjun Lin, Bo Lu
The Seventh Affiliated Hospital of Sun Yat-sen University

Acute myeloid leukemia (AML) is an aggressive hematological malignancy with high relapse/refractory rate. Enhanced lysosomal sequestration in a hypoxic microenvironment is a key mechanism leading to the development of AML chemoresistance. However, there is no effective means to overcome the lysosomal sequestration. Here we found that the increase of HIF-1 α in hypoxia could up-regulate the expression of P-gp, leading to lysosomal sequestration-related chemotherapy resistance in AML. We observed that the localization of PHD 2 within the nucleus was significantly reduced in the hypoxic microenvironment and in further enhanced the accumulation of HIF-1 α . Exportin 1 (XPO1) is a nuclear receptor exporter involved in the active transport of a number of cargo proteins. Inhibition of XPO1 in hypoxia led to PHD2 accumulation in the nucleus, thereby increasing HIF-1 α degradation and decreasing HIF-1 α levels. We co-cultured MV4-11 cells with combination of XPO1 inhibitor and daunorubicin, and found that inhibition of XPO1 reduced lysosomal sequestration of DNR, promoted DNR entry to the nucleus, and enhanced the anti-leukemia effect of DNR in hypoxia. Overall, this results demonstrate that inhibition of XPO1 might exert a synergistic antileukemic effect by overcoming lysosomal sequestration with DNR. Our results provide a new experimental basis for exploring the synergistic mechanism of XPO 1 inhibitor combined with chemotherapy against AML.

PO-0147

Presentation of a promising risk stratification nomogram tool for pediatric acute myeloid leukemia

Hua You, Yu Tao, Li Wei, Norio Shiba, Daisuke Tomizawa, Yasuhide Hayashi, Seishi Ogawa, Li Chen
Children's Hospital of Chongqing Medical University

Objective Purpose Pediatric acute myeloid leukemia (P-AML) accounts for 15-20% of all childhood acute leukemia, which could be classified based on morphology, lineage, and genetics. Over the past three decades, the overall survival (OS) rates of children with AML have increased, with the present 5-year survival rate varying between 65% and 75%. However, it remains a catastrophic disease with 30 to 40% relapsed patients, and efforts to develop novel target therapies and cell therapies to enhance OS in these patients are ongoing. Clinical protocol design has placed a strong emphasis on risk stratification of therapy for P-AML in order to maximize treatment for high-risk groups while minimizing therapeutic intensity for lower-risk groups. The criteria used for risk classification of P-AML patients have changed significantly in recent years as a result of improved understanding of recurring genetic alterations that regulate biology and treatment response. The purpose of this study is to effectively establish a risk-stratification system by coding gene expression for OS prediction of pediatric AML patients and eventually guide individual treatment.

Methods Experimental Design A total of 256 P-AML patients with accredited mRNA-seq data from the Therapeutically Applicable Research to Generate Effective Treatments (TARGET) database were divided into training (N=145) and internal validation (N=111) datasets. A gene-expression-based prognostic score was constructed for OS, by using univariate Cox analysis, LASSO regression analysis, Kaplan-Meier (K-M) survival, and multivariate Cox analysis. Discretized prognostic scores were correlated with OS outcomes using K-M survival curve in the internal validation dataset, external validation Japanese cohort (N = 139), and TCGA adult cohort (N=151). Univariate and Multivariate Cox regression was performed to identify independent predictors and establish a nomogram to predict the OS of P-AML. The traditional COG classification system used in the clinical trials on which the TARGET patients were enrolled (COG), expanded COG AAML1831 risk assessment algorithm (expanded_COG_AAML1831), 2022 ELN risk stratification system (2022ELN) and the 7 latest prognostic models established for adult or pediatric AML, including two leukemic stem cell (LSC) score based models (17-gene LSC model and 6-gene LSC model), one immune microenvironment based model (121-gene model), and four RNA expression-based models with no prior hypothesis (16-gene model, 10-gene model, 6-gene model, and 3-gene model), were selected for model comparison with our discretized prognostic scores and nomogram.

Results A P-AML-5G prognostic score bioinformatically derived from expression levels of five genes (COL23A1, TTC38, RNFT1, ZNF775 and CRNDE) clustered P-AML patients in training dataset into high-risk group (above median) with shorter OS, and low-risk group (below median) with longer OS ($p < 0.0001$). Meanwhile, similar results were obtained in internal validation dataset ($p = 0.036$), two treatment sub-groups of the combined dataset (all $p < 0.01$), as well as in the external Japan P-AML dataset ($p = 0.013$). Eight variables, including the P-AML-5G, COG, 2022ELN, expanded_COG_AAML1831, treatment protocol (CCG2961), $t(3;5)(q25;q34)$, $t(10;11)(p11.2;q23)$ and FLT3_ITD were potential risk factors affecting OS in the TARGET 145 ($p < 0.01$). Furthermore, multivariate survival analysis using the above variables with entering method found that the P-AML-5G risk group was the only independent prognostic factor for OS of the P-AML patients ($p < 0.05$). In the internal validation TARGET 111 dataset, the P-AML-5G groups, COG, MRD1, and CBFA2T3_GLIS2 were associated with the OS ($p < 0.05$), while none of them were independent of the prognostic factor. We found that P-AML-5G groups provided prognostic information beyond that provided by COG. Noteworthy was that within intermediate-risk groups, high-P-AML-5G score patients had worse trend of prognosis than low-P-AML-5G score patients in TARGET 145 and TARGET 111 ($p < 0.001$ and $p = 0.084$; respectively).

Furthermore, MRD1-positive individuals in the P-AML-5G low-risk group presented significantly worse prognoses compared to those with the low-risk/MRD1-negative patients (log-rank test, $p=0.008$), while HSCT showed the trend to improve the OS among the P-AML-5G high-risk patients (log-rank test, $p=0.10$) and decrease the OS among the P-AML-5G low-risk patients (log-rank test, $p=0.23$). The P-AML-5G group provided prognostic information beyond what was provided by COG. Besides, the P-AML-5G risk group and COG were the significant prognostic factors for OS in both the TARGET 145 and TARGET 111 datasets. These two factors were further integrated into a nomogram to predict the survival probability. In the training, internal validation and whole-genome sequenced subgroup, the concordance index of the nomogram constructed from the above two factors outperformed 7 RNA-expression-based models, two COG, and 2022 European LeukemiaNet (ELN) risk classification tools.

Conclusion The nomogram model incorporating traditional COG risk classifications and expression levels of five genes improved the prediction of OS in pediatric AML patients, which may have the potential for the risk judgment of pediatric AML patients. There are several limitations that need to be mentioned in our study. Since data collected in the TARGET dataset were from COG clinical trials before the year 2010, the applicability of the nomogram to patients receiving new treatment regimens needs to be further evaluated. Considering the limited sample size of TARGET dataset and the continuous progress of treatment protocol, future multicenter data for model refinement is indispensable.

PO-0148

急淋患儿强化疗前后性腺功能标志物的纵向变化

张军、郭松、陈秋莉、李毓、王冰、马华梅、罗学群
中山大学附属第一医院

目的 探讨中国南方单中心 ALL 患儿在强化疗前、后性腺功能标志物的变化模式。

方法 前瞻性纳入 2019 年 5 月 1 日到 2022 年 9 月 1 日在中山大学附属第一医院诊断的初发 ALL 患儿作为 ALL 病例组。并纵向随访其在诊断时 (T0)、强化疗结束时 (T1)、维持化疗 4-6 月 (T2) 时性腺功能标志物 (AMH、INHB) 情况。前瞻性纳入 2019 年 5 月至 2021 年 10 月在中山大学附属第一医院儿童保健的健康儿童作为对照组。

结果 ① ALL 女童 50 例, 诊断中位年龄为 4.6 (3.2~7.7) 岁, 对照组女童 68 例。ALL 组无论何种 ALL 预后分型, 与对照组相比, T0 时 AMH-SDS (标准化 AMH) 均明显下降 ($P<0.05$); T1 时 AMH-SDS 均显著低于 T0 ($P<0.05$)。在 ALL 预后分型为低危和中危的女童中, T2 的 AMH-SDS 有回升趋势, 与 T0 比较差异无统计学意义 (P 分别为 0.137、0.955); 但在高危 ALL, T2 时 AMH-SDS 虽有所回升, 仍显著低于 T0 ($P<0.05$)。T2-AMH 的独立影响因素为 ALL 预后分型和 T0-AMH 水平。

② ALL 男童 75 例, 诊断中位年龄为 5.0 (3.4~9.1) 岁, 对照组男童 78 例。T0 时 INHB-SDS (标准化 INHB), ALL 组和对照组在青春期差异有统计学意义 [$-1.0(-1.6~-0.7)$ & $-0.3(-0.9~0.3)$, $P=0.005$], 但在青春期前两组差异无统计学意义。无论低危、中危或高危 ALL, T1 的 INHB-SDS 均显著低于对照组 ($P<0.05$); 在低危-ALL, T2 和 T1 时 INHB-SDS 差异无统计学意义 ($P=0.104$)。在中危和高危-ALL, T2 的 INHB-SDS 较 T1 有恢复趋势, 但差异无统计学意义。T2-INHB 的独立影响因素为诊断年龄和 ALL 预后分型、T0-INHB。

结论 1. 可分别用 AMH 和 INHB 监测 ALL 女孩和男孩化疗前后性腺毒性。

2. 女孩 T2 AMH 和男孩 T2-INHB 的独立影响因素均为 ALL 预后分型, 今后在制定 ALL 儿童的化疗方案时, 除了关注 ALL 的治愈率, 还需关注化疗相关的性腺毒性, 尤其是在高危 ALL 患儿。

PO-0149

急淋患儿强化疗后性腺功能标志物 和心血管疾病危险因素横断面调查

张军、陈秋莉、郭松、张晓莉、王冰、马华梅、罗学群
中山大学附属第一医院

目的 探索在儿童 ALL 患者中强化疗结束后性腺功能标志物和心血管疾病 (CVD) 危险因素。

方法 前瞻性、横断面研究。电话召回既往的住院治疗 ALL 患儿, 收集病史, 行体格检查, 行性腺功能标志物和心血管疾病危险因素评估。

结果 从 2009 年 1 月 1 日至 2023 年 1 月 1 日, 在我院诊断为 ALL、且已进入维持化疗阶段或停止化疗的病例, 共 418 例, 已随诊到 256 例 (61.2%)。ALL 诊断时年龄为 4.4(3.0~7.3)岁, 随访时中位年龄为 7.8(5.6~11.0)岁。随访中位时长 2.7 (1.3~4.8) 年。

① ALL 男童的 INHB-SDS 明显低于健康男童[-0.5(-1.3~-0.1) & -0.4(-0.8~0.1), $P=0.017$]。INHB 低下占 44.1%。INHB 低下的独立影响因素为随访时 BMI-SDS, OR 值 1.371 ($P=0.037$)。

② ALL 女童的 AMH-SDS 明显低于健康女童[-0.8(-1.1~-0.3)] & 0.01(-0.6~1.4), $P<0.001$), AMH 低下占 30.2%。AMH 低下的独立影响因素为 ALL 预后分型 (低危-ALL 为参照)。

③ ALL 患儿肥胖发生率 12.9%。肥胖或超重发生率 20.3%, 腰围超标达 41.5%。腰围超标的影响因素为: 诊断 ALL 时年龄、随访时 BMI-SDS、SCCLG-ALL 2016 方案 (2008 方案为参照)。5.3% ALL 儿童发现血糖 $>5.6\text{mmol/L}$, HOMA-IR 升高占 16.0%, 随访显示 BMI-SDS 是 HOMA-IR 升高的独立危险因素。ALL 儿童在随访期间, 血脂紊乱发生率 10.9-25.5%不等, 总的血脂紊乱 (≥ 1 项血脂异常) 发生率 50.2%。

结论 1. ALL 男童的 INHB-SDS 明显低于对照组, INHB 低下发生率 44.1%。

2. ALL 女童的 AMH-SDS 明显低于对照组, AMH 低下发生率 30.2%。高危 ALL 是 AMH 低下的独立危险因素。在治疗结束后, 依然需要动态随访性腺功能。

3. 儿童 ALL 患者的 CVD 危险因素发生率不低。对儿童 ALL 患儿的健康教育, 生活方式干预, 非常重要, 可减少远期心血管疾病危险因素发生, 从而减少远期死亡率和改善生活质量。

PO-0150

Children with acute promyelocytic leukemia treated on SCCCG-APL 2020 protocol: Phase report of a multicenter randomized trial

ZHONG FAN, Xue-Qun Luo
the First Affiliated Hospital, Sun Yat-sen University

Objective To compare the feasibility and safety of induction therapy with or without a dose of anthracycline for non-high-risk APL in children.

Methods Newly diagnosed children with APL admitted to 16 hospitals in South China Children Cancer Group (SCCCG) from October 2020 to January 2023 were randomly divided into chemotherapy group (ATRA-RIF combined chemotherapy) and chemotherapy-free group (ATRA-RIF without chemotherapy) to compare the feasibility and safety of induction with or without chemotherapy.

Results A total of 77 newly diagnosed children with APL were admitted to the SCCCG-APL 2020 multicenter study from October 2020 to January 2023, and 72 cases were actually enrolled, completing 83% of the expected enrollment. Among them, there were 29 cases in the high risk group and 43 cases in the NHR group, including 22 cases in the chemotherapy group and 21

cases in the chemotherapy-free group. Among the NHR patients, there were 27 boys and 15 girls, with a sex ratio of 1.8:1 and a median onset age of 9.7 (6.7, 12.3) years. By March 1, 2023, the median follow-up time of 72 enrolled patients was 17.6 months, with 97.0% 2-year EFS, and there was 1 treatment-related death in high risk patients, with no recurrence or death in both the chemotherapy group and the chemotherapy-free group. All the children achieved HCR after induction therapy. Among NHR children: ①The median time to achieve HCR was 26.0 (23.3,33.0) days in the chemotherapy group and 30.5 (26.8,34.3) days in the chemotherapy-free group, with no statistically significant difference ($P=0.147$). ②The proportion of MCR after induction was 19% in the chemotherapy group and 6.2% in the chemotherapy-free group, with no statistically significant difference ($P=0.364$). ③The incidence of leukocytosis ($WBC > 10 \times 10^9/L$) during induction in the chemotherapy group was 45.5% ($n=10$), compared to 76.2% ($n=16$) in the chemotherapy-free group, with a statistically significant difference ($P=0.039$). ④The median number of the highest leukocytes during induction was 14.4 (7.2, 17.8) $\times 10^9/L$ in the chemotherapy group and 27.8 (20.2, 55.5) $\times 10^9/L$ in the chemotherapy-free group, indicating a statistically significant difference ($P < 0.001$). ⑤There were 3 patients diagnosed with DS in the chemotherapy group (13.6%) and 5 patients in the chemotherapy-free group (23.8%), with no statistically significant difference ($P=0.642$). Combined analysis of suspected and confirmed DS patients showed that 5 patients (22.7%) in the chemotherapy group developed DS (including suspected diagnosis), and 11 patients in the chemotherapy-free group (52.4%), with a statistically significant difference ($P=0.044$). There were one patient in the chemotherapy group developed severe DS (4.5%), and two patients in the chemotherapy-free group (9.5%), with no statistically significant difference ($P=0.967$). Moreover, the incidence of adverse reactions and events during induction were compared between the two groups. ①The incidence of bleeding events in the chemotherapy group was 18.2% ($n=4$), and that in the chemotherapy-free group was 52.4% ($n=11$). There was a statistical difference between the two groups ($P=0.042$). ②Other events such as infection or FUO, gastrointestinal reaction, cardiac function impairment, liver function impairment, hematuria, cranial hypertension syndrome, alopecia, hyperlipidemia, etc., showed no statistical difference in incidence between the two groups. In terms of blood components consumption, ①the median number of erythrocyte transfusions during induction therapy was 1.5 (0.3, 3.0) times in the chemotherapy group and 1.5 (1.0, 3.3) times in the chemotherapy-free group, with no statistically significant difference. ②The median number of platelet transfusions during induction therapy was 2.5 (0, 6.5) times in the chemotherapy group and 5.0 (2.8, 5.3) times in the chemotherapy-free group, with no statistically significant difference. In addition, the mean length of hospital stay during induction was 28.8 ± 9.6 days in the chemotherapy group and 32.1 ± 9.5 days in the chemotherapy-free group. There was no statistical difference in the length of hospital stay during induction between the two groups ($P=0.273$).

Conclusion The phased results of the SCCC-G-APL2020 multicenter study found that NHR children treated in chemotherapy group during induction had lower rates of leukocytosis, maximum leukocytes, and differentiation syndrome, as well as lower rates of bleeding events during induction, compared with those in chemotherapy-free group, significantly suggesting that the use of low-dose chemotherapy regimen during induction can reduce the risk of early complications in NHR children. A definitive conclusion will be reached after the completion of the SCCC-G-APL study.

PO-0151

Prediction model of differentiation syndrome in children with acute promyelocytic leukemia

ZHONG FAN, Xue-Qun Luo
the First Affiliated Hospital, Sun Yat-sen University

Objective Acute promyelocytic leukemia (APL) is a special subtype of acute myeloid leukemia. Differentiation syndrome (DS) is one of the main causes of early death in APL. Its symptoms and signs are complex and diverse, lacking specificity. Early diagnosis and intervention are the key to reduce DS related death in APL patients.

Objective: To identify the risk factors and establish a predictive model for DS in newly diagnosed children with APL.

Methods Children with newly diagnosed APL admitted to 14 hospitals of the South China Children Leukemia Group (SCCLG) from September 2011 to October 2020 were included. Clinical data such as gender, age at initial diagnosis, WBC, PLT, Hb, creatinine, LDH, number of peripheral blood abnormal promyelocytes, number of bone marrow abnormal promyelocytes, BCR subtype, FLT3 mutation and immune type were collected. Independent risk factors of DS were identified by stepwise regression and multivariate analysis, and prediction models were established and evaluated.

Results A total of 202 newly diagnosed APL children were admitted to the SCCLG-APL 2011 from September 2011 to October 2020, and 176 patients were finally included in the analysis, including 105 male and 71 female children, with a median onset age of 8.2 (1.0,15.9) years. According to risk stratification, 34 children were in the low risk group, 85 in the intermediate risk group, and 57 in the high risk group. A total of 12 patients were diagnosed with differentiation syndrome during induction, accounting for 6.8% of the total population, including 3 patients in the low risk group (8.8%), 2 patients in the intermediate risk group (2.4%) and 3 patients in the high risk group (8.8%). A total of 19 children were suspected diagnosed with differentiation syndrome, accounting for 10.8% of the total number, including 4 cases in the low risk group (11.8%), 6 cases in the intermediate risk group (7.1%) and 9 cases in the high risk group (15.8%). Among all patients with DS, the most common clinical manifestations were fever of unknown origin (FUO) (100%), followed by dyspnea (50%, 6/12), pulmonary exudative changes found in imaging (50%, 6/12), and the incidence of hypotension of unknown origin and multiple serous effusion was relatively low (25%, 3/12). In 19 children suspected with DS, the clinical manifestations were most FUO and significant increase of peripheral white blood cells during induction. Stepwise regression and multivariate logistic regression analysis showed that P values of peripheral blood promyelocytes and PLT at diagnosis were <0.05 , and the differences were statistically significant. Based on multivariate analysis, peripheral blood promyelocytes $\geq 34\%$ (OR=11.915, 95% CI: 9.809-14.021; $P=0.021$), and PLT $\geq 30.0 \times 10^9/L$ (OR=3.875, 95% CI: 2.574-5.176; $P=0.041$) were independent risk factor for DS in children with newly diagnosed APL. Although the result showed no statistical difference, the BCR subtype has a certain correlation with the occurrence of DS ($P=0.094$). The above 3 indicators closely related to the occurrence of DS were used to build nomogram, and AUC of the model was 0.805 (95% CI: 0.696-0.914), calibration curve and Hosmer-Lemeshow (HL) test confirmed that the predictive power of the model was in good agreement with the actual situation. Besides, the decision curve analysis (DCA) showed that the prediction model could bring more clinical benefits to patients.

Conclusion Peripheral blood promyelocytes and PLT at diagnosis were independent risk factors for the occurrence of DS in children with APL. We also established a prediction model of DS suitable for children with APL during induction, with good discrimination, calibration and clinical effectiveness.

PO-0152

急性髓细胞白血病中铁死亡相关亚型及相关预后标志的全面分析

崔泽龙、周敏然、冯慧敏、张璐、陈春燕
山东大学齐鲁医院

目的 铁死亡是一种广泛存在的程序性细胞死亡形式。肿瘤细胞所处环境使其容易发生铁死亡，而急性髓系白血病（AML）细胞中也存在这种易感性，目前为止铁死亡与 AML 结果之间的具体关联尚知之甚少。在这项研究中，我们利用生物信息学分析的手段，探索铁死亡相关的基因与 AML 预后的相关性。

方法 使用一致性聚类分析，我们利用铁死亡相关基因，将 TCGA 中的患者区分为两个亚型。此外，我们通过对这两个亚型的差异基因表达分析，建立了一个包含 13 个基因的 AML 预后模型。为每个患者计算了一个风险评分，并将整个群体分为高风险组和低风险组。在此基础上综合其他其他预后指标，构建了预后预测的列线图。

结果 区分出的铁死亡亚型与肿瘤相关的免疫异常、肿瘤突变基因的分布，肿瘤相关通路异常富集以及患者预后有关，该亚型也同时在 GEO 数据集中进行分型的外部验证。风险评分模型中，较高的风险评分与较短的生存期相关。该风险评分模型也在其他独立的 AML 队列(GEO 数据集与 BeatAML)以及 TCGA 泛癌队列中得到了验证。进一步分析发现，该模型可以区分两个风险组中多种化疗药物和铁死亡诱导剂的敏感性。而预后预测的列线图也在外部数据集中得到验证(BeatAML)。

结论 以上相关分析显示，利用铁死亡相关基因构建的亚型，以及风险评分模型是稳健的，风险评分模型对药物敏感性的预测，以及相关的预后预测列线图，也显示了其作为预后评价工具的临床转化价值。总而言之，通过整合铁死亡模式和相关模型的综合分析，我们的研究为铁死亡与 AML 之间的关系提供了新的认识，这有助于铁死亡相关的临床应用以及治疗手段的发现。

PO-0153

急性淋巴细胞白血病合并真菌性关节炎一例并文献复习

陈芷妍、李毓、罗学群、张晓莉
中山大学附属第一医院

目的 回顾分析一例白血病患者合并真菌性关节炎的诊疗经过，为早期诊断儿童血液病合并侵袭性真菌感染提供临床经验参考

方法 对 2020 年 09 月至 2021 年 4 月在中山大学附属第一医院诊治的 1 例 ALL 合并真菌性关节炎的临床资料进行回顾性分析，总结诊治经过，结合国内外文献探讨 ALL 合并真菌性关节炎的诊治方法

结果 患儿，男，2020 年 09 月在我科诊断为“急性淋巴细胞白血病，BIII，高危组”，按 SCCC-ALL-2016 方案化疗。2020 年 11 月 5 日无明显诱因出现左侧膝关节疼痛、肿胀、活动受限，随后出现发热，多次血培养阴性；监测血 C 反应蛋白（CRP）、血清降钙素原（PCT）逐渐升高，且升高不平衡；结核菌素试验阴性；膝关节 X 片、超声、MR 提示膝关节炎症渗出及积液。经验性使用哌拉西林他唑巴坦等抗细菌治疗，结合患儿为免疫抑制个体，多次复查 CRP、PCT 逐渐升高且升高不平衡，不排除合并真菌感染可能，11-13 起加用口服泊沙康唑预防真菌感染，患儿膝关节肿胀反复，且发热加重；11-14 行左膝关节髌上囊穿刺抽液术，取关节腔积液送检。关节液常规提示以多个核细胞为主的化脓性炎症改变，关节液生化及找常见细菌、真菌、抗酸杆菌均未见异常；关节液宏基因组二代测序（mNGS）在 38 小时回报：检出热带假丝酵母菌（高置信度）；关节液培养在 123 小时后培养出热带假丝酵母菌（图 3）。根据上述结果，于 11-17 停用抗细菌治疗，转换治疗重点至抗真菌治疗方面，先后调整抗感染方案为伏立康唑、卡泊芬净、氟康唑治疗，并于康复训

练后患儿关节炎症状好转，目前已随访至感染后一年余月余，未出现关节炎复发，无活动障碍等后遗症

结论 恶性血液病患者并发真菌性关节炎虽较罕见，但在免疫抑制个体中仍有可能发生。其起病隐匿，在菌血症或手术后数周、数月出现，且症状无特异性，给临床的诊断和治疗带来极大的困难。因此，对于具有易感因素在恶性血液病患儿的患者，如免疫功能受损、留置中心静脉导管、广谱抗生素治疗等合并有关节感染症状，且常规抗菌治疗疗效不佳，查 CRP 及 PCT 升高不平衡需警惕侵袭性真菌感染的性关节炎发生，关节腔积液的 mMGS 检测有助于早期精准诊断真菌性关节炎发现病原，并指导精准治疗。真菌性关节炎宜选用有效药物进行足量、足疗程抗真菌治疗，早诊断早治疗者预后较好

PO-0154

儿童 6-巯基嘌呤相关性低血糖发生率和危险因素的研究

陈芷妍、黄丹萍、李毓、王丽娜、梁聪、张晓莉、唐燕来、黄礼彬、罗学群
中山大学附属第一医院

目的 统计中国儿童 6MP 相关性低血糖的发生率，并以 AML 患儿作对照，分析不同服药时间、空腹时间对低血糖发生的影响，并探索其他可引起低血糖发生的原因

方法 第一部分：回顾分析本中心 ALL 患儿血糖情况。收集年龄、空腹血糖、肝功、6MP 药物代谢酶基因多态性。

第二部分：前瞻性研究 6MP 相关低血糖的发生率和危险因素，随机对照比较不同服药时间对低血糖的影响。纳入 SCCLG-ALL 2016 方案化疗的患儿，随机分 A 组（诱导 CAM 化疗期间服 6-MP 时间为午餐、晚餐之间）或 B 组（诱导 CAM 化疗期间服 6-MP 时间为睡前）；在之后的再诱导 CAM 化疗，两组服药时间对调。观察：空腹血糖、肝功能、皮质醇、胰岛素、空腹 C 肽、胰岛素自身抗体、6MP 药物代谢酶基因多态性。最后构建 6MP 相关性低血糖发生风险的预测模型。同期观察了用 SCCC-AML 2020 方案（不含 6MP）治疗的 AML 患儿血糖情况，以评估化疗药物所致恶心呕吐对低血糖的影响。

结果 第一部分：2020 年 1 月至 2021 年 5 月共纳入 48 例患儿显示：低血糖发生率为 39.6%，且与发病年龄、肝功有关。此外，2 例发生顽固性低血糖患儿，通过在后续化疗阶段调整 6MP 服药方式以缩短空腹时间后未再出现低血糖发作。

第二部分：2021 年 5 月至 2023 年 2 月，前瞻性入组 97 例，低血糖发生率为 39.5%，且与年龄（ ≤ 7 岁）、肝损、空腹过长（ ≥ 8 小时）有关，而与不同服药方式、6MP 药物代谢酶基因多态性无关。AML 患儿无低血糖发生。构建 6MP 相关性低血糖发生的预测模型，AUC 为：0.926(95% CI: 0.870-0.982)，校准曲线与拟合优度检验证实模型预测能力与实际发生情况具有较好一致性，临床决策曲线表明该预测模型可使患者获得更多临床收益。此外，有 2 例患儿确诊 IAS，提出 6MP 可通过诱导机体产生胰岛素自身抗体，从而诱发低血糖发生。

结论 本研究是关于 6MP 相关性低血糖临床研究，证实：6MP 相关性低血糖并不少见，发生率高达 39.5%；改变 6MP 服药时间不能减少低血糖发生；空腹时间过长（ ≥ 8 小时）、合并肝损及低龄儿童（ ≤ 7 岁）是发生 6MP 相关低血糖的高危因素；构建 6MP 相关性低血糖发生的预测模型，该模型具有较好的区分度、校准度及有效性，值得进一步验证。此外，首次提出 6MP 可能通过诱导机体产生 IAS，从而诱发低血糖发生，但此结论需扩大样本量进一步证实。

PO-0155

Clinical characteristics treatment options and prognosis of myeloid sarcoma: analysis using SEER database

Jingjing Liang,Liu Yang,Bo Yang,Yaru Tian,Juan Ren,Linhua Yang
The Second Hospital of Shanxi Medical University

Objective Myeloid sarcoma (MS) is a very rare hematologic disorder, and large sample size studies on this disease are few. In this paper, we analyze the early treatment options for patients with different types of MS and explore the prognostic factors of MS.

Methods Patients aged 15 years and older with MS in the SEER database (diagnosed from 2000 to 2018) were selected, excluding those with an unknown first course of treatment, an unknown location of disease, and less than 1 month of follow-up. Statistical methods used a chi-square test to compare clinical characteristics, Kaplan-Meier analysis to compare survival differences, and Cox proportional risk models to identify prognostic factors affecting overall survival (OS).

Results Data were collected from 472 patients: 244 patients with isolated myeloid sarcoma (IMS) and 228 patients with non-isolated myeloid sarcoma (non-IMS). IMS patients mostly chose local treatment, while non-IMS patients mostly chose chemotherapy, and combination therapy was the secondary intervention method for both types of patients. There was a significant difference in OS between IMS patients treated with combined treatment and those without treatment ($P=0.026$). For non-IMS, treated patients had longer OS than untreated, but the difference was not statistically significant ($P=0.620$). Among adult patients, those younger than 60 years had a better prognosis. Patients with the urinary system, digestive system, reproductive system and chest and abdomen as the initial site had a better prognosis, while patients with the nervous system, connective tissue, soft tissue and bone had a worse prognosis.

Conclusion For rare cases like myeloid sarcoma, the results of the large sample analysis showed that early combination therapy in IMS patients had a longer OS, and chemotherapy combined with radiotherapy/surgery should be the treatment of choice. For non-IMS patients, early combination therapy did not show a significant advantage, and cytarabine-based AML chemotherapy regimens were the treatment of choice. Age and location of first presentation were independent factors affecting MS patients' long-term prognosis.

PO-0156

急性淋巴细胞白血病继发的弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 1 例报告及文献复习

王璐璐、刘晓飞、唐雪、陈芬、李统慧、刘仕林、王缨、麦惠容
深圳市儿童医院

目的 通过一例急性淋巴细胞白血病 (acute lymphoblastic leukemia, ALL) 后继发弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL) 的罕见病例, 提高对该疾病的临床表现、诊断和治疗的认知。

方法 对我科 1 例 ALL 后继发 DLBCL 的罕见病例进行分析, 并复习 8 例继发于 ALL 的非霍奇金淋巴瘤(NHL)。

结果 一个 15 岁的男孩, 最初诊断为 ALL, 并根据 SCCLG-ALL 2016 方案开始治疗。在维持化疗期间, 他出现了 EB 病毒感染, 并累及中枢神经系统, 颅脑 MR 提示第三脑室底部及小脑蚓部多发转移灶。腹部 MR 示左侧腹股沟区淋巴结肿大, 双侧肾上腺及前列腺浸润。行左侧腹股沟淋巴结活检提示 EBV 阳性的 DLBCL。诊断后立即给予 BFM DLBCL 方案化疗, 结束化疗后复查 MR, 颅内

多发转移瘤范围较既往 MR 明显缩小，腹股沟淋巴结消失，骨髓检查未见明显异常。目前患者仍处于完全缓解状态。

结论 1990 年至 2022 年间继发于 ALL 的 8 例 NHL。继发性非霍奇金淋巴瘤的发病机制可能与感染、遗传易感性、放疗和化疗相关因素有关。这些患者在继发性 NHL 时表现为无痛的局部肿块，这就提醒我们要注意在 ALL 治疗过程中密切关注患者的身体状态。另外，仍需进一步研究 ALL 继发淋巴瘤的发病机制，寻找更有效的靶向治疗方法。

PO-0157

PTCY 预防 GVHD 对 AML-CR1 患者预后的影响

郑文灵、李乃农
福建医科大学附属协和医院

目的 本文旨在探讨 PTCY 预防 GVHD 对急性髓系白血病首次缓解（AML-CR1）行异基因造血干细胞移植的预后影响

方法 回顾性分析了 119 例在 2017 年 8 月至 2022 年 6 月间在我院血液科以 PTCY 作为预处理方案预防 GVHD 的接受异基因造血干细胞移植的 AML-CR1 患者的临床资料，根据预处理方案是否包含 PTCY 分组，PTCY 组共 83 例，不含 PTCY 组共 36 例。分析两组患者临床特征，对比两组移植后的急、慢性 GVHD、OS、LFS、GRFS、NRM、RR 等相关预后分析。

结果 1、在移植后 100 天内，PTCY 组与不含 PTCY 组 II-IV 度 aGVHD 累计发生率为 21.7% vs 30.6% (P=0.366)，差异无统计学意义。PTCY 组较不含 PTCY 组可显著降低 III-IV 度 aGVHD 累计发生率 (10.8% vs 30.6%，P=0.010)。PTCY 组移植后 3 年的 cGVHD 累计发病率明显低于不含 PTCY 组 (14.9% vs 25.9%，P=0.002)。2、总体患者中位随访时间为 18.2 (11.3-37.3) 月，移植后 2 年的 OS、LFS、RR、NRM 分别为 73.0%，71.1%，13.4%，21.7%。3、PTCY 组和不含 PTCY 组 2 年 OS 分别为 75.3% vs 70.7% (P=0.738)；LFS 分别为 74.7% vs 65.9% (P=0.391)；RR 分别为 7.4% vs 23.7% (P=0.021)；NRM 分别为 22.6% vs 16.9% (P=0.548)。PTCY 组较不含 PTCY 组有明显更低的复发率，两组 OS、LFS、NRM 比较差异均无统计学意义。4、PTCY 组和不含 PTCY 组 2 年 GRFS 分别为 58.5% vs 52.8% (P=0.586)，比较差异均无统计学意义。5、多因素分析结果显示预处理分组、女供男、有无 PTCY 是影响 III-IV 度 aGVHD 的因素，女供男会影响 II-IV 度 aGVHD 发生率，有无 PTCY 影响 cGVHD 发生率。

结论 1、PTCY 组和不含 PTCY 组在移植治疗 AML-CR1 临床疗效相似。2、PTCY 可显著降低 AML-CR1 患者移植后 III-IV 度 aGVHD、cGVHD 累计发生率。

PO-0158

急性早幼粒细胞白血病缓解患者生活质量及影响因素分析

陈美春
福建医科大学附属协和医院

目的 本研究旨在全面评估急性早幼粒细胞白血病 (APL) 缓解患者的生活质量并分析其生活质量可能的影响因素，为改善其生活质量提供参考依据。

方法 本次调查为横断面调查，采取便利抽样方式，选取 2017 年 01 月至 2021 年 06 月就诊于本院血液科缓解的 APL 患者，运用一般资料调查表、中文版癌症患者生命质量评定量表 EORTC QLQ-C30 进行问卷调查。应用 SPSS 26.0 统计软件进行数据统计分析。采用频数和构成比对计数资料进行统计描述；采用均数±标准差对服从正态分布的计量资料进行统计描述；采用独立样本 t 检验

及方差分析比较不同一般资料的生活质量；采用多元线性回归分析治疗后 APL 患者生活质量的影响因素。 $P<0.05$ 被认为差异有统计学意义。

结果 1. 一共获得 70 例 APL 缓解患者的资料。70 例 APL 缓解患者总体健康状况评分 74.64 ± 19.27 。功能领域中，情绪功能评分为 83.92 ± 17.91 ，得分最高；社会功能评分为 68.33 ± 29.23 ，得分最低。症状领域中，疲倦评分为 12.94 ± 11.77 ，得分最高；恶心呕吐评分为 2.50 ± 6.86 ，得分最低。单一条目中，经济困难评分 28.57 ± 16.82 ，得分最高；便秘症状评分为 4.29 ± 10.11 ，得分最低。

2. 将 QLQ-C30 各领域得分与常模相比，结果提示：APL 患者总体健康状况的得分与常模相近。身体、社会等功能领域得分低于常模 ($P<0.05$)。疲倦、疼痛、气促、失眠、便秘等领域得分低于常模 ($P<0.05$)，经济领域得分高于常模 ($P<0.05$)，情绪功能、角色功能、认知功能、恶心呕吐、食欲丧失、腹泻等领域得分与常模相近。

3. 影响因素：年龄、工作状态、睡眠时间、人均居住面积、居住地、平均月收入分别影响 APL 缓解患者生活质量的不同领域。

结论 1. APL 缓解患者总体生活质量普遍较好。

2. APL 缓解患者社会功能和身体功能稍差，受经济困难的影响程度较重。

3. APL 缓解患者生活质量受到多种因素的影响，年龄 ≥ 45 岁、平均月收入低、居住在农村、人均居住面积 30 m^2 以下、工作状态为不在职、周平均工作时间短的患者生活质量较差。

PO-0159

急性早幼粒细胞白血病 13 年随访结果分析

董毅、陶千山、沈元元、翟志敏
安徽医科大学第二附属医院

目的 通过 13 年随访探讨急性早幼粒细胞白血病(Acute promyelocytic leukemia, APL)患者预后因素。

方法 回顾性分析 2010 年 1 月至 2022 年 12 月在安徽医科大学第二附属医院确诊的 163 例初诊的 APL 患者资料，包括人口统计学、临床血液学特征、治疗、毒性、并发症和预后。

结果 患者中位年龄为 35(2-84)岁，早期死亡(ED) 13(8.0%)例，90.8%例患者达到了完全缓解，存在附加染色体核型(ACA) 23(14.1%)例，FLT3-ITD 突变 19(11.7%)例，低、中和高危组分别有 38(23.3%)例、74(45.4%)例和 51(31.3%)例患者，联合化疗患者 78(47.9%)例，其中高危患者 29 例，低中危患者 49 例。ED 患者的年龄高于非 ED 组 ($P<0.001$)；高危组 ED 比例显著增加 ($P=0.001$)。中位随访时间为 42.5(0.1-156)月，估计 5 年 PFS 为 73.3%，10 年 PFS 为 65.8%，5 年 OS 为 79.5%，10 年 OS 为 75.5%，中位 PFS 及 OS 均未达到。在单因素分析中，年龄和治疗方案对 PFS(分别为 $P<0.001$, $P=0.053$)和 OS(分别为 $P<0.001$, $P=0.021$)产生影响。多因素分析仅年龄有较差的 PFS ($P<0.001$)和 OS ($P<0.001$)。而治疗方案对 PFS ($P=0.213$)和 OS ($P=0.097$)的影响无统计学意义。

结论 年龄和高危是导致 APL 患者 ED 的影响因素；年龄是 APL 患者 PFS 和 OS 的独立预后因素；高危患者减少化疗被证明是可行的。

PO-0160

含阿扎胞苷化疗方案与常规化疗方案在急性髓系白血病（非 M3）初治及复发患者中的疗效和生存分析比较

吴兰兰、郑静
福建医科大学附属协和医院

目的 含阿扎胞苷化疗方案与常规化疗方案在急性髓系白血病（非 M3）初治及复发患者中的疗效和生存分析比较。同时分析可能影响无病生存期及总生存期的相关因素。

方法 收集 2019 年 01 月 01 日-2022 年 06 月 01 日期间我科白血病诊疗组初治及复发急性髓系白血病（非 M3）患者的临床资料，并进行回顾性研究分析。根据化疗方案将患者划分为 2 组：含阿扎胞苷组及常规化疗组，并比较 2 组中初治患者及复发患者的临床特征、缓解率、生存差异、感染发生率及住院经济学研究。

结果 1.在 103 例初治患者中，2 组在性别、白血病分型、合并症、初诊白细胞、中性粒细胞、血红蛋白、乳酸脱氢酶、预后危险度分层、1 疗程缓解率、复发、基因突变等临床资料上，均不存在统计学差异。2 组在年龄、血小板、外周血幼稚细胞比例、骨髓原始幼稚细胞比例、骨髓增生程度、移植率、TP53 基因突变、CEBPA 基因突变等临床资料上存在统计学差异。中位随访时间 15 个月，2 组间中位总生存期未达到（ $P=0.185$ ），无病生存期（10 月 vs 11 月， $P=0.237$ ）差异无统计学意义。含 AZA 组感染发生率及使用抗感染药物种类均低于常规化疗组。含 AZA 组住院费用低于常规化疗组。2.复发患者中，2 组在复发时的临床特征（包括性别、骨髓原始细胞比例、白细胞、中性粒细胞、血红蛋白、血小板）、复发后化疗 1 疗程后缓解率等资料上，差异无统计学意义。2 组中位年龄为（66 岁 vs 51 岁， $P=0.001$ ）。两组间感染率和抗感染药物使用率及种类上有差异。含 AZA 组住院费用低于常规化疗组。3.年龄、合并症、TP53 突变、复发是影响 DFS 的不良预后因素。合并症、TP53 突变是影响 OS 的独立不良预后因素，复发、TP53 突变是影响 DFS 的独立不良预后因素。

结论 1.含 AZA 方案在初治及复发的 AML（非 M3）患者中的缓解率及生存期与常规化疗组相当，但在使用含 AZA 方案的患者群体中，年龄较大，骨髓原始细胞比例低、骨髓增生程度低。2.含 AZA 组中患者感染率及感染程度较常规化疗组低，抗感染药物使用种类也较常规化疗组少，含 AZA 组住院费用较常规化疗组低。3.通过 COX 分析，TP53 突变是患者的 OS 及 DFS 的独立危险因素。含 AZA 组 TP53 突变率高于常规化疗组，但应用含 AZA 的联合化疗方案所获得的 OS 及 DFS 与常规化疗组相似，因此含 AZA 的联合化疗方案在一定程度上能克服 TP53 所带来的不良影响。

PO-0161

SUMO2 介导的类泛素化修饰在 B 细胞急性淋巴细胞白血病耐药形成中的作用及机制研究

江佩芳¹、杨嘉婕²、胡建达²
1. 福建医科大学附属协和医院
2. 福建医科大学附属第二医院

目的 通过 CRISPR/Cas9 介导的全基因组敲除系统，筛选并鉴定 B-ALL 耐药相关基因。了解 B-ALL 中 SUMO2 介导的 SUMOylation 修饰及其涉及的肿瘤信号通路变化，探讨与药物化疗敏感性的关系，进一步研究 SUMOylation 修饰对 B-ALL 细胞生长的调控机制以及靶向干预的可能性，并试图寻找其与肿瘤耐药的相关可能机制，了解耐药 ALL 的发生机理。

方法 （1）通过 CRISPR/Cas9 介导的全基因组敲除方法进行耐药相关基因的功能性筛选，结合生物信息学分析筛选耐药基因，获得相关基因列表。

(2) 通过文库内部多条 SUMO2-sgRNA 验证 SUMO2 为 B-ALL 耐药相关基因

(3) 通过基于 LC-MS/MS 的 TMT 标记定量蛋白组学及抗体富集的非定量 PTMs 组学, 鉴定 B-ALL 中 SUMOylation 修饰的蛋白, 再通过对候选蛋白进行功能分析, 主要包括位点 motif 分析, 差异位点表达模式等分析, 研究候选蛋白及其涉及的肿瘤信号通路, 并探索以候选蛋白为靶点的治疗方案。

结果 (1) 成功构建 CRISPR/Cas9 介导的全基因组敲除的 Nalm6 细胞文库, 将 SUMO2 鉴定为 B-ALL 耐药相关基因。(2) 通过文库内部验证及外部数据集验证 SUMO2 为 B-ALL 耐药相关基因。

(3) 化疗药物可诱导 B-ALL 细胞 deSUMOylation, 且呈时间和药物浓度依赖性。SUMO2 敲除抑制了 Nalm6 细胞增殖, 提高了药物敏感性, 在体内体外均得到证实。SUMO2 抑制剂与化疗药物呈协同作用, 在体内体外均可提高 Nalm6 或 NAR 细胞的药物敏感性。

(4) SUMO2 介导的 SUMOylation 途径可能是通过靶向相关蛋白质, 影响细胞 DNA 转录过程, 进而影响细胞药物敏感性。

结论 SUMO2 作为 B-ALL 耐药相关基因, 其介导的 SUMOylation 途径可能是通过 RANBP2 靶向相关蛋白质, 影响细胞 DNA 转录过程, 进而影响细胞药物敏感性。SUMOylation 途径抑制剂可以协同化疗药物治疗 B-ALL, 靶向 SUMO2 介导的 SUMOylation 途径有望提高耐药 B-ALL 的疗效。

PO-0162

以心包填塞为首发症状的儿童急性髓系白血病： —列病例报告和文献复习

李统慧、王纓
深圳市儿童医院

目的 总结以心包填塞为首发症状的儿童急性髓系白血病 (Acute myeloid leukemia AML) 的临床特征及诊治经验。

方法 回顾性分析 2021 年 09 月深圳市儿童医院收治的 1 例以心包填塞为首发症状的儿童急性髓系白血病的病例资料并总结复习相关文献。

结果 2 岁女性患儿, 因“食欲减退、乏力 4 天”入院。查体: 易激惹, 口唇稍苍白, 眶周轻度浮肿; 吸急促, 吸气相三凹征 (+), 双肺呼吸音粗, 未闻及干湿性啰音; 心音低钝, 心率 174 次/分, 律齐, 未闻及明显杂音; 腹软, 肝肋下 1cm, 脾肋下未触及, 肠鸣音正常; 四肢水肿, 活动正常。血常规: WBC $17.11 \times 10^9/L$, HgB 117g/L, PLT $326 \times 10^9/L$ 。生化: 尿酸 527.8umol/L, LDH 1816IU/L; 心脏超声: 心包大量积液 (心脏压塞), 心脏多发实质性占位。心包积液流式细胞学见 13% 异常髓系细胞。骨髓涂片: 原始细胞占 46%, 符合 AML-M5。融合基因 KMT2A-MLL3 (+)、FLT3-TKD 突变; 脑脊液提示中枢神经系统白血病 CNS2 状态。治疗方案: 阿糖胞苷、依托泊苷、克拉屈滨、G-CSF 化疗+TIT2 次; D28 评估骨髓: 未见幼稚细胞, 骨髓基因 KMT2A-MLL3、FLT3-TKD 均 (-); 患儿在化疗后 2 周骨髓抑制期继发呼吸道感染出现严重呼吸衰竭, 接受 ECMO 治疗 4 月余成功撤机。随访患儿近 2 年, 口服维奈克拉、吉瑞替尼维持化疗, 现骨髓为缓解状态, 生长发育、心功能正常。共检索到文献 4 篇相关病例报道, 均为英文; 其共同临床表现为呼吸急促、烦躁、食欲下降; 体征: 全身轻度水肿、颈静脉压升高、肝大、心脏杂音。3 例具有特异性 FAB 亚型的患者中, 3 例为 M5, 1 例为 M4。所有患者最初通过胸部 X 线或超声心动图发现, 经心包积液和 (或) 骨髓活检确诊。1 例患者在初诊时接受阿糖胞苷+依托泊苷化疗, 化疗结束时骨髓缓解, 随访 2 年余心功能良好骨髓呈缓解状态。另有 3 例患者接受其他药物化疗或未化疗者均确诊后 2 周内死亡。**结论** 儿童 AML 合并心脏髓系肉瘤病例罕见, 病死率高, 这是关于儿童 AML 合并心脏髓系肉瘤报道病例最多的系列; 通过仔细查体、超声和 (或) 胸部 X 线等检查可早期发现, 确诊后选择有效的化疗药物如阿糖胞苷、克拉屈滨或依托泊苷是治疗成功的关键。

PO-0163

脑脊液流式细胞术检测微小残留病的临床意义

罗燕飞、林婷、单惠庄
广东省人民医院

目的 通过流式细胞术（FCM）动态监测不同类型急性白血病患者脑脊液和骨髓的微小残留病（MRD），并比较两者检测 MRD 的时效性和一致性，进一步探讨监测脑脊液 MRD 的应用价值。

方法 回顾性分析 2018 年 10 月至 2022 年 1 月期间广东省人民医院血液科收治的急性白血病患者共 199 例，采纳多参数 FCM 的方法，总结分析不同类型白血病患者脑脊液中的 MRD 情况以及同一患者脑脊液和骨髓标本中的 MRD 情况，并对其在评估患者预后价值中的作用进行讨论。

结果 在收集的 199 例急性白血病病例中，测得脑脊液 MRD 阳性共 31 例（15.58%），其中比对应骨髓标本更早检测出 MRD 阳性的有 17 例（54.84%）。在所统计的 19 例急性 T 淋巴细胞白血病（ALL-T）患者、134 例急性 B 淋巴细胞白血病（ALL-B）患者和 46 例急性髓系白血病（AML）患者中，出现脑脊液 MRD 阳性患者分别有 4 例、18 例和 9 例。不同分型的急性白血病中脑脊液 MRD 结果与骨髓 MRD 结果的一致性检验 Kappa 值仅为 0.156，证明两者一致性较低。

结论 脑脊液 FCM 动态监测 MRD 可作为白血病脑病的监测指标，且监测脑脊液相比骨髓可更早发现 MRD，与之相互补充作为评价预后的敏感性指标，具有重要的临床指导意义。

PO-0164

Prognosis Analysis and Validation of Fatty Acid Metabolism-Related Signature in Chronic Lymphocytic leukemia

Bihui Pan,Zhangdi Xu,Kaixin Du,Jiale Zhang,Jianyong Li,Jiazhu Wu,Wei Xu
Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital

Objective Chronic lymphocytic leukemia (CLL) is the most common leukemia in the western world. Although the treatment landscape for CLL is rapidly evolving, there are still part of patients develop disease refractory and relapse, which shows CLL's heterogeneity. Therefore, it is important to distinguish high-risk patients from CLL population during the early stage of the disease and apply a more suitable treatment strategy. Fatty acid (FA) metabolism contributes to tumorigenesis, progression, and therapy resistance through enhanced lipid synthesis, storage, and catabolism. In this study, we aimed to construct a prognostic model to improve the risk stratification of CLL and reveal the link between FA metabolism and CLL.

Methods The differentially expressed fatty acid metabolism-related genes (FMGs) in CLL were filtered through univariate Cox regression analysis based on public databases. Patients in the cohort are divided into 2 clusters. Enrichment analysis of prognostic fatty acid (FA) metabolism-related genes was performed to explore functional enrichment. CIBERSORT and single-sample gene set enrichment analysis (ssGSEA) were performed to estimate the immune infiltration score and immune-related pathways. Besides, the least absolute shrinkage and selection operator (LASSO) Cox algorithms were carried out to establish a novel prognostic model. A total of thirty-six CLL patients in our center were enrolled in this study as a validation cohort. Moreover, a nomogram model was established to predict the prognosis.

Results We obtained CLL RNA microarray profiles from public database and identified 15 prognostic-related FMGs. CLL patients were divided into two molecular clusters based on the expression of FMGs. The Kaplan-Meier analysis showed that patients in Cluster 1 had statistically significant worse TFS ($P < 0.001$) and OS ($P < 0.001$). KEGG functional analysis

showed that several pathways, including the chemokine signaling pathway, IL-17 signaling pathway, NF- κ B signaling pathway, PD-L1 expression and PD-1 checkpoint pathway in cancer, and T cell receptor signaling pathway were enriched. We used Pearson's correlation analysis to explore the relationship between 15 FA metabolism-related genes and drug sensitivity. The analysis demonstrated that increased ACOT7 expression was associated with increased drug IC50 of Fludarabine and decreased IC50 of umbralisib, increased ALOXE3 expression was associated with decreased IC50 of ABT-199, increased CYP1B1 was associated with increased IC50 of Ibrutinib. Then, we conducted LASSO Cox regression analysis to establish the FA metabolism-related prognostic index (FAPI), exhibiting similar prognostic significance. To further verify the FAPI model effectiveness, we applied the same formula mentioned above to calculate the FAPI score in 36 patients from our center as a validation cohort. It showed that patients with higher FAPI levels were associated with poorer OS ($P < 0.0001$), PFS ($P = 0.0003$), and TFS ($P = 0.0071$). Finally, a novel nomogram prognostic model including CLL-IPI was constructed, exhibiting reliable effectiveness and accuracy.

Conclusion In conclusion, we established a reliable predictive signature based on FA metabolism-related genes and constructed a novel nomogram prognostic model, supporting the potential preclinical implications of FA metabolism in CLL research.

PO-0165

XPO1 inhibitor Selinexor induces heme oxygenase-1 mediated p53-dependent ferroptosis in chronic lymphocytic leukemia

Jiazhu Wu, Bihui Pan, Zhangdi Xu, Jiale Zhang, Yue Li, Jinhua Laing, Li Wang, Jianyong Li, Wei Xu
Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital

Objective Chronic lymphocytic leukemia (CLL) is a chronic disease resulting from B-cells clonal proliferation. In recent years, CLL treatment has entered the era of non-chemotherapy, and exploring new treatment targets and strategies has important value. Exportin-1 (XPO1) is a critical nuclear-cytoplasmic transport protein in cells that is responsible for the unidirectional export of cargo proteins (including tumor suppressors) from the nucleus to the cytoplasm, and is closely related to the occurrence, development, and drug resistance of various tumors. In previous studies, we found high expression of XPO1 is associated with poor prognosis and showed the effect of Selinexor on proliferation inhibition, cell cycle arrest, and apoptosis, and observed effective inhibition of the NF- κ B pathway and up-regulation of the FOXO pathway in CLL (Clin Exp Med. 2023 Feb 4.). In our previous study, we found that the results of CCK8 were not consistent with the flow cytometry results of apoptosis when treating CLL cells with a relatively low concentration of Selinexor. This suggested that there may be other pathways of cell death activated.

Methods To better understand the relationship between the efficacy of the XPO1 inhibitor Selinexor in chronic lymphocytic leukemia and the involvement of p53 and ferroptosis, we analyzed transcriptome sequencing results and we also used molecular biology techniques, such as immunoblotting, qPCR, immunofluorescence, and CRISPR Cas9 gene editing, to further explore the relevant mechanisms.

Results We used a variety of cell death inhibitors, including Z-VAD-FMK (an apoptosis inhibitor), Necrosulfonamide (a necrosis inhibitor), 3-MA (an autophagy inhibitor), and the iron chelator DFO (a ferroptosis inhibitor), to treat CLL cell lines. We compared the effects of each inhibitor on the drug activity of Selinexor before and after treatment and found that only the ferroptosis inhibitor DFO could significantly reverse the inhibitory activity of Selinexor on p53 wild-type JVM3 cells. This suggested that the drug activity of Selinexor can be exerted through the ferroptosis pathway.

After detecting the total ROS and lipid peroxidation levels in cells after Selinexor treatment, we found that the lipid ROS level increased significantly in JVM3 cells. Overproduction of Fe²⁺ was also detected in JVM3 cells after treatment. Then, we used RNA-Seq to perform high-throughput sequencing on JVM3 cells before and after Selinexor treatment and conducted GSEA enrichment analysis on the expression profile data. The results showed that the ferroptosis-related gene pathway was activated in JVM3, suggesting that Selinexor could induce ferroptosis.

We observed the mitochondrial morphology changes in JVM3 cells treated with Selinexor at a concentration of 0.5 $\mu\text{mol/L}$ for 24 hours using transmission electron microscopy. We found that the mitochondria were reduced in size, the mitochondrial cristae were reduced, the outer membrane was ruptured and shrunk, and the double-layer membrane density was increased. This indicated that Selinexor can induce ferroptosis in p53 wild-type JVM3 cells. Selinexor can also cause p53 nuclear retention. RNAseq analysis revealed that Selinexor activated the p53 pathway in JVM3 cells.

To further investigate whether Selinexor exerts its effects through the TP53 gene, we used CRISPR Cas9 technology to knock out TP53 in the JVM3 cell line. After treating p53 wild-type and knockout cells with Selinexor, we found that the total ROS and lipid ROS levels increased significantly in p53 wild-type JVM3 cell lines, while there was no significant change in the total ROS and lipid ROS levels in p53 knockout cells. These results suggested that Selinexor-induced ferroptosis depends on the normal function of p53. GSEA enrichment analysis showed the ferroptosis-related pathway was also significantly enriched in p53 wild-type JVM3 cells. We then combined the differentially expressed genes (DEGs) from the two groups with the ferroptosis database and identified 34 potential ferroptosis target genes.

After analyzing the expression and relationship with ferroptosis of the potential target genes, we speculated Heme Oxygenase 1 (HMOX1) as the bridge to connect p53 and ferroptosis. HMOX1 degrades heme and releases free iron to generate oxidized lipids in the mitochondria membrane to induce ferroptosis (Proc Natl Acad Sci U S A. 2019;116(7):2672-80). The expression of HMOX-1 is regulated by p53 (Nucleic Acids Res. 2007;35(20):6924-34). XPO1 inhibitor treatment increased HMOX1 expression in a dose-dependent manner in JVM3 cells. It was found that the levels of p53 and HMOX1 increased significantly in wild-type cells. Silencing HMOX1 decreased lipid ROS levels in CLL cells after Selinexor treatment.

Conclusion Our data thus indicated that targeting XPO1 by Selinexor increased HMOX1 expression in a p53-dependent pathway and upregulated the lipid ROS to trigger ferroptosis in CLL.

PO-0166

中性粒细胞缺乏的白血病患者 并发多重耐药菌感染的危险因素分析

贺秀梅

重庆大学附属肿瘤医院

目的 分析中性粒细胞缺乏的白血病患者并发多重耐药菌感染的危险因素。

方法 收集了 181 名白血病患者临床数据。分析了患者的临床特征、样本来源、致病菌组成和预后对是否感染多重耐药菌的危险因素进行分析。

结果 25 例患者感染多重耐药菌 (13.8%), 其中痰液中的感染比例最高, 为 11 例 (44.0%), 血液中为 5 例 (20.0%)。在耐药菌的分布构成中, 以耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌为最多, 为 40.0%。17 例 (68.0%) 多重耐药菌感染患者好转出院。单因素分析结果表明: 多重耐药菌感染的危险因素为: 住院次数 ≥ 6 次、发热、造血干细胞移植、留置引流管、曾经感染过多重耐药菌。

Logistic 回归分析结果表明, 造血干细胞移植后的留置引流管和之前感染过多重耐药菌是中性粒细胞减少症患者发生多重耐药菌的独立危险因素。

结论 中性粒细胞缺乏的白血病患者感染了多重耐药菌，大多在痰液和血液中检测到，其中以耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌为主，其预后一般良好。中性粒细胞缺乏的白血病患者出现多重耐药菌感染的风险因素较多。医护人员需要加强监测和筛查，制定全面的感染控制措施，以有效防止多重耐药菌的传播和扩散，改善患者的预后。

PO-0167

$\gamma\delta T17/Th17/Tc17$ 细胞在维吾尔族慢性淋巴细胞白血病患者外周血中的比例及临床意义

曾雪娇、谢仁古丽·阿力木、张瑞、玛利娅·木哈什、赵芳、古丽巴旦木、曲建华
新疆医科大学第一附属医院

目的 目的:探讨维吾尔族慢性淋巴细胞白血病 (CLL) 患者外周血中 $\gamma\delta T17/Th17/TC17$ 细胞的比例分布及临床意义。

方法 选取 53 例初诊维吾尔族 CLL 患者及 30 例健康者，采用 ELISA 法检测外周血血清中 IL-17、IL-23、IL-6、IFN- γ 的水平。采用流式细胞术检测维吾尔族 CLL 患者与对照组外周血中 $\gamma\delta T/\gamma\delta T17/Th17/Tc17$ 细胞的比例与数目。

结果 与对照组相比，维吾尔族 CLL 患者外周血 $\gamma\delta T$ 细胞、 $\gamma\delta T17$ 细胞、Th17 细胞比例均明显增高 ($P<0.05$)，其中 $\gamma\delta T17$ 细胞占总淋巴细胞比例较 Th17 细胞，Tc17 细胞均明显增高 ($P<0.05$)，且随着疾病分期进展， $\gamma\delta T$ 及 $\gamma\delta T17$ 比例及数目均增高 ($P<0.05$)；维吾尔族 CLL 患者外周血 IL-17、IL-23、IL-6 均较对照组明显增高 ($P<0.05$)，细胞因子 IFN- γ 的水平较对照组明显减低 ($P<0.05$)，且随着疾病分期进展，外周血 IL-17 水平逐渐减低 ($P<0.05$)。

结论 维吾尔族 CLL 患者体内存在 $\gamma\delta T$ 细胞、 $\gamma\delta T17$ 细胞、Th17 细胞比例及数目升高，并且 $\gamma\delta T17$ 的数目与及 IL-17 水平与患者疾病分期严重程度有关，提示 $\gamma\delta T17$ 细胞可能通过释放 IL-17 参与了炎症机制，造成了外周免疫抑制，从而导致维吾尔族 CLL 患者病情进展。

PO-0168

$\gamma\delta T$ 细胞和 pmTOR/4EBP1 的表达在慢性淋巴细胞白血病中作用及意义

曾雪娇、谢仁古丽·阿力木、张瑞、玛利娅·木哈什、赵芳、古丽巴旦木、曲建华
新疆医科大学第一附属医院

目的 目的:研究磷酸化 mTOR 蛋白 (pmTOR) 和 4E 结合蛋白 1 (4EBP1) 在慢性淋巴细胞白血病 (CLL) 中的变化特点及对 Th1/Th2/ $\gamma\delta T$ 细胞的作用与意义。

方法 在新疆医科大学第一附属医院随机选取 2019 年 2 月-2021 年 12 月期间收录的 54 例初诊 CLL 患者，分别留取首次化疗前后的外周血标本，作为初发组和治疗组。另外收集 20 例同期健康志愿者外周血标本作为对照组，采用流式细胞术的方法，对各组患者外周血的 Th1/Th2/ $\gamma\delta T$ 细胞的频率进行分析，实时定量荧光检测法 (QPCR) 检测各组外周血 pmTOR 和 4EBP1mRNA 表达，蛋白免疫印迹 (Western blot) 检测外周血 pmTOR 和 4EBP1 蛋白表达。酶联免疫吸附法 (ELISA) 检测各组 IL-17、IFN- γ 及 IL-6 的水平。

结果 结果:初发组 Th1 细胞比例低于治疗组 ($P<0.05$)； $\gamma\delta T$ 细胞比例相比较治疗组及对照组均显著升高 ($P<0.05$)；初发组 pmTOR 和 4EBP1mRNA、蛋白均为最高 ($P<0.05$)；初发组 IFN- γ 水平，IFN- $\gamma/IL-17$ 最低，IL-17 水平最高，与治疗组及对照组比较均有统计学意义 ($P<$

0.05); 且初发组 IFN-r 与 pmTOR 之间存在负相关 ($P<0.01$, $r=-0.750$); IL-17 及 $\gamma\delta T$ 细胞均与 pmTOR 之间存在正相关 ($P<0.01$, $r=0.823$; $P<0.01$, $r=0.642$)。

结论 CLL 中过度活化的 mTOR 通路可能对 $\gamma\delta T$ 细胞功能产生影响, 从而对 IL-17 水平进行调节, 进而参与 CLL 的发生发展。

PO-0169

pmTOR 和 4EBP-1 蛋白在慢性淋巴细胞白血病中的表达及临床意义

曾雪娇、谢仁古丽·阿力木、张瑞、玛利娅·木哈什、赵芳、古丽巴旦木、曲建华
新疆医科大学第一附属医院

目的 摘要 目的:研究磷酸化 mTOR 蛋白 (pmTOR) 和下游特异性转录因子 (4EBP1) 在慢性淋巴细胞白血病 (CLL) 患者外周血中的表达及临床意义。

方法 方法:随机选取新疆医科大学第一附属医院血液病中心 30 例初诊 CLL 患者, 分别留取初次治疗前后的外周血标本, 做为初发组和治疗组。另外收集 20 例同期健康志愿者外周血标本作为对照, QPCR 法检测 pmTOR 和 4EBP1 mRNA 表达, Western blot 法检测 pmTOR 和 4EBP1 蛋白表达。

结果 结果:初发组 pmTOR 和 4EBP1 mRNA 水平均明显高于治疗组和对照组 ($P<0.05$)、治疗组高于对照组 ($P<0.05$)。初发组中 pmTOR 和 4EBP1 mRNA、蛋白表达均呈正相关 ($P<0.05$)。高、中危组 pmTOR 和 4EBP1 表达均高于低危组 ($P<0.05$), 高危组 pmTOR 和 4EBP1 表达均高于中危组 ($P<0.05$)。

结论 CLL 中存在 pmTOR 和 4EBP1 的表达升高且与 CLL 危险度相关, pmTOR 和 4EBP1 有望成为 CLL 临床诊治与判断预后的独特的标志物。

PO-0170

VHEA 方案治疗 KMT2A 基因异常急性髓系白血病疗效观察

陶善东、丁邦和、王春玲、于亮
淮安市第一人民医院

目的 观察 VHEA 方案诱导缓解治疗 KMT2A 基因异常的初治与复发难治急性髓系白血病 (Acute myeloid leukemia, AML) 的治疗反应率与安全性。

方法 采用 VHEA 方案 [维奈克拉 100 mg d 1, 200 mg d 2, 400 mg d 3-14; 高三尖杉酯碱 2 mg/(m²·d), d1-7; 依托泊苷 100 mg/d, d1-5; 阿糖胞苷 100 mg/(m²·d), d1-7] 治疗 3 例 KMT2A 基因异常 AML 患者。

结果 患者 1 伴 MLL-AF10 基因重排, 分别经标准“3+7”IA、克拉屈滨+CAG、维奈克拉+阿扎胞苷+塞利尼索三种诱导化疗方案均未缓解, 为难治性 AML, 经 1 疗程 VHEA 方案再诱导化疗后缓解, 骨髓细胞形态学完全缓解 (CR), 微小残留病 (MRD) 检测, PCR: MLL-AF10 0.01%; 流式细胞术: 7.6×10^{-4} 。CR1 期行父子单倍体异基因造血干细胞移植 (allo-HCST), 目前移植后 6 月处于无病生存状态; 患者 2 伴 MLL-AF1q 重排, 1 疗程 IA 方案未缓解, 经 1 疗程 VHEA 方案再诱导化疗后缓解, 缓解后复查骨髓形态学 CR, MRD 检测, PCR: MLL-AF1q 0.01%; 流式细胞术: 6.48×10^{-3} , CR1 期行父子单倍体 allo-HSCT, 移植后 2 月处于无病生存状态。患者 3 伴 MLL-ENL 重排, 为初治患者, VHEA 方案诱导化疗后缓解, 骨髓形态学 CR, MRD 检测, PCR: MLL-AF1q 0.01%; 流式细胞术: 0.59×10^{-3} 。3 例 KMT2A 异常 AML 经 VHEA 方案诱导化疗后, 均获得 CR, 无治疗相关死亡发生, 感染、骨髓抑制等化疗相关不良反应均在可控制范围。

结论 VHEA 方案能够显著提高 KMT2A 基因异常 AML 患者的诱导缓解率，安全性良好，可能是初治与复发难治伴 KMT2A 基因异常 AML 患者诱导缓解化疗的一种选择，为 allo-HCST 创造机会。

PO-0171

放射治疗在髓外急性白血病的疗效和预后分析

雷文彬¹、王季石¹、刘麾²、张燕¹、卢英豪¹、黄懿¹、陈莹¹、高睿¹、柴笑¹、詹云¹、熊杰¹、王凌云²、刘蕾²、赵鹏¹

1. 贵州医科大学附属医院
2. 贵阳市第一人民医院

目的 急性白血病髓外浸润具有某些实体肿瘤的行为，髓外病灶浸润、播散至邻近组织器官，除了造成局部压迫症状，最终也会引起白血病的全面复发。全身系统性化疗虽然可以清除骨髓中的白血病细胞，但对髓外浸润病灶效果欠佳，故针对髓外病灶的治疗主要以减轻局部肿瘤负荷为目的，继而桥接后续全身化疗、靶向干预或造血干细胞移植等治疗方法。放射治疗可在短期内缓解白血病髓外浸润导致的局部压迫症状，但其对于总生存时间的影响尚不明确，且目前尚无大规模临床数据支持放疗桥接化疗等手段优于单独化疗。因此，进一步探讨急性白血病合并髓外病变患者的临床特点、治疗方法和预后具有重要的临床意义。

方法 我们回顾性分析了 47 例急性白血病合并髓外病变患者的临床特点、治疗方法，比较放疗、化疗等治疗方法后患者的缓解情况、生存时间及毒副反应。

结果 急性白血病合并髓外病变患者中移植前放疗组的平均生存时间优于移植前未放疗组（592 天 vs 386 天， $P=0.035$ ）；亚组分析显示中枢神经系统白血病放疗联合鞘内注射组平均总生存时间优于中枢神经系统白血病鞘内注射组（547 天 vs 388 天， $P = 0.045$ ）。放疗组中位无事件生存时间优于未放疗组（175 天 vs 50 天， $P=0.005$ ）。COX 比例风险模型显示放疗和未放疗的治疗方法对髓外浸润患者的总生存时间的影响具有统计学意义，移植前未放疗组相比移植前放疗组，死亡风险增加了 2.231 倍。相比化疗，放疗具有更低的血液学毒性反应和感染风险。

结论 放疗可迅速缓解移植前急性白血病合并髓外病变的局部症状，延长中枢神经系统白血病患者生存时间，且血液学毒性反应、感染和出血风险较低。

PO-0172

XPO1 抑制剂通过下调谷胱甘肽通路， 高效抗 DNMT3A 突变 AML 活性

蔡晓亚、王雄、刘颖、肖敏、王滢、李登举
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 探究核输出蛋白（XPO1）抑制剂塞利尼索对 DNA 甲基转移酶 3A（DNMT3A）突变急性髓系白血病（AML）细胞生物学活性的影响以及相关分子机制。

方法 用慢病毒过表达技术构建了急性髓系白血病 DNMT3A^{R882H} 突变的单克隆细胞系；使用 Western Blot 和 RT-qPCR 检测验证 DNMT3A mRNA 和蛋白表达；使用流式 Annexin V/PI 双染色法、CFSE 染色检测 XPO1 抑制剂对 AML 细胞的作用；建立小鼠皮下肿瘤白血病模型，验证 XPO1 抑制剂体内效应；通过 RNA-seq 测序技术分析差异基因，利用特异性抑制剂干预筛选出来的特定靶点，检测其与塞利尼索对 AML 细胞凋亡是否存在协同效应。

结果 XPO1 异常高表达于 DNMT3A 突变的 AML 原代标本及 DNMT3A^{R882H} AML 细胞系中。XPO1 抑制剂塞利尼索可抑制 DNMT3A^{R882H} AML 细胞增殖，促进其凋亡，阻滞 AML 细胞于细胞周期的

G0/G1 期。塞利尼索还可以显著抑制 DNMT3A^{R882H} AML 模型鼠皮下瘤的增殖。初诊 AML 原代标本中, DNMT3A 突变的原代细胞对塞利尼索较敏感。塞利尼索作用前后, 利用 RNA-seq 测序对比分析发现, AML 细胞的大部分代谢通路呈现下调状态, 其中谷胱甘肽代谢通路在药物处理后的 SKM-1/U937 组细胞中一致下调。经 RT-qPCR 方法验证, AML 细胞系中谷胱甘肽代谢通路关键基因的表达情况与测序结果一致。谷胱甘肽抑制剂 BSO 能显著增强塞利尼索对 DNMT3A^{R882H} AML 细胞的凋亡作用。

结论 XPO1 异常高表达很可能借助于谷胱甘肽代谢通路参与了 DNMT3A 突变 AML 细胞的凋亡抵抗。XPO1 抑制剂单独, 或者联合干预谷胱甘肽代谢通路的方法是治疗 DNMT3A 突变 AML 潜在的新策略。

PO-0173

不伴皮肤累及的母细胞性浆细胞样树突细胞肿瘤 白血病期的诊断挑战——2 例临床和病理学对照研究

张启国^{1,2}、傅文静^{1,2}、鲍文强²、凌春²、宫文玉²、徐士云²、金其川²、陈兵¹

1. 南京大学医学院附属鼓楼医院

2. 滁州市第一人民医院

目的 提高对不伴皮肤累及的母细胞性浆细胞样树突细胞肿瘤 (BPDCN) 的精准诊断和治疗水平。

方法 以 1 例皮肤累及 BPDCN 进展为白血病期的骨髓标本作阳性参照, 对 1 例呈白血病髓像的 BPDCN 进行对照研究。

结果 对照男性, 70 岁, 以右前臂皮肤包块为表现, 病理示 BPDCN, 仅予地西他滨+CAG 一疗程, 5 个月后进展为白血病期, 肿瘤细胞表达 HLA-DR, CD123、CD4, CD56, CD7, CD36, CD304。髓系肿瘤 NGS 有 ASXL1、IDH2、TP53 突变, 随访生存期仅 6 个月。患者女性, 73 岁, 因全血细胞少, 骨髓提示急性白血病 (原始细胞 81.5%, 形态有甩尾现象), 外院凭部分免疫标记先诊断为“T 淋巴母细胞白血病”, 再次骨髓检查并行免疫表型: 原始细胞表达 CD56, HLA-DR, CD304; 部分表达 CD4, CD33, CD117; 不表达: CD34, CD13, CD3, CD5, CD7, CD8, CD10, CD11b, CD14, CD15, CD16, CD19, CD20, CD64, CD303, MPO。结论: 骨髓形态学及化染结果排除 BPDCN 后考虑 AML-M5 可能。加做骨髓活检免疫组化: CD43 (-), TdT 多 (+), CD4 少 (+), CD56 多 (+), CD123 (+), CD117 少 (+), Lyso 部分弱 (+)。骨髓活检结合免疫组化, 考虑急性髓系白血病。仔细判读 Lyso 染色标本修改判断为 (-), 根据 WHO 第 5 版血液淋巴样肿瘤 BPDCN 诊断标准的两种情形: CD4 和/或 CD56 阳性外, CD123 和表达其中一种 pDC 标志物 (TCL1, CD303, CD304) 可以诊断 BPDCN。若表达任意三个 pDC 标志物 (CD123, TCL1, CD303, CD304), 还需所有预期阴性标记物 (CD3, CD14, CD19, CD34, Lysozyme, Myeloperoxidase) 阴性诊断也可成立, 最终均确诊为 BPDCN。后者查髓系肿瘤 NGS 有 ASXL1、TET2 突变, 予维奈托克+阿扎胞苷一疗程达 CR, 间断去甲基化+小剂量化疗, 目前缓解达两年余。

结论 不伴皮肤改变的 BPDCN 临床少见, 诊断具挑战性, 全面的免疫表型和谨慎的免疫组化结果判读至关重要, 含维奈托克的方案显示较好疗效。

PO-0174

化疗患者 PICC 置管居家护理的干预研究现状与启示

张慧玲、靳迎、卫晶晶

郑州大学第一附属医院

目的 本文综述了化疗患者 PICC 置管居家护理的相关研究现状, 即综述了国内外对于化疗患者

PICC 置管居家护理的干预措施及其可借鉴之处，以为后期开展相关研究提供参考。

方法 研究显示，对于带管出院患者，国外有专门的导管维护公司派入上门维护；国内大多数三级医院已开设 PICC 门诊，有极少一部分三级医院与县级医院形成部分维护网络，也有教会照护者居家护理模式的尝试。此外，也有相关研究通过建立微信平台、同伴教育、移动服务、延续护理方案、网络直播平台及个案管理模式等方法，改善 PICC 导管维护的现状。

结果 但目前研究较多关注通过改善医护人员的相关措施，而达到 PICC 导管安全维护的目的；较少关注通过采取相关措施，切实提高患者自身参与导管安全维护的积极性，以达到 PICC 导管安全维护的目的。

结论 构建患者可操作、易接受的参与 PICC 导管安全维护的措施，促使其主动参与自身导管安全维护，或可为医护人员开展出院 PICC 带管患者参与自身导管安全维护提供有价值的参考。

PO-0175

急性巨核细胞白血病临床特征与诊治分析：5 年回顾性研究

刘彦权¹、曾敏娟¹、殷悦²、唐焕文¹

1. 广东医科大学第一临床医学院血液内科

2. 福建省血液病研究所，福建医科大学附属协和医院血液科

目的 分析和探讨急性巨核细胞白血病(AMKL)的临床特征、诊治及预后情况，并进行文献复习。

方法 回顾性分析 2016 年 1 月—2021 年 5 月福建医科大学附属协和医院、赣南医学院第一附属医院共收治的 14 例 AMKL 患者的临床资料，分析 AMKL 患者的临床特征、诊断及鉴别诊断、治疗以及预后等，并检索国内外文献资料进行文献复习。

结果 共纳入 14 例 AMKL 患者，其中儿童患者 6 例，男 4 例，女 2 例，中位年龄 2 岁(13 个月至 6 岁)；成人患者 8 例，男 5 例，女 3 例，中位年龄 57(19~78)岁。患者临床表现主要以血液病非特异性症状为主，所有患者均完善骨髓穿刺活检术，镜下可见大量原始巨核细胞，除 2 例未完善流式免疫分型、细胞遗传学及分子生物学检测外，余 12 例均有巨核系抗原(CD41、CD61、CD42b)表达，且伴随遗传学或分子生物学异常。除 1 例骨髓移植后尚存活、1 例失访外，余 12 例死亡，中位生存期 5.5(0~21)个月。文献复习可知：2002—2022 年中国(不包括港澳台地区)共报道 AMKL 患者 249 例，其中由其他血液病转化 16 例：6 例由慢性粒细胞白血病(CML)转化，4 例由骨髓增生异常综合征(MDS)转化，3 例由骨髓纤维化(MF)转化，2 例由原发免疫性血小板减少症(ITP)转化，1 例由急性淋巴细胞白血病(ALL)转化。249 例 AMKL 患者中，尚存活 24 例，死亡 225 例，死因多为化疗后病情进展或复发、移植后复发、重症感染以及致命性出血等。

结论 AMKL 罕见且预后极差，临床表现缺乏特异性，通过骨髓常规和病理、流式免疫分型、细胞遗传学、分子生物学检查以及电镜技术等综合判断有助于其诊断及鉴别。治疗上应首选临床研究，同时密切监测可检测残留病(MRD)，诱导缓解化疗联合表观遗传学药物及靶向治疗可能使 AMKL 患者受益，在标准化疗诱导缓解第 1 次完全缓解后应尽早行造血干细胞移植，以最大程度改善预后。

PO-0176

罕见幼淋巴细胞白血病临床特征与诊治分析：5 年回顾性研究

刘彦权¹、曾敏娟¹、殷悦²、唐焕文¹

1. 广东医科大学第一临床医学院血液内科

2. 福建省血液病研究所，福建医科大学附属协和医院血液科

目的 分析探讨罕见幼淋巴细胞白血病(PLL)的临床特征及预后特点，以期 PLL 的临床诊疗及基

基础研究提供新的借鉴与参考。

方法 回顾性分析 2011 年 1 月~2021 年 5 月福建医科大学附属协和医院血液科收治的 7 例 PLL 患者临床资料, 分析其临床诊治经过及预后转归, 同时检索最新文献资料对 PLL 诊疗研究进展予以系统性讨论。

结果 本研究 7 例 PLL 患者中男 6 例, 女 1 例; 年龄 65~80 岁, 中位年龄 71 岁。根据免疫表型分为 B-PLL (6 例) 和 T-PLL (1 例)。所有患者均完善骨髓细胞形态学、流式免疫分型、细胞遗传学以及分子生物学检测。其中 1 例确诊后拒绝行化疗在短期内死亡, 余 6 例均予标准化疗方案。6 例患者中, 1 例患者死于化疗后骨髓抑制; 1 例患者在化疗后 3 个月内死亡; 2 例患者分别于化疗后第 4 和第 7 个月内死于病情进展; 2 例患者于 2 个疗程化疗后达完全缓解 (CR), 其中 1 例已行异基因造血干细胞移植, 目前未发生病情进展或复发。

结论 PLL 是罕见、预后极差且好发于老年人的淋系肿瘤, 临床表现缺乏特异性, 治疗上可首选临床试验, 诱导缓解化疗联合新型靶向药或表观遗传学药物可能使 PLL 患者受益。此外应积极防治并发症, 在获 CR 后应尽早行造血干细胞移植, 最大程度改善预后。

PO-0177

毛细胞白血病临床特征与诊治分析: 五年回顾性研究

刘彦权¹、曾敏娟¹、殷悦²、唐焕文¹

1. 广东医科大学第一临床医学院血液内科

2. 福建省血液病研究所, 福建医科大学附属协和医院血液科

目的 探讨和分析毛细胞白血病 (HCL) 的临床特征、诊疗及预后。

方法 收集整理 2016 年 1 月至 2021 年 2 月福建医科大学附属协和医院收治的 11 例 HCL 患者的临床资料, 分析 HCL 的临床特征、诊治疗效及预后情况。

结果 11 例 HCL 患者中男 7 例、女 4 例, 确诊时中位年龄为 57 岁 (30~81) 岁, 从出现临床症状或体征到诊断的中位时间为 5 (0.5~26.0) 个月。诊断时伴淋巴瘤 B 症状 (即发热、盗汗、体重减低) 者有 6 例, 伴有感染者 7 例 (均为肺部感染), 淋巴结肿大 3 例; 所有患者均伴有脾肿大 (轻度脾大 3 例, 中度脾大 2 例, 巨脾 6 例)。11 例患者均行一代或二代基因测序检测, BRAF^{V600E} 突变阳性率为 81.82% (9/11); 外周血常规示两系减少 4 例 (36.36%), 三系减少 7 例 (63.64%), 单核细胞减少 9 例 (81.82%)。11 例患者中, 除 1 例采用 FC 方案 (氟达拉滨 50 mg 第 1~3 天; 环磷酰胺 0.3 g 第 1~3 天) 及 1 例第 1 疗程采用 R-CVP 方案 (利妥昔单抗 500 mg 第 1 天; 环磷酰胺 1.1 g 第 2 天; 长春地辛 4 mg 第 2 天; 地塞米松 15 mg 第 1~5 天) 后改为克拉屈滨以外, 其余 9 例患者均接受克拉屈滨单药治疗。1 例采用 FC 方案治疗的患者 1 个疗程后即获得完全缓解, 余 10 例中克拉屈滨单疗程治疗者有 7 例、2 个疗程治疗者有 3 例; 4 例在克拉屈滨治疗后 1~3 个月疗效评估为部分缓解, 余 6 例 4~12 个月治疗疗效评估达完全缓解; 对克拉屈滨治疗总体反应率为 100% (10/10)。10 例采用克拉屈滨治疗的患者在治疗后出现 2~4 级血液学不良反应, 其中 7 例 (63.64%, 7/11) 发生绝对中性粒细胞计数减少, 6 例 (54.55%, 6/11) 患者发生血小板计数减少, 4 例 (36.36%, 4/11) 发生中性粒细胞缺乏伴发热, 3 例 (27.27%, 3/11) 发生肺部感染或上呼吸道感染, 伴随感染症状患者经抗感染及支持治疗后好转。除血液学不良反应外, 无其他不良反应发生。11 例 HCL 患者中位随访时间为 14 (3~61) 个月, 中位总生存期与无进展生存期均未达到。随访至本文截稿前, 无患者发生 HCL 疾病进展、复发或死亡。

结论 HCL 为临床罕见的惰性血液肿瘤, 其对克拉屈滨敏感且不良反应可控, 对于复发、难治 HCL 患者可选择进入临床试验或考虑联用其他靶向抑制剂或单克隆抗体。

PO-0178

CXC 趋化因子配体 8 介导急性髓系白血病发生、发展的分子机制与临床意义

刘彦权¹、曾敏娟¹、殷悦²、唐焕文¹

1. 广东医科大学第一临床医学院血液内科
2. 福建省血液病研究所，福建医科大学附属协和医院血液科

目的 通过检测不同病情阶段急性髓系白血病（AML）患者 CXC 趋化因子配体 8（CXCL8）的水平变化，分析其与 AML 患者临床病情及预后的关联性，探索骨髓微环境中 CXCL8 对白血病发生、发展及恶性生物学行为的调控机制，为 AML 的基础研究和临床诊疗提供借鉴与参考。

方法 收集不同病情阶段 AML 患者骨髓标本，采用酶联免疫吸附试验（ELISA）检测 CXCL8 含量；利用实时荧光定量 PCR（qRT-PCR）检测不同 AML 细胞系中 CXCL8 特异性受体 CXCR1/2 的表达情况；选取 U937 细胞为 AML 疾病模型，予不同浓度外源性 rCXCL8 干预 U937 细胞，镜下观察细胞形态学变化，并利用 CCK-8 法检测细胞增殖，qRT-PCR 检测 CXCR1/2 表达变化；将初诊 AML 患者 BM-MSC 与 U937 细胞共培养，ELISA 检测共培养体系 CXCL8 变化差异；Annexin V/PI 双染流式细胞术分别检测 rCXCL8、anti-CXCL8 对 U937 细胞凋亡的影响，Western Blot 揭示其间伴随的分子机制。

结果 ①初诊及复发 AML 患者 CXCL8 水平显著高于健康者（ $P<0.05$ ），复发阶段 CXCL8 水平显著高于其他病情阶段（ $P<0.01$ ），而 CR 阶段且无感染的 AML 患者 CXCL8 水平与健康者相比无明显差异（ $P>0.05$ ）；②BM-MSC 与 U937 细胞共培养体系中 CXCL8 含量及其共培养体系下 U937 细胞 CXCL8 mRNA 水平均显著高于未加入 BM-MSC 的单培养 Mono 组（ $P<0.05$ ）；③利用 rCXCL8 干预 U937 细胞可通过上调 Bcl-2 表达并下调 Bax 表达促进细胞增殖，并上调 CXCL8 特异性受体 CXCR1/2 的表达；④通过拮抗 CXCL8（anti-CXCL8）后，将上调 Bax 表达、并下调 Bcl-2 表达同时抑制 ERK1/2 信号通路活化水平诱发 U937 细胞凋亡。

结论 CXCL8 与 AML 病情、预后转归密切相关，是 AML 患者疾病进展、预后评估的有效监测指标。骨髓微环境中 CXCL8 是介导白血病细胞恶性增殖、免疫逃逸的重要趋化因子，通过拮抗 CXCL8 可诱导 U937 细胞发生凋亡，其机制可能与 Bcl-2 家族蛋白表达变化、抑制 ERK1/2 信号通路活化水平有关。

PO-0179

靶向 CXCR1/2 联合 Ara-C 对急性髓系白血病恶性生物学特性的影响机制

刘彦权¹、曾敏娟¹、殷悦²、唐焕文¹

1. 广东医科大学第一临床医学院血液内科
2. 福建省血液病研究所，福建医科大学附属协和医院血液科

目的 探讨 CXC 趋化因子受体 1/2（CXCR1/2）靶向抑制剂 Reparixin 联合 Ara-C 对急性髓系白血病（AML）细胞恶性生物学行为的作用及对 CXCR 家族表达的影响，并探究其间分子机制。

方法 不同浓度 Reparixin、Ara-C 单药或联合干预 U937 细胞，镜下观察细胞形态；Wright-Giemsa 法检测细胞形态学改变；CCK-8 法检测细胞增殖；Transwell 小室法检测细胞侵袭能力；集落形成实验检测细胞克隆形成能力；Hoechst 33258 法、Annexin V/PI 双染流式细胞术检测细胞凋亡；MDC 法检测细胞自噬；Western blot 检测凋亡、自噬及相关信号通路蛋白表达情况；实时荧光定量聚合酶链式反应（qRT-PCR）检测 CXCR 家族表达变化。

结果 Reparixin 可抑制 U937 细胞恶性生物学行为能力并促发其凋亡。与单药相比, Reparixin 联合 Ara-C 干预后, 增殖、侵袭、集落形成等恶性生物学特性显著下降, 凋亡和自噬水平显著升高。机制而言, 可上调 Bax 表达并下调 Bcl-2 的表达, 同时使 Caspase-3 水解活化, 继而诱发细胞凋亡。Reparixin 联合 Ara-C 干预后可上调 LC3 II、Beclin-1 的表达, 且细胞中 LC3 II/LC3 I 比值较单药或对照组明显上调, MDC 法亦示细胞酸性囊泡绿色颗粒显著增多, 且出现大量破碎细胞。Reparixin 联合 Ara-C 可显著抑制 PI3K、AKT 及 NF- κ B 信号分子磷酸化水平, 通过抑制 PI3K/AKT/NF- κ B 通路激活从而扼制白血病恶性生物学行为, 并诱导程序性死亡。Ara-C 干预 U937 细胞对 CXCR 家族表达基本无影响 ($P>0.05$), 利用 Reparixin 单药干预 U937 细胞后可下调 CXCR1、CXCR2、CXCR4 表达 ($P<0.05$), 其中 CXCR2 表达相较对照组及其他 CXCR 家族表达下调水平更为显著 ($P<0.01$); 当 Reparixin 与 Ara-C 联合干预时, CXCR1、CXCR2 下调水平较单药组更为显著 ($P<0.01$), 而 CXCR4、CXCR7 表达较单药组无显著差异 ($P>0.05$)。

结论 Reparixin 联合 Ara-C 能协同抑制 U937 细胞恶性生物学行为, 并诱导其程序性死亡, 机制可能与影响 Bcl-2 家族蛋白表达并下调 CXCR 家族表达和同时抑制 PI3K/AKT/NF- κ B 信号通路等有关。

PO-0180

Abnormal expression and clinical significance of CXC chemokine receptor 1/2 in acute leukemia

Yanquan Liu¹, Min-Juan ZENG¹, Yue YIN², Huan-Wen TANG¹

1. Department of Hematology, The First School of Clinical Medicine, Guangdong Medical University, Guangdong, China

2. Fujian Institute of Hematology, Fujian Medical University Union Hospital, Fujian, China

Objective The CXCR family has become a research hotspot in the field of malignant tumors. Actively searching for and exploring CXCR family members closely related to the occurrence, development and prognosis of acute leukemia (AL) are of great practical significance in the basic research and clinical diagnosis and treatment of anti-leukemia.

Objective: To explore the expression level of CXC chemokine receptor 1/2 (CXCR1/2) under bone marrow microenvironment in bone marrow mononuclear cells of patients with AL, and analyze the relationship between CXCR1/2 expression and the clinical characteristics, curative effect and prognosis of AL patients, so as to provide a new direction for the therapeutic target and disease monitoring of AL.

Methods Bone marrow specimens from 86 newly-diagnosed (ND) AL patients from November 2018 to December 2020 in Fujian Medical University Union Hospital were collected, including 49 males and 37 females, with a median age of 48 years (17-73 years); At the same time, 26 healthy samples were collected, including 17 males and 9 females, with a median age of 36.5 years (23-49 years). And quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR) technology was used to detect the expression level of CXCR1/2 from two groups of people. Taking the median expression level of CXCR1/2 as the cut-off value, the ND-AL patients were divided into CXCR1/2 high expression group and low expression group, and the relationship between different CXCR1/2 expression levels and various clinical characteristics, indicators and clinical significance of AL patients were analyzed respectively.

Results Among the 86 ND-AL patients included in this study, there were 29 patients with acute lymphoblastic leukemia (ALL) and 57 patients with acute myeloid leukemia (AML). The relative expression levels of CXCR1 and CXCR2 in the AL group were higher than those in the healthy control group (0.691 [0.176-2.14] vs. 0.278 [0.088-0.613], $P<0.05$), (1.938 [0.729-3.681] vs. 0.419 [0.079~1.268], $P<0.01$), there was no significant difference in the relative expression of CXCR1/2 between the AML group and the ALL group ($P>0.05$). The high expression of CXCR1/2 was associated with adverse clinical features and indicators of AL ($P<0.05$), and was prone to have adverse outcomes such as extramedullary infiltration, relapse and refractory.

Conclusion CXCR1/2 is up-regulated in AL, which has important reference value for the disease detection and prognosis evaluation of AL.

PO-0181

FAMLF-2 通过 DHX9-c-Myc 信号通路调控 急性淋巴细胞白血病发生发展的作用及其分子机制的研究

赖小林^{1,2}、黄源茂¹、蔡媛华¹、石水玲¹、陈智香^{1,2}、王雪纯^{1,2}、王少元¹

1. 福建医科大学附属协和医院

2. 福建医科大学

目的 急性淋巴细胞白血病是一种未成熟淋巴细胞恶性克隆性增殖的血液恶性肿瘤。本课题组前期发现 AML 相关新基因 FAMLF 至少有两种剪接变体 FAMLF-1 和 FAMLF-2, FAMLF-2 在 ALL 中高表达且与预后差相关, 其分子作用机制尚不清楚。

方法

- 1、应用实时定量 PCR 方法, 检测 ALL 初诊患者与正常人外周血 FAMLF-2 的表达水平, 并分析其与总体生存率的关系。
- 2、利用 RACE 实验克隆 FAMLF-2 全长, 并通过 CPC2 和 PhyloCSF 分析其蛋白质编码能力。
- 3、通过 CCK-8 法和流式细胞术检测 FAMLF-2 对细胞增殖、凋亡的影响。
- 4、构建 FAMLF-2 shRNA 敲低和过表达 Jurkat 细胞移植瘤模型, 观察 FAMLF-2 对 Jurkat 细胞皮下成瘤、中枢神经系统浸润、总体生存率的影响。
- 5、通过 RNA-seq 技术分析 FAMLF-2 敲低后差异性表达 mRNA, 利用 RNA pulldown、RIP 技术及 western blot 技术分析 FAMLF-2 相互作用蛋白。

结果

- 1、FAMLF-2 在初诊 ALL 患者中的表达水平比正常人高, FAMLF-2 高表达的 ALL 患者 OS 较低;
- 2、获得了长度为 2393bp 的 FAMLF-2 转录本全长, 并分析其为不具有蛋白质编码能力的长链非编码 RNA。
- 3、FAMLF-2 的敲低能明显降低细胞增殖能力、促进细胞凋亡。相反地, FAMLF-2 的过表达能明显的促进细胞增殖能力、抑制细胞凋亡。
- 4、皮下荷瘤 CDX 模型中, KD 组的肿瘤体积及肿瘤重量均显著小于对照组, 眼静脉 CDX 模型中, FAMLF-2 KD 组出现体重下降的时间、中枢神经系统浸润明显延迟、总体生存率显著改善。FAMLF-2 过表达组出现体重下降的时间及体生存率无明显差别、中枢神经系统浸润明显提前。
- 5、GSEA 分析 FAMLF-2 敲低后 Jurkat 细胞的差异性 mRNA 显示, Myc 信号通路被抑制。
- 6、发现 FAMLF-2 与 DHX9 的特异性结合。敲低 FAMLF-2 后, DHX9 和 cMyc 蛋白的表达下调, 并减弱了 DHX9 和 FAMLF-2 的相互作用及 DHX9 和 c-Myc mRNA 的相互作用。FAMLF-2 敲低后显著缩短 c-Myc mRNA 的半衰期。

结论 FAMLF-2 可能通过 DHX9 调控 c-Myc mRNA 的稳定性, 从而促进 ALL 细胞增殖、抑制细胞凋亡, 在 ALL 的发生发展中起着重要作用。

PO-0182

BCL2 抑制剂维奈克拉联合 BTKi 泽布替尼 清除骨髓微环境中 AML 细胞的分子机制研究

林凯婷

福建医科大学附属协和医院

目的 明确维奈克拉与泽布替尼两药联合对急性髓系白血病细胞（单独培养、粘附共培养）增殖、凋亡的影响，初步探索其联合作用机制。

方法 1.生物信息学技术分析 BCL-2 与 BTK 在 AML 中的相关性；2.采用 CCK-8 法检测不同时间不同浓度维奈克拉和泽布替尼单独和联合使用分别对单独培养和粘附共培养后的 AML 细胞的增殖抑制，运用金氏公式计算 Q 值判断并寻找最佳联合浓度和作用时间；3. AnnexinV-APC/7-AAD 双染法检测维奈托克和泽布替尼单独和联用对粘附共培养前后 AML 细胞的凋亡诱导作用；4.将与骨髓基质细胞株(HS-5)共培养前后的 AML 细胞株(KG-1)进行 TMT 标记定量磷酸化蛋白质组学分析，筛选差异蛋白；5. Western Blot 法检测共培养前后的 AML 细胞在维奈克拉和泽布替尼作用 12h、24h 后 p-BTK、p-AKT、p-STAT3、p-GSK3 β 、p-CDK1 及 p-ERK 蛋白的改变；6.构建人 AML 小鼠皮下荷瘤模型，体内探讨维奈克拉与泽布替尼能否协同清除小鼠体内 AML 细胞。

结果 1.生物信息学分析结果显示，BCL-2 与 BTK 基因存在着潜在的互相作用。2.维奈克拉与泽布替尼协同抑制粘附共培养后的 AML 细胞，并诱导其凋亡。3. TMT 标记定量磷酸化蛋白质组学分析筛选出差异的磷酸化蛋白，进一步通过生物信息学分析差异蛋白得到其中 GSK3 β 、CDK1 与 PI3K/AKT、BCL-2 及 BTK 蛋白之间关系密切，推测他们在微环境诱导 AML 细胞耐药中可能发挥了重要作用。4.维奈克拉与泽布替尼可通过抑制 p-BTK、p-AKT/p-GSK3 β 、p-STAT3、p-CDK1、p-ERK 信号通路分子杀伤黏附基质细胞生长的 AML 细胞。5.荷瘤小鼠体内研究表明，维奈克拉可与泽布替尼协同清除荷瘤小鼠体内的白血病细胞。

结论 BCL-2 抑制剂维奈克拉与 BTK 抑制剂泽布替尼可协同抑制粘附基质细胞的 AML 细胞，可能与 p-BTK、p-AKT/p-GSK3 β 、p-STAT3、p-CDK1、p-ERK 信号通路分子有关，二者联合能有效减少荷瘤小鼠体内的 AML 细胞。

PO-0183

基于遗传学危险分型对于低危急性髓系白血病 缓解后有效疗程数的探讨分析

郭雪莹、吴勇

福建医科大学附属协和医院

目的 通过回顾性分析探讨低危组成人 AML 患者 CR 后的有效化疗疗程数。

方法 收集我院血液科收治的 181 例符合条件的低危组成人 AML 病例数据，用 Cox 回归模型验证 CR 后化疗疗程数对患者 OS 的影响有统计学意义，ROC 曲线和 AUC 评其真实性和稳定性，并寻找 CR 后有效化疗疗程数的截点值（Cut-off 值），在截点处进行病例分组，用 Kaplan-Meier 法描绘两组的生存曲线，计算两组患者在不同化疗疗程数影响下的 OS 和生存率，并以同法分析不同年龄段者的 CR 后有效化疗疗程数及预后差异。

结果 总体患者 CR 后疗程数至少在 3~4 个疗程以上:3 疗程数以下者，中位 OS 为 3 个月，1 年 OS 率 17.3%，2 年 OS 率约 7.7%，3 年 OS 率约 5.8%；至少 3 疗程数者，中位 OS 约 69 个月，1 年 OS 率 83.5%，2 年 OS 率约 65.6%，3 年 OS 率约 57.6%。4 疗程数以下者，中位 OS 为 5 个月，

1年 OS 率 20.9%，2年 OS 率约 9.5%，3年 OS 率约 7.6%；至少 4 疗程数者，中位 OS 未达到，1年 OS 率 88.7%，2年 OS 率约为 70.4%，3年 OS 率 61.7%。

年龄<60岁者 CR 后疗程数至少在 3~4 个疗程以上：3 疗程数以下者，中位 OS 为 2 个月，1年 OS 率为 15.3%，2年 OS 率约 15.3%，3年 OS 率约 9.2%；接受至少 3 个疗程数者，中位 OS 约 69 个月，1年 OS 率 85.1%，2年 OS 率约 68.2%，3年 OS 率约 59.0%。4 疗程数以下者，中位 OS 为 5 个月，1年 OS 率约 20.8%，2年 OS 率约 14.8%，3年 OS 率约 11.9%；至少 4 疗程数者，中位 OS 未达到，1年 OS 率 89.7%，2年 OS 率约 72.9%，3年 OS 率 62.8%。

年龄≥60岁者 CR 后疗程数至少在 2~3 个疗程以上：2 疗程数以下者，中位 OS 为 3 个月，1年 OS 率为 9.6%，2年 OS 率未达到；至少 2 疗程数者，中位 OS 约 19 个月，1年 OS 率约 77.2%，2年 OS 率约 47.1%。3 疗程数以下者，中位 OS 3 个月，1年 OS 率 20.1%，2年 OS 率未达到；至少 3 疗程数以上者，中位 OS 未达到，1年 OS 率约 77.4%，2年 OS 率约 54.2%。

结论 低危组 AML 患者的 CR 后有效化疗疗程至少在 3~4 个疗程数以上，但存在年龄差异：年龄<60 岁患者的 CR 后化疗疗程至少在 3~4 个疗程数以上，年龄≥60 岁患者的 CR 后化疗疗程至少在 2~3 个疗程数以上。

PO-0184

成人 T 细胞白血病/淋巴瘤的临床特征分析

林晓斌

福建医科大学附属协和医院

目的 分析我院成人 T 细胞白血病/淋巴瘤 (Adult T-cell leukemia/lymphoma, ATLL) 患者的临床特征及实验室检查特点，分析影响 ATLL 患者预后的因素。

方法 收集 2014.01.01 至 2021.10.01 福建医科大学附属协和医院收治的初诊 ATLL 患者 32 例，对患者的临床特征及实验室检验结果进行统计学描述，采用 Kaplan-Meier 法及 COX 风险比例回归模型分析探讨影响 ATLL 预后的因素。

结果 1. 研究共纳入 32 例我院 ATLL 患者，中位年龄为 53 (24-79) 岁，男女比例为 1.3: 1，首诊症状以淋巴结肿大 (14/32, 43.8%) 最常见，临床亚型以急性型 (21/32, 65.6%) 最常见，20 例 (62.5%) 合并骨髓侵犯。

2. 大部分患者 (23/32, 75.9%) 接受 DA-EDOCH 方案，所有患者的中位生存期为 10.0 个月；23 例经过化疗后可评估疗效的 ATLL 患者中，9 例达到完全缓解 (39.1%)，4 例达到部分缓解 (17.4%)，客观缓解率为 56.5%。4 例患者 (移植前 3 例 CR, 1 例 PR) 继续接受异基因造血干细胞移植后均达到 CR。

3. 多因素分析提示男性较女性，对生存时间的影响具有统计学意义 (风险比 (Hazard Ratio, HR) =0.28, 95% 置信区间 (CI): 0.09-0.82, P=0.035)；年龄≥60 岁较年龄<60 岁，对生存时间的影响具有统计意义 (HR=3.71, 95% CI: 1.13-12.19, P=0.031)；白细胞计数≥10.00×10⁹/L 较白细胞计数<10.00×10⁹/L，对生存时间的影响具有统计学意义 (HR=3.90, 95% CI: 1.26-12.10, P=0.018)。

结论 1. ATLL 患者以中年男性多见，首诊症状以淋巴结肿大常见，多合并白细胞计数升高、高钙血症、乳酸脱氢酶升高、淋巴细胞绝对值升高，血红蛋白、血小板计数减低少见。

2. 目前尚无最优的临床一线治疗方案，Allo-HSCT 有助于患者实现长期生存，但需要更多的临床数据。

3. 男性、年龄<60 岁、白细胞计数<10.00×10⁹/L 的患者预后较好，女性、年龄≥60 岁、白细胞计数≥10.00×10⁹/L 的患者预后较差。

PO-0185

基于 PERMA 模式的积极心理干预 在恶性血液病患者复发恐惧中的应用研究

常春艳、崔岩

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨基于 PERMA 模式的积极心理干预在恶性血液病患者复发恐惧中的应用效果。

方法 选取 2022 年 8 月到 2023 年 2 月在我科室住院的 40 例恶性血液病患者，干预前实施常规护理，包括入院宣教、服药指导、日常生活指导等。在常规护理基础上，实施基于 PERMA 模式的积极心理干预，共干预 10 周，每周干预 1 次，利用恐惧疾病进展简化量表(Fear of progression questionnaire-short form, FoP-Q-SF)对干预前、干预结束后进行效果评定。

结果 干预结束后，恶性血液病患者高水平复发恐惧发生率由 70%降至 27.5%，经卡方检验， $\chi^2=14.46$, $P<0.05$ ，两者差异具有统计学意义。干预前恶性血液病复发恐惧得分为（30.55±8.08）分，干预后恶性血液病复发恐惧得分为（28.15±7.14）分，经配对 t 检验两者差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

结论 恶性血液病患者复发恐惧处于高水平的患者比例较高，基于 PERMA 模式的积极心理干预通过调动积极情绪，能有效降低恶性血液病患者高水平复发恐惧发生率及复发恐惧水平，同时还可使患者获得成就感，改善人际关系，增加其认知程度，从而降低患者的疾病不确定感。

PO-0186

急性早幼粒细胞白血病（APL）伴 ZBTB16-RARA 融合一例

陈钦、于莹、陈诗丽、何秋蓉、廖丹、罗林、彭韵莹、王钰君
广州华银医学检验中心有限公司

目的 典型的 APL 伴随的融合基因为 PML-RARa，存在一些其他涉及 RARA 基因易位的变异型 APL，其伴随的融合基因包括 ZBTB16-RARA、STAT5b-RARA、NPM-RARA 等，本文报道一例急性早幼粒细胞白血病（APL）伴 ZBTB16-RARA 融合，探讨其 MICM 检测结果及特点。

方法 对 1 例急性早幼粒细胞白血病（APL）伴 ZBTB16-RARA 融合的临床资料、骨髓涂片、流式免疫分型、PML-RARa 融合基因分型+定量、白血病 56 种融合基因分型检测结果进行分析。

结果 患者，男性，57 岁，WBC: $8.65 \times 10^9/L$ 、Gran: 76.4%、Lym: 18.7%、Mono: 4.1%、Hb: 83g/L、MCV: 98.3fL、Plt: $29 \times 10^9/L$ ；骨髓涂片可见大量异常早幼粒细胞，胞体大小不一，类圆或不规则，胞核不规则，胞浆量丰富，大量紫红色颗粒，Auer 小体，柴捆细胞。骨髓流式免疫分型检测到 80.1% 的异常早幼粒细胞，表达：CD33（99.4%）、cMPO（80.5%）部分表达：CD13（50.7%）、CD117（58.4%）、CD123（73.4%）、CD38（36.1%）不表达：CD15、CD16、CD11c、CD14、CD64、cCD79a、cCD3、CD34、HLA-DR（8.2%）、CD3、CD4、CD8、CD2、CD5、CD7、CD71、CD19、CD56。PML-RARa 融合基因分型+定量检测结果为 L 型、V 型、S 型阴性。白血病 56 种融合基因检测结果为 ZBTB16-RARA 融合基因阳性。

结论 ZBTB16-RARA 融合基因，亦称 PLZF-RARA 融合基因，由 t（11；17）（q23；q21）易位形成。根据 CSCO 指南，APL 伴 ZBTB16-RARA 融合已报道的病例数大于 30 例，对 ATRA 及 ATO 治疗反应差。临床可根据患者实际情况，选择治疗方案。

PO-0187

ANG-1 诱导骨髓间充质干细胞成脂分化 促进 CML 对 TKIs 抵抗的机制研究

冉允盛^{1,2}、万俊钊^{1,2}、谢泰^{1,2}、朱仁光^{1,2}、王义娟^{1,2}、胡楚娇²、马丹^{2,3}

1. 贵州医科大学 药学院

2. 贵州省化学合成药物研发利用工程技术研究中心

3. 贵州医科大学附属医院 血液科

目的 探索预后不良因子血管生成素 1 (ANG-1) 通过诱导骨髓微环境成脂分化, 从而促进慢性粒性白血病 (CML) 对酪氨酸激酶抑制剂 (TKIs) 耐药分子机制, 为临床治疗对 TKIs 抵抗的 CML 提供新的靶点与策略

方法 ANG-1 孵育 BMSCs 与 CML 细胞共培养。EdU 检测肿瘤细胞增殖, 流式细胞术评估对 TKI 的敏感性; 转录组联合代谢组学分析 ANG-1 对 BMSCs 的影响; PPI 分析成脂分化关键基因或通路; Bodipy493/503 验证 CML 细胞对脂化 BMSCs 分泌物的摄取; 阿昔莫司抑制脂质释放, 检测 CML 细胞增殖及对 TKIs 敏感性; 依托莫昔抑制 FAO 途径, 验证其在 CML 耐药中的作用; ANG-1 孵育的 BMSCs 与 CML 细胞混合植入 NSG 小鼠皮下, 验证其诱导 BMSCs 成脂分化并介导 CML 耐药; 收集临床样本, ELISA 分析骨髓上清液中 ANG-1 含量与骨髓脂肪化、CML 耐药的相关性。

结果 本研究证实肿瘤源自的 ANG-1 诱导 BMSCs 成脂分化, 改变 CML 细胞能量代谢途径, 促进对 TKIs 的抵抗。使用 ANG-1 孵育 BMSCs 与 CML 细胞共培养, 显著增强 CML 细胞增殖, 降低对达沙替尼的敏感性。转录组分析发现 ANG-1 启动 BMSCs 脂质代谢重编程, 促进脂肪细胞分化, 脂质代谢组学显示增加了促进脂肪形成的脂质。上调 BMSCs 中的 SIRT1 逆转 ANG-1 诱导的 BMSCs 成脂分化。脂质标记实验证实 CML 细胞摄取脂化 BMSCs 释放的大量脂肪酸, 阿昔莫司处理减少 CML 细胞摄取的脂肪酸, 削弱细胞增殖, 增强对达沙替尼的敏感性。转录组分析显示共培养体系 CML 细胞的 FAO 信号途径激活, FAO 抑制剂依托莫昔减少 CML 细胞增殖, 增加达沙替尼诱导的凋亡率, 增加 FAO 相关蛋白表达。动物模型显示 ANG-1 孵育 BMSCs 组的肿瘤增殖活力高, 生存期短, 达沙替尼治疗后肿瘤体积减小程度最低。ELISA 检测发现 TKIs 耐药组骨髓上清中的 ANG-1 含量显著高于敏感组和正常组, 而 TKIs 敏感组与正常组无显著差异。IHC 检测骨髓组织切片中细胞间质的 ANG-1 表达水平, 同时以 Bodipy 493/503 对切片染色并检测脂质, 发现过表达 ANG-1 的患者, 骨髓中脂质含量更高。

结论 本研究发现 ANG-1 诱导 BMSCs 成脂分化, 增强 CML 对 TKIs 的抗性, 深入探讨了 BMSCs 成脂分化以及脂化 BMSCs 促进耐药的机制, 为 CML 治疗提供新见解。

PO-0188

阿扎胞苷联合维奈克拉、奥雷巴替尼治疗 T315I 突变 Ph 阳性急性淋巴细胞白血病 3 例

林国强、黄赛兰、王力、姜惠然、卞梅茹、张兴霞、司叶俊、杨萧天、万艳、张兵、张彦明

徐州医科大学附属淮安医院 淮安市第二人民医院

目的 评价阿扎胞苷联合维奈克拉、奥雷巴替尼 (Aza+Ven+O) 治疗 T315I 突变 Ph 阳性急性淋巴细胞白血病的疗效和安全性。

方法 总结 2021 年 1 月至 2023 年 5 月就诊我院的 3 例 T315I 突变的复发难治急性淋巴细胞白血病 (ALL) 的临床资料, 3 例患者出现 T315I 突变后, 均接受了阿扎胞苷联合维奈克拉、奥雷巴替尼

的联合化疗方案（阿扎胞苷 75mg/m² 皮下注射 d1-7；维奈克拉 100mg d1, 200mg d2, 400mg d3-d21）。

结果 1、一般资料：男 2 例，女 1 例，中位年龄 52（44—68）岁；1 例为形态学复发 1；2 例为单倍型造血干细胞移植后复发：其中 1 例形态学复 1，1 例分子学复发 1。2、疗效：3 例经 1 疗程治疗均达到 CR，其中 2 例 T315I 转阴；3、安全性：1）血液学毒性：3 例患者均出现 III-IV 度骨髓抑制：白细胞/中性粒细胞计数减少，粒细胞缺乏中位时间 8 天，血小板计数 < 10×10⁹/L 中位时间 7 天。2）非血液学毒性：感染、恶心、呕吐、腹泻、便秘、外周水肿、疲劳、皮疹。其中 2 例为肺部感染，1 例皮肤软组织感染。

结论 维奈克拉联合阿扎胞苷方案在复发难治急性髓系白血病（AML）、老年体弱 AML 患者中已经广泛使用，我们报道 3 例 T315I 突变 Ph 阳性 ALL 患者，使用 Aza+Ven+O 方案，结果显示其对有 T315I 突变的 Ph 阳性 ALL 患者疗效较好，无严重不良事件发生，对于出现 T315I 突变的 Ph 阳性 ALL 患者其他方案疗效不佳时，可以考虑使用该方案。

PO-0189

Outcomes of Second Anti-CD19 CAR T-Cell Therapy (CART2) in Acute B lymphoblastic leukemia and the Impact of Allo-HSCT on Efficacy

Qianwen Xu¹, Yi Shi², Le Xue¹, Furun An³, Hui Xu¹, Xin Liu¹, Xiaoyu Zhu¹, Zimin Sun¹, Zhimin Zhai³, Xingbing Wang^{1,2}

1. University of Science and Technology of China

2. Anhui Provincial Hospital Affiliated to Anhui Medical University

3. The Second Hospital of Anhui Medical University

Objective Chimeric antigen receptor (CAR) T-cell therapy has achieved remarkable results since its development, with especially high remission rates in hematological malignancies. However, approximately 50% of patients who achieve remission experience relapse during follow-up. For patients exhibiting a suboptimal response to the first CAR T-cell therapy (CART1) or relapse after remission, secondary CAR T-cell therapy (CART2) for the same target may be an option. Although the overall results of CART2 are unsatisfactory, a subset of patients may benefit from it, the efficacy and the relative factors affecting the outcomes to CART2 remain unstandardized.

Methods Retrospectively review the patients with acute B lymphoblastic leukemia (B-ALL) receiving CD19 CART1 at our center to report the clinical outcomes of CART2 and to identify the factors associated with adverse effects, response, and survival of CART2.

Results Eighty-four patients with B-ALL receiving CD19 CART1 at our center were reviewed. Twenty-six patients received CART2 for suboptimal response or relapse post-CART1. CART2 exhibited an inferior response rate (CART2: 53.8%, 14/26; CART1: 81.0%, 64/79; P = 0.006) and a lower incidence of severe cytokine release syndrome (CART2: 7.7%, 2/26; CART1: 30.4%, 24/79; P = 0.020) compared with CART1, with a median progression-free survival (PFS) and a median overall survival (OS) of 6.2 months and 11.2 months, respectively. A history of consolidative allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) after CART1-induced remission was a relative factor affecting both the response rate (p = 0.045) and OS (P = 0.042) of CART2. Patients who bridged to allo-HSCT after CART1 and then received CART2 had a response rate of 80.0% (8/10), which was significantly higher than those who did not bridge to allo-HSCT and received CART2 (27.3%, 3/11, P = 0.030) or non-CART2 treatments (10.5%, 2/19, P < 0.001); the median OS for those who bridged to allo-HSCT after CART1 receiving CART2 (25.1 months) was better than those who did not bridge to allo-HSCT receiving CART2 (7.6 months, P = 0.043) or non-CART2 treatments (4.4 months, P = 0.008), while no significant difference was demonstrated in the median PFS between the three groups (P = 0.465).

Conclusion Our results indicated that although less effective than CART1, a subset of patients can still benefit from CART2 with mild adverse effects, especially those with consolidative allo-HSCT post-CART1.

PO-0190

METTL3 促进 AML 蒽环类耐药的研究

温亚男¹、杨晶晶¹、焦一帆¹、乐凝¹、张夏玮¹、高文静¹、单若琪¹、窦立萍²

1. 解放军医学院

2. 中国人民解放军总医院第五医学中心血液病医学部

目的 在急性髓系白血病（AML）的诱导方案中，含蒽环类药物的传统“3+7”方案仍然占据重要地位，然而部分患者对于传统蒽环类方案原发耐药，无法达到预期的治疗效果。因此本研究致力于探究 AML 蒽环类耐药的机制，期望改善难治 AML 患者预后、降低患者死亡率。本课题组的前期结果已表明 AML 细胞系 HL60 的蒽环类耐药细胞中 m6A 水平升高，且这种变化可能是由 METTL3 水平升高引起。因此，本研究通过使用 METTL3 抑制剂与慢病毒转染敲低 METTL3，探究 METTL3 对 AML 蒽环类耐药细胞的影响及其作用机制。

方法 ①使用 METTL3 抑制剂 STM2457 处理蒽环类耐药细胞 HL60/ADR 与 K562/A02 三天后检测细胞增殖、凋亡、周期。②使用 METTL3 抑制剂 STM2457 联合阿霉素处理 HL60/ADR 细胞与 K562/A02 细胞三天后检测细胞增殖、凋亡、周期。③使用 shRNA 敲低 METTL3 后检测 K562/A02 细胞与 HL60/ADR 细胞增殖、周期。

结果 STM2457 可以有效抑制 AML 蒽环类耐药细胞增殖，诱导 AML 蒽环类耐药细胞轻度凋亡，对细胞周期影响不大；STM2457 联合阿霉素使用，可以加强对 AML 蒽环类耐药细胞增殖的抑制，有效促进 AML 蒽环类耐药细胞凋亡，使其发生细胞周期阻滞；敲低 METTL3 可以有效抑制 AML 蒽环类耐药细胞增殖，使其发生细胞周期阻滞；抑制 METTL3 可以改变 AML 蒽环类耐药细胞的耐药性。

结论 METTL3 促进 AML 细胞蒽环类耐药，抑制 METTL3 可以改变 AML 蒽环类耐药细胞的耐药性

PO-0191

Ph+急性 B 淋巴细胞白血病行 CAR-T 细胞治疗后接受异基因造血干细胞移植或 TKIs 药物的疗效及安全性分析

施艺^{1,2}、薛磊²、许倩文²、徐慧²、刘欣²、朱小玉²、刘会兰²、孙自敏²、王兴兵^{1,2}

1. 安徽医科大学附属省立医院

2. 中国科学技术大学附属第一医院（安徽省立医院）

目的 回顾性分析费城染色体阳性急性 B 淋巴细胞白血病（ph+ B-ALL）患者行靶向 CD19 的嵌合抗原受体 T 细胞（CAR-T）治疗达完全缓解（CR）后，采用随访观察、酪氨酸激酶抑制剂（TKIs）维持治疗或异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）的巩固治疗的疗效及安全性。

方法 收集本院自 2017 年至 2021 年行自体 CD19 CAR-T 细胞治疗并获得 CR 的 ph+ ALL 患者 22 例，根据 CAR-T 细胞治疗达 CR 后治疗方式不同，分为三组：随访观察组（n=5），CAR-T+TKI 组（n=11），CAR-T+移植组（n=6），比较各组的总生存（OS）期、无复发生存（RFS）期及毒副反应。

结果 22 例患者中，男性 11 例，女性 11 例，中位年龄 34 岁（7-66 岁）。随访观察组、CAR-T+TKI 组、CAR-T+移植组的中位生存时间（OS）分别为 9.7(95%CI 9.06-10.34)月、17.1(95%CI 9.98-24.22)月、56.8(95%CI 38.63-74.97)月，1 年 RFS 率分别是：0、45.5%、100%；在安全性方面，

移植后有 4 例出现急性移植物抗宿主病(aGVHD), 1 例出现慢性移植物抗宿主病(cGVHD), 不良反应均为可控的, 无移植相关死亡, CAR-T+TKI 组无严重的药物相关不良反应。

结论 ph+ ALL 行 CAR-T 细胞治疗后达 CR 的患者, 口服 TKIs 维持治疗或进行 allo-HSCT 可改善长期生存; 与口服 TKIs 维持治疗相比, allo-HSCT 能进一步降低早期复发风险。

PO-0192

急性髓系白血病伴 CBF β : : MYH11 融合一例

陈钦、于莹、陈诗丽、何秋蓉、廖丹、罗林、彭韵莹
广州华银医学检验中心有限公司

目的 探讨急性髓系白血病 (AML) 伴 CBF β : : MYH11 融合的 MICM 检测结果特点。

方法 对 1 例急性髓系白血病 (AML) 伴 CBF β : : MYH11 融合的临床资料、骨髓涂片、流式免疫分型、染色体核型、基因检测等结果进行分析。

结果 女性, 34 岁, 血常规示: WBC: 60*10⁹/L, Gran: 11.5%, Lym: 20%, Mono: 57.6%; Hb: 51g/L; MCV: 82.2fl; PLT: 9*10⁹/L。骨髓涂片见骨髓增生明显活跃, 血小板减少, 粒系发育异常, 嗜酸性粒细胞增多, 单核细胞比例增高, 见 54.0%原始幼稚细胞, MPO 染色: 阳性, a-NBE 染色: 部分阳性+, 可被 NaF 抑制。流式免疫表型可见 CD34+的异常原始幼稚髓系细胞, 呈 CD45 弱阳性, SSC 值中等, 比例约为 17.8%, 表达: CD34 (100.0%)、CD117 (86.3%)、CD13 (84.1%)、CD33 (98.5%), 部分表达: CD64 (21.0%)、CD15 (30.8%)、HLA-DR (36.9%)、CD38 (60.1%)、CD123 (73.1%), 不表达: cMPO、CD16、CD3、CD7、CD2、CD56、CD4、CD8、CD19、cCD79a、cCD3, 单核细胞比例增高 (约占核细胞 63.7%), 其中含 26.3%幼稚单核细胞。染色体核型检测结果为: 46,XX,inv(16)(p13q22)[20]。AML18 种常见融合基因筛查检出 CBF β -MYH11 融合基因阳性; WT1 基因过表达。AML 基因突变筛查检出 FLT3-TKD 一级突变。综合以上信息, 该患者诊断为 AML 伴 CBF β : : MYH11 融合。

结论 CBF β -MYH11 融合基因由 inv (16) (p13.1q22) 或 t (16; 16) (p13.1;q22) 形成, 绝大多数病例为 inv (16) (p13.1q22)。AML 伴 CBF β : : MYH11 融合的病例白细胞多升高, 预后良好, CBF β -MYH11 融合基因定量可作为定期监测指标。

PO-0193

一例急性髓系白血病造血干细胞移植后合并癫痫发作患者的护理

周彦、石振爽、刘贵英、胡颖、窦鑫婧、刘洁
中国医学科学院血液病医院

目的 通过对一例急性髓系白血病造血干细胞移植后合并癫痫发作的患者护理进行分析和评价, 进一步总结血液病患者移植后并发癫痫的护理经验。

方法 回顾性分析我院 2022 年 11 月收治的一例急性髓系白血病造血干细胞移植后合并癫痫发作的患者作为研究对象, 分析血液病患者移植后癫痫发作的原因, 制定积极有效的护理措施。

结果 造血干细胞移植患者因白消安、环孢素等特殊用药影响及感染、颅内出血、代谢性脑病等原因易导致脑神经元异常放电及脑内代谢紊乱诱发癫痫发作。经治疗护理干预后, 患者未发生窒息、受伤等危险, 病情稳定, 顺利出院。

结论 制定血液病患者癫痫发作的整体护理方案, 遵循保持患者呼吸道通畅, 密切观察意识、瞳孔及生命体征等变化, 专人专护, 保证患者安全的原则。总结出一套血液病患者移植后合并癫痫发作的护理经验, 从而防止患者癫痫发作时窒息、受伤等危险的发生。

PO-0194

Genetic Mutation Signature for Relapse Prediction in Normal Karyotype Acute Myeloid Leukemia

Lijie Han, Jiaying Wu, Jifeng Yu, Zhilei Bian, Weimin Wang, Yafei Li, Hui Sun, Zhongxing Jiang
The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

Objective Risk stratification for normal karyotype acute myeloid leukemia (NK-AML) remains unsatisfactory owing to the high incidence of leukemia relapse. This study aimed to evaluate the role of gene mutations and clinical characterization in predicting the relapse of patients with NK-AML.

Methods A prognostic system for NK-AML was constructed based on gene mutations, measurable residual disease (MRD), and clinical characteristics. A panel of gene mutations was explored using next-generation sequencing. The least absolute shrinkage and selection operator, and nomogram algorithm were used to build a genomic mutation signature (GMS) and nomogram (GMSN) model that combines GMS, MRD, and clinical factors to predict relapse in 347 patients with NK-AML from four centers.

Results Patients in the GMS-high group had a higher 5-year incidence of relapse than those in the GMS-low group ($P < 0.001$). The 5-year incidence of relapse was also higher in patients in the GMSN-high group than in those in the GMSN-intermediate and -low groups ($P < 0.001$). The 5-year disease-free survival and overall survival rates were lower in patients in the GMSN-high group than in those in the GMSN-intermediate and -low groups ($P < 0.001$) as confirmed by training and validation cohorts.

Conclusion This study illustrated the potential of GMSN as a predictor of NK-AML relapse.

PO-0195

Low level of serum albumin predicts a poor prognosis in de novo acute myeloid leukemia

Xiangtao Huang, Shuangnian Xu
Southwest Hospital, Third Military Medical University (Army Medical University)

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is an aggressive malignancy characterized by a block of myeloid differentiation and uncontrolled proliferation of abnormal myeloid progenitors that accumulate in the bone marrow and blood. The current treatment of AML patients mainly relies on chemotherapy and autologous or allogeneic transplantation. Although a series of prognosis biomarkers have been found, the clinical outcomes of AML vary a lot, and AML is still a disease with a high mortality. So, novel prognosis biomarker could put insight into the treatment of AML. Consideration that serum albumin reflects the nutritional status, whether the level of albumin correlates to the survival of AML patients, which is not very clear. In this study, we explored the role of serum albumin in the prognosis of AML. The results showed that the low serum albumin group significantly correlated to a poor overall survival ($p=0.008$) and disease-free survival ($p=0.021$) compared to the basal serum albumin group, and univariate and multivariate Cox regression analysis indicated that low serum albumin was prominently related to poor overall survival ($p=0.010$ and $p=0.024$), which suggests that low serum albumin is an independent adverse prognostic factor for de novo AML.

PO-0196

Targeting PI4KA sensitizes refractory leukemia to chemotherapy by modulating the ERK/AMPK/OXPHOS axis

Xiangtao Huang¹, Xiuxing Jiang², Shuangnian Xu¹

1. Southwest Hospital, Third Military Medical University (Army Medical University)
2. College of Pharmacy, Third Military Medical University (Army Medical University)

Objective The emergence of chemoresistance in leukemia markedly impedes chemotherapeutic efficacy and dictates poor prognosis. Recent evidence has revealed that phosphatidylinositol 4 kinase-III α (PI4KA) plays a critical role in tumorigenesis. However, the molecular mechanisms of PI4KA-regulated chemoresistance and leukemogenesis remain largely unknown.

Methods Liquid chromatography-mass spectrometry (LC-MS), patient samples and leukemia xenograft mouse models were used to investigate whether PI4KA was an effective target to overcome chemoresistance in leukemia. Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) and molecular mechanics/generalized born surface area (MM/GBSA) method were employed to identify cepharanthine (CEP) as a novel PI4KA inhibitor.

Results High expression of PI4KA was observed in drug-resistant leukemia cells or in relapsed leukemia patients, which was correlated with poor overall survival. Depletion of PI4KA sensitized drug-resistant leukemia cells to chemotherapeutic drugs in vitro and in vivo by regulating ERK/AMPK/OXPHOS axis. We also identified cepharanthine (CEP) as a novel PI4KA inhibitor, which could undermine the stability of the PI4KA/TTC7/FAM126 complex, enhancing the sensitivity of drug-resistant leukemia cells to chemotherapeutic drugs in vitro and in vivo.

Conclusion Our study underscored the potential of therapeutic targeting of PI4KA to overcome chemoresistance in leukemia. A combination of the PI4KA inhibitor with classic chemotherapeutic agents could represent a novel therapeutic strategy for the treatment of refractory leukemia.

PO-0197

儿童肿瘤患者父母照顾准备度现状及影响因素研究

刘新颖

湖南省儿童医院

目的 探讨儿童肿瘤患者父母照顾准备度现状及其影响因素。

方法 采用便利抽样法,运用一般资料调查表、照顾者准备度量表、疾病不确定感家属量表对 298 例肿瘤患儿父母进行问卷调查,分析儿童肿瘤患者父母照顾准备度现状及其影响因素。

结果 结果:儿童肿瘤患者父母照顾准备度均分为(21.18 \pm 7.818)分,儿童肿瘤患者父母照顾准备度与疾病不确定感呈负相关。多元线性回归分析显示性别、年龄、婚姻状况、患儿医药费支付形式、疾病不确定感是儿童肿瘤患者父母照顾准备度主要影响因素。

结论 儿童肿瘤患者父母照顾准备度有待提高,受多种因素影响,医护人员可根据具体情况开展针对性的干预措施,提高儿童肿瘤父母照顾准备度。

PO-0198

SIL-TAL1 融合基因阳性的 T-ALL 一例

陈钦、于莹、陈诗丽、何秋蓉、廖丹、罗林
广州华银医学检验中心有限公司

目的 探讨 SIL-TAL1 融合基因阳性的 T-急性淋巴细胞白血病 (T-ALL) 的 MICM 检测结果特点。

方法 对 1 例 SIL-TAL1 融合基因阳性的 T-急性淋巴细胞白血病 (T-ALL) 的临床资料、骨髓涂片、流式免疫分型、染色体核型、基因检测等结果进行分析。

结果 男性, 16 岁, 查血常规: WBC: 140.38*10⁹/L, Hb: 152g/L; MCV: 87.2fl; PLT: 114*10⁹/L。无淋巴结肿大。骨髓细胞形态见骨髓增生明显活跃, 血小板较少, 见 90.0%原始细胞, MPO 染色: 阴性, 考虑为急性淋巴细胞白血病 (ALL) 骨髓象。流式免疫表型见 74.3%异常原始幼稚 T 淋巴细胞, 呈 CD45 弱阳性, SSC 值较小, 表达: CD99 (94.7%)、CD7 (97.4%)、CD2 (97.5%)、CD4 (88.0%)、CD5 (95.5%), 部分表达: cCD3 (20.4%)、CD38 (28.0%)、nTdT (60.2%), 不表达: CD34 (4.1%)、cMPO、CD117、CD123、cCD79a、HLA-DR、CD8 (9.5%)、CD1a、CD56、CD19、CD3、CD71、CD15、CD11c、CD16、CD33、CD13、CD14, 考虑急性 T 淋巴细胞白血病/淋巴瘤 (T-ALL/LBL)。进一步完善染色体及基因检查: 骨髓染色体核型分析结果为 46,XY[17]; 白血病 56 种融合基因筛查检测到 SIL-TAL1 融合基因阳性; 血液髓系肿瘤 NGS (二代测序) 基因检测到 FBXW7 及 NOTCH1 一级突变。综合以上信息, 该患者诊断为 T-ALL, 且伴有 SIL-TAL1 融合基因阳性。

结论 SIL-TAL1 融合基因是由于染色体 1p32 区域存在缺失, 导致 SIL 基因与 TAL1 基因的编码区发生融合而形成。有文献报道, SIL-TAL1 基因重排是 T-ALL 患者的预后不良因素, 需积极治疗。与不伴有 SIL-TAL1 基因重排的患者相比, 伴有 SIL-TAL1 基因重排的患者在初诊时白细胞计数更高。

PO-0199

VSD 在 1 例急性 T 淋巴细胞白血病输液港患者伴局部皮肤严重感染的应用及护理

喻新容、唐全希、王丽
陆军军医大学第二附属医院 (新桥医院)

目的 探讨 VSD (VacuumSealingDrainage) 负压吸引技术在 1 例急性 T 淋巴细胞白血病输液港患者伴局部皮肤严重感染中的观察及护理。

方法: 选取 2023 年 3 月在我科收治的 1 例急性 T 淋巴细胞白血病患者在院外置入输液港后出现发热, 局部皮肤破溃伴感染, 中断化疗, 予抗感染后取出输液港体。入院后查体: 右胸部可见一 4x4x2cm 大小肉芽创面, 有少许渗液, 未见分泌物, 请整形外科会诊后予行“右胸部创面清创+VSD 负压引流术”, 术中予 1%过氧化氢溶液+稀释碘伏、生理盐水反复冲洗创面, 创周铺凡士林油纱保护皮肤, 切口表面放置山东威高 (III 型, 10x7.5x3.3cm) 负压引流装置, 3M 贴膜密封后, 连接中心负压持续负压吸引, 持续负压: 0.02-0.04MPa; 观察要点: 密切观察贴膜密封性是否良好, 准确记录引流液的颜色、量、及形状。每周更换负压引流装置一次, 同时予抗感染及营养支持治疗。

结果 VSD 治疗 4 周后, 伤口长出红色肉芽组织, 创口面积缩小为 2x2cm, 体温正常, 予 VSD 拆除后好转出院。

结论 应用 VSD 负压吸引技术治疗严重皮肤软组织缺损、感染, 可以有效避免交叉感染, 保证引流创面的清洁, 改善引流创面的血液循环, 使引流创面快速愈合, 是一种简便而有效的治疗方法, 减

轻了换药时给患者带来的痛苦又减轻患者的经济负担，也减轻了医护工作者的工作量，值得临床广泛推广。

PO-0200

维奈克拉+索拉菲尼联合阿扎胞苷治疗伴有 FLT3-ITD 突变的成人急性髓系白血病安全性及有效性研究

李志远、卞铁荣、刘倩、赵德芳、曾凤、邢宏运
西南医科大学附属医院

目的 研究维奈克拉+索拉菲尼联合阿扎胞苷治疗伴有 FLT3-ITD 突变的成人急性髓系白血病安全性及有效性，提出可能解决伴有 FLT3-ITD 突变的急性髓系白血病反应率低、容易耐药、容易复发的可行方案

方法 临床资料收集自 14 例在西南医科大学附属医院血液科接受双靶向药物(SOR+VEN)联合 AZA 治疗的 FLT3-ITD 突变的成年 AML 患者。所有患者均经骨髓形态学、免疫学、分子生物学等检查证实，并进行二代基因测序，获取患者基因突变。诊断标准参照 WHO 2016 年造血和淋巴组织肿瘤分类标准。对所有患者按照该方案治疗，在每周期结束后评估。

结果 14 例患者中，CR/CRi 评价 10 例，NR 评价 4 例，CR/CRi 高达 71.4%。3/6 例新诊断患者的疗效评价 CR/CRi 率为 50%，而 5/6 例难治性 AML 患者的疗效评价 CR/CRi 为 80%。2 例复发患者治疗后被评估为 CR/CRi（表 2），并且所有被评估为 CR/CRi 的患者均在 3 疗程内缓解。在不同的治疗周期后，共有 9 例患者 MRD 为阴性。

结论 本方案将伴有 FLT3-ITD 突变的患者纳入研究，通过索拉菲尼+维奈克拉+阿扎胞苷的联合方案，治疗 FLT3-ITD 突变的 AML 患者，使患者获得了更高的缓解率。虽然本研究没有观察到患者的长期生存，但大多数 CR/CRi 的患者 MRD 为阴性（9/10 例），这表明缓解深度较高，预示着较低的复发和较长的生存期。

PO-0201

含塞利尼索的无化疗或低剂量化疗方案治疗复发难治性急性髓系白血病的真实世界经验

同茜雯、金洁、徐斌、苏帅、毛霞、张东华
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 本研究旨在评估含塞利尼索（selinexor）的无化疗或低剂量化疗方案治疗复发难治性急性髓系白血病（relapsed/refractory acute myeloid leukemia, R/R AML）的疗效和安全性。

方法 回顾性收集 2021 年 10 月至 2022 年 8 月于华中科技大学同济医学院附属同济医院血液内科接受含塞利尼索（selinexor）的无化疗或低剂量化疗方案的 R/R AML 患者。随访截止日期为 2023 年 1 月。评估患者接受含塞利尼索方案治疗后的总缓解率(ORR)，完全缓解率(CR)、部分缓解率(PR)、移植率和安全性。

结果 共纳入 10 例患者，所有患者均可评估治疗反应。4 例(40.0%)患者达到 CR，2 例(20.0%)患者达到 CRi，总 CR/CRi 为 60.0%。当纳入 2 例 PR 患者时，ORR 为 80.0%。5 例(50.0%)患者在接受含 selinexor 方案治疗后接受了异基因造血干细胞移植。随访结束时，7 例(70.0%)患者存活，3 例患者死于移植相关并发症或疾病进展。最常见的非血液学不良反应是 1 级或 2 级无症状低钠血症，经过对症治疗后可缓解；无患者因不良反应停止本方案治疗。

结论 含塞利尼索的无化疗或低剂量化疗方案治疗 R/R AML 是可行的且患者耐受性良好, 同时有较高的 CR 率, 并为患者接受移植提供了机会。

PO-0202

Gilteritinib with chemotherapy in patients with newly diagnosed acute myeloid leukemia

Jianxiang Wang¹, Masashi Sawa², Toshihiro Miyamoto³, Hee-Je Kim⁴, Yasushi Hiramatsu⁵, June-Won Cheong⁶, Takayuki Ikezoe⁷, Tomoki Naoe⁸, Koichi Akashi⁹, Satoshi Morita¹⁰, Nahla Hasabou¹¹, Alexandra Heinloth¹¹, Masanori Kosako¹², Moyu Ikegaya¹², Wataru Terada¹², Takeshi Kadokura¹², Jason Hill¹¹, Shuichi Miyawaki¹³

1. Blood Disease Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences
2. Department of Hematology and Oncology, Anjo Kosei Hospital, Japan
3. Department of Hematology, Kanazawa University, Japan
4. Department of Internal Medicine, College of Medicine, The Catholic University of Korea, South Korea
5. Department of Hematology and Oncology, Japanese Red Cross Society Himeji Hospital, Japan
6. Department of Internal Medicine, Yonsei University College of Medicine, South Korea
7. Department of Hematology, Fukushima Medical University Hospital, Japan
8. Department of Hematology and Oncology, National Hospital Organization Nagoya Medical Center, Japan
9. Department of Medicine and Biosystemic Science, Kyushu University Hospital, Japan
10. Department of Biomedical Statistics and Bioinformatics, Kyoto University Graduate School of Medicine, Kyoto, Japan
11. Astellas Pharma US, Inc., Northbrook, Illinois, United States
12. Astellas Pharma Inc., Tokyo, Japan
13. Division of Hematology, Tokyo Metropolitan Ohtsuka Hospital, Japan

Objective Adding gilteritinib, an FMS-like tyrosine kinase 3 (FLT3) inhibitor active against FLT3 tyrosine kinase domain mutations, to frontline chemotherapy may improve outcomes for patients with FLT3-mutated acute myeloid leukemia (AML). We assessed the safety and efficacy of gilteritinib with chemotherapy in adults with newly diagnosed FLT3-mutated AML.

Methods In this Phase 2 part of a Phase 1/2, open-label, single-arm study in the Asia-Pacific region, patients received induction therapy (≤ 2 cycles): idarubicin 12 mg/m²/d (Days [D] 1–3), cytarabine 100 mg/m²/d (D1–7) and gilteritinib 120 mg/d (D8–21); consolidation therapy (≤ 4 cycles): cytarabine 1.5 g/m²/12h (D1, 3, 5) and gilteritinib 120 mg/d (D1–14); and maintenance therapy (≤ 26 cycles): gilteritinib 120 mg/d. The primary endpoint was complete remission (CR) rate after induction; the lower limit of the 2-sided 90% confidence interval (CI) was compared with a benchmark CR rate of 55%, based on the placebo arm of the RATIFY study (Stone, et al. 2017). Secondary endpoints included: composite CR (CRc) rate, overall survival (OS), and safety. The primary analysis was conducted after all patients completed induction therapy; the final analysis is not yet complete.

Results The full analysis set included 82 patients. After induction, the CR rate was 50.0% (90% CI: 40.4%, 59.6%; the lower limit did not exceed the 55% benchmark) and the CRc rate was 86.6% (95% CI: 77.3%, 93.1%). The rate of OS at Month 12 was 86.6% (n=84; 95% CI: 73.9%, 93.4%). There were no new safety findings.

Conclusion The CR rate after induction with gilteritinib and chemotherapy did not exceed the benchmark. The CRc rate after induction was similar to that reported in a previous Phase 1 study of gilteritinib in combination with chemotherapy in the US (2215-CL-0103).

PO-0203

Interim results from CLEVO: a non-interventional cohort study investigating the CLonal EVolution of FMS-like tyrosine kinase 3 (FLT3) mutations during disease progression in patients with acute myeloid leukemia

Suning Chen¹, Cristina Papayannidis², Blanca Boluda³, Jonathan Canaani⁴, Pascal Turlure⁵, Ann de Becker⁶, Anand Tandra⁷, Dina Elsouda⁸, Arnaud Houweling⁹, Anil Upadhyay¹⁰, Isabelle Wouters¹¹, Paresh Vyas¹²

1. Soochow University

2. IRCCS Azienda Ospedaliero-Universitaria di Bologna, Istituto di Ematologia "Seràgnoli", Bologna, Italy

3. La Fe University Hospital, Valencia, Spain

4. Sheba Medical Center, Tel Aviv University, Tel Aviv, Israel

5. Limoges University Hospital, Limoges, France

6. Universitair Ziekenhuis Brussel, Vrije Universiteit, Brussels, Belgium

7. Indiana Blood and Marrow Transplant, Indianapolis, USA

8. Astellas Pharma Inc., Northbrook, USA

9. Astellas Pharma B.V., Leiden, Netherlands

10. Astellas Pharma Europe Ltd., Addlestone, UK

11. Astellas Pharma B.V., Brussels, Belgium

12. University of Oxford, Oxford, UK

Objective Within the general acute myeloid leukemia (AML) population, ~30% have mutations in the FMS-like tyrosine kinase 3 (FLT3) gene. The dynamics of FLT3 clonal evolution and the clinical consequences are not fully understood. This ongoing study aims to characterize the natural history of FLT3 mutations in AML from diagnosis through treatment over 36 months.

Methods This is a non-interventional, prospective study of adults (≥18 years) diagnosed with AML within 30 days of enrolment at sites in Belgium, France, Germany, Israel, Italy, Spain, the UK and the USA. Patients with relapsed/refractory (R/R) AML at enrolment, acute promyelocytic leukemia, or central nervous system leukemia are excluded. Treatment is given at the physician's discretion. Routine FLT3 genetic testing was performed at initial diagnosis (ID) and at each R/R event. The primary objective was to determine the proportion of relapsed/refractory AML patients with FLT3 clonal evolution (gain/loss of FLT3 mutations) from ID; we present results from the first interim analysis conducted 12 months after study initiation.

Results At data cut-off (Sept 30, 2021), 272 patients were enrolled; 245 were included in the full analysis set. Most patients were male (56.3%, 138/245), and the median (min, max) age was 63.0 (22, 89) years. At baseline, 29.0% (71/245) of patients tested positive for FLT3 mutations (FLT3+); of these, 71.8% (51/71) had an FLT3-ITD mutation. In this preliminary analysis of FLT3 clonal evolution, 15/245 (6.1% [6 FLT3+, 9 FLT3- at ID]) patients had relapsed and 27/245 (11.0% [13 FLT3+, 14 FLT3- at ID]) patients were refractory after first-line treatment. Of the primary refractory patients, 2/27 (7.4% [both FLT3+ at ID]) were refractory after second-line treatment and 2/27 (7.4% [1 FLT3+, 1 FLT3- at ID]) experienced a relapse after second-line treatment.

Conclusion The number of patients and relapse/refractory events in this first interim analysis is very limited; FLT3 test results were not available for 40% of the patients who relapsed and 59% of those refractory after first-line treatment. Therefore, the full extent of FLT3 clonal evolution still remains uncertain and will need to be further analyzed in later data cuts. This ongoing study, which has now enrolled all 650 patients, will help to better understand the magnitude of FLT3 clonal evolution throughout the AML disease course.

PO-0204

核心结合因子相关成人急性髓系白血病患者 总生存临床预测模型的建立

时璐瑶、王树娟、王冲
郑州大学医学部

目的 分析影响核心结合因子相关成人急性髓系白血病（CBF-AML）患者总生存(OS)的因素，并建立预测模型。

方法 回顾性分析 2015 年 5 月至 2021 年 7 月在郑州大学第一附属医院新诊断的 216 例 CBF-AML。按照 7:3 随机分成训练集和验证集。采用单因素 Cox 回归对影响 OS 的临床因素进行分析。采用逐步回归建立最优模型，画出列线图。使用受试者工作特征(ROC)曲线、校准曲线和决策曲线分析(DCA)评估模型性能。

结果 年龄 ≥ 55 岁、外周血原始幼稚 $\geq 80\%$ 、AML1-ETO、KIT 突变被确定为 OS 的独立预后不良因素。训练集和验证集 3 年 ROC 下面积分别为 0.772、0.722；校正曲线预测值与实测值具有较好一致性。DCA 表明此模型性能优于单一因素。

结论 该预测模型简便易行，可有效预测 CBF-AML 的 OS，为治疗决策提供依据。

PO-0205

氟马替尼与达沙替尼联合多药化疗治疗成人 Ph+急性淋巴细胞白血病的临床疗效及安全性对比

刘倩、李志远、卞铁荣、邢宏运
西南医科大学附属医院

目的 探讨氟马替尼与达沙替尼联合多药化疗治疗初治 Ph+急性淋巴细胞白血病的疗效差异

方法 回顾性分析 2018 年 5 月至 2023 年 4 月 43 例 Ph+ ALL 患者的临床特征及转归，比较一线应用氟马替尼与达沙替尼的疗效及安全性是否存在差异

结果 一线应用氟马替尼患者 20 例，为氟马替尼组；应用达沙替尼患者 23 例，为达沙替尼组。两组患者的性别、年龄、融合基因类型、初诊血常规、骨髓原始细胞比例、染色体核型之间无统计学差异。氟马替尼组和达沙替尼组的 1 月内 CR、MMR、MRD 转阴率无统计学意义（ $P > 0.05$ ），3 月内 CR、MMR 无统计学意义（ $P > 0.05$ ），但氟马替尼组的 3 月内 CMR 率和 MRD 转阴率均优于达沙替尼组，有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。在随访时间内，两组的 OS 及 PFS 均无统计学差异（ $P > 0.05$ ）。氟马替尼组中 4 例患者序贯行造血干细胞移植，其中 3 例患者长期无病存活，1 例死亡；达沙替尼组 3 例患者序贯行造血干细胞移植，1 例移植后更换为氟马替尼长期口服，目前规律随访，1 例复发死亡，1 例移植失败。在血液学及非血液学不良反应方面无统计学意义，在达沙替尼组观察到两例急性胰腺炎患者。

结论 本回顾性临床小样本研究表明,对于初治的 PH+ALL，氟马替尼相较于达沙替尼可较早达 CMR 及实现 MRD 转阴，临床患者对于氟马替尼的耐受性也较好，不良反应较轻。氟马替尼可作为患者治疗选择之一。

PO-0206

Epidemiological characteristics of leukemia in China, 2005-2017: A log-linear regression and age-period-cohort analysis

Kangqian Lin, Yizhong Yan, Cao Miao, Tongtong Xu, Zuhai Chen, Xi Song, Yingfang Miao, Teng Yao, Chengxian Dong, Jianjiang Shao, Heng Guo, Yunhua Hu
Shihezi University

Objective Leukemia is a threat to human health, and there are relatively few studies on the incidence, mortality and disease burden analysis of leukemia in China. This study aimed to analyze the incidence and mortality rates of leukemia in China from 2005-2017 and estimate their age-period-cohort effects, it is an important prerequisite for effective prevention and control of leukemia.

Methods Leukemia incidence and mortality data from 2005-2017 were collected from the Chinese Cancer Registry Annual Report. Joinpoint regression model was used to estimate the average annual percentage change (AAPC) and annual percentage change (APC) response time trend. Age-period-cohort model was constructed to analyze the effects of age, period and cohort.

Results The age-standardized incidence rate of leukemia was 4.54/100,000 from 2005-2017, showed an increasing trend with AAPC of 1.9% (95% CI: 1.3%, 2.5%). The age-standardized mortality rate was 2.91/100,000, showed an increasing trend from 2005-2012 with APC of 2.1% (95%CI: 0.4%, 3.9%) and then a decreasing trend from 2012-2017 with APC of -2.5% (95%CI: -5.3%, 0.3%). The age-standardized incidence (mortality) rates of leukemia were not only higher in males than that in females, but also increased more rapidly. The incidence of leukemia in rural areas was lower than in urban areas, but the AAPC was 2.2 times higher than in urban areas. Children aged 0-4 years were at higher risk of leukemia. The risk of leukemia incidence and mortality increased with age. The period effect of leukemia mortality risk showed a decreasing trend, while the cohort effect showed an increasing and then decreasing trend with the turning point of 1955-1959.

Conclusion The age-standardized incidence rate of leukemia in China showed an increasing trend from 2005 to 2017, while the age-standardized mortality rate increased first and then decreased in 2012 as a turning point. Differences existed by gender and region. As age increases, the risk of leukemia disease and the risk of death increases accordingly. The risk of death due to leukemia gradually decreased from 2005-2017.. Leukemia remains a public health problem that requires continuous attention.

PO-0207

Exposure to air pollution and risk of haematological malignancies: A systematic review and dose-response meta-analysis of epidemiologic evidence

Kangqian Lin¹, Yizhong Yan^{1,2,3,4}, Guoxiu Zhou¹, Hong Guo¹, Qiang Niu^{1,2,3,4}, Heng Guo^{1,2,3,4}, Guanling Song^{1,2,3,4}, Yunhua Hu^{1,2,3,4}, Jiaming Liu^{1,2,3,4}

1. Shihezi University

2. Key Laboratory of Preventive Medicine, Shihezi University, Shihezi, Xinjiang, China

3. Key Laboratory of Xinjiang Endemic and Ethnic Diseases (Ministry of Education), School of Medicine, Shihezi University, Shihezi, Xinjiang, China

4. Key Laboratory for Prevention and Control of Emerging Infectious Diseases and Public Health Security, the Xinjiang Production and Construction Corps

Objective Quantifying the potential association between air pollutants exposure and haematological malignancies (HM) risk can provide more direction for its prevention.

Methods In this systematic review and meta-analysis, case-control and cohort studies looking at the association between air pollution and the risk of HM in the general population were included. PubMed, Web of Science, Wanfang database, and China National Knowledge Infrastructure were searched as of 14 April 2022. The Mantel-Haenszel random effects model was used to calculate the meta-analysis relative risk (meta-RR). A two-stage random-effects dose-response meta-analysis was performed to estimate the degree of the associations and a dose-response curve was fitted using a restricted cubic spline model, as well as assessed publication bias. This review was registered with PROSPERO (CRD42022325677).

Results The literature search yielded 7,260 articles, and 41 studies were included. Benzene exposure significantly increased the risk of leukaemia (meta-RR 1.24, 95%CI 1.01-1.54). The meta-RR of traffic density, nitrogen dioxide (NO₂), particulate matter (PM_{2.5} and PM₁₀) and leukaemia were 1.08 (95%CI 0.99-1.17), 1.02 (95%CI 0.96-1.09), 1.05 (95%CI 0.99-1.11), 1.04 (95%CI 0.69-1.56), 1.07 (95%CI 0.93-1.22), 1.01 (95%CI 0.96-1.06), 1.06 (95%CI 0.98-1.14) were the meta-RR of traffic density, NO₂, PM_{2.5} and lymphoma. The meta-RR of NO₂ and multiple myeloma was 1.00 (95%CI 0.92-1.09). Disease subtype, age and region appeared to modify these associations. When residential distance from a main road was less than 300 m, the risk was relatively high and gradually increased with the decrease of the distance; with the increase of NO₂ exposure concentration, the risk of acute myeloid leukaemia (AML) gradually increased, increasing rapidly once NO₂ concentration reached 40 µg/m³; with increasing benzene exposure concentration, the risk of AML and acute lymphoblastic leukaemia gradually increased, particularly after the concentration reached 3 µg/m³.

Conclusion The present study supported a positive association between outdoor air pollution and the risk of leukaemia and lymphoma. Disease subtype, age and region appeared to modify these associations. Analysis of the relationship between leukaemia and air pollution provided an evidence of exposure threshold. These findings can be used as epidemiological evidence for the causal relationship between air pollutants and HM.

PO-0208

成人 AML 初诊骨髓淋巴细胞亚群比例的预后意义

孙恺^{1,2,3,4}、王君^{1,2,3,4}、王亚哲^{1,2,3,4}、史宗焱^{1,2,3,4}、常艳^{1,2,3,4}、袁晓英^{1,2,3,4}、刘艳荣^{1,2,3,4}、江浩^{1,2,3,4}、江倩^{1,2,3,4}、黄晓军^{1,2,3,4}、秦亚溱^{1,2,3,4}

1. 北京大学人民医院
2. 北京大学血液病研究所
3. 国家血液系统疾病临床医学研究中心
4. 造血干细胞移植治疗血液病北京市重点实验室

目的 急性髓系白血病（AML）是一种高度异质性疾病。目前 AML 的危险度分层体系主要由白血病细胞的分子和遗传学异常建立，然而，免疫细胞也在 AML 的发生发展中发挥着重要作用。本研究旨在探讨 AML 患者初诊骨髓各淋巴细胞亚群比例的预后意义。

方法 采用多参数流式细胞术检测 97 例成人 AML 患者初诊骨髓样本中淋巴细胞、T 细胞、CD4+T 细胞、CD8+T 细胞、 $\gamma\delta$ T 细胞、NK 细胞和 B 细胞比例，统计分析各淋巴细胞亚群比例与诱导 1 疗程完全缓解（CR）率和无复发生存（RFS）率之间的关系。

结果 低淋巴细胞、T 细胞、CD4+T 细胞和 CD8+T 细胞比例均与更低的 1 疗程 CR 率显著相关（ $P = 0.010$ 、 0.027 、 0.0016 和 0.026 ），且低 CD4+T 淋巴细胞比例是其独立预后不良因素（ $P = 0.021$ ）。低 T 细胞和 CD8+T 细胞比例与更低的 RFS 率显著相关（ $P = 0.032$ 和 0.034 ）。低 CD8+T 细胞比例与更低的总生存（OS）率显著相关（ $P = 0.028$ ）。 $\gamma\delta$ T 细胞、NK 细胞和 B 细胞比例与诱导 1 疗程 CR 率、RFS 率和 OS 率均无关（ P 均 > 0.05 ）。联合分析显示，ELN 中高危合并高 CD8+T 细胞比例组与 ELN 低危组（无论高或低 CD8+T 细胞比例）的 RFS 率相似（ $P = 0.88$ 和 0.76 ），均显著高于 ELN 中高危合并低 CD8+T 细胞比例组（ $P = 0.021$ 、 0.0007 和 0.028 ）。前三组因此被合并为一组，该组的 RFS 率显著高于 ELN 中高危合并低 CD8+T 细胞比例组（ $P = 0.0001$ ）。因此，通过联合 ELN 危险分层与 CD8+T 细胞比例，在 ELN 中高危组中，54.2%（13/24）的患者被重新定义至低危组。

结论 AML 患者初诊骨髓淋巴细胞亚群比例可预测治疗反应和临床结局，并促进 AML 更精准的危险度分层。

（国家自然科学基金 82070153）

PO-0209

急性早幼粒细胞白血病继发分化综合征的影响因素分析及列线图模型构建

姚一帆、郝李霞、杨林花
山西医科大学第二医院

目的 探讨急性早幼粒细胞白血病（APL）继发分化综合征（DS）的影响因素，建立初诊 APL 患者继发 DS 的预测模型，以指导临床治疗。

方法 回顾性分析单中心 324 例初诊 APL 患者的临床资料，根据有无 DS 进行分组，经单因素筛选变量后，应用 Logistic 回归模型进行多因素分析，探索 APL 继发 DS 的影响因素；应用 R 软件建立预测模型列线图，运用 Bootstrap 法进行内部验证，一致性指数（C-index, CI）及校准曲线评价模型准确度。

结果 324 例初诊 APL 患者中 DS 发生率为 30.86%，单因素分析显示危险度分层、初诊白细胞计数（WBC）、中性粒细胞绝对值（NEUT）、活化部分凝血活酶时间（APTT）、纤维蛋白原水平（FIB）、白蛋白水平（ALB）、骨髓原始细胞比例、外周血原始细胞比例、融合基因亚型、维甲

酸用药日、化疗后白细胞峰值、粒缺期长短、是否预防性使用激素、是否合并弥散性血管内凝血（DIC）在两组中比较，差异有统计学意义（均 $P < 0.05$ ）。多因素分析显示，化疗后 WBC 峰值（ $P < 0.001$, OR1.069）为初诊 APL 患者继发 DS 的独立危险因素，是否采用激素预防（ $P < 0.001$, OR0.106）、ALB（ $P = 0.007$, OR0.887）为初诊 APL 患者继发 DS 的保护因素。列线图模型预测 APL 继发 DS 的 C-index 为 0.847（95%CI 0.786-0.908），校准曲线显示列线图预测与实际观察的 DS 发生率有良好的一致性。

结论 初诊 APL 继发 DS 的独立影响因素为化疗后 WBC 峰值、ALB 及是否使用激素预防，基于上述因素构建列线图模型可以预测 APL 患者继发 DS 的风险，与临床实际观察有良好的一致性。

PO-0210

FLT3-ITD 和 NPM1 共突变状态对 AML 临床特征和预后的影响

余国攀、黄昌芬、尹昭、聂夏琪、姚足容、史鹏程、张钰、刘慧、金华、叶洁瑜、徐丹、于嗣俭、江雪杰、刘启发
南方医科大学南方医院

目的 研究 FLT3-ITD 和 NPM1 共突变状态对 AML 临床特征和预后的影响，以及治疗策略的优化。

方法 收集 2017-1-1 至 2022-6-30 间南方医科大学南方医院血液科新诊断的伴 NPM1/FLT3-ITD 的 AML 的临床资料进行统计分析；基因突变采用二代测序（NGS）方法进行检测。

结果 328 例患者纳入分析，其中 NPM1 单突变组 79 例，NPM1/FLT3-ITD 共突变组 114 例，FLT3-ITD 单突变组 125 例。NPM1 组的中位发病年龄较高，共突变组有更高的白细胞、血小板计数及骨髓原始细胞比例，FLT3-ITD 组更易合并髓系干祖及淋系标记、高危细胞遗传学异常和附加突变，其中 RUNX1、WT1 突变显著高于另两组，但 NPM1 及共突变组 DNMT3A 突变率显著高于 FLT3-ITD 组（ $P < 0.001$ ）。有 290 例完成了两周期化疗，三组患者第 1 周期 CR/CRi 率分别为 74.0%、73.1%、54.8%（ $P < 0.001$ ）；两周期 CR/CRi 率分别 95.6%、88.9%、83.1%（ $P = 0.027$ ）。多因素分析提示年龄、NPM1 突变及使用 FLT3 抑制剂是影响 CR/CRi 的独立因素。三组患者中位 OS 分别为 27.1（95%CI 16.1-38.1）、25（14.8-35.2）、21.2（16.2-26.2）月（ $P = 0.81$ ）；在仅接受化疗的 167 例患者中三组的中位 OS 分别为 17.6（12.3-22.9）、6.5（3.3-9.7）、5.8（3.8-7.8）月（ $P = 0.007$ ），而在接受 allo-HSCT 的患者中三组的中位 OS 无显著差异（ $P > 0.05$ ）。将 249 例伴 FLT3-ITD 突变患者根据是否 allo-HSCT、使用 FLT3 抑制剂分为化疗组、化疗+索拉非尼组、移植组和移植+索拉非尼组，四组的中位 OS 分别为 3.6（2.0-5.2）、9.1（1.4-16.8）、41.1（20.5-61.7）及 44.3（39.4-49.2）月（ $P < 0.001$ ）。多因素分析示 allo-HSCT、2 疗程后获 CR/CRi 及骨髓原始细胞 $\geq 90\%$ 是影响 OS 的独立因素，

结论 FLT3-ITD 和 NPM1 共突变状态影响 AML 的临床特征和疾病预后，伴随 FLT3-ITD 突变患者更易合并高危遗传学异常；FLT3 抑制剂可改善伴 FLT3-ITD 突变患者的预后，桥接 allo-HSCT 进一步提高 OS。

PO-0211

急性 B 淋巴细胞白血病伴 KMT2A 重排一例

陈钦、于莹、陈诗丽、李嘉燕、何秋蓉、廖丹、罗林
广州华银医学检验中心有限公司

目的 探讨急性 B 淋巴细胞白血病伴 KMT2A 重排的 MICM 检测结果特点及鉴别诊断。

方法 对 1 例 MLL-AF4（KMT2A-AFF1）融合基因阳性的急性 B 淋巴细胞白血病的临床资料、骨髓涂片、流式免疫分型、骨髓活检、染色体核型、基因检测结果进行分析。

结果 男性，26岁，脾脏、淋巴结肿大。WBC: 374*10⁹/L, Gran: 1.3%, Lym: 76%, Mon: 21%, Hb: 51g/L; PLT: 27*10⁹/L。骨髓涂片见骨髓增生极度活跃，血小板减少，见89.0%原始细胞，MPO染色：阴性。流式免疫表型见异常原始幼稚B淋巴细胞，呈CD45弱阳/阴性，SSC值较小，比例约为93.6%，表达：CD19（88.2%）、cCD79a（96.0%）、CD81（89.3%）、HLA-DR（86.8%），部分表达：nTdT（25.1%）、CD38（56.1%）、CD15（44.3%异常表达），不表达：CD14、cMPO、CD16、CD64、CD11c、CD13、CD33、cCD3、CD123、CD34、CD117、CD3 CD7、CD4、CD8、CD2、CD5、CD56、cIgM。骨髓活检见骨髓增生极度活跃，CD34阴性MPO阴性原始/幼稚细胞呈弥漫性分布。骨髓染色体核型分析结果为46,XY,t(4;11)(q21;q23)，白血病56种融合基因检出MLL-AF4融合基因阳性，WT1过表达。血液肿瘤NGS基因检测检出CDKN2A一级突变。综合以上信息，该患者诊断为急性B淋巴细胞白血病（B-ALL）伴KMT2A重排。

结论 位于染色体11q23.3上的MLL（KMT2A）基因有超过100种伙伴基因，最常见的伙伴基因是位于染色体4q21上的AF4基因。MLL-AF4在成人B-ALL中发生率5%，婴儿发生率为60%。伴MLL-AF4融合基因阳性的B-ALL预后差。

PO-0212

急性髓系白血病伴KMT2A-MLLT3融合一例

陈钦、于莹、陈诗丽、李嘉燕、何秋蓉、廖丹、彭韵莹
广州华银医学检验中心有限公司

目的 探讨急性髓系白血病伴KMT2A-MLLT3融合的MICM检测结果分析及鉴别诊断。

方法 对1例急性髓系白血病（AML）伴KMT2A-MLLT3融合的临床资料、骨髓涂片、流式免疫分型、染色体核型、基因检测等结果进行分析。

结果 女性，15岁，WBC: 92*10⁹/L, Gran: 73%, Lym: 15%, Mmno: 10%, Hb: 67g/L, PLT: 38*10⁹/L。骨髓涂片见骨髓增生极度活跃，血小板减少，见77.5%原始细胞，胞体圆形，胞浆量中等，可见大量紫红色颗粒，胞核类圆或不规则，可见蝴蝶样核，MPO染色：阳性。淋巴细胞比例减低，单核细胞比例、形态大致正常。流式免疫表型见86.0%的异常幼稚髓系细胞，呈CD45弱阳性，SSC值较大。表达：CD64（93.0%），部分表达：CD15（46.6%）、CD33（74.5%）、CD56（49.1%异常表达）cMPO（22.6%）、CD38（53.3%）少量表达：CD11b（13.3%）不表达：CD14、CD16、CD13、CD3、CD4、CD8、CD2、CD7、CD10、CD71、cKappa cLambda、CD138、CD19、CD5、CD27、CD123（8.5%）、CD34、CD117 cCD3、cCD79a、HLA-DR、CD20、CD42b、CD28、CD200、CD61、CD25、CD36。骨髓染色体核型分析结果为：46,XX,t(9;11)(p22;q23)[14]/46,XX[6]；白血病56种融合基因MLL-AF9融合基因阳性；WT1过表达。急性早幼粒细胞白血病相关16种融合基因筛查阴性，血液髓系肿瘤NGS基因检测检出SETD2二级变异。综合以上信息，该患者诊断为AML伴KMT2A-MLLT3融合。

结论 KMT2A-MLLT3融合基因即MLL-AF9，常见于AML中。依据该患者的形态和流式免疫表型结果不能排除急性早幼粒细胞白血病（APL），结合急性早幼粒细胞白血病相关16种融合基因筛查阴性，及白血病56种融合基因MLL-AF9融合基因阳性及染色体核型结果，最终排除APL。

PO-0213

急性髓系白血病诱导治疗后噬血细胞综合征 1 例病例报告

何丽、鲍颖
襄阳市第一人民医院

目的 提高对急性髓系白血病诱导治疗后噬血细胞综合征的认识

方法 报道襄阳市第一人民医院治疗的 1 例急性髓系白血病诱导治疗后出现噬血细胞综合征病例，并结合国内外相关文献复习探讨其诊治进展。

结果 急性髓系白血病经过 DA 方案诱导治疗，治疗后出现发热，伴铁蛋白、甘油三酯、IL2R 升高，纤维蛋白原降低，诊断为噬血细胞综合征，给予 HLH-94 方案治疗后好转。随访至今，患者白血病已经达到 MRD 阴性，一般情况良好。

结论 急性髓系白血病诱导治疗后出现发热，需要考虑噬血细胞综合征，一旦诊断该病可根据病情严重程度及时给予相应的治疗。

PO-0214

达雷妥尤单抗治疗急性白血病单中心真实世界研究

胡星星、王晖、高瑛、苗玉迪、张维华、侯丽敏、王一
陕西省人民医院

目的 观察达雷妥尤单抗（Dara）治疗急性白血病的疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2022 年 1 月至 2023 年 4 月在陕西省人民医院接受 Dara 治疗的 13 例急性白血病患者临床资料。

结果 13 例患者中，9 例为初诊急性白血病（急性早幼粒细胞白血病 3 例，急性混合细胞白血病 1 例，急性髓系白血病 5 例），4 例为复发难治急性白血病（淋系 3 例，髓系 1 例），均伴髓外浸润（胸膜 1 例，中枢 1 例，腹腔伴子宫 1 例，皮肤伴眼球 1 例）；在接受 Dara 治疗前，所有患者骨髓标本存在 CD38 表达，中位表达量为 99.42%（21.25% ~ 100%），接受 Dara 治疗中位输注次数为 2（1~4）次。10 例（76.92%）患者采用 Dara 联合化疗，3 例（23.03%）采用 Dara 联合全反式维甲酸。初诊急性白血病患者诱导治疗 1 疗程后 7 例（77.78%）获得完全缓解（CR），2 例未缓解（NR），所有急性白血病 Dara 治疗中均未发生肿瘤溶解综合征，3 例合并输注反应，未发生严重不良反应。1 例中枢和 1 例胸膜浸润复发难治白血病患者治疗后，视力改善，胸水 CD38 表达阴性，1 例眼球伴皮肤浸润治疗后，皮肤包块局部消退，后行 CAR-T 细胞治疗，后因脑出血死亡，1 例腹腔伴子宫浸润因疾病进展死亡。

结论 Dara 对于急性白血病患者能够有效且安全的降低白血病负荷，可能对髓外病变产生抗肿瘤作用。

PO-0215

Single-Institution Experience of Venetoclax Combined with Azacitidine in Newly Diagnosed Acute Myeloid Leukemia Patients

HONG YU, CHAOMENG WANG, YINGYING LEI, LIJUAN LI, HUAQUAN WANG, JIA SONG, JING GUAN, LIMIN XING, YUHONG WU, HONG LIU, GUOJIN WANG, WEN QU, ZONGHONG SHAO, RONG FU
Department of Hematology, Tianjin Medical University General Hospital

Objective To retrospectively analyze the efficacy and safety of venetoclax combined with azacitidine (VEN + AZA) in the treatment of elderly patients with acute myeloid leukemia (AML).

Methods The clinical data for 57 AML patients treated with the VEN + AZA regimen from December 2019 to November 2022 in the Department of Hematology, General Hospital of Tianjin Medical University, were collected. Their baseline data, complete remission (CR) rate, overall response rate (ORR), minimal residual disease (MRD) negativity rate, progression-free survival (PFS) rate, overall survival (OS) rate, and adverse event rate were retrospectively analyzed. To compare efficacy and survival differences, subgroup analyses were performed among patients with different ages, Eastern Cooperative Oncology Group (ECOG) scores, primary versus secondary disease status, prognostic stratification, and molecular mutations.

Results Of the 57 patients included in this study, the mean age of onset was 69.89 (± 8.88) years, with a median onset age of 72 (range: 44-91) years. The median follow-up time was 8.57 (interquartile range: 3.98-16.49) months, and the median OS time was 11.50 (interquartile range: 6.57-NA) months. The ORR, CR rate, and MRD (<0.1%) negativity rate were 87.5%, 68.8%, and 64.1%, respectively, with the VEN+AZA regimen. The median time to remission was 1 (1 to 3) cycle, and the median response time was 36 (26 to 74) days. The median duration of MRD negativity was 2 (1 to 3) courses. The median OS was longer in patients who achieved CR/CRi and who were MRD-negative than in those who did not. MRD negativity was less likely to be achieved in patients aged ≥ 75 years and with ECOG scores of ≥ 3 . No differences were observed in ORR, CR/CRi, and MRD conversion rates in the good, intermediate, poor prognosis groups, and different genetic mutations patients. The most common adverse reactions were hematological adverse events (AEs) (anemia, thrombocytopenia, and granulocytopenia), followed by gastrointestinal reactions such as constipation.

Conclusion Complete remission of depth was achieved more quickly with VEN+AZA regimens in patients with newly diagnosed AML in whom standard chemotherapy was not suitable. Advanced age and ECOG score were risk factors for negative MRD. The dominant adverse reactions were hematological AEs. VEN+AZA regimens in elderly unfit patients with previously untreated newly diagnosed AML has good efficacy and safety.

PO-0216

TLS-ERG 融合基因阳性的 AML 一例

陈钦、于莹、陈诗丽、李嘉燕、何秋蓉、廖丹、彭韵莹
广州华银医学检验中心有限公司

目的 探讨 TLS-ERG 融合基因阳性的急性髓系白血病 (AML-非 M3) 的 MICM 检测结果及预后。

方法 对 1 例 TLS-ERG 融合基因阳性的急性髓系白血病 (AML-非 M3) 的临床资料、骨髓涂片、流式免疫分型、染色体核型、基因检测等结果进行分析。

结果 男性, 16 岁, WBC: $9.9 \times 10^9/L$, Lym: 98%, Mono: 0.3%, Hb: 53g/L, MCV: 102.3fl, PLT: $7 \times 10^9/L$ 。骨髓涂片见骨髓增生明显活跃, 三系增生受抑, 血小板减少, 见 86.0% 原始细胞,

MPO 染色：阳性， α -NBE 染色：阴性。考虑为急性髓系白血病（AML-非 M3）骨髓象，以急性髓系白血病未成熟型（M1）可能性大。流式免疫表型见异常原始幼稚髓系细胞，呈 CD45 弱阳性，SSC 值中等，比例约为 92.3%。表达：CD34（94.0%）、CD33（99.1%）、cMPO（90.1%）、CD56（83.3% 异常表达），部分表达：CD117（79.1%）、CD13（44.2%）、CD123（56.8%）、CD15（70.2%）、CD11c（43.6%）、CD38（30.1%），少数表达：CD64（11.2%）、HLA-DR（14.5%），不表达：CD14、CD16、CD3、CD4、CD8、CD19、CD7、CD2、CD5、CD71、cCD79a、cCD3、cKappa、cLambda、CD27、CD138、CD20（0.5%）。骨髓染色体核型分析结果为：46,XY,t(16;21)(p11.2;q22)，白血病 56 种融合基因检出：TLS-ERG 融合基因阳性，WT1 过表达。血液髓系肿瘤 NGS 基因检测未发现一级、二级、三级突变。综合以上信息诊断为急性髓系白血病（AML-非 M3），伴 TLS-ERG 融合基因阳性。

结论 TLS 基因位于 16p11，ERG 基因位于 21q22，t（16；21）形成 TLS-ERG 融合基因，其表达的融合蛋白在白血病发病中起转录激活作用，并干扰了正常 TLS 的 mRNA 剪接功能。据文献报道，TLS-ERG 融合基因阳性的 AML 患者预后差。

PO-0217

CD19+CD22+CAR-T 细胞治疗儿童难治/复发 B 淋巴细胞白血病后相关感染临床特征分析

吴晓晨、曹展梦、陈子涵、吴茜桐、何海龙、肖佩芳、王易、胡绍燕、卢俊
苏州大学附属儿童医院

目的 观察 CD19+CD22+CAR-T 细胞治疗儿童 R/R B-ALL 后感染的临床特点，为临床管理 CAR-T 治疗相关并发症提供理论依据。

方法 分析 2018 年 9 月—2022 年 1 月接受 CD19+CD22+CAR-T 细胞治疗的 R/R B-ALL 患儿在预处理阶段（清除淋巴细胞）、早期（回输后 0 至 30 天）和晚期（回输后 31 天至 90 天）感染的发生率、发生时间、发生部位及相关因素等。

结果 纳入的 79 名患儿共发生了 97 次感染，预处理阶段 11 次（11%），早期 46 次（47%），晚期 40 次（41%）。呼吸道感染最多见，共 49 次（50%）；其后为菌血症，共 16 次（16%）。共 33 次感染检出病原体，细菌 18 次，病毒 14 次，真菌 1 次。4 名(5%)患儿因感染入住 ICU，仅 1 例感染相关死亡。单因素分析，性别、年龄、CAR-T 细胞输注剂量、回输前肿瘤负荷、预处理方案、回输前中性粒细胞计数和淋巴细胞计数、CRS 和 CRES 等级、并发症处理（妥珠单抗、激素的使用）均与感染存在相关；多因素分析，3 级及以上的 CRS 是 CAR-T 细胞治疗相关感染的独立危险因素。

结论 CAR-T 细胞治疗后感染多发生在回输后 30 天内，以呼吸道最常见。早期以细菌感染多见，晚期以病毒感染为主。CRS 是患者 CAR-T 治疗后感染的独立危险因素，早期、积极控制 CRS 反应有助于降低感染风险，提高患者长期生存质量。

PO-0218

儿童急性早幼粒细胞白血病并发弥散性血管内凝血的发生率及危险因素分析

张森林、杜智卓、李泊涵、肖佩芳、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 急性早幼粒细胞白血病是急性髓性白血病的一种特殊亚型。尽管全反式维甲酸和砷剂治疗急

性早幼粒细胞白血病患儿的长期生存率已相对较高，但弥散性血管内凝血引起的严重器官出血导致的早期死亡仍然是一个严重的问题。急性早幼粒细胞白血病患者发生弥散性血管内凝血的危险因素目前仍有争议。因此，本研究旨在早期识别弥散性血管内凝血的危险因素，从而早期预防这些因素以进一步改善急性早幼粒细胞白血病患儿的预后。

方法 本研究纳入自 2016 年 9 月至 2022 年 3 月在苏州大学儿童医院初诊的 64 例急性早幼粒细胞白血病患者。收集患儿初诊时的各项指标。所有患儿均采用全反式维甲酸和三氧化二砷或复方黄黛片的联合治疗。根据中国弥散性血管内凝血诊断积分系统分为弥散性血管内凝血组和非弥散性血管内凝血组。

结果 本研究共纳入 64 例急性早幼粒细胞白血病患者，其中男性 39 例，女性 25 例，中位年龄为 91.5 月。其中弥散性血管内凝血 46 例，非弥散性血管内凝血 18 例，弥散性血管内凝血发生率为 71.9%。单因素 logistic 回归分析结果显示：低血红蛋白、低血小板计数、凝血酶原时间延长、国际标准化比值升高、低纤维蛋白原、D-二聚体浓度 > 20000 $\mu\text{g/L}$ 、高铁蛋白是弥散性血管内凝血的危险因素。多因素 logistic 回归分析结果显示：低初始血小板计数是急性早幼粒细胞白血病患者发生弥散性血管内凝血的独立危险因素。

结论 低初始血小板计数是急性早幼粒细胞白血病患者发生弥散性血管内凝血的独立危险因素。初始血小板计数较低的患儿更容易发生弥散性血管内凝血，应密切监测以防止弥散性血管内凝血引起的早期死亡。

PO-0219

贝林妥欧单抗治疗儿童难治/复发前体 B 细胞急性淋巴细胞白血病的临床分析

解姣、刘素香、刘雨秋、张玉迪、吴茜桐、何海龙、肖佩芳、王易、胡绍燕、卢俊
苏州大学附属儿童医院

目的 评价贝林妥欧单抗治疗儿童难治/复发前体 B 细胞急性淋巴细胞白血病 (R/R BCP-ALL) 的临床疗效及安全性。

方法 采用回顾性研究对 2021 年 8 月至 2022 年 6 月苏州大学附属儿童医院血液科使用贝林妥欧单抗治疗的 R/R BCP-ALL 患儿的临床资料进行分析。根据入院时患儿的体重分为 <45kg 组和 $\geq 45\text{kg}$ 组，2 组患儿分别接受不同剂量贝林妥欧单抗治疗，在 15 d 左右评估患儿骨髓缓解情况，同时监测治疗期间的临床指标及不良反应。两组数据采用 Shapiro-Wilk 法进行正态性检验，不符合正态性分布采用秩和检验。分类变量使用 Fisher 检验。

结果 16 例 R/R BCP-ALL 患儿中，12 例 (75%) 在 14 d 左右骨髓达完全缓解 (CR) 且微小残留病灶 (MRD) 转阴，其中骨髓原幼细胞比例 $\geq 50\%$ 的 9 例患儿中有 5 例达到 CR，<50% 有 7 例达到 CR，达 CR 患儿的白细胞介素-6 (IL-6) 峰值显著高于未达 CR 者 ($Z=2.501$, $P=0.012$)。12 例在第 15 天左右骨髓评估达 CR，3 例未达 CR 的在第 28 天评估仍未缓解，疗效预测准确度为 93.8% (15/16)。不良反应包括发热、中性粒细胞减少、血钾降低、肝功能异常、血钙减低、水肿、皮疹、高血压、心肌损害、腹痛和低血压、细胞因子释放综合征 (均为 1 级)，无神经毒性的发生，且无一例因治疗发生死亡。

结论 贝林妥欧单抗治疗儿童 R/R BCP-ALL 缓解率高，尤其在低肿瘤负荷中疗效更为显著；不良反应小且可控；第 15 天是疗效评估的最佳时机；较高的 IL-6 峰值可作为预测疗效的指标之一。

PO-0220

LMO2 promotes the development of 1 AML through interaction with 2 transcription co-regulator LDB1

Lihui Lu, Jianwei Wang, Fang Fang, Ailian Guo, Jian Pan, Hailong He
Children's Hospital of Soochow University

Objective One of the characteristics of leukemia is that it contains multiple rearrangements of signal

transduction genes and overexpression of non-mutant genes, such as transcription factors. As an important regulator of hematopoietic stem cell development and erythropoiesis, LMO2 is considered an effective carcinogenic driver in T cell lines and a marker of poor prognosis in patients with AML with normal karyotype. LDB1 is a key factor in the transformation of thymocytes into T-ALL induced by LMO2, and enhances the stability of carcinogenic related proteins in leukemia. However, the function and mechanism of LMO2 and LDB1 in AML remains unclear.

Methods Herein, the LMO2 gene was knocked down to observe its effects on proliferation, survival, and colony formation of NB4, Kasumi-1 and K562 cell lines.

Results Using mass spectrometry and IP experiments, our results showed the presence of LMO2/LDB1 protein complex in AML cell lines, which is consistent with previous studies. Furthermore, in vitro and in vivo experiments revealed that LDB1 is essential for the proliferation and survival of AML cell lines. Analysis of RNA-seq and ChIP-Seq results showed that LDB1 could regulate apoptosis-related genes, including LMO2. In LDB1-deficient AML cell lines, the overexpression of LMO2 partially compensates for the proliferation inhibition.

Conclusion In summary, our findings revealed that LDB1 played an important role in AML as an oncogene, and emphasize the potential importance of the LMO2/LDB1 complex in clinical treatment of patients with AML.

PO-0221

儿童急性 T 系淋巴细胞白血病基因突变谱及预后分析

孟娜、褚欣然、张晓、李之珩、潘健、卢俊、肖佩芳、王易、何海龙、李捷、范俊杰、姚艳华、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 分析儿童急性 T 系淋巴细胞白血病(T-cell acute lymphoblastic leukemia,T-ALL)的基因突变谱及其预后意义。

方法 回顾性分析 2012-04 至 2022-11 苏州大学附属儿童医院采用二代测序完成基因突变检测的 144 例 T-ALL 患儿的临床资料, 构建 T-ALL 基因突变谱, 分析 T-ALL 重现性突变与预后的关系。

结果 二代测序结果显示 T-ALL 突变率较高的基因为 NOTCH1 (58.3%, 84/144)、FBXW7(19.4%,28/144)、PTEN(17.4%,25/144)、NRAS(9%,13/144)、PHF6(9%,13/144)、USP7(9%,13/144)、WT1(6.9%,10/144)、IL7R(6.9%,10/144)。基因突变涉及 8 条信号通路: NOTCH 信号通路(62.5%)、表观遗传调控通路(31.9%)、转录调节通路(27.8%)、PI3K-AKT 信号通路(25%)、RAS 信号通路(18.1%)、JAK-STAT 信号通路(16.7%)、细胞周期调控通路(15.3%)、翻译调节通路(3.5%)。累及单个信号通路基因突变阳性对 OS、RFS 无明显影响。转录调节通路合并表观遗传调控通路基因突变阳性组较阴性组在 OS 方面有统计学差异(5 年 OS:100%vs66.9±4.9%, P=0.034); NOTCH 信号通路合并 PI3K-AKT 信号通路基因突变阳性较阴性组在 RFS 方面有统计学差异(5 年 RFS:48.3±12.1%vs78.4±4.2%, P=0.01)。多因素分析: NOTCH 信号通路合并 PI3K-AKT 信号通路基因突变阳性是影响 RFS 的独立危险因素(P=0.005)。

结论 基因突变在 T-ALL 患儿中呈普遍性、复杂性, 涉及多条信号通路。转录调节通路合并表观遗传调控通路基因突变与 OS 具有相关性。NOTCH 信号通路合并 PI3K-AKT 信号通路基因突变阳性是影响 RFS 的独立危险因素。

PO-0222

儿童急性 T 系淋巴细胞白血病初诊-复发克隆演变的初步分析

孟娜、褚欣然、张晓、李之珩、潘健、卢俊、肖佩芳、王易、何海龙、李捷、范俊杰、姚艳华、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 通过比较儿童急性 T 系淋巴细胞白血病(T-cell acute lymphoblastic leukemia,T-ALL)初诊和复发时基因突变特征, 探讨 T-ALL 初诊-复发的克隆演变模式。

方法 本研究通过收集 2012 年 4 月至 2022 年 11 月由苏州大学附属儿童医院初治的 10 例 T-ALL 患儿初诊时及复发时期的配对样本, 并采用二代测序完成基因突变检测, 初步探讨 T-ALL 初诊-复发的克隆演变模式。

结果 10 例 T-ALL 患儿初诊时检出 45 种基因突变, 复发时检出 247 种基因突变, 其中有 28 种基因突变既存在于初诊状态, 亦存在于复发状态。根据患儿基因突变初诊-复发的表达特点, 分为 3 种类型, 包括初诊特异性类型(仅存在于初诊中)、复发特异性类型(仅存在于复发中)和重叠类型(存在于初诊与复发中)。初诊时出现基因突变率较高的分别是 NOTCH1 (n=7 例)、PTEN (n=4 例)、FBXW7 (n=3 例)、WT1 (n=3 例)、NRAS (n=2 例), 余基因突变率均为 1 例。复发时出现基因突变频率较高的分别是 NOTCH1 (n=4 例)、FBXW7 (n=4 例)、PIK3R1 (n=3 例)、ARHGEF10 (n=2 例)、HSPA6 (n=2 例)、LOC10192 (n=2 例)、SMARCA4 (n=2 例), 余基因突变率均为 1 例。根据对初诊与复发后基因突变的特征进行分析, 初步发现 2 种克隆演变模式, 1 例患儿初诊与复发时的基因突变完全不同, 余 9 例患儿在初诊突变的基础上丢失 1 个/多个基因突变和/或获得新的基因突变。

结论 T-ALL 患儿复发时期基因突变谱较初诊时期更为复杂, 异质性更高。T-ALL 复发患儿大多在初诊突变的基础上丢失 1 个/多个基因突变和/或获得新的基因突变。T-ALL 患儿复发时期获得性基因突变的出现, 确定了复发时基因突变克隆进化的过程, 该过程可能与化疗耐药相关及预后不良相关, 为复发后治疗提供新思路。

PO-0223

急性 T 淋巴细胞白血病中 HOXB 簇基因表达的临床特征及预后

张晓、褚欣然、孟娜、李之珩、潘健、卢俊、肖佩芳、王易、何海龙、李捷、范俊杰、姚艳华、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 回顾性分析 HOXB 簇基因在儿童急性 T 淋巴细胞白血病(T-ALL)中的表达模式, 及其与患儿的临床特征及预后的关系, 以期儿童 T-ALL 的精准化、个体化诊疗提供依据。

方法 收集 2012 年 7 月 1 日至 2022 年 9 月 30 日诊疗于苏州大学附属儿童医院的 115 例初诊 T-ALL 儿童临床标本, 采用 RAN-seq 检测 HOXB 簇基因表达量, 并回顾性分析临床资料, 比较 HOXB 基因高低表达两组患儿的临床特征及治疗反应。

结果 115 例 T-ALL 患儿, 10 个 HOXB 基因只有 6 个有高表达, 为 HOXB2-7。HOXB2、HOXB4、HOXB7 低表达组 D15 骨髓涂片幼稚细胞 $\geq 25\%$ 的患儿多于高表达组 ($P < 0.05$)。患儿的 10 年 OS 在 D15 骨髓 MRD $\geq 1\%$ 和 $< 1\%$ 两组有明显统计学差异 ($P = 0.012$); 10 年 RFS 在 D33 骨髓涂片幼稚细胞占 $\geq 5\%$ 和 $< 5\%$ 两组有显著的统计学差异 ($P = 0.006$)。多因素分析发现 D33 骨髓涂片

幼稚细胞 $\geq 5\%$ (HR=3.595, 95%CI: 1.171-11.035) 是复发的独立危险因素, HOXB 基因表达程度不影响其预后。

结论 HOXB2、HOXB4、HOXB7 基因低表达组早期治疗反应差, 但对 T-ALL 预后没有影响。D15 MRD $\geq 1\%$ 患儿总生存期短, 而 D33 骨髓涂片幼稚细胞 $\geq 5\%$ 是复发的独立危险因素。

PO-0224

两种化疗方案对于 ETV6::RUNX1 融合基因阳性 儿童急性淋巴细胞白血病的疗效比较

李胡珺、王宇轩、卢俊、肖佩芳、王易、何海龙、李捷、范俊杰、姚艳华、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 比较 CCLG-ALL2008 和 CCCG-ALL2015 对 ETV6::RUNX1 融合基因阳性 ALL 患儿疗效, 探讨更适合此亚型患儿的化疗方案。

方法 回顾性分析 2008 年 5 月至 2021 年 10 月在苏州大学附属儿童医院确诊 ETV6::RUNX1+ 的 B 系 ALL, 并予 CCLG-ALL2008 或 CCCG-ALL2015 方案进行治疗的 270 例患儿临床资料。两组患儿分别随访至 2018 年 7 月 1 日、2022 年 8 月 1 日, 观察患儿的生存状态和影响因素。

结果 总共入组 ETV6::RUNX1 融合基因阳性 ALL 患儿 270 例, 其中两组患儿的性别、初诊年龄、初诊白细胞数、染色体核型、中枢神经系统受累的差异无统计学意义 ($P > 0.05$)。两组共有 52 例患儿对激素预处理不敏感, 其中 CCLG-ALL2008 组 13 例, CCCG-ALL2015 组 39 例, 两组有统计学差异 ($P < 0.001$)。监测微小残留病变示 CCLG-ALL2008 组 D15 骨穿 MRD $< 1 \times 10^{-3}$ 14 例、MRD $1 \times 10^{-3} \sim 1 \times 10^{-2}$ 15 例、MRD $> 1 \times 10^{-2}$ 37 例, D33 骨穿 MRD $< 1 \times 10^{-3}$ 83 例、 $1 \times 10^{-3} \sim 1 \times 10^{-2}$ 29 例、MRD $> 1 \times 10^{-2}$ 7 例; CCCG-ALL2015 组 D19 骨穿 MRD $< 1 \times 10^{-3}$ 105 例、MRD $1 \times 10^{-3} \sim 1 \times 10^{-2}$ 28 例、MRD $> 1 \times 10^{-2}$ 24 例, D46 穿 MRD $< 1 \times 10^{-3}$ 149 例、MRD $1 \times 10^{-3} \sim 1 \times 10^{-2}$ 3 例、MRD $> 1 \times 10^{-2}$ 0 例, 两组患儿诱导缓解治疗比较差异有统计学意义 ($P < 0.001$)。两组患儿的 5 年总生存率分别为 (89.9% \pm 3.0%) 和 (97.3% \pm 1.4%), 5 年无复发生存率分别为 (83.4% \pm 3.7%) 和 (89.3% \pm 2.9%), 两组间于 OS 比较具有统计学差异 ($P = 0.007$), CCLG-ALL2008 组 RFS 小于 CCCG-ALL2015 组, 但无显著差异 ($P = 0.056$)。COX 模型多因素分析显示, 复发是影响总生存率的独立危险因素; D15/D19 MRD 是影响无复发生存率的独立危险因素。

结论 CCCG-ALL2015 方案相比 CCLG-ALL2008 方案, 治疗 ETV6::RUNX1 融合基因阳性的急性淋巴细胞白血病儿童表现出更高的总生存率和无复发生存率; 复发是影响总生存率的独立危险因素; D15/D19 MRD 是影响无复发生存率的独立危险因素。

PO-0225

ETV6 基因受累的儿童急性 B 淋巴细胞 白血病中的临床特征及预后分析

李胡珺、王宇轩、卢俊、肖佩芳、王易、何海龙、李捷、范俊杰、姚艳华、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 分析我院 ETV6 基因受累的急性 B 淋巴细胞白血病 (Acute lymphocytic leukemia, ALL) 患儿的临床特征及治疗反应, 明确不同模式的 ETV6 基因异常改变对儿童 B-ALL 的预后意义。

方法 回顾分析 2013 年 4 月至 2022 年 10 月具有转录组测序数据的 B-ALL 患儿 107 例, 将其分为 ETV6::RUNX1 融合基因阳性 (I 组) 和 ETV6 突变及其与其他基因融合 (II 组), 前者 85 例, 后

者 22 例，分析两组的临床和生物学特征，以及治疗反应、预后。所有病例随访截至 2022 年 12 月 31 日，中位随访时间为 38 个月（2 月至 133 月）。

结果 总共入组 ETV6 基因受累的 B-ALL 患儿 107 例，其中男孩 41 例、女孩 66 例，初诊中位年龄为 54 月龄（范围：22 ~147 月龄）。两组患儿的性别、初诊年龄、初诊白细胞数相近，在诱导治疗中的激素敏感实验、D33/D46 微小残留病灶（Minimal residual disease, MRD）的比例两组患儿的差异均无统计学意义（ $P>0.05$ ）。D15/19 MRD I 组 $<1\times 10^{-2}$ 共 70 例， $>1\times 10^{-2}$ 共 15 例，II 组中 $<1\times 10^{-2}$ 共 11 例， $>1\times 10^{-2}$ 共 11 例；D15/D19 微小残留病灶 MRD 的差异有统计学差异（ $P=0.005$ ）。I 组患儿的复发率为 5.9%（5/80），II 组患儿为 13.6%（3/22），差异无统计学意义（ $P=0.437$ ）；I 组患儿病死率 2.4%，II 组患儿病死率 9.1%，差异无统计学意义（ $P=0.393$ ）；I 组与 II 组的 7 年总生存率（Overall survival, OS）分别为（ 94.7 ± 4.1 ）%和（ 73.3 ± 17.6 ）%；7 年无复发生存率（Relapse-free survival, RFS）分别为（ 84.3 ± 7 ）%和（ 78.4 ± 11.4 ）%；差异均无统计学意义（ $P>0.05$ ）。影响患儿 RFS、OS、EFS 单因素分析发现：年龄超过 10 岁，D15/19 MRD $>1\times 10^{-2}$ 是影响 RFS、EFS 的预后不良因素。

结论 ETV6::RUNX1 组的总体生存率优于 ETV6 受累的其他改变，但差异无统计学意义。年龄超过 10 岁，D15/19 MRD $>1\times 10^{-2}$ 在单因素分析中提示预后不良。

PO-0226

Case report: Treatment of central nervous system relapse in PLZF::RARA-positive acute promyelocytic leukemia by venetoclax combined with arubicin and cytarabine

Zhonghao Zhou, Feng Zhu, Hui Wang, Fengyan Lu, Hongyi Xue
Zhoushan Hospital

Objective Patients with refractory acute promyelocytic leukemia and central nervous system relapse often have a poor prognosis. Among them, patients with the PLZF::RARA rearrangement have a poor response to all-trans retinoic acid and conventional chemotherapy. Venetoclax, a selective inhibitor of B-cell lymphoma-2 (BCL-2), can cross the blood-brain barrier and has been widely used in the treatment of acute myeloid leukemia in recent years.

Methods We report a case of central nervous system relapse in a patient with acute promyelocytic leukemia with PLZF::RARA rearrangement who achieved complete remission after treatment with anthracycline cytotoxic chemotherapy in combination with venetoclax. The concentration of venetoclax in the cerebrospinal fluid (CSF) was found to be approximately 1/1000 of that in the plasma based on liquid chromatography-tandem mass spectrometry. After the first treatment course, the PLZF::RARA test result for the patient's marrow fluid sample turned negative. After the third treatment course, abnormal promyelocytic leukemia cells in the CSF were not detected using flow cytometry, and the PLZF::RARA test in the CSF remained negative.

Results the PLZF::RARA test in the CSF changed from positive to negative.

Conclusion This case report highlights a new approach to the treatment of central nervous system relapse in patients with PLZF::RARA-positive acute promyelocytic leukemia.

PO-0227

PDE3A 高表达儿童 AML 的预后及潜在治疗靶点的研究

杨晨唯、田园园、高莉、凌婧、李之珩、张永平、吉奇、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 调查调控血小板生成相关重要基因 PDE3A 在初诊儿童 AML 中的表达量及对预后的影响，并通过体内体外实验，探讨 PDE3A 作为新型靶点的可行性。

方法 152 名儿童 AML 进行转录组测序，并与临床表型和治疗反应进行相关性分析，明确 PDE3A 与 AML 的相关性。通过 RNA-seq 探究 1uMANA 处理 72h 前后 HEL 差异表达基因的变化，利用 Western Blot 在 HEL 和 MOLM-16 中验证 RNA-seq 结果。利用 CCK8 探究 PDE3A 抑制剂阿那格雷（ANA）联合低剂量化疗药物前后 HEL 和 MOLM-16 增殖的变化。通过 RNA-seq 探究 1uMANA 和 0.005uM 伊达比星（IDA）处理 72h 前后 HEL 差异表达基因的变化，利用 Western Blot 在 HEL 和 MOLM-16 中验证 RNA-seq 结果。通过给 NSG 小鼠尾静脉注射过表达 Luciferase 的 HEL 建立 CDX 模型，分别给予 PBS、0.5mg/kg IDA（尾静脉注射，第 14,15,16 天）、5mg/kg ANA（灌胃，第 14-28 天）、IDA 和 ANA（给药方法和剂量同单药），比较两组小鼠肿瘤细胞浸润情况和生存时间的差异。

结果 PDE3A 高表达患者 OS、EFS 和 RFS 显著低于 PDE3A 低表达患者。1uMANA 处理 HEL72h 导致 146 个基因显著上调，197 个基因显著下调。热图显示 PAK1、HMGCS1、SRC、DUSP16、EGR1 等耐药基因表达在转录组水平和蛋白水平显著下调。联合用药相对单药处理对 HEL 和 MOLM-16 细胞增殖阻滞作用更加显著，其中 ANA 联合 IDA 对 PDE3A 高表达白血病细胞株和原代细胞的化疗增敏作用在六种化疗药物中最为显著。用 IDA 联合 ANA 处理 HEL72h 导致 906 个基因显著上调，777 个基因显著下调。GESA 分析显示，炎症反应显著正富集。与单剂 ANA 或 IDA 治疗相比，IDA 联合 ANA 处理 HEL 和 MOLM-16 72h 后，包括 NLRP3、Cleaved-CASP3、Cleaved-CASP8、GSDME-N 在内的焦亡相关蛋白表达水平显著上调。与单剂 ANA 或 IDA 治疗相比，IDA 联合 ANA 治疗显著降低了小鼠肿瘤浸润，延长小鼠生存时间。

结论 PDE3A 高表达患儿生存率低，PDE3A 抑制剂 ANA 具有化疗增敏的效果，ANA 和 IDA 之间通过焦亡的方式发挥协同抗 PDE3A 高表达 AML 的作用，为 AML 治疗提供了新靶点。

PO-0228

急性 T 淋巴细胞白血病中 HOXC 簇基因表达的临床特征及预后

张晓、褚欣然、孟娜、李之珩、潘健、卢俊、肖佩芳、王易、何海龙、李捷、范俊杰、姚艳华、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 回顾性分析 HOXC 簇基因在儿童急性 T 淋巴细胞白血病（T-ALL）中的表达模式，及其与患儿的临床特征及预后的关系，以期儿童 T-ALL 的精准化、个体化诊疗提供依据。

方法 收集 2012 年 7 月 1 日至 2022 年 9 月 30 日诊疗于苏州大学附属儿童医院的 115 例初诊 T-ALL 儿童临床标本，采用 RNA-seq 检测 HOXC 表达量，并回顾性分析临床资料，比较 HOXC 簇基因高表达与低表达组患儿的临床特征及治疗反应。

结果 115 例 T-ALL 患儿，9 个 HOXC 簇基因 3 个有高表达，为 HOXC4-6。HOXC4 高表达组激素治疗反应较差（ $P=0.011$ ），且 D33 骨髓 MRD $\geq 0.01\%$ 的患儿较多（ $P=0.048$ ）。10 年 OS 在 D15 骨髓 MRD $\geq 1\%$ 和 $< 1\%$ 两组有明显统计学差异（ $P=0.012$ ）；10 年 RFS 在 D33 骨髓涂片幼稚细胞占 $\geq 5\%$ 和 $< 5\%$ 两组有显著的统计学差异（ $P=0.006$ ）。多因素分析发现 D33 骨髓涂片幼稚细胞 $\geq 5\%$ （HR=3.595，95%CI: 1.171-11.035）是复发的独立危险因素，HOXC 基因表达程度不影响其预后。

结论 HOXC4 高表达组患儿激素敏感性较差, 且 D33 MRD \geq 0.01%的患儿较多, 但对预后没有影响。D15 MRD \geq 1%患儿总生存期短, 而 D33 骨髓涂片幼稚细胞 \geq 5%是复发的独立危险因素。

PO-0229

儿童 ALL 患者注射门冬酰胺酶导致 局部皮肤不良反应的护理观察

王彩云
北京高博博仁医院有限公司

目的 门冬酰胺酶是临床治疗 ALL 的常用药, 根据治疗方案, 门冬酰胺酶需连续多次肌肉注射, 反复注射常导致注射局部肌肉持续或间断疼痛, 并伴或不伴皮肤硬结, 为减少此类情况的发生, 对患者皮肤的护理尤为重要。此文为分析 ALL 患者肌肉注射门冬酰胺酶后, 联合使用喜辽妥涂抹和/或水胶体敷料外用后的效果观察。

方法 通过观察 2021 年 7 月-2022 年 8 月在我科确诊 ALL 患儿, 采用门冬酰胺酶治疗肌肉注射患儿 50 例, 年龄段为 3-14 岁, 将患儿分为观察组(未干预) 24 例, 对照组(干预) 26 例, 观察患儿联合使用喜辽妥涂抹和/或水胶体敷料外用的效果, 观察组 80%患儿有不同程度的疼痛及硬结, 对照组 20%患儿有轻微疼痛。

结果 为了满足长期注射门冬酰胺酶的 ALL 患儿需求, 而降低注射局部肌肉疼痛与皮肤硬结的发生, 注射药物后立即给予喜辽妥涂抹和/或水胶体敷料外用, 在临床治疗过程中发挥着积极重要的作用。

结论 喜辽妥与水胶体敷料临床使用广泛, 护理操作简单, 安全性高, 性价比高, 护理方便, 为长期注射门冬酰胺酶的患儿皮肤护理, 有着预防与治疗的作用, 值得在临床治疗中推广。

PO-0230

白血病患者凝血异常植入 PICC 后预防渗血的护理

樊鹏飞、赵文娟
北京高博博仁医院

目的 目的:探讨血液病患者,因自身疾病原因或治疗期间药物作用导致血小板减少, 凝血功能障碍等, PICC 置管后 24 小时内使用藻酸盐敷料和普通无菌纱布两种方法出现不同的止血效果, 此文讨论使用两种敷料后穿刺点出血情况探讨。

方法 方法:观察我院 2022 年 1 月-12 月收治 180 例血小板低于 $30 \times 10^9/L$ 且凝血异常的白血病患者, PICC 置管使用相同的方法破皮, 置管结束后随机使用藻酸盐敷料和无菌纱布各 90 例, 置管后敷料均对折 2 次并加压穿刺点 2 小时, 观察 24 小时后两种敷料穿刺点出血量, 无菌纱布渗血 $< 0.5cm$ 共 48 例占 53.33%, 直径 $> 0.5cm$ 共 20 例占 22.22%, 直径 $> 1cm$ 共 22 例占 24.44%。藻酸盐敷料渗血面积 $< 0.5cm$ 共 71 例占 78.89%, 直径 $> 0.5cm$ 共 10 例 11.11%, 直径 $> 1cm$ 共 9 例占 10%。

结果 两种方式对比穿刺点止血效果情况, 置管后 24 小时内, 使用藻酸盐敷料止血效果明显高于普通无菌纱布, 使用藻酸盐敷料在血小板低下与凝血异常的血液病患者在进行 PICC 置管后期有较高的止血效果。

结论 临床中血液病患者白血病患者在凝血异常的情况下, 置入 PICC 导管后, 为预防穿刺点出血及渗血情况, 使用藻酸盐敷料能有效的减少出血的发生, 对白血病患者而言, 也可减少感染的发生。

PO-0231

LAPTM4B 在费城染色体阳性急性 B 淋巴细胞白血病和泛癌中的综合预后和免疫分析

周慧¹、易煜尧¹、何巍^{2,3}、郑利^{2,3}、胡以国^{2,3}、牛挺¹

1. 四川大学华西医院

2. 四川大学华西医院国家老年医学临床研究中心甲状腺外科

3. 四川大学华西医院生物治疗与肿瘤中心国家重点实验室

目的 溶酶体相关蛋白跨膜-4 β (LAPTM4B)蛋白在实体肿瘤中表达增加，而在血液系统恶性肿瘤中很少有研究。我们旨在研究 LAPTM4B 基因在费城染色体阳性急性 B 细胞淋巴母细胞白血病(Ph+ B-ALL)小鼠模型中的作用，以及 LAPTM4B 基因在泛癌中的表达及免疫学特征。

方法 采用敲除 *Laptm4b* 的 Ph+ B-ALL 转基因小鼠模型，分析 *Laptm4b* 在小鼠体内的功能。采用 BrdU 结合法、流式细胞术、Witte-lock Witte 培养等方法评价 LAPTM4B 在体外的作用。此外，基于多种计算工具，对不同癌症的差异表达、诊断、预后、遗传和表观遗传改变、肿瘤微环境、干细胞、免疫浸润细胞、功能富集、单细胞分析和药物反应进行了研究。

结果 体内外实验证明，在 Ph+ B-ALL 中，LAPTM4B 表达增加与不良预后相关，并通过细胞周期促进细胞的发育和进展。此外，LAPTM4B 在多种癌症中具有良好的诊断和预后价值，并与多种癌症的免疫浸润和免疫相关基因相关。最后，LAPTM4B 表达的增加导致肿瘤细胞对大多数化合物的抗性增强。

结论 我们的研究阐明了 LAPTM4B 在 Ph+ B-ALL 中通过细胞周期促进细胞发育和进展的作用。此外，LAPTM4B 在肿瘤诊断、预后和免疫微环境中发挥作用。

PO-0232

米托蒽醌脂质体联合依托泊苷、阿糖胞苷联合方案治疗新诊断急性粒单核白血病或急性单核细胞白血病 9 例疗效分析

叶少杰、郭慧梅、徐建梅、赵松颖、王静、薛华

河北大学附属医院

目的 回顾性分析米托蒽醌脂质体 (mitoxantrone hydrochloride liposome, M) 联合依托泊苷 (etoposide, E)、阿糖胞苷 (cytarabine, A) (MEA) 的方案治疗新诊断急性粒单核细胞白血病 (AML-M4) 或急性单核细胞白血病 (AML-M5) 患者的疗效。

方法 收集河北大学附属医院自 2022 年 11 月至 2023 年 6 月收治的 MEA 方案治疗的 9 例新诊断 AML-M4/5 患者的临床资料，回顾性分析其完全缓解 (CR) 率、总反应 (ORR) 率及不良反应发生率。

结果 1 疗程后总体 ORR 率为 100%，CR 率为 77.8%，3 例高白细胞 AML 的 CR 率 66.7%，6 例 FLT3 突变 AML 的 CR 率为 66.7%。4 例 MLL 重排的 AML 的 CR 率为 75.0%。中位随访 4.6(1.5~8.2)个月，中位 EFS 和 OS 未达到。最常见的 3、4 级不良反应是中性粒细胞减少、血小板减少、粒细胞减少性发热。

结论 MEA 方案治疗新诊断 AML-M4/5 患者有较好的疗效，不良反应可耐受。在高白细胞 AML 或合并 MLL 重排、FLT3 突变的患者中，MEA 方案可能取得较好的疗效。

PO-0233

Efficacy and safety of flumatinib in patients with B-cell acute lymphoblastic leukemia who are insensitive or intolerant to dasatinib after allo-HSCT: two case reports

Kexin Chen^{1,2}, Shan Zhang², Guangcui He², Yan Deng², Sihai Lai², Yi Su², Hai Yi²

1. Chengdu Medical College

2. The General Hospital of Western Theater Command, People's Liberation Army

Objective To investigate the efficacy and safety of flumatinib, a selective inhibitor of Bcr-Abl, in the treatment of Ph-positive B-ALL who are insensitive or intolerant to dasatinib after allo-HSCT.

Methods The clinical data of two patients with Ph-positive B-ALL who received flumatinib after allo-HSCT were retrospectively analyzed.

Results One Ph-positive B-ALL patient did not show any adverse effects with dasatinib 100 mg once daily combined with chemotherapy before HSCT. She received dasatinib at 50 mg once daily three months after HSCT for maintenance therapy. Then she developed bilateral lower limb edema, scleral hemorrhage and pancytopenia, which might be attributing to dasatinib. The above symptoms disappeared after she switched dasatinib to flumatinib at 200 mg once daily. Currently the patient remains minimal residual disease negativity one year after HSCT. Another Ph-positive B-ALL patient who received chemotherapy plus dasatinib 100 mg once daily before HSCT and did not achieve complete molecular remission of the Bcr-Abl fusion transcripts. Then he did allo-HSCT. After HSCT he achieved molecular remission, and prescribed flumatinib 200 mg once daily five months after transplantation for maintenance therapy. The patient was well tolerated for flumatinib with sustain molecular remission for two years.

Conclusion Flumatinib has better efficacy and safety in patients with Ph-positive B-ALL after allo-HSCT and need further investigation.

PO-0234

Direct inhibition of dioxygenases TET1 by the rheumatoid arthritis drug auranofin selectively induces cancer cell death in T-ALL

haichuan Zhu

Wuhan University of Science and Technology

Objective Abnormal DNA methylation is intricately linked with the aberrant regulation of gene expression and plays critical roles in the occurrence of various diseases. TET family proteins (TETs) represent crucial factors in the active DNA demethylation pathway via catalyzing the oxidation reactions of methylated cytosines. TET family members TET1/2/3 are diversely expressed in hematological malignancies with distinct yet overlapping functions and may serve as potential therapeutic targets. Thus, compounds that inhibit TET activity make potential candidates in the treatment of cancers. However, no active TET inhibitors are available. In this manuscript, we found that TET1 is highly expressed in T-ALL patients and its high expression is related to patients' poor prognosis. TET1 knockdown caused T-ALL cell death, demonstrating that TET1 is a critical target for T-ALL treatment. Importantly, we discovered that auranofin, a rheumatoid arthritis drug, could directly target and inhibit the catalytic activity of TET1, decrease the global genomic 5-hydroxymethylcytosine(5hmC) level. Furthermore, we demonstrated that auranofin inhibits TET1 enzymatic activity by competitively binding to TET1 for its substrates 2-oxoglutarate

(2OG) and cofactor Fe (II). In vitro and in vivo treatment with auranofin exerted anti-tumor activity to T-ALL, through inhibition of TET1 catalytic activity, demonstrating auranofin as a potential drug for T-ALL via an epigenetic modulation mechanism. Downstream analysis revealed that inhibition of TET1 down-regulated the 5hmC level of c-Myc in the promoter region, which epigenetically down-regulated the transcription and expression of c-Myc and led to the anti-tumor activity of auranofin in T-ALL.

Methods Abnormal DNA methylation is intricately linked with the aberrant regulation of gene expression and plays critical roles in the occurrence of various diseases. TET family proteins (TETs) represent crucial factors in the active DNA demethylation pathway via catalyzing the oxidation reactions of methylated cytosines. TET family members TET1/2/3 are diversely expressed in hematological malignancies with distinct yet overlapping functions and may serve as potential therapeutic targets. Thus, compounds that inhibit TET activity make potential candidates in the treatment of cancers. However, no active TET inhibitors are available. In this manuscript, we found that TET1 is highly expressed in T-ALL patients and its high expression is related to patients' poor prognosis. TET1 knockdown caused T-ALL cell death, demonstrating that TET1 is a critical target for T-ALL treatment. Importantly, we discovered that auranofin, a rheumatoid arthritis drug, could directly target and inhibit the catalytic activity of TET1, decrease the global genomic 5-hydroxymethylcytosine(5hmC) level. Furthermore, we demonstrated that auranofin inhibits TET1 enzymatic activity by competitively binding to TET1 for its substrates 2-oxoglutarate (2OG) and cofactor Fe (II). In vitro and in vivo treatment with auranofin exerted anti-tumor activity to T-ALL, through inhibition of TET1 catalytic activity, demonstrating auranofin as a potential drug for T-ALL via an epigenetic modulation mechanism. Downstream analysis revealed that inhibition of TET1 down-regulated the 5hmC level of c-Myc in the promoter region, which epigenetically down-regulated the transcription and expression of c-Myc and led to the anti-tumor activity of auranofin in T-ALL.

Results Abnormal DNA methylation is intricately linked with the aberrant regulation of gene expression and plays critical roles in the occurrence of various diseases. TET family proteins (TETs) represent crucial factors in the active DNA demethylation pathway via catalyzing the oxidation reactions of methylated cytosines. TET family members TET1/2/3 are diversely expressed in hematological malignancies with distinct yet overlapping functions and may serve as potential therapeutic targets. Thus, compounds that inhibit TET activity make potential candidates in the treatment of cancers. However, no active TET inhibitors are available. In this manuscript, we found that TET1 is highly expressed in T-ALL patients and its high expression is related to patients' poor prognosis. TET1 knockdown caused T-ALL cell death, demonstrating that TET1 is a critical target for T-ALL treatment. Importantly, we discovered that auranofin, a rheumatoid arthritis drug, could directly target and inhibit the catalytic activity of TET1, decrease the global genomic 5-hydroxymethylcytosine(5hmC) level. Furthermore, we demonstrated that auranofin inhibits TET1 enzymatic activity by competitively binding to TET1 for its substrates 2-oxoglutarate (2OG) and cofactor Fe (II). In vitro and in vivo treatment with auranofin exerted anti-tumor activity to T-ALL, through inhibition of TET1 catalytic activity, demonstrating auranofin as a potential drug for T-ALL via an epigenetic modulation mechanism. Downstream analysis revealed that inhibition of TET1 down-regulated the 5hmC level of c-Myc in the promoter region, which epigenetically down-regulated the transcription and expression of c-Myc and led to the anti-tumor activity of auranofin in T-ALL.

Conclusion Abnormal DNA methylation is intricately linked with the aberrant regulation of gene expression and plays critical roles in the occurrence of various diseases. TET family proteins (TETs) represent crucial factors in the active DNA demethylation pathway via catalyzing the oxidation reactions of methylated cytosines. TET family members TET1/2/3 are diversely expressed in hematological malignancies with distinct yet overlapping functions and may serve as potential therapeutic targets. Thus, compounds that inhibit TET activity make potential candidates in the treatment of cancers. However, no active TET inhibitors are available. In this manuscript, we found that TET1 is highly expressed in T-ALL patients and its high expression is related to patients' poor prognosis. TET1 knockdown caused T-ALL cell death, demonstrating that TET1 is a critical target for T-ALL treatment. Importantly, we discovered that auranofin, a rheumatoid arthritis drug, could directly target and inhibit the catalytic activity of TET1, decrease the global

genomic 5-hydroxymethylcytosine(5hmC) level. Furthermore, we demonstrated that auranofin inhibits TET1 enzymatic activity by competitively binding to TET1 for its substrates 2-oxoglutarate (2OG) and cofactor Fe (II). In vitro and in vivo treatment with auranofin exerted anti-tumor activity to T-ALL, through inhibition of TET1 catalytic activity, demonstrating auranofin as a potential drug for T-ALL via an epigenetic modulation mechanism. Downstream analysis revealed that inhibition of TET1 down-regulated the 5hmC level of c-Myc in the promoter region, which epigenetically down-regulated the transcription and expression of c-Myc and led to the anti-tumor activity of auranofin in T-ALL.

PO-0235

醋酸戈舍瑞林治疗化疗后骨髓抑制期严重子宫内膜出血患者 1 例

王泉、孙浩平、张楠、易海
中国人民解放军西部战区总医院

目的 探索醋酸戈舍瑞林在治疗血液肿瘤患者化疗后骨髓抑制期合并严重子宫内膜出血中的疗效。

方法 回顾性分析我院收治的 1 例曾使用醋酸戈舍瑞林治疗化疗后骨髓抑制期间严重子宫内膜出血患者的临床资料。

结果 患者，女，44 岁，2020 年 7 月明确诊断为急性髓系白血病（伴 FLT3-TKD、IDH2、STAG2 突变）。给与“3+7”IA 方案化疗后，复查骨髓：查见约 70.3%的肿瘤细胞。第二次给与 DHAG 方案化疗，化疗期间，患者出现严重肺曲霉菌感染并伴空洞形成。化疗后，患者出现严重骨髓抑制，血小板 0~6*10⁹/L。患者血小板抗体阳性，血小板输注无效。患者出现咯血症状，合并月经量巨大（每日约 1000mL）。给与止血药物及妈富隆治疗后，咯血症状缓解，但月经量未减少。行子宫动脉栓塞术及重组人凝血因子 VIIa 治疗后，月经量减少不明显。经多学科会诊并进行超说明书用药备案后，给予患者使用醋酸戈舍瑞林。醋酸戈舍瑞林使用后，患者每日月经量迅速下降至 50mL 以内。2020 年 9 月复查骨髓，疗效评估为 CRi。后续患者行异基因造血干细胞移植，目前已无病生存近 3 年。

结论 醋酸戈舍瑞林治疗血液肿瘤患者化疗后骨髓抑制期合并严重子宫内膜出血疗效显著，未发现明显毒副作用。

PO-0236

基于单细胞测序筛选 B 细胞急性淋巴细胞白血病的治疗靶点

莫状^{1,2}、刘格良^{1,3}、张书贤^{1,3}、黄泰^{1,2}、柴霞³、李卓阳^{1,3}、于琦^{1,3}、贺培凤¹

1. 山西省大数据研究重点实验室
2. 山西医科大学基础医学院
3. 山西医科大学管理学院

目的 筛选 B 细胞急性淋巴细胞白血病（B-cell acute lymphoblastic leukemia, B-ALL）的潜在治疗靶点。

方法 从基因表达数据库（Gene Expression Omnibus, GEO）筛选获取符合标准的 B-ALL 单细胞测序数据集（GSE130116），该数据集包含诊断、缓解和复发三种类型的数据，本研究选择诊断和缓解两类数据。使用 R 语言的 Seruat 包对该数据进行质控与标准化、降维与聚类，接着使用 SingleR 包对聚类后的细胞进行注释，并对注释后两种组织的 B 细胞进行差异表达分析，随后采用基因本体学（Gene Ontology, GO）和京都基因与基因组百科全书（Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes, KEGG）分析差异表达基因的功能富集情况，最后使用蛋白互作网络（protein-

protein interaction, PPI) 筛选核心基因与潜在治疗靶点。

结果 进行质控过滤后共有 21620 个基因, 90683 个细胞纳入研究, 降维聚类后获得了 28 个簇, 对细胞进行注释后获得了 12 种不同的细胞, 其中 B 细胞, 前 B 细胞、幼红细胞、粒细胞-单核细胞前体以及 NK 细胞等在诊断组和缓解组之间存在显著差异, 缓解组的这几种类型的细胞数量更为正常。本研究选择在诊断组和缓解组细胞类型差异较大的 B 细胞亚群进行差异分析和富集分析, 共获得了 419 个差异表达基因。GO 富集分析显示差异表达基因参与 Toll 样受体信号通路和 I 型干扰素信号通路等生物学过程, 并具有 MHC 蛋白复合物结合、免疫球蛋白受体结合及免疫受体活性等分子功能; KEGG 富集分析显示差异表达基因主要富集在 Th17 细胞分化、NF - KB 信号通路和 TNF 信号通路等。构建蛋白互作网络, 获取了二十个处于核心位置的基因。其中, STAT1、RPS6、JUN 可能是 B-ALL 患者治疗的潜在治疗靶点。

结论 STAT1、RPS6、JUN 可能作为 B-ALL 患者的潜在治疗靶点, 为临床的治疗提供了新的方法。

PO-0237

急性系别不明白血病, 非特指型 (ALAL,NOS) 一例

陈钦、于莹、陈诗丽、李嘉燕、何秋蓉、廖丹、罗林
广州华银医学检验中心有限公司

目的 探讨急性系别不明白血病, 非特指型 (ALAL,NOS) 的 MICM 检测结果分析。

方法 对 1 例急性系别不明白血病, 非特指型 (ALAL,NOS) 的临床资料、骨髓涂片、骨髓活检、流式免疫分型、染色体核型、基因检测等结果进行分析。

结果 男性, 83 岁, WBC: 33.27*10⁹/L, Lym: 94.6%, Mono: 0.2%, Hb: 63g/L, MCV: 102.8fl, PLT: 95*10⁹/L。骨髓涂片见骨髓增生明显活跃, 见 84.5%原始细胞, MPO 染色: 阴性, 考虑为急性白血病 (AL) 骨髓象。骨髓活检见骨髓增生极度活跃, CD34 阳性原始/幼稚细胞呈弥漫性分布。流式免疫表型见异常原始幼稚细胞, 呈 CD45 弱阳性/阴性, SSC 值中等, 比例约为 84.3%, 表达: CD15 (88.8%)、CD123 (99.7%)、HLA-DR (99.2%)、CD38 (90.1%)、CD34 (100.0%), 部分表达: CD13 (24.6%)、CD117 (20.4%)、cCD79a (28.3%)、CD81 (73.6%), 不表达: CD33 (6.2%)、CD16、CD11c、CD14、CD64、CD3、CD4、CD8、CD2、CD5、CD7、CD19 CD56、Kappa、Lambda、cMPO (5.8%)、cCD3、clgM、CD10、CD22、CD20、CD24、nTdT。骨髓染色体核型分析为混合性核型: 46~47,XY,-17,+mar[cp6]/46,XY[10], 白血病 56 种融合基因阴性。综合以上信息诊断为急性系别不明白血病, 非特指型 (ALAL,NOS)。

结论 该病例异常原始细胞表达数种免疫标志, 依照诊断标准不能区分是 AUL (急性未分化细胞白血病) 还是 MPAL (混合表型急性白血病), 故诊断为 ALAL, NOS。该类急性白血病的诊断主要依赖于免疫表型。

PO-0238

一例急性早幼粒细胞白血病患者全身多处压疮的个案护理

陈颖
成都市第五人民医院

目的 通过分析一例急性早幼粒细胞白血病患者全身多处压疮的案例, 总结护理经验, 提高护理质量。

方法 回顾 2023 年 4 月我院血液内科门诊收治入院的一例急性早幼粒细胞白血病合并重症肺炎、重症免疫缺陷、2 型糖尿病患者的临床资料及护理措施。

结果 患者右髌部有 2.8cmX2.6cmX0.1cm 皮肤破损，右足小拇指外侧有 1.0cmX1.2cmX1.0cm 皮肤破损，右大腿内侧有 2.5cmX2.9cmX0.1cm 皮肤破损，骶尾部有 20.0cmX15.0cmX0.2cm 皮肤破损，全身多处压疮。针对此伤口，运用 TIME 处理原则，结合湿性伤口愈合理念，针对压疮的不同分期、予以不同的伤口处理。清创期：采用自溶清创与锐器清创相结合的清创方法后，将脂质水胶体硫酸银敷料贴合于创面，外用纱布包扎。肉芽组织增生期：继续予以清创后，用银敷料控制感染。上皮化期：清创后，用拜尔坦泡沫敷料覆盖伤口创面，使上皮增殖爬行。同时，给予患者营养支持、心理护理及家属相关的健康指导，患者换药 28 天，伤口完全愈合。

结论 运用 TIME 处理原则，结合湿性伤口愈合理念，将湿性敷料应用于白血病合并压疮的处理中，可加速伤口的愈合，缩短住院天数。

PO-0239

伴 NPM1 突变的慢性粒-单核细胞白血病一例

陈钦、于莹、陈诗丽、李嘉燕、何秋蓉、廖丹、罗林
广州华银医学检验中心有限公司

目的 探讨伴 NPM1 突变的慢性粒-单核细胞白血病（CMML）的 MICM 检测结果分析及鉴别诊断。

方法 对 1 例伴 NPM1 突变的慢性粒-单核细胞白血病（CMML）的临床资料、外周血细胞涂片、骨髓涂片、骨髓活检、流式免疫分型、染色体核型分析、基因检测结果进行分析。

结果 男性，59 岁，WBC：16.5*10⁹/L，Gran：56.6%，Lym：15.7%，Mono：25.9%，Hb：50g/L，MCV：101.6fl，PLT：85*10⁹/L。外周血涂片见红细胞大致正常；白细胞增多，粒系见核左移，单核细胞比例增高，见 2%原始细胞；血小板减少。骨髓涂片见骨髓增生尚活跃，粒/红比例增高，未见巨核细胞，血小板减少，粒系见发育异常，单核细胞比例增高，见 8.0%原始细胞。流式免疫表型见 CD117+异常原始幼稚髓系细胞，呈 CD45 弱阳性，SSC 值中等，比例约为 5.3%。表达：CD117（100.0%）、HLA-DR（98.8%）、CD33（98.2%），部分表达：cMPO（78.4%）、CD34（66.3%）、CD38（61.3%）、CD13（25.2%），少量表达：CD123（13.1%），不表达：CD15、CD64、CD14、CD11c、CD16、CD3、CD56、CD8、CD4、cCD79a、cCD3、CD7、CD19、CD2、CD5、CD71、Kappa、Lambda；粒细胞比例增高，发育模式大致正常，单核细胞比例增高（约占核细胞 11.2%，含 3.8%幼稚单核细胞）。骨髓活检见部分区域骨髓相对年龄增生极度活跃，结合骨髓细胞形态和流式细胞术免疫分型不排除慢性髓系白血病。骨髓染色体核型分析结果正常，白血病 56 种融合基因检测：WT1 过表达。髓系血液肿瘤基因突变筛查检出：NPM1、FLT3-ITD、DNMT3A 一级突变。综合以上信息诊断为慢性粒-单核细胞白血病（CMML）伴 NPM1 突变。

结论 根据 ICC 分类诊断标准，诊断 AML 伴 NPM1 突变原始细胞需>10%，该病例骨髓原始细胞为 8.0%，故诊断为慢性粒-单核细胞白血病（CMML）伴 NPM1 突变。伴 NPM1 突变的 CMML 可能预示向 AML 进展更快。

PO-0240

急性髓系白血病预后分层的多组学整合分析

宋洋、王哲、张广吉、侯降雪、刘凯奇、魏述宁、周春林、林冬、王敏、王建祥、程涛、秘营昌
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 急性髓系细胞白血病（AML）是一种具有高度异质性且预后不良的血液系统恶性肿瘤。欧洲白血病网（ELN）对于 AML 预后分层至关重要，但各种 AML 模型多数通过转录组学预测患者生存和

临床药物反应；整合多组学数据用于风险分层和药物反应预测的分型方法很少。本研究旨在构建 AML 无监督多组学分类系统（UAMOCS），并探讨其在促进 AML 分子分层及预测预后方面的作用。**方法** 纳入 TCGA 数据库中 90 例 AML（非急性早幼粒细胞白血病）患者 DNA 突变、甲基化组学和转录组学数据，基于 10 种无监督聚类算法进行一致性聚类，构建 UAMOCS。选用两个独立队列验证模型：其中一个选取 GSE37642 数据集（N=483）转录组学数据；另一个验证队列选取来自就诊于中国医学科学院血液病医院的初发 AML 队列，“ihCAMs-AML”（N=98，非急性早幼粒细胞白血病），患者年龄为 14-70 岁，中位随访时间为 28（1-55）个月。该队列样本同时进行甲基化组学、DNA 突变、转录组和高通量药物筛选分析。

结果 UAMOCS 共分为三种不同亚型：UAMOCS1、UAMOCS2 和 UAMCOS3。UAMOCS 能显著区别 AML 不同亚型总生存期（中位 18 个月 vs.27 个月 vs.45 个月， $P=0.0048$ ）。UAMOCS1 表现为“免疫激活”，与免疫标志物表达和免疫细胞丰度增加有关。UAMOCS2 被定义为较低的免疫负荷和具有中等生存的“单核细胞样”表型，对应 FAB 分型表现为 M4/M5。UAMOCS3 是一个免疫耗竭组，被认为是三组中预后最佳的亚型。临床相关性表明，传统的细胞遗传学分层与 UAMOCS 也密切相关。尤其 UAMOCS1 主要对应传统细胞遗传学分组中的中等/正常风险组患者。AML-MR 基因突变，特别是 RUNX1 突变（ $P=0.00839$ ）在 UAMOCS1 中显著发生。

此外，UAMOCS 同时显示出与 LSC17 评分的高度一致性（Nature 2016）。与 2022ELN（HR=1.523，95%CI1.109-2.093）相比，UAMOCS（HR=2.06，95%CI 1.319-3.050）在 AML 分层中具有独立的预后价值。高通量药物筛选提示，UAMOCS 在区分药物反应方面也有一定价值。

结论 UAMOCS 可以独立地对 AML 患者进行分类，并有助于在未来为 AML 患者制定精确的治疗策略。

PO-0241

基于 SMART 原则的血液病患者 口服小分子靶向试验药物的管理探索

徐明月、崔岩

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 分析血液病患者口服小分子靶向试验药物的错服、漏服的原因以及采取的措施，杜绝错服、漏服。

方法 将 2021 年 12 月至 2022 年 6 月设为 SMART 原则实施前，2022 年 6 月至 12 月设为 SMART 原则实施后。对实施前后患者年龄、知识水平、接受程度、依从性、护士管理能力以及随访情况等信息进行统计和对比分析。针对错服、漏服进行数据分析：护士宣教不到位：33%、护士清点药品数量不及时：6%、护士随访问隔时间长：26.6%、患者知识水平低：13.3%、患者理解能力差：6%、患者依从性差、不听从医护人员知道：6%、患者年龄偏大 6%；针对数据分析找出问题通过 SMART 原则：S-明确性 提高血液病患者对于自身疾病知识及服用实验药物方法的了解。M-衡量性 护士发放日记卡，患者记录每日服用药物数量。A-可接受性 为每位患者提供一对一指导及跟踪随访；加强监督，对于在院及出院患者需确认患者已服用药物，定时清点药品。R-实际性 考虑患者的年龄、知识水平、接受程度行动、依从性等情况，采取授课、微信询问及定期随访等方式。T-时限性 每隔 1 个月对患者服用试验药物的情况进行评价。

结果 采用 SMART 原则管理后无患者出现假服、错服及漏服等情况。

结论 采用 SMART 原则管理后，提高了患者用药安全及疗效。药物临床试验具有可行性和科学性。因此，试验药物的护理管理工作十分重要。

PO-0242

GD-ALL 2008 方案与 SCCLG-ALL 2016 方案 治疗儿童 ALL 的疗效观察及预后分析

刘晓飞、麦惠容
深圳市儿童医院

目的 对应用 GD-ALL 2008 方案和 SCCLG-ALL 2016 方案治疗的 ALL 儿童进行疗效观察及预后分析，并比较治疗效果，为 ALL 患儿选择合适的化疗方案和进一步优化治疗方案提供参考。

方法 回顾性选取 2008 年 08 月 01 日至 2019 年 8 月 30 日深圳市儿童医院血液肿瘤科确诊并接受 GD-ALL 2008 方案（B 方案）及 SCCLG-ALL 2016 方案（B 方案）治疗的急性淋巴细胞白血病的儿童，分析初诊时的临床特征、治疗反应、复发及死亡情况、5 年总生存率、5 年无事件生存率。

结果 入组 509 例患儿。A 方案治疗早期 91.6% 的患儿对泼尼松治疗敏感，该方案治疗的患儿 5 年总生存率（Overall survival, OS）为 $88.9\% \pm 3.9\%$ ，5 年无事件生存率（Event free survival, EFS）为 $76.0\% \pm 5.1\%$ ；B 方案在治疗早期 90.0% 患儿对泼尼松治疗敏感，该方案治疗的患儿 5 年 OS 为 $95.9\% \pm 2.5\%$ ，5 年 EFS 为 $91.7\% \pm 3.7\%$ ；5 年 OS 及 EFS 组间比较均有显著统计学差异（ $P < 0.01$ ）。两方案治疗复发部位均以单纯骨髓复发为主，复发时间均以早期复发（诊断 18-36 月内）为主。A 方案治疗的患儿 5 年累及复发率（Cumulative incidence rate, CIR）为 $16.2\% \pm 4.5\%$ ，B 方案治疗的患儿 5 年 CIR 为 $5.8\% \pm 3.1\%$ ，两方案组治疗的 5 年 CIR 差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。复发后 ALL 患儿的 5 年 OS 为 $49.0\% \pm 14.5\%$ 。两组方案治疗的患儿复发后存活率和复发后死亡率相比差异有统计学意义（ $P < 0.01$ ）。多因素分析提示年龄大于 10 岁、免疫分型为 T-ALL，治疗后复发、d33 骨髓形态学未缓解是影响预后的独立危险因素。

结论 SCCLG-ALL 2016 方案治疗效果优于 GD-ALL 2008 方案，且复发率及死亡率明显低于 GD-ALL 2008 方案。复发是治疗失败的主要原因，两方案复发部位均以单纯骨髓复发为主、复发时间以极早期复发和早期复发为主。年龄大于 10 岁、免疫分型为 T-ALL，治疗后复发、d33 骨髓形态学未缓解是导致预后不良的独立危险因素。

PO-0243

T 细胞型幼稚淋巴细胞白血病 1 例并文献复习

贾海鹏、张晓芬、王洁、段衍超
山东第一医科大学第二附属医院

目的 介绍 T 细胞型幼稚淋巴细胞白血病（T-PLL）的临床特点

方法 报告 1 例 T-PLL 的临床特点并进行文献复习

结果 患者男，36 岁，因口角歪斜 3 月，发现白细胞升高 7 天入院。查体：贫血貌，右侧鼻唇沟变浅。耳后、颈部多发肿大淋巴结，大者约 $2 \times 2 \text{cm}$ ，质韧，无压痛。右肺叩诊浊音，呼吸音减弱。脾大肋下平脐，质韧无触痛。血常规：WBC $490.25 \times 10^9/\text{L}$ ，RBC $2.82 \times 10^{12}/\text{L}$ ，HGB $91 \text{g}/\text{L}$ ，PLT $53 \times 10^9/\text{L}$ ，L84.2%。肝肾功心肌酶谱：腺苷脱氨酶、乳酸脱氢酶、羟丁酸脱氢酶、 $\beta 2$ 微球蛋白均升高。消化泌尿彩超：肝内胆管结石、脾大，腹腔积液。胸部 CT：右侧大量胸腔积液。骨髓涂片：淋巴细胞占 87.5%，以小淋巴细胞为主；血片：98% 细胞为小淋巴细胞，提示：淋巴细胞增殖性疾病。骨髓流式：94.57% T 淋巴细胞伴免疫表型异常，CD3+, cCD3+, CD5+, CD7+, TRBC1+, CD45RA+, CD2 部分+, CD4 部分+, CD25+, CD26 部分+, CD8 少量+, TdT-, Ki67-, CD1a-, CD10-, CD56-, CD57, CD30-, CD45R0-, CD99-, TCR γ -；骨髓活检示 T

淋巴细胞增殖性疾病。经多重 PCR 法结合荧光片段检测到 TCR- β 、TCR γ 单克隆重排。外周血染色体培养检测到 2q-、-6、13q-、i(8) 等多条染色体数目与结构异常。淋巴瘤基因突变示 JAK3、ARID1B、ATM 突变阳性。胸水呈红豆汤样，流式检测到 97.62% T 淋巴细胞伴免疫表型异常。左耳后淋巴结活检病理考虑 T 细胞白血病/淋巴瘤，T-PLL 可能性大。患者确诊 T-PLL。给予血细胞分离单采白细胞及 FCM 方案（氟达拉滨，环磷酰胺，米托蒽醌）化疗 4 疗程，评估疗效为 SD。后患者因新冠肺炎，呼吸衰竭死亡。总生存 7 个月。与文献报道相似。

结论 T-PLL 发病率低，容易误诊，临床常有 B 症状、肝脾肿大、淋巴细胞超过 $100 \times 10^9/L$ 。淋巴结和结外病变也很常见，其中皮肤病变、胸腔或腹腔积液发生率约为 25%，中枢神经系统受累的发生率 <10%。通常表达泛 T 细胞抗原，包括 CD2、CD3、CD5、CD7。最常见 CD4 阳性，CD8 阴性，大约 25% 的病例是 CD4 和 CD8 都表达阳性。流式细胞术或免疫组化检出 TCL1（T 细胞白血病/淋巴瘤 1）蛋白异常表达可作为诊断标志。预后差，阿伦单抗为首选治疗，其次可选择 FCM 方案。

PO-0244

塞利尼索联合去甲基化治疗难治/复发急性髓系白血病疗效及安全性分析

张剑、刘吟、徐洋、仇惠英、吴德沛

国家血液系统疾病临床医学研究中心，江苏省血液研究所，苏州大学附属第一医院血液内科

目的 探究塞利尼索联合去甲基化治疗维奈克拉经治不适合强化疗（unfit）难治/复发急性髓系白血病（AML）患者的疗效及安全性。

方法 回顾性分析苏州大学附属第一医院血液科 2021 年 5 月 1 日至 2022 年 12 月 31 日维奈克拉经治接受塞利尼索联合去甲基化治疗（塞利尼索 40mg BIW 口服*3 周，DAC 10 mg 静脉滴注 7~10 天或 AZA 75mg/m² 皮下注射 第 1~7 天）（年龄大于 60 岁患者剂量减半量）的 unfit R/R AML 患者 12 例。治疗期间，依据患者临床指征给予抗感染、输注成分血、重组人粒细胞集落刺激因子、止吐等支持治疗以及进行相应剂量调整。部分患者桥接异基因造血干细胞移植。

结果 可评估疗效 12 例 R/R AML 患者总体反应率 ORR 66.7%（8/12），复合 CR 率 CRc 50%（6/12），6 例达 CR+CRi 患者中 3 例（50%）微小残留病（MRD） $\leq 1 \times 10^{-3}$ 。疗效明显优于既往文章报道挽救性化疗（ORR 约 28%）。50%（6/12）患者桥接异基因造血干细胞移植治疗，1 例患者移植后合并重症肺部感染死亡。

结论 难治/复发性 AML 患者应用塞利尼索联合去甲基化方案小样本探索疗效较好，不良反应可耐受。其中伴有高危基因突变及复杂染色体核型的患者，短期疗效尚可，桥接异基因造血干细胞移植可使患者获得长期生存机会。

PO-0245

奥密克戎时代慢性粒细胞白血病患者新冠感染率、严重程度及心理健康状况的影响因素分析

齐飞扬¹、宝梅¹、高汉林¹、张小帅¹、赵莎莎²、王成雷²、李文文²、江倩^{1,2,3}

1. 北京大学人民医院

2. 北京大学人民医院青岛医院

3. 苏州大学血液学协同创新中心

目的 探究奥密克戎流行期间慢性粒细胞白血病（CML）患者中新型冠状病毒肺炎（COVID-19）感

染率、严重程度及心理健康状况的影响因素。

方法 于2022年12月15日至2023年3月15日奥密克戎流行期间通过在线问卷调查收集2609例在北京大学人民医院就诊的CML患者的数据,通过多因素分析探究COVID-19的患病率、严重程度及心理健康状况的影响因素。

结果 2609例CML患者中,1725例(66%)在此次疫情期间罹患COVID-19。其中轻型1621例(94%)、普通型97例(6%)、重型7例(0.4%)、危重型0例(0%)。403例(15%)存在中度以上抑郁,199例(8%)存在中度以上焦虑,532例(20%)存在中度以上应激。890例(34%)存在回避、667例(26%)存在侵入,573例(22%)存在高唤醒。多因素分析显示,酪氨酸激酶抑制剂(TKIs)治疗持续时间长与更低的COVID-19患病率显著相关(OR=0.98, 95%CI 0.95~0.99; P=0.043);而居住于城市地区(OR = 1.6, 95%CI 1.3~2.0; P<0.001)或家人患有COVID-19(OR=18.6, 95%CI 15.1~22.8; P<0.001)与更高的COVID-19患病率显著相关。老年(OR=1.2, 95%CI 1.1~1.4; P=0.009)、患有合并症(OR=1.7, 95%CI 1.1~2.7; P=0.010),或多重TKIs耐药且正接受第三代TKIs或临床试验药物治疗的CML患者(OR=2.2, 95%CI 1.2~4.2; P=0.010)发生普通型或重型COVID-19的风险更高。在心理健康方面,女性、患合并症、未接种新冠疫苗以及患普通型或重型COVID-19的CML患者发生几乎所有不良心理健康后果的风险更高;老年或因疫情被迫减少TKIs剂量的患者发生中度以上应激、回避或侵入的风险更高;而患轻度COVID-19的患者发生中度以上焦虑、应激、回避或侵入的风险更低。

结论 TKIs治疗持续时间短的CML患者患COVID-19的风险更高;老年、患合并症、或多重TKIs耐药且正接受第三代TKIs或临床试验药物治疗的患者发生普通型或重型COVID-19的风险更高。老年、女性、患合并症、因疫情被迫减少TKIs剂量、患普通型或重型COVID-19或未接种新冠疫苗的患者心理健康状况更差。

PO-0246

PTPN11 基因突变在成人初诊 AML 患者 (非 APL) 中的发生、临床特征及预后

盛丽¹、朱迎迎¹、刘亚姣¹、周竞奋²、华海应^{1,2}

1. 江南大学无锡医学院

2. 江南大学附属医院

目的 探讨成人非 M3 急性髓系白血病(AML)患者中 PTPN11 基因突变及其伴随基因突变的发生情况、临床特征及预后。

方法 二代测序技术联合 Sanger 测序回顾性分析初诊成人 AML 患者 51 种基因突变,采用多重 PCR 检测 41 种常见白血病融合基因。使用 Log-Rank 检验和 Kaplan-Meier 法评价生存率,采用 Cox 回归模型进行多因素分析。

结果 232 例初诊成人 AML 中,共检测出 18 例患者携带 PTPN11 基因突变,突变率为 7.6%。18 例患者中,检测出 20 种 PTPN11 突变位点,其受 N-SH2 (n=16) 和 PTP (n=4) 结构域内的错义突变影响,且大部分聚集在第 3 外显子(n=16)。伴有 PTPN11 突变者较野生型患者具有更高的血小板计数 $98(14-713)\times 10^9/L$ vs. $35.5(4-478)\times 10^9/L$ (P<0.001) 以及更高的血红蛋白计数 $97.5(62-149)g/L$ vs. $88.5(33-142)g/L$ (P=0.032),但两组在性别、年龄、外周白细胞及原始细胞比例等方面差异无统计学意义(P>0.05)。PTPN11 突变主要表现为 M5 亚型(n=12, 63.1%),其次为 M2 及 M4 (n=2, 10.5%) 亚型,较少发生于 M0 及 M1 亚型。但 PTPN11 突变型及野生型 AML 的 FAB 亚型分布之间的差异,无统计学意义(P>0.05)。共有 53 例 AML 患者检测到融合基因阳性,其中,伴有 MLL-AF6 阳性 AML 患者具有更高的 PTPN11 突变发生率(P=0.018)。18 例 PTPN11 基因突变中都同时伴随其他基因突变,依次为 NPM1 (44.4%)、DNMT3A (38.9%)、FLT3 (38.9%)、NARS (17.2%) 等 NPM1mut/PTPN11mut 患者 OS 短于 NPM1mut/PTPN11wt

($P=0.012$)。在多因素分析中,高骨髓原始细胞比例是影响 PTPN11 突变患者 OS 的预测因素 ($P=0.043$)。

结论 PTPN11 基因突变在 AML 患者中有一定的发生率,且第 3 号外显子发生突变多见,均为错义突变。该基因突变多与 NPM1 基因突变同时存在, FAB 分型多表现为 M5 亚型,具有更高的血小板、血红蛋白水平。伴有 MLL-AF6 阳性 AML 患者具有更高的 PTPN11 突变发生率,带有 NPM1 突变高骨髓原始细胞比例的 PTPN11 突变患者会影响其预后。

PO-0247

S100 蛋白家族在 AML 中塑造不同的免疫微环境模式, 靶向 S100A4 可望增强 TIM3 在 AML 免疫治疗的效果

梁晓杰¹、赖宇洁²、林炳昱³、刘一谦³、李睿⁴、金志灏⁴、胡嘉怡⁴、蔡梓红³、卢伟祥¹、王亮¹、周红升³

1. 首都医科大学附属北京同仁医院血液科

2. 汕头大学医学院

3. 南方医科大学南方医院血液科

4. 广东医科大学第一临床医学院

目的 S100 钙结合蛋白家族,在多种肿瘤的生长、侵袭和免疫反应中发挥重要作用,既往虽有报道 S100 蛋白家族个别成员可促进急性髓系白血病(AML)耐药和复发。然而,对其在白血病免疫微环境的作用知之甚少。本研究旨在全面评估 S100 蛋白家族对 AML 免疫微环境的作用,探索可增强免疫治疗效果的新靶点。

方法 利用来自国际多中心的多组学数据,结合单细胞分析,我们系统地研究了 S100 蛋白家族对 AML 免疫微环境的影响及其潜在机制。

结果 我们识别并验证了 S100 蛋白家族在 AML 中塑造了两种不同的免疫浸润模式。S100clusterA 的特点是冷免疫浸润,而 S100clusterB 的特点是高表达 TIM3 和热免疫浸润伴间质激活。与 S100clusterA-AML 相比, S100clusterB-AML 预后较差,3 年和 5 年总生存率较低。为量化个体患者中 S100 家族的功能作用模式,我们构建了一个评分系统(S100score)。S100 评分与已知的临床和分子特征密切相关。Bulk 转录组和单细胞分析表明, S100A4 介导了 S100clusterB-AML 的热免疫浸润伴预后不良表型,潜在机制是 S100A4 通过 PPAR/CD36 信号通路-脂肪酸代谢轴促进巨噬细胞向 M2 极化。TIM3 的高表达和热免疫浸润使 S100clusterB-AML 成为抗 TIM3 治疗的有力候选者,尤其是与 S100A4 抑制剂联合治疗,可望成为增强 TIM3 在 AML 免疫治疗效果的新治疗策略。

结论 本研究有效量化了 S100 蛋白家族在 AML 患者中的功能作用模式,揭示了不同模式下免疫微环境的特征性分布。重要的是,靶向 S100A4 联合抗 TIM3 抗体可望改善 AML 的免疫治疗,为 AML 的免疫治疗提供新的思路。

PO-0248

lncRNA RMRP 调控复发难治急性髓系 白血病线粒体功能的分子机制研究

赵伟婧¹、郭寒菲^{2,3}、牛丽婷¹、周亚兰¹、吕萌¹

1. 北京大学人民医院, 北京大学血液病研究所, 国家血液病临床医学研究中心, 造血干细胞移植北京市重点实验室, 北京, 100044
2. 吉林大学第一医院肿瘤中心, 吉林省长春市新民街 71 号, 长春, 133021
3. 斯坦福大学医学院, 帕洛阿尔托退伍军人研究所, 帕洛阿尔托, CA 94304 USA

目的 复发难治急性髓系白血病 (R/R AML) 的预后极差, 治疗过程中发生的化疗耐药是导致其复发和难治的罪魁祸首。研究证实 AML 细胞中存在的多种线粒体功能失调, 可能是诱发化疗耐药和疾病复发的关键因素。在我们之前的研究中, 我们成功证明了长非编码 RNA (lncRNA) RMRP 在线粒体中的大量富集。然而, RMRP 在 R/R AML 线粒体中的具体功能仍有待探索。该项目的目的是揭示 RMRP 在 R/R AML 线粒体中的功能, 旨在为克服 R/R AML 化疗耐药提供创新见解和理论基础。

方法 为了探讨在 R/R-AML 中起关键作用的因素, 我们采用质谱法对与 AML 化疗耐药相关的因素进行筛选。此外, 我们利用实时定量聚合酶链反应 (qRT-PCR) 来评估新诊断的 AML (ND AML) 和 R/R-AML 患者中 lncRNA RMRP 的表达。此外, 我们还分析了转染 siRNA-NC 和 siRNA-RMRP 后 AML 细胞系中 lncRNA RMRP 与线粒体之间的相关性。为了探索 lncRNA RMRP 在 R/R AML 中调节线粒体功能的作用, 我们在抑制 lncRNA RMRP 后进行了线粒体氧化磷酸化代谢功能测定。此外, 采用 Western 印迹分析来评估中构建细胞系的相对蛋白表达水平。

结果 与初诊 AML 相比, R/R AML 富集大量线粒体蛋白, RMRP 表达水平较高。RMRP 可能诱导 BMSCs 和 AML 之间的线粒体转移。RMRP 高表达与化疗耐药性密切相关, RMRP 高表达可引起 R/R AML 线粒体功能的多种异常相关, 其中包括: 线粒体代谢重编程、线粒体自噬水平降低、mtDNA 拷贝数增加和 mtDNA 甲基化下调。

结论 结轮: RMRP 高表达可引起 AML 细胞中存在的多种线粒体功能失调, 其可能是诱发化疗耐药和疾病复发的关键因素。RMRP 过高表达引起的线粒体功能失调可以为 R/R AML 化疗耐药提供创新见解和理论基础。

PO-0249

ZNF384 融合基因转录本水平在成人 急性 B 淋巴细胞白血病患者微小残留病监测中的意义

史宗焱^{1,2,3,4}、陈文敏^{1,2,3,4}、王旭^{1,2,3,4}、李玲娣^{1,2,3,4}、郝玥^{1,2,3,4}、李瑾莹^{1,2,3,4}、孙恺^{1,2,3,4}、江浩^{1,2,3,4}、江倩^{1,2,3,4}、黄晓军^{1,2,3,4}、秦亚漆^{1,2,3,4}

1. 北京大学人民医院
2. 北京大学血液病研究所
3. 国家血液系统疾病临床医学研究中心
4. 造血干细胞移植治疗血液病北京市重点实验室

目的 锌指蛋白 384 (ZNF384) 基因重排是急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 的一种新型融合基因类型并已用于分型。ZNF384 融合转录本水平在微小残留病 (MRD) 监测中的预后意义有待研究。

方法 纳入于 2009 年 8 月至 2022 年 7 月在本所确诊并接受治疗的 57 例成人 B-ALL 患者, 他们均在初诊时筛查出 ZNF384 融合基因。采用实时定量 RT-PCR 法系列监测这些患者初诊及治疗过程中 ZNF384 融合转录本水平。

结果 初诊时的 ZNF384 融合基因类型包括 EP300-ZNF384、CREBBP-ZNF384、TCF3-ZNF384、EWSR1-ZNF384 和 TAF15-ZNF384。ZNF384 融合转录本水平中位值为 91.2%（范围：2.9%-579.2%），因此我们把基线值定为 90%。基于复发绘制受试者工作特征（ROC）曲线，确定 ZNF384 融合转录本水平与基线值相比下降程度的最佳临界值在完全缓解（CR）时为 1.7-log，在巩固 1 疗程和 2 疗程治疗后均为 2.5-log。每个时间点 ZNF384 融合转录本水平高于该点临界值的患者被定义为 MRD-H 组，其余被定义为 MRD-L 组。在 CR 时，ZNF384 融合转录本水平下降程度对无复发生存（RFS）率和总生存（OS）率均无明显影响（ P 均 >0.05 ）；巩固 1 疗程后 MRD-H 组的 RFS 率和 OS 率均显著低于 MRD-L 组（ $P = 0.022$ 和 0.0083 ）；巩固 2 疗程后 MRD-H 组的 RFS 率和 OS 率同样显著低于 MRD-L 组（ $P = 0.0025$ 和 0.0008 ）。Landmark 分析显示，巩固 1 疗程后 MRD-H 组接受异基因造血干细胞移植的患者比仅化疗患者具有显著更高的 RFS 率和 OS 率（ $P < 0.0001$ 和 $= 0.0002$ ），巩固 2 疗程后的结果类似（ $P = 0.0003$ 和 0.019 ）；而巩固 1 疗程和 2 疗程的 MRD-L 组中治疗方式与 RFS 率和 OS 率均无关（ P 均 >0.05 ）。

结论 具有 ZNF384 融合基因的成人 B-ALL 患者 1 疗程和 2 疗程巩固治疗后的 ZNF384 融合转录本水平可预测复发，并指导是否应接受异基因造血干细胞移植。

PO-0250

MeRIP-qPCR 技术检测 RNA m⁶A 甲基化修饰 对 t(8;21) AML 细胞中 KDM4B 基因表达的调控作用

李雨晴^{1,2}、邵杨柳^{1,2}、李梦月^{1,2}、王莉莉³、高晓宁²

1. 解放军医学院

2. 解放军总医院第五医学中心血液病医学部

3. 解放军总医院第一医学中心血液科

目的 赖氨酸去甲基化酶 4B（KDM4B）在 t(8;21)急性髓系白血病（AML）细胞中高表达，并通过调控染色质可及性发挥癌基因作用，但 KDM4B 高表达的分子机制未明。本研究前期通过 RNA 甲基化免疫共沉淀（MeRIP）联合高通量测序技术发现，t(8;21)AML 细胞中，缺氧诱导因子 1a（HIF1a）可促进 RNA 甲基化调控蛋白 Wilms 瘤相关蛋白（WTAP）的表达并可能影响 KDM4B 基因 3'非翻译区（3'UTR）的 m⁶A 分布，本研究旨在在此基础上，进一步通过 MeRIP 联合逆转录实时定量 PCR（RT-qPCR）技术，证明 WTAP 介导的 RNA m⁶A 修饰对 t(8;21) AML 细胞中 KDM4B 基因的直接调控作用。

方法 采用靶向 WTAP 或 KDM4B 基因的短发夹 RNA（small hairpin RNA, shRNA）慢病毒载体沉默 t(8;21)AML 细胞系 Kasumi-1 和 SKNO-1 中 WTAP 或 KDM4B 基因表达，以转染随机打乱序列（scramble）的 shRNA 的细胞为对照。采用超纯 RNA 提取试剂盒（DNase I）提取细胞 RNA，采用 Magna MeRIP™ m⁶A Kit 试剂盒富集甲基化修饰片段，并通过 RT-qPCR 检测 m⁶A 甲基化修饰的 RNA 区域；采用 RIPA 裂解液提取细胞总蛋白，采用蛋白免疫印迹实验（Western Blot）和逆转录实时定量 PCR（RT-qPCR）技术检测细胞中 WTAP、KDM4B 基因蛋白和 mRNA 表达水平。采用克隆形成实验检测细胞体外克隆形成能力。

结果 沉默 Kasumi-1 细胞中 WTAP 的表达后，m⁶A 甲基化修饰在 KDM4B mRNA 3'UTR 的富集程度显著下降（ $P < 0.01$ ），沉默 Kasumi-1 和 SKNO-1 细胞中 WTAP 的表达可显著抑制 KDM4B 基因蛋白（ $P < 0.01$ ）和 mRNA 表达水平（Kasumi-1: $P < 0.001$; SKNO-1: $P < 0.01$ ）、细胞体外克隆形成能力下降（Kasumi-1: $P < 0.001$; SKNO-1: $P < 0.01$ ）。

结论 t(8;21) AML 细胞系中，WTAP 通过调控 KDM4B 基因 mRNA 3'UTR 的 m⁶A 修饰调控 KDM4B 的表达，沉默 KDM4B 表达可以抑制 t(8;21)AML 细胞增殖。

PO-0251

Low CD19-MFI in BALL cells before CAR T infusion predicted a good response and longer MRD-negative maintenance time

Ping Wang, Xiaojuan Deng, Yun Zhang, Yi Li, Yuxuan Du, Xiangui Peng, Chen Zhang, Yimei Feng, Xi Zhang
Medical Center of Hematology, The Xinqiao Hospital of Army Medical University

Objective To investigate the use of mean fluorescence intensity (MFI) of B-ALL leukemia cells to predict the response rate and duration of efficacy after anti-CD19-CART cell therapy.

Methods Patients receiving the same CD19-CAR product were retrospectively analyzed for treatment response and follow-up results. Firstly, the flow standardized monitoring protocol of minimal residual disease (MRD) in r/r B-ALL patients and the normalized standard method of CD19-MFI flow cytometry were established. Secondly, two methods, CD19-MFI (CD19-MdFIR) and tumor load (FCM-MRD+), were used to compare the response rate and efficacy maintenance time of CART treatment.

Results 23 r/r B-ALL patients were injected with a dose of $0.5-1.5 \times 10^5$ CAR T cells/kg from January 2018 to June 2020. The mean value of CD19-MFI and CD19-MdFIR in normal bone marrow mature B cells ($n = 15$) was 545.54 ± 18.55 and 2.71 ± 0.09 respectively by flow cytometry. Meanwhile, the mean value of CD19-MFI and CD19-MdFIR in bone marrow mature B cells of the 23 patients was 545.22 ± 42.25 and 2.73 ± 0.21 respectively ($P > 0.05$). Therefore, in this study, CD19-MFI = 545 and CD19-MdFIR = 2.73 were used as the criteria to determine the high and low fluorescence boundaries of leukemia cells. The Low CD19MdFIR group ($n = 9$) obtained MRD negative faster for CAR response ($P = 0.0333$). The median negative time of Low CD19MdFIR group was 14 days (95%CI 0.2072 to 1.207), and the median negative time of High CD19MdFIR group ($n=14$) was 28 days (95%CI 0.8288 to 4.826). The MRD negative maintenance time of Low CD19MdFIR group was not defined (95%CI 1.096 to 13.31), and the median MRD negative maintenance time of High CD19MdFIR group was 7.5 months (95%CI 0.075 to 0.912) ($P = 0.0353$). According to the tumor load group, 12 cases of high disease load group (bone marrow Blast cells $\geq 5\%$), 11 cases of low disease load group (FCM-MRD+ LAIP cells $< 5\%$); For CAR response, the median time to MRD-negative in both groups was 28 days (95% CI 0.414 to 2.413, $P = 0.0940$). At follow-up, the median MRD-negative maintenance time was 7 months in the high-burden group (95% CI 1.51 to 27.45). The duration of MRD negative maintenance in the low disease load group was not defined (95% CI 0.036 to 0.663), and there was a significant difference between the two groups ($P = 0.0119$). In the tumor load subgroup, the median time of MRD negative maintenance in the Low tumor load + Low CD19MdFIR group ($n = 5$) was not defined (95%CI 0.01258 to 0.6818). The median MRD negative maintenance time of low tumor load + High CD19MdFIR group ($n = 6$) was 9 months (95%CI 1.467 to 79.48). There was statistical difference between the two groups ($P = 0.0195$). In the High tumor load group, the MRD negative maintenance time of Low CD19MdFIR ($n = 4$) and high CD19MdFIR ($n = 8$) was about 25.00 months vs 4.00 months ($P = 0.0783$).

Conclusion Low CD19-MFI and CD19-MdFIR in B-ALL cells before CAR T infusion can be used as markers for good response and longer MRD-negative maintenance time. And the predictive efficacy of CD19 MFI is no less effective than that of tumor load assessment.

PO-0252

评价奥雷巴替尼治疗 FGFR1 重排的髓系/淋系肿瘤患者的探索性临床研究

蔡文治¹、窦雪晴¹、王荧¹、刘振芳²、朱雨³、田小波⁴、郭碧赞⁵、杨春梅⁶、陈苏宁¹、吴德沛¹

1. 苏州大学附属第一医院
2. 广西医科大学第一附属医院
3. 江苏省人民医院
4. 陆军军医大学第一附属医院
5. 厦门大学附属第一医院
6. 浙江大学医学院附属第一医院

目的 这是一项评价奥雷巴替尼联合移植治疗 FGFR1 重排的髓系/淋系肿瘤患者的有效性和安全性的前瞻性、单臂、开放、多中心的 2 期临床研究，目的是为了探索奥雷巴替尼联合移植治疗 FGFR1 重排的髓系/淋系肿瘤初诊和（或）疾病进展/复发患者的有效性和安全性。

方法 按照 2016 年 WHO 诊断标准筛选 FGFR1 重排的髓系/淋系肿瘤患者，包括初诊和（或）疾病进展/复发的患者，符合要求的受试者进入治疗组接受研究方案：MPN 组口服奥雷巴替尼 40mg qod 治疗，AL 组接受奥雷巴替尼 40mg qod 联合 AML/ALL 化疗方案。治疗时间为 28 天/周期，2 周期治疗后进行中期疗效评估，疗效评估为无反应者则退出研究。获得治疗反应的受试者，若存在合适供体且一般身体状况许可，将立即启动移植程序；若受试者无合适供体或一般身体状况较差不能耐受异基因造血干细胞移植（allo-HSCT），将继续初始治疗方案直至治疗结束。

结果 研究目前共入组 7 例患者，男：女=1:1，中位发病年龄 48（8-81）岁。疾病类型包括 3 例 MPN、1 例 B-ALL、3 例 T-ALL/LBL，FGFR1 重排对手基因包括例 5ZMYM2（71.4%）、1 例 BCR（14.3%）、1 例 CEP110（14.3%）。中位 WBC、Hb 和 PLT 分别为 46*10⁹/L、117g/L、175*10⁹/L。骨髓检查显示，3/4 例（75%）合并嗜酸性粒细胞增多，NGS 检测易见 RUNX1、STAG2 等基因突变异常。5 例患者（包括 3 例 MPN、1 例 B-ALL、1 例 T-LBL）在诱导期使用奥雷巴替尼，1 例老年 MPN 患者服用奥雷巴替尼 1 月后因新冠感染死亡，其他 4 例患者均快速获得血液学完全缓解（HCR），2/3 例（66.7%）在 2 个月疗效评估时为完全细胞遗传学缓解（CCyR）和完全分子生物学缓解（CMR），另 1 例尚未到达疗效评估时间。2 例患者进行 allo-HSCT，并在移植后继续奥雷巴替尼维持治疗预防复发，目前仍为 CCyR/CMR 状态（分别为 13 个月、9 个月）；1 例 MPN 患者使用奥雷巴替尼单药口服 10 个月，目前仍为 HCR 状态。所有患者未见到明确为奥雷巴替尼相关的血管阻塞、血细胞减少、肝功能异常等不良事件。

结论 奥雷巴替尼单药或联合化疗治疗 FGFR1 重排的髓系/淋系肿瘤患者具有高效的抗肿瘤活性，联合 allo-HSCT 有望使患者获得长期无病生存。

PO-0253

93 例新诊断慢性淋巴细胞白血病患者基因突变与首次治疗时间的预后分析

刘波、向茜茜、李甫、文钦、饶军、李佳丽、邓小娟、曾毓璟、周沙、刘红云、张曦、高力
陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 本研究探索初次诊断后较短时间内达到 TTFT 的 CLL 患者，通过分析他们的 TTFT 影响因素及突变基因的特点，试图在疾病早期找到更为有预测作用的驱动基因。

方法 收集陆军军医大学新桥医院血液病医学中心 2019 年 1 月至 2021 年 12 月初次诊断的 93 例 CLL 患者，按 2: 1 的比例将数据随机分为测试集和验证集，包括其临床和实验室特征。所有患者

进行了基于二代测序 (next generation sequencing, NGS) 技术对 CLL 相关的 72 个基因进行了靶向测序。至研究者统计分析时 (2022 年 12 月) 作为最后一次随访时间。采用 COX 风险回归模型用于评估患者特征与 TTFT 之间的相关性分析, 采用 R-4.1.2 进行生存分析及 Kaplan-Meier 曲线绘制。

结果 93 例患者的中位年龄为 57.3 岁 (34~81 岁), 其中男性 65 例 (69.8%), 女性 28 例。IGHV 突变 65 例 (69.9%), TP53 突变 5 例。FISH 检测到 del (11q) 患者 13 例 (16.1%), del (17p) 患者 5 例 (5.4%)。所有患者的中位随访时间为 27.0 个月 (95%CI 20.48-23.51), 34 名患者 (36.56%) 达到了 TTFT。共有 7 名患者 (7.53%) 死亡, 其中两名未达到 TTFT 的患者死于其他原因 (心血管事件和肺部感染), 而非疾病进展。31 例 TTFT 患者中有 4 例出现从 Richter's 转化。

分析测试集与验证集患者的无治疗生存率 (treatment free survival, TFS)。EGR2、FBXW7 和 RPS15 突变与较短的 TFS 相关。在测试集与验证集中, Cox 分析了 10 个单变量与 TFS 之间的关系, del (11q)、EGR2、FBXW7、RPS15 突变 ($P<0.05$) 被确定为不良预后因素。多变量回归分析发现, EGR2 突变 ($P=0.042$ 和 $P=0.015$) 显著影响两组患者 TFS, 作为较短 TTFT 不良结局的独立预测因子。

结论 NGS 在 TTFT 预后分析中发挥作用, EGR2、FBXW7、RPS15 突变与较短的 TTFT 相关。EGR2 突变是不良预后的独立预测因素。

PO-0254

Comparison of autologous, matched sibling, and alternative donor stem cell transplant outcomes for acute myeloid leukemia patients in first remission: a propensity score matching study

Mingyang Wang, Erjie Jiang
Peking Union Medical College

Objective Autologous hematopoietic stem cell transplantation (auto-HSCT), matched sibling donor HSCT (MSD-HSCT), and alternative donor HSCT (AD-HSCT) are viable post-remission treatment options for acute myeloid leukemia (AML). In the present study, we aim to retrospectively compare auto-HSCT with MSD-HSCT and AD-HSCT in de novo AML patients who are in CR1 with favorable or intermediate risk, according to 2022 ELN criteria.

Methods A total of 283 de novo favorable- and intermediate-risk AML patients, based on the ELN 2022 criteria, in first complete remission were initially included for propensity score matching. Following the matching process, 126 patients were selected for further analysis, with 42 patients in each of the auto-HSCT, MSD-HSCT, and AD-HSCT groups.

Results Among the AD-HSCT group, 38 of 42 (90.5%) patients received haploidentical HSCT (haplo-HSCT). In patients with persistent undetectable measurable residual disease (uMRD) before transplant ($n=83$), overall survival (OS) was similar across the groups. However, auto-HSCT showed a trend of increased disease-free survival (DFS) compared to AD-HSCT (HR 2.85, $P=0.09$), resulting in a 3-year DFS and OS of 79.1% and 82.8%, respectively. In the non-persistent uMRD group ($n=38$), auto-HSCT exhibited a tendency to increase the risk of relapse, particularly when compared to AD-HSCT (HR 0.24, $P=0.07$), but this did not result in inferior OS. The monthly direct medical cost per patient within the first two years after HSCT was significantly lower in auto-HSCT compared to MSD-HSCT ($P=0.015$) and AD-HSCT ($P<0.001$).

Conclusion Our results provide evidence for the use of auto-HSCT as a viable therapeutic option for favorable- and intermediate-risk de novo AML patients in first complete remission with persistent uMRD. Additionally, our findings demonstrated a notable cost advantage associated with auto-HSCT compared to MSD-HSCT and AD-HSCT.

PO-0255

一例应用 B 细胞组库技术研究 CLL 合并发生 DLBCL 的病例

朱广超

河南省肿瘤医院

目的 慢性淋巴细胞白血病 (chronic lymphocytic leukemia, CLL) 是一种具有特定免疫表型特征的成熟 B 淋巴细胞在外周血、骨髓、脾脏和淋巴结异常增殖的血液肿瘤, 主要发生在中老年人群。弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (diffuse large B cell lymphoma, DLBCL) 是一种来源于成熟 B 细胞的侵袭性肿瘤, 是最常见的非霍奇金淋巴瘤类型, 约占全部非霍奇金淋巴瘤的 25%-50%。DLBCL 最常见于男性, 平均诊断年龄为 55 岁, DLBCL 可能出现在全身的任何器官, 而最常受影响的结外位置是胃肠道。虽然 DLBCL 偏好胃肠道, 但原发性结直肠淋巴瘤仍然是一种罕见的诊断, 占胃肠道淋巴瘤的 3%和整个结直肠恶性肿瘤的 0.1%-0.5%。DLBCL 是原发性结直肠淋巴瘤最常见的组织学亚型, 与 DLBCL 相关的危险因素包括遗传性免疫缺陷疾病 (如常见的可变性免疫缺陷、共济失调-毛细血管扩张症)、自身免疫学疾病 (如 SLE、干燥病、类风湿性关节炎)、药物免疫抑制 (如器官移植患者) 和病毒 (如 HIV, HCV, HHV8, EBV)。本文报道一例同时诊断出 CLL 和结直肠回盲部 DLBCL 的病例, 为了探究该病人 CLL 和 DLBCL 的相关性, 我们利用基于 NGS 的 B 细胞组库检测技术对该病人的外周血和结直肠回盲部的病理切片样本进行检测, 并比对这两个样本的 B 细胞克隆的序列, 探索其相关性。

方法 本病例主要应用免疫组化, FISH, 细胞形态学检测等方法确认病人结直肠回盲部为 DLBCL, 应用流式细胞术等确认骨髓和外周血中为 CLL, 然后利用 B 细胞组库技术分别对结直肠回盲部的病理切片样本和外周血样本检测, 并对这两个样本的 B 细胞组库中重链和轻链的 TOP10 克隆的 CDR3 序列进行比对, 分析这两个样本的 B 细胞克隆的相关性。

结果 结果发现两个样本 IGH 的 TOP10 克隆中有三个克隆的 CDR3 序列完全一样, IGL 的 TOP10 克隆中有两个克隆的 CDR3 序列完全一样。

结论 该病人同时患有 CLL 和结直肠回盲部的 DLBCL, 应用 B 细胞免疫组库的方法检测到 CLL 和 DLBCL 均有多个优势克隆, 且这些优势克隆存在一定的相关性, 这对于理解该病人的发病机制有一定的帮助。

PO-0256

HIF1 α 通过 WTAP 介导 RNA 甲基化 (m6A) 修饰上调 PHF19 的表达促进 t (8; 21) 急性髓系白血病细胞的增殖李雨晴^{1,2}、李梦月^{1,2}、周辉晟^{1,2}、王莉莉³、高晓宁²

1. 解放军医学院

2. 解放军总医院第五医学中心血液病医学部

3. 解放军总医院第一医学中心血液科

目的 在 t (8; 21) 急性髓系白血病 (AML) 中, 缺氧诱导因子 1 α (HIF1 α) 高表达并促进 RNA 甲基化修饰酶 Wilms 瘤 1 关联蛋白 (WTAP) 表达, 前期经甲基化 RNA 免疫共沉淀和高通量测序技术筛选出可能受 HIF1 α -WTAP 通路调控的下游靶基因, 本研究旨在探索受 HIF1 α -WTAP 介导的 m⁶A 修饰的下游靶基因及其在 t (8; 21) AML 中的生物学功能。

方法 以 t (8; 21) AML 细胞系 Kasumi-1 和 SKNO-1 为模型, 采用慢病毒介导的 shRNA 沉默 WTAP 表达, Western Blot 和实时定量 PCR (RT-qPCR) 检测 PHF19 蛋白及 mRNA 表达水平的变化。用放线菌素 D 处理细胞不同时间, RT-qPCR 检测 mRNA 水平以评估 mRNA 稳定性。采用

慢病毒介导的 shRNA 沉默 Kasumi-1 和 SKNO-1 细胞系中 PHF19 表达，采用克隆形成实验检测沉默 PHF19 后细胞体外增殖能力变化；采用流式细胞术检测细胞体外分化和凋亡能力变化。

结果 与转染 Scramble 对照组相比，转染 WTAP shRNA 的 Kasumi-1 和 SKNO-1 细胞中 PHF19 的蛋白和 mRNA 表达水平均显著下降，且 PHF19 mRNA 稳定性明显降低，提示 WTAP 增加 PHF19 m⁶A 水平并促进其表达。稳定沉默 PHF19 蛋白表达后，细胞克隆团数明显下降且克隆团大小显著变少，同时细胞分化标志 CD11b 和 CD15 的表达增加、细胞凋亡增加。

结论 HIF1 α 可能通过 WTAP 介导的 m⁶A 修饰促进 PHF19 表达，且 PHF19 促进 t(8; 21) AML 细胞增殖、抑制细胞分化和凋亡，为进一步研究 PHF19 在 t(8; 21) AML 中发挥促白血病细胞增殖的机制奠定基础。

PO-0257

儿童 iAMP21-ALL 细胞遗传学特征及预后分析

刘建拓¹、李鸿瑞¹、贺艳丽²、陈祥俊²

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨伴 21 号染色体内部扩增 (iAMP21) 的儿童急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 的细胞遗传学特征及预后。

方法 回顾性分析 12 例 FISH 确诊伴有 iAMP21 异常 (间期细胞 RUNX1 \geq 5 且 RUNX1/Tel21q 比值 $>$ 1) 的儿童 B-ALL 临床资料。

结果 12 例伴 iAMP21 患儿中，男、女性各 6 例，初诊中位年龄 7.6 岁 (4~11 岁)，初诊中位 WBC 34.7 \times 10⁹/L (1.2 \times 10⁹/L~300 \times 10⁹/L)，初诊时 9 例伴发热，7 例贫血、6 例淋巴结肿大，1 例左大腿肿痛，1 例双侧脚背疼痛，1 例肝脾肿大，血液肿瘤免疫分型均为 B-ALL。采用 ETV6/RUNX1 探针检测间期细胞 RUNX1 数目，4 例 5 个拷贝，6 例 5~12 拷贝，2 例 $>$ 10 拷贝；采用 Tel21q 探针检测间期细胞近端粒区数目，4 例 1 个拷贝，1 例 2 个拷贝，7 例 3~5 个拷贝，RUNX1/Tel21q 比值最小 1.67，最大 $>$ 10。4 例患儿 M-FISH 检出 iAMP21 染色体，形态表现为 mar、r(21)c 及 add(21)c，其余患者因核型正常或无分裂相未能检出。MLPA 结果提示 1 例 IKZF1 缺失，1 例 CDKN2A/B、ETV6、BTG1、RB1 缺失，1 例 RB1、ERG 缺失，其余病例未见异常。所有患儿参照 CCCG-ALL-2020 中危组化疗方案进行治疗，8 例巩固治疗后 MRD $<$ 0.01%，2 例 MRD $>$ 0.01%，接受 CAT+治疗后，骨髓复查 MRD 转阴，至随访结束，10 例伴 iAMP21 患儿 MRD 持续阴性，还有 2 例为刚入组患儿，正在治疗中。

结论 iAMP21 是一种原发性遗传学改变，包含一段含 RUNX1 基因的共同扩增区域，此外患者在近端粒区伴有缺失异常，除 iAMP21 外，大部分患者伴有其他继发性遗传学改变。临床诊断 iAMP21-ALL 时，需与超二倍体 ALL 中获得性 21 三体/四体综合鉴别。iAMP21-ALL 与不良预后有关，强化治疗有效。

PO-0258

维奈克拉联合阿扎胞苷治疗初治急性髓系白血病的疗效分析

王静雅、李振玲

中日友好医院

目的 探究维奈克拉联合阿扎胞苷 (VEN+AZA) 在初治不适合强化疗 (unfit) 急性髓系白血病 (AML) 患者中的疗效，并与阿扎胞苷单药治疗效果进行对比。

方法 回顾性分析中日友好医院 2020 年 5 月 31 日至 2023 年 2 月 28 日接受 VEN+AZA 治疗（VEN 100mg 第 1 天、200mg 第 2 天、400mg 第 3-28 天；AZA 75mg/m² 第 1-7 天，皮下注射）24 例以及 2019 年 5 月 20 日至 2021 年 8 月 20 日接受 AZA 单药（75mg/m² 第 1-7 天，皮下注射 每 28 天）治疗的 10 例初治 unfit AML 患者。分析各组完全缓解/血细胞计数未完全恢复的完全缓解（CR/CRi）率、总体反应率（ORR）和中位生存时间（OS）。

结果 VEN+AZA 组 24 例患者中位年龄 72 岁（57-84）岁，男性 12 例（50%），中位随访时间 31（6.9-55.1）个月。17 例患者（70.8%）达到 CR/CRi，2 例患者（8.3%）达到部分缓解（PR），ORR 为 79.1%。AZA 单药组 10 例患者中位年龄 71 岁（61-81）岁，男性 4 例（40%）。4 例患者（40%）达到 CR/CRi，2 例患者（20%）达到部分缓解（PR），ORR 为 60%。VEN+AZA 组伴 IDH1/IDH2 突变的患者 CR/CRi 率为 78%，FLT3 突变为 67%，NPM1 突变为 80%，TP53 突变为 50%。VEN+AZA 组中位生存时间为 12.7（7.5-15.51）个月，AZA 组中位生存时间为 8.8（5.9-12.1）个月。VEN+AZA 组获得 CR/CRi 患者中位生存时间为 14.7（11.0-17.6）个月，显著优于未获得 CR/CRi 的患者（中位 OS 3.0（1.7-4.3）个月），P<0.001。VEN+AZA 作为诱导及维持治疗总体耐受性好。

结论 VEN+AZA 在初治 unfit AML 患者中可获得较高的治疗反应率，优于 AZA 单药治疗。其在伴 IDH1/IDH2、NPM1、FLT3 等基因突变的 AML 患者中缓解率较高。

PO-0259

Comprehensive analysis of ID genes reveals the clinical and prognostic value of ID3 expression in acute myeloid leukemia using bioinformatics identification and experimental validation

Jingdong Zhou, Tingjuan Zhang
Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

Objective Dysregulation of inhibitor of differentiation/DNA binding (ID) genes is linked to cancer growth, angiogenesis, invasiveness, metastasis and patient survival. Nevertheless, few investigations have systematically determined the expression and prognostic value of ID genes in acute myeloid leukemia (AML).

Methods The expression and clinical prognostic value of ID genes in AML were first identified by public databases and further validated by our research cohort.

Results Using public data, the expression of ID1/ID3 was markedly downregulated in AML, and the expression of ID2 was greatly upregulated in AML, whereas ID4 showed no significant difference. Among the ID genes, only ID3 expression may be the most valuable prognostic biomarker in both total AML and cytogenetically normal AML (CN-AML) and especially in CN-AML. Clinically, reduced ID3 expression was greatly associated with higher white blood cell counts, peripheral blood/bone marrow blasts, normal karyotypes and intermediate cytogenetic risk. In addition, low ID3 expression was markedly related to FLT3 and NPM1 mutations as well as wild-type TP53. Despite these associations, multivariate Cox regression analysis revealed that ID3 expression was an independent risk factor affecting overall survival (OS) and disease free survival (DFS) in CN-AML patients. Biologically, a total of 839 mRNAs/lncRNAs and 72 microRNAs were found to be associated with ID3 expression in AML. Importantly, the expression of ID3 with discriminative value in AML was further confirmed in our research cohort.

Conclusion The bioinformatics analysis and experimental verification demonstrate that low ID3 expression independently affects OS and DFS in patients with CN-AML, which might be seen as a potential prognostic indicator in CN-AML.

PO-0260

肿瘤继发治疗相关 MDS 和 AML 的临床特征及预后研究

徐旭升^{1,2}、吴昊¹

1. 四川大学华西医院

2. 九江市第一人民医院

目的 探讨肿瘤继发治疗相关骨髓增生异常综合征和急性髓系白血病（t-MDS/AML）的临床特征、细胞遗传学、分子生物学特点、疗效以及预后

方法 本研究回顾性分析了四川大学华西医院 86 例肿瘤继发性 t-MDS/AML 患者临床资料，分析肿瘤后继发 MDS/AML 患者的临床特征、分子生物学特点、髓系肿瘤治疗及其生存情况。生存分析采用 Kaplan-Meier 方法，组间生存比较采用 Log-rank 检验， $p < 0.05$ 为差异有统计学意义

结果 研究共纳入 86 例肿瘤继发 t-MDS/AML 患者；t-AML 患者 67 例，其中遗传学低危患者有 20 例（29.9%），低危组患者中位 OS 36 个月；中危组 10 例（14.9%），中位 OS 为 6 个月；高危有 32 例（47.8%），中位 OS 为 8 个月，无法定义危险分层的 5 例（13.5%）。非 APL 的 AML 低危组患者中位 OS 为 22 个月，对比高危组存在统计学差异（ $p = 0.012$ ）。9 例 APL 病例均按照原发初治 APL 诱导维持治疗，中位 OS 未达到，1、2、3 年 OS 率分别为 100%、75%、75%。58 例非 APL 的 t-AML 患者中，52 例（89.7%）接受化疗，首次诱导化疗完全缓解 16 例（30.8%）。非 APL 的 s-AML 患者的 1、2、3 年 OS 率分别为 47.7%、22.9%、13.4%；其中化疗的患者生存期优于支持治疗，化疗患者中位 OS 为 12 个月，未接受化疗患者中位 OS 为 4 个月，存在统计学差异（ $p = 0.025$ ）。经化疗达到骨髓缓解的患者中位 OS 显著长于未能缓解的病人（24 个月 vs. 6 个月， $p = 0.001$ ）。13 例患者使用含维奈克拉方案化疗，中位 OS 为 12 个月，和不含维奈克拉方案化疗对比尚无明显生存优势（ $p = 0.437$ ）。19 例 t-MDS 患者中，1、2、3 年 OS 率分别为 46.8%、17.5%、11.7%，中位 OS 为 12 个月，与 t-AML 相比差异无统计学意义（ $p = 0.63$ ）

结论 t-MDS/AML 是肿瘤患者的远期并发症之一，真实世界中该类患者治疗不充分，并且缓解率低、长期预后差，1 年内病死率高；但基于细胞遗传学/分子生物学分层后，低危组患者预后较高危组患者更好。后续仍需更多的研究来评估及优化治疗方案。

PO-0261

CLAG+VEN 挽救治疗复发/难治急性髓系白血病的疗效和安全性研究

余国攀、尹昭、张钰、江雪杰、聂夏琪、姚足容、徐丹、周红升、史鹏程、刘慧、刘启发
南方医科大学南方医院

目的 研究 CLAG+VEN 方案挽救性治疗复发/难治急性髓系白血病（RR-AML）的疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2021-7 到 2023-6 期间南方医院收治的接受 CLAG+VEN 方案挽救治疗的 RR-AML 患者；CLAG+VEN：克拉曲滨 5mg/m² d1-5，Ara-C 1-1.5g/m² d1-5，PEG-G-CSF 6mg d0，维奈克拉 400mg d2-8。

结果 33 例患者纳入研究，中位年龄 42（15-72）岁，男/女 17/16，de novo/sAML 为 31/2，原发耐药/复发 17/16；ELN 低、中、高危分别为 7、10、16；既往中位化疗 2（1-12）疗程，2 例 allo-HSCT 后复发，14 例有 HMA 暴露。经 CLAG+VEN 治疗后，24（72.7%）例获得治疗反应，其中 22（66.7%）例 CR/CRi，15（45.5%）例 MRD 阴性（占 CR/CRi 患者的 68.2%）。多因素分析提示 HMA 暴露、FLT3 突变、ELN 高危是 CR/CRi 不利因素。15（45.5%）例桥接 allo-HSCT。中位随访 3（1-23）月，3（12.5%）例复发，5（15.2%）例死亡，其中 3 例与白血病相关，2 例死于移植并发症。CR/CRi 患者的 mOS 为 19.8（15.8-23.8）月，non-CR/CRi 患者 5.1（2.7-7.5）月

($P=0.013$)。CLAG+VEN 治疗, 粒缺中位时间为 19 (11-40) 天, 25 (75.6%) 例发生感染, 30、60 天死亡率均为 0。

结论 CLAG+VEN 治疗 RR-AML 的 CR/CRi 率为 66.7%, 其中 MRD 阴性率为 68.2%, 且耐受性良好, 提示可能可作为 RR-AML 挽救方案选择之一。

PO-0262

Homoharringtonine Enhances the Anti-leukemia Effect of Venetoclax in Acute Myeloid Leukemia with t(8;21)(q22;q22) via Regulation of c-Myc/Bim axis

Zhao Yin, Zurong Yao, Xiaqi Nie, Yu Zhang, Hua Jin, Hui Liu, Dan Xu, Xuejie Jiang, Pengcheng Shi, Qifa Liu, Baohong Ping, Guopan Yu
Department of Hematology, Nanfang Hospital, Southern Medical University

Objective Recently, small cases reports showed that acute myeloid leukemia (AML) with translocation (8;21)(q22;q22) [t(8;21) AML] responded poorly to venetoclax (VEN) plus azacitidine (AZA) (VA) regimen. Our previous study revealed homoharringtonine (HHT) enhanced the the killing effect of VA in AML. This study went further to explore the mechanism of VEN-resistance and the synergetic effect of VEN and HHT (VH) in overcoming resistance in t(8;21) AML.

Methods Patients with/without t(8;21) AML, being treated with VA with/without HHT were included for response assessment. Synergetic effect and mechanism of VEN combined with HHT or AZA was studied in cell lines, primary cells and mice.

Results Patients with t(8;21) AML acquired significantly lower CR/CRi rate than those without, with VA regimen as frontline (1/5 vs. 56/82, $P=0.027$) or salvage treatment (1/10 vs. 60/127, $P=0.023$), while the CR/CRi rate was comparable between the two cohorts with VA plus HHT (VAH) as salvage treatment (9/13 vs. 102/152, $P>0.05$). Synergetic effect in anti-leukemia was observed in VH but not VA in t(8;21) AML cell lines, primary cells and cell line-derived xenograft mice. Transcriptome RNA-sequencing and western blot detection found c-Myc and its downstrig signaling were significantly decreased with the treatment of VH but not VA as compared to the controls. In addition, VEN induced accumulation of c-Myc in t(8;21) cells. Genetic silencing or pharmacological inhibition of c-Myc restored VEN sensitivity in t(8;21) cells. Co-immunoprecipitation assay found Bim, the crucial BH3-only protein, participated in the course of VH-inducing apoptosis. Direct or indirect inhibition of c-Myc increased expression of Bim, while overexpression of c-Myc significantly inhibited the transcription of Bim in t(8;21) cells. CUT&RUN assay revealed two functional sites of c-Myc binded to the promoter of Bim gene.

Conclusion Abnormal activation of c-Myc might contribute to the resistance of VEN via suppression of Bim in t(8;21) AML. HHT might enhance the killing effect of VEN by regulation of c-Myc/Bim axis.

PO-0263

Maintenance therapy with chidamide decreases the relapse in fusion gene-positive AML patients with MRD-positive or ELN-high risk

Zhao Yin¹, Jixian Huang², Huiqing He³, Xuejie Jiang¹, Hongsheng Zhou¹, Pengcheng Huang⁴, Xiaqi Nie¹, Xu Zhang¹, Pengcheng Shi¹, Hui Liu¹, Qifa Liu¹, Guopan Yu¹

1. Department of Hematology, Nanfang Hospital, Southern Medical University
2. Department of Hematology, Yuebei people's hospital, Shaoguang, China
3. Department of Hematology, Zhongshan City People's Hospital, Zhongshan, China
4. Department of Hematology, Zhaoqing city first people's hospital, Zhaoqing, China

Objective Acute myeloid leukemia (AML) patients with fusion gene-positive including core binding factor (CBF), mixed-lineage leukemia (MLL) gene rearrangement have a high incidence of relapse if they are continuous measurable residual disease (MRD)-positive or in ELN-high risk and could not be bridged to allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). As known histone deacetylase (HDAC) is abnormally recruited in these fusion gene-positive AML, also RUNX1 mutated AML, and could be a therapy target. Aim of this study is to assess the effect and safety of HDAC inhibitor chidamide as maintenance therapy in these AML patients.

Methods A multi-center retrospective study was performed. Patients with MRD-positive CBF-AML, MLL rearrangement or RUNX1 mutation AML, without being bridged to allo-HSCT were included. Maintenance with chidamide was started one to three months after consolidation for at least six months, at a dose of 10mg/day or 30mg twice a week.

Results Twelve patients were enrolled, included 8 with AML1-ETO-positive, 3 with RUNX1 mutation, 1 with MLL rearrangement. The median age was 33(16-62) years old. The ratio of male to female was 6 to 5. They previously experienced median 6(4-8) cycles of chemotherapy, included one with allo-HSCT, one with autologous-HSCT. They were all maintained with chidamide, except one with chidamide plus sorafenib. Eleven patients were available for outcome assessment. With a median follow-up of 14(2-67) months, among the 9 patients with MRD-positive, 6(66.7%) achieved MRD-negative, 1 stable disease, 2 relapsed and died. The median time to achieved MRD-negative was 2.5(1-12) months. The other 2 patients was continuous MRD-negative. The cumulative incidence of relapse was 2/11(18.2%). The rate of MRD-negative was 8/11(72.7%). The mortality rate was 2/11(18.2%). During the maintenance, 4 patients underwent bone marrow suppression, including 2 with grade 3, 2 with grade 1/2. One patients had an anorexia of grade 2.

Conclusion Maintenance therapy with chidamide might decrease the relapse in fusion gene-positive AML patients with MRD-positive or ELN-high risk, who could not take allo-HSCT, and prolong their survival, with a well toleration.

PO-0264

吉瑞替尼联合治疗在复发/难治的 FLT3-ITD 突变的急性髓系白血病患者中的研究

陈念慈^{1,2}、潘佳佳^{1,2}、周一乐^{1,2}、娄引军^{1,2}、毛莉萍^{1,2}、钱劫靖^{1,2}、许改香^{1,2}、韦菊英^{1,2}、周德^{1,2}、寿黎红³、黄黎⁴、颜敏超⁵、范翠华⁶、吴功强⁷、封蔚莹⁸、佟红艳^{1,2}、金洁^{1,2}、王华锋^{1,2}

1. 浙江大学医学院附属第一医院血液科
2. 浙江省血液肿瘤(诊治)重点实验室
3. 湖州中心医院
4. 金华市人民医院
5. 嘉兴市第一医院
6. 树兰(杭州)医院
7. 东阳市人民医院
8. 绍兴市人民医院

目的 探究吉瑞替尼联合去甲基化药物或维奈克拉或三者联合治疗在复发/难治的 FLT3-ITD 突变的急性髓系白血病患者中的临床疗效和安全性。

方法 本研究回顾性分析了 33 例复发/难治 AML 患者采用吉瑞替尼联合治疗的疗效及安全性。患者诊断时间为 2020 年 6 月至 2023 年 4 月。吉瑞替尼联合治疗分为以下三组：吉瑞替尼联合去甲基化药物、维奈克拉，G+HMA+VEN；吉瑞替尼联合去甲基化药物，G+HMA；吉瑞替尼联合维奈克拉，G+VEN。评估标准包括：复合缓解率(composite complete response, CRc)：CR+CRh+CRi；改良的复合缓解率(modified composite complete response, mCRc)：CR+CRh+CRi+MLFS；总生存期(overall survival, OS)；缓解持续时间(duration of response, DOR)及 3-4 级不良反应(adverse effects, AEs)。

结果 本研究共纳入 7 个研究中心，33 例患者。其中，G+HMA+VEN 组患者 CRc 及 mCRc 分别为 66.7% (12/18) 和 88.9% (16/18)，明显高于 G+HMA 组 (CRc: 18.2%, 2/11; mCRc: 45.5%, 5/11) 或 G+VEN 组 (CRc: 50.0%, 2/4; mCRc: 50.0%, 2/4)。G+HMA+VEN、G+HMA 及 G+VEN 三组患者中位随访时间分别为 214.0 天、324.0 天、224.0 天。G+HMA+VEN 组患者中位 OS 暂未达到，G+HMA 及 G+VEN 组中位 OS 分别为 145.5 天、231.0 天(G+HMA+VEN vs G+HMA, p=0.011)。G+HMA+VEN 组患者中位 DOR 暂未达到，G+HMA 及 G+VEN 组中位 DOR 分别为 82 天及 77 天(G+HMA+VEN vs G+VEN, p=0.040)。在 G+HMA+VEN 组，有 4 例患者在获得缓解后成功了进行了 allo-HSCT 并获得 MRD 阴性的完全缓解和长期生存。在三组中，最常见的 3-4 级不良反应包括血细胞减少，发热性中性粒细胞减少及肺部感染，这些在三组之间均无显著性差异。

结论 吉瑞替尼联合去甲基化药物及维奈克拉能有效提高复发/难治的 FLT3-ITD 突变的 AML 患者的临床疗效，并可能成为移植前桥接治疗的新方案。

PO-0265

CD19 靶向免疫治疗急性 B 淋巴细胞白血病系别转化病例报告

李静^{1,2,3}、郑晓云^{1,2,3}、杨小珠^{1,2,3}、邱宗建^{1,2,3}、陈萍^{1,2,3}、黄纲雄⁴、胡建达⁵

1. 福建医科大学附属协和医院
2. 福建省血液病研究所
3. 福建省血液病学重点实验室
4. 福建医科大学免疫研究所
5. 福建医科大学附属第二医院

目的 CD19 靶向免疫治疗, 包括 CD3、CD19 双特异性 T 细胞结合 (BiTE) 抗体 Blinatumomab 及 CD19 特异性抗原嵌合受体 T 细胞免疫治疗 (CD19 CAR-T-cell therapy), 已成为复发难治性急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 重要选择, 这些疗法利用患者的免疫系统靶向癌细胞, 提高生存率, 降低化疗毒性。但免疫治疗后仍有复发的风险, 甚至出现急性白血病系别转变, 其具体机制尚不明确。本研究通过回顾分析 3 例复发难治性 B-ALL 患者诊治过程及分子生物学指标, 探讨 CD19 靶向免疫治疗后急性白血病系别转化的可能机制。

方法 急性白血病诊断参照 WHO2008 诊断标准, 通过形态学+组化染色、流式细胞学、G 显带染色体分析及基因测序法检测白血病融合基因及外显子测序等方法进行监测。B-ALL 患者初治化疗方案参照 CALLG 2008 方案; B-ALL 复发后, 其中 1 例患者接受 Blinatumomab 治疗, 1 例患者接受 CD19 CAR-T 细胞治疗, 1 例患者先后接受 Blinatumomab 及 CD19 CAR-T 细胞治疗。

结果 3 名患者初诊及第一次复发时均符合 B-ALL 诊断, 无双表型或双克隆 AL 改变; 复发后接受 Blinatumomab 及 CD19 CAR-T 细胞治疗后, 患者均通过流式细胞术确定达到了 CR; 然而, 治疗后 1-3 个月不等时间再次出现急性白血病复发, 流式细胞学符合 AML 改变, CD19 表达阴性; 接受 CAR-T 细胞治疗的 2 例患者复发时外周血及骨髓仍能检测到 CAR-T 细胞。

结论 CD19 靶向免疫疗法彻底改变了 B-ALL 的治疗面貌, 在部分患者中实现了有效、持久的临床反应。然而, 免疫治疗后可能出现系别转化的风险应引起我们足够的关注, 其中的机制, 尤其是白血病细胞可能存在的免疫逃避机制有待进一步探讨。

PO-0266

Pronton NMR-based metabolomics reveal potential metabolic disorders of drug-resistant acute lymphoblastic leukemia cells

Yang Chen¹, Alimire Abudureyimu¹, Chenchen Wang¹, Qin Zhang¹, Weiquan You¹, Rong Hu¹, Mengyao Wang¹, Lingyan Wang², Jianping Xu¹, Pengfei Guo³, Donghong Lin¹, Yang Chen

1. Fujian Medical University
2. Department of Hematology, Fujian Institute of Hematology, Fujian Provincial Key Laboratory on Hematology, Fujian Medical University Union Hospital
3. Department of Electronic Science, Fujian Provincial Key Laboratory of Plasma and Magnetic Resonance, Xiamen University

Objective Drug resistance is highly associated with poor prognosis of acute lymphoblastic leukemia (ALL), while current methodologies were emasculated by some limitations in the cytotoxicity test on drug efficacy and mechanism of action. New approaches for prediction of drug resistance have increasingly attracted attention. This work aims to explore metabolic characteristics between doxorubicin hydrochloride (DOX)-resistant ALL cells Nalm6/DOX and its parental cells Nalm6. This is a preliminarily study to understand the molecular mechanisms and determine characteristic metabolites for chemo sensitivity from metabolomics aspect.

Methods Cell viability and western blot for P-glycoprotein expression were used to identify the chemoresistant status. Nuclear magnetic resonance (NMR)-based metabolomics of ALL cells Nalm6/DOX and its parental cells Nalm6. Cell extracts and cultured media were utilized to reveal metabolic alterations related to drug resistance. Pattern recognition and bioinformatics were performed to identify characteristic metabolites which were used subsequently to draw the map of relative biochemical pathways by combining Kyoto encyclopedia of genes and genomes database.

Results The results showed that in order to inhibit 50 percent of Nalm6/DOX cell growth, approximately 110.64 times of DOX should be added than that of Nalm6 ($p < 0.05$). The content of P-glycoprotein, which is closely related to the drug resistance of ALL cells, was also significantly increased. Both cell extracts-derived and cultured media-derived characteristic metabolites were considered to be responsible for alterations due to drug resistance. Among these characteristic metabolites, cell extracts and cultured media shared four metabolites, including glutamine, glutamate, α -glucose, and lactate, in which all of them appeared to be elevated in Nalm6/DOX with the exception of an decrease in lactate. Finally, relative altered metabolic pathways were combed, including branched-chain amino acid metabolisms, lipid metabolism and phosphate pentose pathway, as well as TCA cycle.

Conclusion It is concluded that Nalm6 cells were typically accompanied by altered energy metabolisms and may progress to chemoresistance with certain molecular events. The NMR-based metabolomics is characterized by unbiased fingerprints and could enable a potential translation to the clinical ALL practice for a switch to metabolite-driven personalized medicine.

PO-0267

Role of 4E-BP1-eIF4E-Mcl-1 axis in regulating inhibition effect of HHT and ATO on AML cells in microenvironment

Ping Chen, Kaiting Lin, Bicun Lin, Meijuan Huang

Fujian Institute of Hematology, Fujian Provincial Key Laboratory on Hematology, Fujian Medical University Union Hospital

Objective This present study was designed to investigate the role of the 4E-BP1-eIF4E-Mcl-1 axis in the AML cell killing effect mediated by the combined administration of HHT and ATO and to further elucidate the underlying mechanism of the killing effect induced by HHT and ATO.

Methods 1. AML cells and human stromal cells (HS-5) were used to establish a co-culture system with which to simulate the AML bone marrow microenvironment. The sensitivity of AML cells to drugs was determined before and after the co-culture. 2. The expression profile of proteins associated with the 4E-BP1-eIF4E-Mcl-1 axis was investigated before and after the co-culture. The detailed mechanism of the 4E-BP1-eIF4E-Mcl-1 axis during HHT and ATO administration was investigated using small-molecule inhibitors of eIF4E and Mcl-1. 3. A humanized mouse AML model was constructed via subcutaneous injection of AML cells and utilized to investigate the mechanism of HHT-and ATO- mediated cell-killing effects.

Results 1. Adhering co-culture significantly reduced the sensitivity of AML cells to HHT and ATO. The expression level of p-eIF4ESer209, Mcl-1, p-4E-BP1Thr37/Thr46, and p-Mnk1Thr197/Thr202 significantly increased after being co-cultured with HS-5 cells, while the expression level of eIF4E, 4E-BP1, and Erk1/2 remained unchanged after the co-culture. The administration of HHT and ATO significantly reduced the expression of p-eIF4ESer209, Mcl-1, p-4E-BP1Thr37/Thr46, and p-Mnk1Thr197/Thr202 in AML cells. 2. The overexpression of eIF4E led to a reduction in chemosensitivity, while the knockdown of eIF4E enhanced chemosensitivity in AML cells. The administration of small-molecule inhibitors further confirmed that the AML cell-killing effect of HHT and ATO was mediated using the 4E-BP1-eIF4E-Mcl-1 axis. 3. The combined administration of HHT and ATO synergistically eradicated HL-60 AML cells in vivo and significantly reduced the volume of tumors, as well as reducing the tumor burden. The results of

immunofluorescence assays also revealed reduced in situ expression of p-4E-BP1Thr37/Thr46, p-eIF4Eser209, and Mcl-1 after HHT and ATO administration.

Conclusion Activation of the 4E-BP1-eIF4E-Mcl-1 axis regulates the chemosensitivity of AML cells to HHT and ATO. Inhibition of this axis will help to enhance the chemosensitivity of AML cells to drugs.

PO-0268

AML 患者化疗后 PLT 计数与疾病预后的关系

陈萍、肖启荣、林晓斌
福建医科大学附属协和医院

目的 研究初治 AML 患者化疗一个疗程后，血小板计数上升和 AML 患者预后是否存在相关性，为临床治疗 AML 患者的个性化风险预测模型提供理论依据。

方法 采用目标性监测方法，研究初治 AML 患者化疗一个疗程后血小板计数变化情况，并对性别、年龄、危险分层、感染、出血、化疗期间血小板输注和化疗方案等相关危险因素进行单因素分析、多因素非条件 Logistic 回归分析和 cox 回归分析。

结果 出血、化疗期间血小板输注和化疗一个疗程后血小板计数上升是 AML 患者化疗后是否完全缓解的相关危险因素，其中，化疗一个疗程后血小板计数上升是 AML 患者完全缓解的独立危险因素。

结论 AML 患者化疗后血小板计数上升，患者预后较好。

PO-0269

Risk factors and predictive score for *Stenotrophomonas maltophilia* bacteremia in patients with hematologic diseases

Wenjing Guo, Sizhou Feng

1. State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Tianjin 300020, China; 2. Tianjin Institutes of Health Science, Tianjin 301600, China.

Objective Patients with hematologic diseases are at a higher risk for *Stenotrophomonas maltophilia* (SM) bacteremia, which poses significant burden on morbidity and mortality. The aim of this study was to evaluate the early predictors of 28-day mortality in hematologic patients with SM bacteremia and to construct a reliable prediction model which can be used to identify patients at higher risk for mortality.

Methods This retrospective analysis of 131 hospitalized patients diagnosed with SM bacteremia was conducted in a tertiary blood disease center in Tianjin, China, from January 2012 to June 2023. Univariate analysis and multivariate logistic regression analysis were used to identify prognostic risk factors and develop a prognostic mortality scoring system and internally validated by bootstrap method (resampling = 1000).

Results The overall 28-day mortality rate in our study was 29.77% (39/131). The mean age was 45 (IQR 30.5-56.0) years. In the multivariate analysis, SOFA score (OR = 3.67, 95% CI 1.99-6.78, $P < 0.001$; score = corresponding SOFA score), age ≥ 60 years (OR = 6.95, 95% CI 1.44-33.55, $P = 0.0158$; score = 2), bloody sputum or hemoptysis (OR = 5.32, 95% CI 1.08-26.29, $P = 0.0402$; score = 2) and neutropenia duration ≥ 25 days (OR = 3.92, 95% CI 1.01-15.26, $P = 0.0487$; score = 1) were independent risk factors associated with 28-day mortality. The model yielded good

discrimination (AUC = 0.889, 95% CI: 0.829-0.949) and calibration (Hosmer–Lemeshow goodness-of-fit test $P = 0.998$), with similar performance in the internal bootstrap validation (AUC = 0.888). Furthermore, all patients were divided into the high-risk group (≥ 7 points) and the low-risk group (< 7 points) based on the model and compared using Kaplan-Meier curves and log-rank tests. Additionally, the use of trimethoprim-sulfamethoxazole (TMP/SMX) after infection was associated with a better prognosis ($P = 0.012$).

Conclusion The prediction model, utilizing SOFA score, age, bloody sputum or hemoptysis and neutropenia duration, proves to be an effective tool for early identification of hematologic patients with SM bacteremia at high risk of mortality.

PO-0270

Flumatinib versus Imatinib as a Frontline Therapy for Patients with Chronic Myeloid Leukemia in Chronic Phase: A Propensity Score Matching Study from Real-World Data

Mixue Xie¹, Dan Li², Jie Jin¹, Hongyan Tong¹

1. The First Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine

2. Shaoxing People's Hospital

Objective Flumatinib mesylate, as a novel oral BCR-ABL1 tyrosine kinase inhibitor, is approved as a frontline therapy for chronic myeloid leukemia in chronic phase (CML-CP) in China since 2019. Mechanistically, with its structure of trifluoromethyl and pyridine flumatinib blocked BCR-ABL1 kinase autophosphorylation with much more potent activity than did imatinib and even showed higher efficacy than nilotinib against wild-type BCR-ABL1 kinase. Currently, there is still lacking the real-world effectiveness and safety of flumatinib in patients with CML.

Methods We retrospectively analyzed efficacy and safety of CML-CP patients (≥ 16 years) used flumatinib (600mg daily) or imatinib (400mg daily) as first-line treatment from 2020 to 2023, presenting a real-world comparison study. A propensity score (PS) matching was performed to adjust for Sokal risk score to compare the treatment efficacy, survival outcomes and safety of flumatinib and imatinib in a clinically well matched cohort.

Results PS matching resulted in 20 patients from each cohort being matched for Sokal risk scores. The median follow-up of the flumatinib-treated and imatinib-treated cohorts was 441 days and 487 days, respectively. In the intention-to-treat (ITT) population analysis, there is no differences between flumatinib and imatinib groups in 3-month early molecular response rate (85% vs. 80%, $p = 0.677$), 6-month major molecular response rate (MMR) (50% vs. 40%, $p = 0.525$) and 12-month MMR (55% vs. 50%, $p = 0.752$). In term of deep molecular response, more patients receiving flumatinib achieved molecular remission 4.5 (MR4.5) and molecular remission 4 (MR4.0) at 6 months (35% vs. 0%, $p = 0.004$; and 45% vs. 5.0%, $p = 0.003$, respectively) and appeared to have higher 12-month MR4.5 and 12-month MR4.0 (45% vs. 10%, $p = 0.013$; and 45% vs. 20%, $p = 0.091$, respectively). During the follow-up period, treatment discontinuation occurred in 6 and 9 patients in flumatinib-treated and imatinib-treated cohorts respectively, including 2 and 3 patients due to drug resistance and 3 and 4 patients due to toxicity. The 2-year probability of event-free survival was 70% among the patients who received flumatinib and 47% among those who received imatinib ($p = 0.85$); no statistical difference was also observed between the flumatinib and imatinib groups in failure-free survival, transformation-free survival and overall survival. Adverse events of edema, rash were more frequent in imatinib arm (any grade; 0% vs. 25%, $p = 0.017$; and 0% vs. 25%, $p = 0.035$, respectively), whereas alanine transaminase elevation appeared to be more frequent in flumatinib arm (any grade; 15% vs. 0%, $p = 0.072$). Of note, one patient receiving flumatinib had grade 3 QT prolongation and ventricular premature beat and was discontinued.

Conclusion The real-world data demonstrated that as a first-line treatment setting, flumatinib can bring patients with chronic phase CML higher rates of responses, and faster and deeper

responses, indicating that flumatinib could be an alternative effective first-line treatment for CML-CP. The adverse events of flumatinib, such as cardiovascular events, abnormal liver function, and diarrhea, need to be given continuous concern in future studies.

PO-0271

急性髓系白血病的代谢特征分析和代谢脆性靶向治疗

梁晓杰¹、林炳昱³、杨裕农²、卢伟祥¹、邓业玲²、陈秋敏²、骆栢维³、余铭凡²、陈咪祺²、胡嘉怡²、郭嘉¹、周红升³、王亮¹

1. 首都医科大学附属北京同仁医院血液科

2. 广东医科大学第一临床医学院

3. 南方医科大学南方医院血液科

目的 治疗后复发是急性髓系白血病(Acute Myeloid Leukemia, AML)患者死亡的重要原因,而白血病干细胞与祖细胞(LSPC)的耐药性代谢转化在其中发挥重要作用,探究 AML 的代谢异质性与 LSPC 的代谢变化,靶向新的代谢脆性,可降低耐药、复发率。

方法 利用国际多中心的研究队列(n=2093),我们对 AML 的代谢特征和代谢脆性进行了系统、全面的分析,探索潜在的代谢脆性靶向治疗策略。

结果 利用国际多中心的多组学数据,我们在 AML 识别了 2 种代谢特征的亚型。MFC1(Metabolic-feature-based cluster 1)定义为热代谢亚型,与冷代谢亚型 MFC2 相比,MFC1 中大部分糖、脂、氨基酸和核苷酸代谢通路上调,且 MFC1 的预后较差、较高复发率,1 年 OS 率(37.3% vs.62.5%, P<0.05),3 年 OS 率(14.7% vs.23.4 %, P<0.05)均显著降低。为验证代谢分型系统的鲁棒性,我们在 RNA-seq 队列 TCGA-AML(n=150)与 BeatAML(n=131)使用 AutoML 算法构建 AML 代谢分类模型,并在基因表达谱芯片数据(n=78、n=136)进行验证,结果表明,RNA-seq 数据与芯片数据具有良好的一致性。代谢组学分析(n=34)证实 MFC1 具有更高代谢物丰度。基因组分析(n=281)表明成人 MFC1 有更高的 TP53、DNMT3A.R882H、IDH1、CEBPA、GATA2 等基因突变频率,以及 FLD-ITD、NSD1-NUP98、BCR-ABL1 等融合基因发生频率,提示塑造两组代谢异质亚型的基因组驱动因素。Bulk 转录组分析表明 MFC1 具有显著增多的 LSPC 与自然杀伤细胞(NK)的浸润,配套的单细胞转录组数据进一步证实 MFC1 病人中具有更高比例的幼稚癌细胞,尤其是 LSPC,而 MPC2 病人有更高比例的成熟癌细胞,标准化疗后成熟癌细胞显著下降,而 LSPC 比例未见明显变化;维奈克拉与阿糖胞苷联合治疗则使 LSPC 比例显著下降,揭示 MFC1 对维奈克拉与阿糖胞苷联合治疗更敏感,而 MPC2 对标准化疗更敏感。

结论 本研究全面、系统地揭示了 AML 的代谢异质性和代谢脆性,并识别了一组以幼稚癌细胞为主的热代谢亚型,维奈克拉与阿糖胞苷联合治疗可靶向该亚组,改善 AML 患者预后,为白血病靶向代谢脆性治疗提供了新的思路。

PO-0272

脑脊液代谢组学标志物研究及其在血液肿瘤中枢神经系统浸润诊断中的价值

王勉、唐古生

海军军医大学第一附属医院(上海长海医院)

目的 采用超高效液相色谱质谱(UPLC/MS)联用为技术支持,寻找临床中枢神经系统白血病/淋巴瘤(CNSL)患者新的诊断标志物,探讨利用显著差异性代谢物作为临床血液肿瘤中枢浸润患者早

期诊断的可行性。

方法 运用化学计量模式结合统计学方法筛选 CNSL 患者与非 CNSL 患者脑脊液的差异性代谢物，富集分析获得与 CNSL 显著相关的代谢通路，构建预测 CNSL 分析模型（CPA）。建立小鼠白血病中枢浸润模型，初步探究 CNSL 血浆和脑脊液的代谢轮廓改变。

结果 应用主成分分析（PCA）和正交偏最小二乘判别分析（OPLS/DA）模型发现 CNSL 组和对照组患者脑脊液中有统计学差异（ $p < 0.05$ ）的 36 种代谢物，包括各种氨基酸，脂肪酸，核苷酸，有机酸和碳水化合物，其中 16 种代谢物在 CNSL 组呈上调趋势，共涉及 32 条代谢通路，经单因素和多因素分析最终筛选出 2 种潜在的代谢标志物（瓜氨酸、L-谷氨酰胺）构建了预测 CNSL 的 CPA 模型，在训练集和验证集中 AUC 为 0.819（95%CI,0.706-0.932）和 0.864（95% CI, 0.742-0.988）。CNSL 小鼠建模成功率达 40%，改良采集小鼠脑脊液方法学，一次性成功率达 70%。有无 CNSL 小鼠血浆筛选得到 14 种差异性代谢物，脑脊液筛选出 17 种差异性代谢物。

结论 基于 UPLC/MS 技术联合多元统计分析方法可用于筛选血液系统恶性肿瘤中枢浸润相关的小分子代谢物。

PO-0273

Low concentrations of hypomethylating agents enhance ferroptosis via the MAGEA6-AMPK-SLC7A11-GPX4 axis in acute myeloid cells

Shenmeng Gao, Yigang Yuan, Shuya Feng
The First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University

Objective Ferroptosis is a new form of non-apoptotic and iron-dependent type of cell death. Glutathione peroxidase-4 (GPX4) plays an essential role in anti-ferroptosis. However, whether acute leukemia myeloid (AML) cells depend on GPX4 for survival is mainly unknown.

Methods Malondialdehyde (MDA) assay, glutathione (GSH) assay, intracellular iron assay, and lipid reactive oxygen species (ROS) level were used to assess the ferroptosis in DAC+RSL3-treated cells and control cells. MLL-AF9 induced murine AML model was used to assess the activity of DAC+RSL3 in vivo. MAGEA6-AMPK-SLC7A11-GPX4 axis was measured in DAC+RSL3-treated cells and control cells.

Results GPX4 levels are higher in AML cells, especially with MLL-rearrangements, compared with normal controls (NCs). Knockdown of GPX4 by shRNA and inactivation of GPX4 by ferroptosis-inducer (FIN) RAS-selective lethal 3 (RSL3) induced the ferroptosis in AML cells. To reduce the concentration of RSL3 avoiding severe side-effect, low concentrations of hypomethylating agent (HMA) decitabine (DAC) synergized with RSL3 to facilitate the ferroptosis via MAGEA6-AMPK-SLC7A11-GPX4 axis in AML cells. Mechanistically, DAC increased the expression of MAGEA6, because of DNA hypermethylation in MAGEA6 promoter. Overexpression of MAGEA6 induced the degradation of AMPK and enhanced the ferroptosis. Also, knockdown of AMPK by shRNA enhanced RSL3-induced ferroptosis, suggesting that AMPK plays a vital role in regulating ferroptosis. Finally, DAC+RSL3 cotreatment synergistically reduced leukemic burden and extended the overall survival than either of them in MLL-AF9-transformed murine model. In addition, DAC+RSL3 cotreatment synergistically reduced viability in primary AML samples in vitro.

Conclusion In conclusion, our study firstly demonstrates that co-treatment of HMAs and FINs present synergistical anti-leukemia activity via regulating MAGEA6-AMPK-SLC7A11-GPX4 axis. Combined usage of HMAs and FINs provides a potential therapeutic choice for AML patients with DNA hypermethylation of MAGEA6.

PO-0274

利妥昔单抗联合硼替佐米逆转门冬酰胺酶致敏状态的临床研究

陈长城、胡文婷、王卓、沈树红
上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心

目的 门冬酰胺酶 ASP 是儿童急淋最重要的药物之一，但容易发生过敏反应。本研究旨在探究硼替佐米联合利妥昔单抗是否可以逆转病人对 ASP 的致敏状态。

方法 对 Peg-asp 及 Erw-asp 过敏的 ALL 患儿，进行 2 个疗程常规化疗联合利妥昔单抗及硼替佐米治疗。在第 2 个脱敏治疗疗程中，首次再暴露 Peg-asp 后依次检测 ASP 活性。主要研究终点：观察再暴露的过敏发生率以及 ASP 活性持续时间。

结果 2020 年 8 月至 2023 年 5 月，共招募 10 例 ALL 患儿，经过脱敏治疗后再暴露了 Peg-asp，且均无任何过敏表现发生。所有患儿后续都正常桥接原方案化疗，并给与补打培门冬。最终 9 例（90%）后续 Peg-asp 给药能维持有效活性 3 周以上。10 例患儿截止 2023 年 7 月 30 日（脱敏治疗开始后中位随访时间 28 月），均无事件存活。

结论 rituximab 联合 bortezomib 能有效逆转 ASP 致敏状态，使 Peg-asp 重新获得持续的有效活性，而且安全性高，可推荐为 ASP 过敏后的脱敏治疗

PO-0275

**dPCR 与 qPCR 检测慢性髓性白血病患者
BCR::ABL (P210) 转录本水平的比较性研究**

高汉林^{1,2}、郝玥^{1,2}、陈文敏^{1,2}、李玲娣^{1,2}、王旭^{1,2}、秦亚溱^{1,2}、江倩^{1,2}
1. 北京大学人民医院
2. 北京大学血液病研究所

目的 比较 dPCR 与 qPCR 方法检测慢性髓性白血病（CML）患者外周血 BCR::ABL (P210) 转录本水平。

方法 比较通过 dPCR 与 qPCR 方法检测至少获得 CCyR 的 CML 患者外周血 BCR::ABL (P210) 转录本水平的差异性、相关性与一致性。

结果 356 例 CML 患者的 459 对分别采用 dPCR 与 qPCR 方法检测 BCR::ABL mRNA 水平的结果用于分析。总体上，两种方法检测结果存在显著性差异（ $p < 0.001$ ）。根据分子学反应分层分析，这种差异仅存在于获得 \geq MR4.5（ $p < 0.001$ ）后，而非未达 MMR（ $p = 0.922$ ），MMR（ $p = 0.723$ ）和 MR4（ $p = 0.099$ ）水平。总体上，dPCR 与 qPCR 方法检测 BCR::ABL mRNA 水平具有中度相关性（ $r = 0.761$ ， $p < 0.001$ ）。但随着分子学反应加深，这种相关性逐渐减弱甚至消失：未达 MMR（ $r = 0.929$ ， $p < 0.001$ ），MMR（ $r = 0.815$ ， $p < 0.001$ ），MR4（ $r = 0.408$ ， $p < 0.001$ ），MR4.5（ $r = 0.176$ ， $p = 0.176$ ）。一致性上，MR4.5 组两种方法检测结果的一致性弱于其他各组：未达 MMR（ $d = 0.042$ ， $p = 0.846$ ），MMR（ $d = 0.054$ ， $p = 0.229$ ），MR4（ $d = -0.020$ ， $p = 0.399$ ），MR4.5（ $d = -0.219$ ， $p < 0.001$ ）。

结论 CML 患者当获得深层分子学反应后，更适合采用 dPCR 方法监测 BCR::ABL (P210) 转录本水平以提高精准性。

PO-0276

以发热、骨痛起病的伴嗜酸性粒细胞增多和 FGFR1 重排髓系/淋系肿瘤

何敏、刘海玲、廉国利、徐曼
西安交通大学第一附属医院

目的 提高对罕见疾病伴嗜酸性粒细胞增多和 FGFR1 重排的髓系/淋系肿瘤的认识和诊疗水平。

方法 回顾性分析 2023 年 3 月我院收治的 1 例伴嗜酸性粒细胞增多和 FGFR1 重排髓系/淋系肿瘤患儿的临床表现、实验室检查及诊疗经过。

结果 11 岁女孩，以发热、右下肢骨痛 1 月起病，外周血白细胞计数升高，骨髓穿刺提示原始细胞增高，嗜酸嗜碱细胞易见。右胫骨近端骨病灶活检示破碎的死骨及纤维组织间可见大量聚集的嗜酸性粒细胞及少量中性粒细胞、淋巴细胞，伴出血、坏死，免疫组化 Langerin(-)，Myogenin(-)，SATB2(-)，CD99(-)，CD20(少量+)，CD3(少量+)，Ki-67(热点区约 60%+)，MPO(+)，TdT(少量+)，经抗感染后症状好转。但渐出现全身浅表淋巴结及肝脏肿大，白细胞计数进行性升高，MRI 提示全身多发增大淋巴结及多发骨质破坏灶。骨髓免疫分型：粒细胞分化异常，嗜酸性粒细胞比例增高。FISH 检测示 FGFR1 重排阳性。染色体核型：46, XX, del8(p?) [7]46, XX, del8(p?), der(16) [8]。右颈部淋巴结活检病理示符合 T 淋巴瘤母细胞性淋巴瘤/白细胞，伴髓系分化。口服羟基脲、强的松诱导治疗 3 天，患儿全身骨痛进行性加重，并发 DIC、多脏器功能衰竭而死亡。

结论 伴嗜酸性粒细胞增多和 FGFR1 重排的髓系/淋系肿瘤是一种罕见的血液系统恶性肿瘤，具有高度侵袭性，疾病进展迅速，目前尚无统一有效治疗方法。

PO-0277

激素对 CD19/22 双靶 CAR-T 治疗儿童 B-ALL 疗效影响的回顾性研究

杨静¹、万欣宇¹、王天怡¹、蔡娇阳¹、杨晓敏¹、李雯婕¹、丁丽霞¹、宋利利¹、缪艳¹、王翔¹、马亚妮¹、罗成娟¹、汤静燕¹、顾龙君¹、陈静¹、汤燕静¹、卢俊²、李本尚¹

1. 上海儿童医学中心
2. 苏州大学附属儿童医院

目的 一项多中心，II 期临床试验已经证实了 CD19/CD22 双靶 CAR-T 治疗难治复发性白血病患儿的可行性和有效性。本研究回顾性分析 CAR-T 细胞治疗儿童 B-ALL 中是否使用激素及不同剂量的激素对治疗疗效、生存期及 CAR-T 细胞体内持久性的影响，旨在为 CAR-T 治疗中毒性反应的管理提供依据，并指导临床。

方法 收集 2019 年 9 月 17 日至 2021 年 12 月 31 日期间接受我院制备的 CD19/22- CAR-T 治疗的难治性或复发性 B-ALL 患者的临床资料。根据纳排标准符合条件的患者入组，排除单纯髓外复发的患者。按照疾病负荷分组比较激素的使用与患者疗效及生存期的关系。

结果 共有 194 例接受 CD19/22-CAR-T 治疗的难治性复发性 B-ALL 患儿入组，其中低疾病负荷组 75 例，高疾病负荷组 119 例。88% 的患者发生 CRS 反应，使用激素组 75 例，未使用激素组 119 例。在低疾病负荷组中使用激素与否与患者的 EFS (P=0.21) 及 OS (P=0.26) 没有统计学差异；高疾病负荷组中使用激素较未使用激素 EFS (P=0.46) 及 OS (P=0.14) 更好，但差异不显著；高疾病负荷组中发生 3-4 级 CRS 反应时，使用激素较未使用激素 EFS (P=0.034) 及 OS (P=0.062) 更好，EFS 差异显著；使用激素患者中，低疾病负荷组中，低累积剂量激素 ($\leq 0.56\text{mg/kg}$) 患者 EFS (P=0.08) 及 OS (P=0.201) 略优于较高剂量组 ($> 0.56\text{mg/kg}$)，但

差异不显著；高疾病负荷组中，激素累积剂量与患者 EFS 及 OS 没有明显差异。激素的使用与否和患者 CAR-T 回输后 B 细胞重建情况没有差异。激素的使用与否和患者 CAR-T 细胞数量的扩增没有明显差异：低疾病负荷组中部分 CAR-T 细胞拷贝数比较 10-14d ($P=0.927$) 及 60-70d ($P=0.229$)，高疾病负荷组中 CAR-T 细胞拷贝数比较 10-14d ($P=0.467$) 60-70d ($P=0.221$)。在单因素和多因素回归分析中激素不是影响接受 CD19/22-CAR-T 治疗的 B-ALL 患者预后的独立危险因素。

结论 本研究中，在当前的 CRS 防控措施指导下，激素的使用不影响 CD19/22-CAR-T 细胞治疗 B-ALL 患者的临床疗效及总生存期，激素的使用不影响体内 CD19/22-CAR-T 细胞的持久性，剂量阈值有待进一步临床或实验验证。

PO-0278

新型冠状病毒疫情期间慢性髓性白血病患者心理健康研究

高汉林^{1,2}、齐飞扬^{1,2}、江倩^{1,2}

1. 北京大学人民医院

2. 北京大学血液病研究所

目的 比较 2022 年底奥密克戎变异株新冠流行期间与 2020 年初疫情初期慢性髓性白血病 (CML) 患者的心理健康变化，探究相关影响因素。

方法 采用抑郁症筛查量表、广泛性焦虑障碍量表和事件影响量表，使用电子问卷收集成人 CML 患者心理健康状况和相关信息。通过配对 T 检验比较两次调查的结果。通过多因素分析探究患者心理健康的影响因素。

结果 2020 年 3-4 月共收集 3197 例未感染新冠患者问卷，其中抑郁、焦虑、应激、回避、侵入和高唤醒的发生率分别为 33%、25%、49%、26%、28%和 27%。2022 年 12 月至 2023 年 2 月共收集到 2644 例患者问卷，其中 1754 例 (66%) 感染新冠，不良心理状况的发生率分别为 45%、31%、56%、34%、25%和 22%。比较接受过两次调查的 998 例受访者的调研结果发现，2022 年底患者抑郁、焦虑、应激、回避、侵入 (均 $p<0.001$) 及高唤醒 ($p=0.046$) 量表得分均显著高于 2020 年初。多因素分析显示，伴合并症、接受 2 线 TKI 治疗、因疫情导致监测不规律或被迫减停药物、患普通型/重型新冠肺炎与高发不良心理问题显著相关；而接受 ≥ 3 线 TKI 治疗、接种疫苗、患轻型新冠肺炎与少发心理问题显著相关。

结论 与 2020 年新冠疫情初期相比，在奥密克戎变异株疫情期间，CML 患者的不良心理问题显著增加。医生应重视识别高危人群，关注患者的精神健康。

PO-0279

Bispecific CAR-T cells targeting both CD19 and CD22 for therapy of pediatric acute lymphoblastic leukemia patients with KMT2A rearrangements: a single-center retrospective study

Liu Yang

Shanghai children's medical center

Objective Pediatric acute lymphoblastic leukemia (ALL) with KMT2A rearrangements have unfavorable outcomes. Coadministration of CD19- and CD22-chimeric antigen receptor (CAR) T cells therapy provides a new treatment strategy for patients with refractory or relapse of B-acute

lymphoblastic leukemia. In order to investigate the prognosis and efficacy, we conducted a retrospective analysis.

Methods We identified a total of 47 children with KMT2A-rearranged B-acute lymphoblastic leukemia treated on intravenous infusion of dual CD19- and CD22- chimeric antigen receptor (CAR) T cells in our hospital between Oct 1, 2019, and December 30, 2022. Overall survival, event-free survival, B-cell aplasia, and toxicity were assessed in all patients who received a CART infusion.

Results 47 patients received CD19- and CD22-CAR T cells intravenous infusion, of whom 8 (17%) with central recurrence received CAR-T cells intracatheter injection. Measurable residual disease-negative complete response with or without haematological recovery occurred in 47 (100%) patients. Two (4%) of 47 patients had relapsed after previous allogeneic haematopoietic stem-cell transplantation (HSCT), and 4 (9%) patients had previously received Blinatumomab treatment. 37 (79%) of 47 patients underwent allogeneic HSCT after CAR-T cells infusion. After a median follow-up of 20.8 (range: 4.4-44.7) months, the cumulative overall survival values were 68% for all cases (95% CI 54-82%; 14 patients had died or abandon) and event-free survival was 63% (95% CI 48-77%; 17 events) and 48% (95% CI 20-75%) after censoring 37 (79%) patients for consolidative transplantation. No statistically significant difference was observed in the EFS analysis in Age, Gender, translocation subtypes and MRD load before infusion. The median time from cell transfusion to transplantation was 84 (range: 10-339) days in 37 patients, of which 27 (73%) patients experienced ongoing B-cell aplasia until transplantation. After CAR-T cell therapy, 12 (26%) patients relapsed, half of them recurred loss of CD19 expression, and 2 patients' RNA-seq analysis indicated CD19 mutation after recurrence. Adverse events included cytokine release syndrome, which occurred at any grade in 46 (98%) of 47 patients and at grade 3 or worse in 17 (36%), and neurotoxicity at any grade in nine (19%), one of which were severe reached grade 4. No one should have died due to toxicity of CAR-T cell in our cohort.

Conclusion These data suggest that CD19-/CD22-CAR T cell therapy achieved rapid and effective durable remission in KMT2A-rearranged childhood acute lymphoblastic leukaemia.

PO-0280

罕见临床表型的 X 连锁淋巴细胞增生综合征 1 型 1 例病例报告

张晖、吉奇、张永平、李胡璐、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 总结分析 1 例以急性淋巴细胞白血病为临床表型的 X 连锁淋巴细胞增生综合征 1 型 (XLP-1) 的临床特点、实验室检查及治疗及预后情况。

方法 回顾性分析苏州大学附属儿童医院收治的 1 例 XLP-1 男性患儿的临床表现、实验室检查、基因突变表达、并发症及预后资料，并进行文献复习。

结果 病例为 11 岁 11 月男性，2016 年患儿于苏州大学附属儿童医院确诊 B 系急性淋巴细胞白血病，入 CCG-ALL-2015 低危组，期间规律化疗，并于 2018 年 11 月结疗，2019 年 1 月感染后出现三系减低，抗感染治疗后三系仍持续低下，至我院多次完善骨穿及活检后考虑不明原因骨髓造血衰竭，先后予口服“艾曲波帕、环孢素、雄激素”等及输血支持治疗，完善全外显基因检测提示 SH2D1A c.7G>T (p.A3S) 半合子突变，其母为携带者，最终确诊为 XLP-1 型。为改善预后，患儿于 2020-01-19 起行造血干细胞移植前预处理，预处理方案选用司莫司汀+Ara-c+Flu+Dex+BU+CTX+G-CSF，2020-01-31 输注 A 型 RH (+) 4/6 相合脐血 33ml (有核细胞计数: $2.8 \times 10^7/\text{kg}$, CD34+ 细胞: $1.03 \times 10^5/\text{kg}$)，及其姐姐 A 型 RH (+) 6/10 相合去浆 500ml 骨髓干细胞 (有核细胞计数: $0.86 \times 10^8/\text{kg}$, CD34+ 细胞: $1.08 \times 10^6/\text{kg}$)，2020-02-01 及 02-02 共回输其姐外周干细胞 404ml (有核细胞计数: $9.68 \times 10^8/\text{kg}$, CD34+ 细胞: $3.07 \times 10^6/\text{kg}$)，+12d 粒细胞及血小板植

入，后三系恢复至正常，血红蛋白在 120g/L 左右波动，后因移植后并发症重症感染，多脏器功能衰竭死亡。

结论 XLP-1 型是一种少见、致死性强的原发性免疫缺陷病，SH2D1A 基因型与临床表型之间没有一致的关联，基因型相同的家族中其临床表型有很大的差异，缺乏基因型—临床表型相关性，以急性淋巴细胞白血病为临床表型的 XLP 极为少见，SH2D1A 基因发现致病突变为诊断 XLP-1 依据，异基因造血干细胞移植是治疗 XLP 的有效手段。

PO-0281

CSAMLdb: 全面的急性髓系白血病标志物数据库

陈浩然¹、卢学春²、王紫宁²、卢进奇³、贺培凤¹

1. 山西医科大学

2. 中国人民解放军总医院第二医学中心血液病科，国家老年疾病临床医学研究中心

3. Department of Computer Science, Boston University 665 Commonwealth Avenue, Boston, Massachusetts

目的 本研究旨在通过收集和分析所有可用的 AML RNA-seq 研究，建立一个综合、低变异性的 AML 标志物集合，并创建 CSAMLdb 数据库 (<http://www.csaml.com>)，为 AML 的研究人员提供全面且可重复的资源 and 工具。

方法 我们通过大规模收集、分析和评估现有的 AML 数据来构建 CSAMLdb。数据库包括 32 个转录组测序数据集、10000 个与 AML 相关的基因、193 个 AML 基因特征、20302 种西药、496 种中草药、2558 个基因扰动数据和 37406 个文本数据。此外，我们还开发了 10 种算法来分析各种功能和数据。

结果 我们成功构建了 CSAMLdb，这是一个专门针对 AML 的综合数据库，可以帮助临床医生和研究人员获取和分析 AML 数据，以及研究和验证 AML 的作用机制。我们的系统化努力已经建立了一个包括预后分析、单细胞恶性样本识别、差异表达基因评分、功能富集分析、药物预测和 AI 文献提取在内的综合知识数据库和分析页面。

结论 CSAMLdb 为 AML 的研究和治疗提供了重要的资源，它集成了大量的基因、药物、基因扰动和文本数据，以及多种数据分析工具。然而，随着多组学数据和方法学的不断发展，我们计划在未来进一步整合更多的数据和方法，以便更好地用于 AML 的研究和临床治疗。

PO-0282

CX43-mediated Mitochondria Transfer Enhances the Stemness of Leukemia Stem Cells Though Metabolic Remodeling

Huihui Fu, Xiaomei Zhang, Liuyue Zhai, Sanxiu He, Jun Li, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective Despite improvements in treatment options for acute myeloid leukemia (AML), chemotherapy resistance remains an important clinical concern with a high recurrence rate in patients. Leukemia stem cells (LSCs) play a decisive role in the relapse resistance of leukemia. BMSCs protect LSCs from being completely removed from the bone marrow, but the underlying mechanisms are poorly understood. In this study, we aimed to uncover the mechanism of BMSCs-regulated the stemness of leukemia stem cells through mitochondrial transfer mediated by Connexin 43 (CX43), thus providing a promising clinical therapy target.

Methods Primary BMSCs were isolated from the primary bone marrow specimens of patients with AML and cultured in MSCM culture base within 10% serum. CX43 overexpressing BMSCs (CX43-BMSCs) were constructed by lentivirus transfection. The efficiency of CX43 overexpression was verified by immunofluorescence, qPCR and Western Blot. In vitro, CX43-BMSCs and control BMSCs (EV-BMSCs) were cocultured with KG-1a cells. In some experiments, vincristine (1nM) was added to inhibit the formation of Tunneling nanotubes (TNTs). Bidirectional mitochondrial transfer was detected by flow cytometry and confocal microscopy. The mechanism of mitochondria transfer was analyzed by inhibitor assays. The proliferation of KG-1a from the coculture system were assessed by Flow cytometry and EdU assay. After co-culture, the clone formation of KG-1a was detected by using semisolid cloning assay. The mitochondrial respiration of KG-1a was analyzed by using Seahorse. Finally, we verified our findings using RNA-seq and LC-MS non-targeted metabolomics to detect the transcriptomes and the metabolites changes of KG-1a after co-culture.

Results Compared with Control-BMSCs and EV-BMSCs, the mRNA and protein expression levels of CX43 in CX43-BMSCs were significantly increased ($P < 0.05$). In the co-culture system without serum for 48h, BMSCs transfer mitochondria to KG-1a cells but receive no mitochondria from KG-1a. This process of mitochondria transfer is mediated by tunneling nanotubes, which are protrusions that extend from the cell membrane. Moreover, CX43-BMSCs transferred more mitochondria to KG-1a than EV-BMSCs group ($P < 0.05$), while there was no obvious mitochondrial transfer was observed in the transwell and 10% serum co-culture system. In addition, compared with EV-BMSCs, CX43-BMSCs significantly increased the proliferation and adhesion of KG-1a ($P < 0.05$) and clone formation ability ($P < 0.05$). Vincristine significantly reduced the mitochondrial transfer from CX43-BMSCs to KG-1a, and decreased the adhesion of CX43-BMSCs to KG-1a, as well as the proliferation and clone formation of KG-1a after co-culture. The metabolic capacity of KG-1a cells in CX43-BMSCs was significantly increased compared with EV-BMSCs ($P < 0.05$), and this metabolic enhancement could be reversed by vincristine. In contrast, the respiratory metabolism of CX43-BMSCs was significantly decreased after co-culture ($P < 0.05$), while that of vincristine treated BMSCs was not significantly decreased. Hierarchical cluster analysis (HC) of metabolites showed that there were significant differences in metabolites among treatment groups ($p < 0.05$), showed unique metabolic characteristics related to CX43-induced changes. Compared with KG-1a from EV-BMSCs co-cultured with, the GO analysis revealed that the enrichments occurring in KG-1a after co-cultured with CX43-BMSCs mainly included cell adhesion and migration, intercellular adhesion, cell proliferation and regulation, signal transduction, PI3K/Akt pathway, transmembrane transport and intracellular protein metabolism. Metabolism-related pathways, like nucleotide metabolism, lipid metabolism and amino acid metabolism, were enriched in KG-1a after co-cultured with CX43-BMSCs. Furthermore, compared to KG-1a after co-cultured with EV-BMSCs, KG-1a after co-cultured with CX43-BMSCs showed up-regulated of maintaining the proliferation and the stemness of AML-LSCs, including N-cadherin (CDH2), CD244, SLC43A2, CYBB and IGLL1.

Conclusion We show evidence that CX43 mediated mitochondria transfer from BMSCs to LSCs which promoting the adhesion of BMSCs to LSCs under nutrient deficiency condition, and then enhanced the proliferation and cloning ability of LSCs, altered gene expression profiles related to cell proliferation, adhesion, and energy metabolism, and increased the expression of genes related to maintaining stemness of LSCs, allows metabolic remodeling to regulate LSCs stemness, may be a potential therapeutic target for AML treatment.

PO-0283

儿童 AML 骨髓来源 CD8+T 细胞功能鉴定及调控机制研究

张永平、李胡珺、张晖、杨纯、潘健、卢俊、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 持续的抑制性受体分布的增多以及抗肿瘤效应功能的减弱，已作为 T 细胞功能失调或耗竭的最主要的特征，并且与众多肿瘤患者的生存情况紧密相关。当前阻断抑制性受体的疗法已使 AML 患者受益，但其应答率却有限、机制不明。揭示 T 细胞功能失调的机制将为改善 T 细胞抗 AML 的免疫应答奠定基础。

方法 经由流式细胞术和全转录组测序对 68 例初诊 AML 骨髓来源 CD8+T 细胞功能进行评估，体外实验中对 AML 和健康供者 CD8+T 细胞给予 TCR 活化刺激信号或抑制性信号，双向对比 CD8+T 细胞的功能变化。蛋白质组学技术对 AML 骨髓血浆 180 个细胞因子表达量进行鉴定，分析细胞因子网络的改变与 CD8+T 细胞功能状态的相关性。

结果 我们发现 AML 发生时 CD8+T 细胞处于功能失调状态，以高表达的抑制性受体、促功能失调的转录因子 EOMES 和 ID3、促进 H3K27me3 的 EZH2 为特征。其次，从转录组水平，AML CD8+T 细胞发生功能失调可能与经典 NF- κ B 信号通路中 NF- κ B p65 转录调控活性密切相关。体外实验中抑制 NF- κ B p65 及其磷酸化水平促进正常 CD8+T 细胞上耗竭标志分子 PD-1、LAG3 和 TIM3 高表达。而刺激经典 NF- κ B 信号通路后，功能失调的 AML CD8+T 细胞中正常活化和效应功能有关通路可被明显恢复。作为 T 细胞炎症应答和抗肿瘤免疫的关键通路，经典 NF- κ B 通路通常受到炎症、肿瘤微环境中细胞因子的广泛调控。但 AML 骨髓微环境中细胞因子整体的表达网络对 CD8+T 细胞中经典 NF- κ B 通路的影响缺乏更有力、全面的证据。而后，我们采取蛋白质组学技术，发现 AML 骨髓微环境包含明显增多的免疫负调控因子。由此可见，抑制性 AML 骨髓微环境中细胞因子参与的经典 NF- κ B 通路下调与 AML CD8+T 细胞功能失调存在明显关联。

结论 初诊 AML 患儿存在 CD8+T 细胞功能失调，与 NF- κ B 信号的下调有关。研究调控机制，为改善 T 细胞抗 AML 的免疫治疗提供可能。

PO-0284

USP24 在急性淋巴细胞白血病中的临床意义及作用机制研究

张陈越、褚欣然、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 目的:T 细胞急性淋巴母细胞白血病(T-ALL)是一种侵袭性疾病，诱导失败风险高，预后差，急需新靶标的识别，以及发现新的药物来治疗这种疾病。近些年来，各种研究表明，USP24 是一种泛素特异性蛋白酶，同其所属泛素特异性蛋白酶家族的其他成员一样，通过不同的途径和调节机制参与了细胞凋亡，细胞周期的调控及 DNA 损伤修复机制。同时，研究显示 USP24 与帕金森病、T 细胞淋巴瘤和骨髓瘤等疾病均有一定的关联。然而，USP24 在 T-ALL 中的功能和分子机制尚不清楚。本研究旨在探讨 USP24 对 T-ALL 的作用及其可能的作用机制。

方法 方法: 通过临床数据分析来评估 USP24 和 T-ALL 之间的关联。采用定量逆转录-聚合酶链反应(RT-PCR)检测检测儿童 T-ALL 标本中 USP24 的表达。用 CCK8 法检测 USP24 基因敲低后 T-ALL 细胞活力；检测 T-ALL 细胞的细胞周期及细胞凋亡。通过 RNA-SEQ (验证了 USP24 在 T-ALL 的功能和分子途径。

结果 1.USP24 的表达量与患儿地塞米松敏感性、初诊白细胞数、危险度分级、复发率、患儿的 5 年总生存时间相关。采用 K-M 法分析发现 USP24 高表达组患者总生存率较低表达组低，两组相互比较具有统计学差异 (P=0.021)，进一步比较对两组无复发生存率，发现 USP24 低表达组患儿

的无复发生存率要高于高表达组 ($P=0.047$)。将临床常见预后因素如年龄、性别、初诊白细胞 (WBC) 计数、地塞米松敏感性、骨髓 D15th 反应状态及 USP24 表达水平进行多因素 COX 分析, 结果显示: USP24 表达水平 ($P=0.003$)、强的松治疗反应 ($P=0.006$) 是影响儿童 T-ALL 患者生存的独立因素。

2. CCK-8 实验显示在 T-ALL 细胞中, USP24 表达减低能显著抑制 T-ALL 细胞的增殖能力。USP24 干扰后细胞主要阻滞在 G0/G1 期。流式分析显示 USP24 表达减低, 则细胞发生凋亡的比例增加, 同时相应凋亡标志蛋白 PARP 和 caspase 3 也发生激活, 与表型一致。基于对 RNA-seq 分析, USP24 可以靶向多种血液肿瘤相关基因, 包括 DPEP1 (淋巴细胞白血病), 达到促进 T-ALL 的发展。

结论 USP24 可起到促进 T-ALL 的生长效应。USP24 可有效抑制包括 DPEP1 在内的相关癌基因在 ALL 中的表达。我们的结果表明, USP24 在 T-ALL 的进展中发挥重要作用。

PO-0285

数字 PCR 检测 KIT 突变转录本水平在 t(8;21)AML 患者 MRD 监测中的预后意义

孙媛^{1,2}、陈文敏¹、郝玥¹、王旭¹、李玲娣¹、李瑾莹¹、孙恺¹、史宗焱¹、江浩¹、江倩¹、黄晓军¹、秦亚溱¹

1. 北京大学人民医院 北京大学血液病研究所 国家血液系统疾病临床医学研究中心 造血干细胞移植治疗血液病北京市重点实验室

2. 北京海思特医学检验实验室

目的 t(8;21)AML 是一个异质性疾病, 定量检测 RUNX1::RUNX1T1 转录本水平是其微小残留病 (MRD) 监测的理想指标。此外, KIT 是 t(8;21)AML 常见突变基因, 有研究显示治疗期间通过检测 DNA 水平 KIT 突变负荷可以预测 t(8;21)AML 的复发。然而, KIT 转录本水平在 MRD 监测中的意义尚不知晓。

方法 纳入 2009 年 7 月至 2021 年 9 月在本所确诊并达到完全缓解 (CR) 的 52 例连续 t(8;21)AML 患者, 初诊骨髓样本均检测到 RUNX1::RUNX1T1 转录本, 且通过 Sanger 测序检测到 KIT 具有 D816V/Y/H ($n=28$) 或 N822K ($n=20$) 或双突变 ($n=4$) 类型。本研究采用数字 PCR 技术回顾性检测初诊及治疗后骨髓样本 cDNA 的 KIT 转录本水平, 以 ABL 作为内参基因, 统计分析其与复发和生存之间的关系。

结果 初诊、诱导 CR、CR 患者巩固 1 疗程和巩固 2 疗程以及复发患者复发时的中位 KIT 转录本水平分别为 162.4%、1.7%、1.1%、1.3% 和 321.6%。基于复发制作 ROC 曲线, 确定以上四个时间点 KIT 转录本水平的阈值分别为 64.2%、17.7%、0.10% 和 0.30%, 并基于各阈值将患者分为高低两组 (H 及 L 组)。巩固 1 疗程和巩固 2 疗程的 KIT_H 组 RFS 和 OS 均明显低于 KIT_L 组 (RFS: $P=0.0040$ 和 0.018 ; OS: $P=0.021$ 和 0.011), 在诱导 CR 时具有类似趋势 ($P=0.089$ 和 0.089), 而在初诊时两组之间 RFS 和 OS 均无显著差异。多因素分析显示巩固 2 疗程时 RUNX1::RUNX1T1 转录本下降小于 3-log 为 RFS 和 OS 的独立不良预后因素。联合巩固 2 疗程时的 RUNX1::RUNX1T1 (R::R) 和 KIT 转录本水平显示, KIT_H/R::R_L 组的 RFS 与 KIT_L/R::R_H 和 KIT_H/R::R_H 组相似 ($P=0.88$ 和 0.72), 这三组的 RFS 率均显著或趋于低于 KIT_L/R::R_L 组 ($P=0.018$ 、 0.083 和 0.013), 这三组因此合并为一组, 该组的 RFS 率显著低于 KIT_L/R::R_L 组 ($P=0.013$)。因此通过联合将 24.4% 患者 (KIT_H/R::R_L 组) 从 R::R 定义的低危险度重新定义为高危险度。

结论 RUNX1::RUNX1T1 与 KIT 转录本水平联合监测 MRD 可能改善 t(8;21)AML 的危险度分层。

PO-0286

罕见的 t (1; 12) (q21; p13) /ETV6::ARNT 阳性儿童 T-ALL 病例报道及文献复习

洪礼义²、王琴荣¹、陈苏宁¹

1. 苏州大学附属第一医院
2. 苏州大学附属儿童医院

目的 探讨分析罕见的 t (1; 12) (q21; p13) 和 ETV6::ARNT 阳性儿童白血病患者临床与实验室特征。

方法 整理收集 1 例罕见 t (1; 12) (q21; p13) 和 ETV6::ARNT 阳性儿童白血病病例临床特征、实验室检查结果 (骨髓细胞学检查、白血病免疫分型、骨髓染色体核型分析、荧光原位杂交技术 (FISH)、RT-PCR 检测及基因测序等) 及治疗方案效果等临床资料, 结合国内外文献的病例资料报道对该罕见类型的白血病进行综合分析。

结果 患儿发热伴腹痛就诊, WBC:74.24x10⁹/L, Hb: 94g/L, PLT: 161x10⁹/L; 腹部 B 超示脾肿大。骨髓涂片骨髓象提示 ALL2; 白血病免疫分型:原始细胞 90.4%, 表达 CD7+、CD33+、CD34+、cCD3+、CD3+、CD123+, 显示 T 淋系表达; 染色体核型分析显示: 46, XY, t(1; 12)(q21; q13), del(9)(q13q31)[5]/46,XY[4]; 荧光原位杂交 (FISH) 检测结果: TEL-AML1(-)3R2G 76%, 显示 TEL(ETV6)双色探针 76%的骨髓细胞中 ETV6 基因出现分裂信号, 表明 ETV6 基因发生重排; 43 种融合基因检测结果阴性; 全转录组测序检出 ETV6::ARNT 及 CDKN2A::SPTAN1 融合基因, 另检出 KRAS A146T、JAK3 M511I、SETD1B E630-E6SPLice 基因突变; DNA 靶基因测序检出 JAK3、KRAS、JAK2 基因突变。确诊后予以 CCCG-ALL-2020 中高危组方案治疗, 治疗反应差, 发生 CNSL, D19 骨穿示骨髓未缓解。改方案 CCLG-ALL2018 方案治疗后获得完全缓解, 截止随访时间已有 22 个月。截至目前, 国内外共有 7 例报道, 其中包括 1 例 MM, 1 例 AML, 1 例 CML, 2 例 MDS, 2 例 ALL。本病例为第 8 例报道也是第 2 例 T-ALL 病例。

结论 t (1; 12) (q21; p13) 是一种罕见的染色体易位, 该易位能产生 ETV6::ARNT 融合转录本, 在罕见的有限报道涉及各种恶性血液病, 对化疗反应较差。由于报道病例太少, 其致病机制尚不清楚, 有待进一步研究。

PO-0287

小分子抑制剂 Adavivint 靶向 S100A9 逆转 AML 对 Bcl-2 抑制剂维奈克拉耐药的新分子机制研究

万峻钊¹、冉允盛¹、杨春霞²、谢泰¹、马丹²

1. 贵州医科大学
2. 贵州医科大学附属医院

目的 探索急性髓性白血病(AML)对维奈克拉耐药的新分子机制, 并寻找靶向核心基因 S100A9 的小分子抑制剂, 阐明其逆转耐药的药理作用, 为临床治疗难治型 AML 提供策略。

方法 GEO 数据库检索与维奈克拉耐药相关的 AML 转录组测序数据, 筛出各组差异基因拟合获得候选基因集; 公共数据库验证候选基因在 AML 中的表达水平与疾病进展的关系, 最终筛选出与不良预后高度相关的核心基因 S100A9; IHC 和 Western Blot 在蛋白水平检测 S100A9 的表达; 慢病毒介导调控该基因在细胞株中的表达, real-time PCR 和 Western Blot 验证转染效率; 流式细胞术检测细胞周期、凋亡、线粒体 Ca²⁺和 MPTP 指标; EdU 和细胞集落形成实验验证调控 S100A9 对细胞的增殖能力; 4D-Label 蛋白组学分析 S100A9 对 AML 细胞株的影响; IP-MS 分析 S100A9 对

AML 细胞株的靶向受体/信号通路的激活；Western Blot 检测细胞周期、凋亡及相关信号通路关键蛋白的表达；基于受体与配体的药物虚拟筛选，获得靶向 S100A9 的高效靶向药物 Adavivint，并使用 CCK-8 分别检测增殖抑制率；动物模型对比小分子抑制剂 Adavivint 和维奈克拉(Venetoclax)对 AML-CDX 小鼠模型的影响。

结果 对维奈克拉耐药相关的 AML 转录组测序数据进行分析验证，确定 S100A9 在 AML 中高表达与不良预后相关。IHC 和 Western Blot 实验结果表明，与正常/敏感患者相对比，复发耐药患者高表达 S100A9 并表现为经 Venetoclax 治疗后预后较差；S100A9 的过表达可诱导 AML 细胞对 Venetoclax 产生耐药性。流式细胞术检测结果显示调控 S100A9 显著影响细胞周期 S 期，其相对百分比随 S100A9 的表达正向增加；同时 S100A9 的高表达能促进 AML 细胞的增殖、抑制凋亡；细胞周期、凋亡相关关键蛋白表达水平经 Western Blot 检测得到同样验证。药物虚拟筛选结果获得靶向 S100A9 的高效小分子 Wnt 通路抑制剂 Adavivint，证明其对 Venetoclax 耐药的 AML 细胞具有最强的细胞毒性作用，并在体外细胞实验、体内动物模型实验得到进一步验证。

结论 本研究的结果为进一步揭示 AML 对 Venetoclax 耐药机制提出新见解，证实 S100A9 作为一个潜在的治疗靶点，并为临床治疗难治型 AML 提供了新的策略。

PO-0288

结合高通量测序分析早期死亡 AML 的临床特征

黄继贤¹、黄喜儒¹、盘婉盈¹、余国攀²

1. 粤北人民医院血液内科

2. 南方医科大学南方医院血液科

目的 探讨在初发早期死亡（发病后 1 月内死亡）的 AML 中，就诊后 3 天内死亡（极早期死亡）和就诊后 4-30 天内死亡（非极早期死亡）的患者是否存在不同的临床特征，提高早期判断 AML 预后的能力。

方法 收集 2016 年 1 月至 2021 年 12 月在粤北人民医院血液内科住院的早期死亡 AML 患者，诊断均符合《中国成人急性髓系白血病（非急性早幼粒细胞白血病）诊疗指南（2021 年版）》诊断标准。

结果 1. 一般临床特征：共收集到早期死亡的 AML 患者 48 例，早期死亡组 38 人。男 25 例，女 13 例，中位年龄 67（28-87）岁。中位 WBC 为 54.37（1.09-439.63）×10⁹/L，中位 Hb 为 75（32-133）g/L，中位 PLT 为 40（6-401）×10⁹/L。

2. 两组临床特征对比：极早期死亡组，WBC、肌酐、LDH、骨髓原始细胞比例均高于非极早期死亡组，差异有统计学意义；P 值分别为 0.034、0.009、0.007、0.037。

3. NGS 特征分析：48 例早期死亡的 AML 患者中，34 例有 NGS 结果，其中 5 例为极早期死亡患者，29 例为非极早期死亡的患者。所有 34 例患者均检测到了基因突变，其中 33（97.06%）例患者同时合并了 2 个以上基因突变，合并基因突变的中位个数为 3（1-6）。

这 34 例患者中共检测出 32 个突变基因，最常见的 10 个基因突变分别为 NPM1（41.18%）、DNMT3A（35.29%）、FLT3（32.35%）、TET2（26.47%）、PTPN11（20.59%）、IDH2（17.65%）、SRSF2（14.71%）、TP53（11.76%）、NRAS（11.76%）、WT1（11.76%）。

结论 在早期死亡的 AML 患者中，极早期死亡患者有不同于非极早期死亡患者的临床特征，表现为 WBC、肌酐、LDH、骨髓原始细胞比例均高于非极早期死亡患者。而 NGS 检测发现早期死亡的 AML 患者常常合并基因突变，常见的基因突变为 NPM1、DNMT3A、FLT3、TET2、PTPN11。

PO-0289

急性髓系白血病分类的进展：从 WHO-HAEM4R 到 WHO-HAEM5 和国际共识分类（ICC）

陈雪¹、袁丽莉¹、张阳^{1,2}、王芳¹、马小丽¹、房建成¹、陆佩华^{1,2}、刘红星^{1,2,3,4}

1. 河北燕达陆道培医院
2. 北京陆道培血液病研究院
3. 北京陆道培医院
4. 首都医科大学

目的 2022 年新发布了两个急性髓系白血病（AML）诊断和分类的指南，即第五版《世界卫生组织血液淋巴瘤肿瘤分类》（WHO-HAEM5）和《国际共识分类》（ICC），两者都增加了分子遗传学异常定义的 AML 亚型。本研究拟对比两种新分类对 AML 诊断和分类的影响。

方法 纳入 2018.9 到 2022.12 间 1135 例根据 WHO-HAEM4R 诊断的 AML。截至 2023.6.30，中位随访时间 20 个月。所有病例进行靶向高通量测序和全转录组测序。按 WHO-HAEM5 和 ICC 对这些病例进行重新分类。

结果 WHO-HAEM5 中伴 KMT2A-r 的 AML 增加到 10%。WHO-HAEM5 新增伴 NUP98-r 的和具有其他分子遗传学改变的 AML，分别占 6%和 4%。WHO-HAEM4R 中的 AML-MRC 被修订为骨髓增生异常相关的 AML（AML-MR），并新增了基于 8 种基因突变定义的 AML-MR，使 AML-MR 从 12%增加到 21%。WHO-HAEM5 废除了 AML-RUNX1 亚型，30 例仅有 RUNX1 突变的 AML 被分类为由分化定义的 AML。按 WHO-HAEM5 分类后无明确分子遗传学异常的 AML 从 24%降至 11%。

AML-TP53 是 ICC 中的独立亚型，占 4%，其中 79%按 WHO-HAEM4R 诊断为 AML-MRC。WHO-HAEM5 中的 AML-MR 在 ICC 中被分为伴 MR 基因突变和伴 MR 细胞遗传学异常的 AML，分别占 13%和 5%。

按 WHO-HAEM5 诊断为 AML-CEBPA 的患者比按 WHO-HAEM4R 诊断为 AML-biCEBPA 的患者总生存率（OS）高，因为其包含了 AML-smbZIP-CEBPA，并将伴 MR 基因突变的病例归入 AML-MR。ICC 将伴 KMT2A::MLLT3 的 AML 与伴其他 KMT2A-r 的 AML 分开，伴 KMT2A::MLLT3 的 AML 的 OS 显著优于伴其他 KMT2A-r 的 AML。

ICC 将 AML-TP53 作为独立的 AML 亚型。生存分析显示 AML-TP53 在所有 AML 中的 OS 最低，但 AML-TP53 与同时携带 TP53 突变和其他分子遗传学异常的 AML 病例的 OS 无差异。因此，将 AML-TP53 视为独立亚型的合理性仍存争议。

结论 两种新分类系统都更多考虑了 AML 的分子异常，有助于对 AML 进行更精确的分类。WHO-HAEM5 和 ICC 之间的差异仍需进一步研究来获得更明确的解答。

PO-0290

全光谱流式细胞术诊断急性白血病的 2 管 39 色方案的研究

马耀坤¹、熊力¹、覃磊¹、袁青¹、杜雯^{2,3}、郑金娥^{2,3}

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司
2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院干细胞科
3. 生物靶向治疗研究湖北省重点实验室

目的 Cytex NL-CLC 全光谱流式细胞仪具有多达 38 色通道，可以为血液肿瘤细胞的免疫表型分析提供更多参数而从减少样本用量。基于此，我们希望利用全光谱流式细胞仪，构建一种 2 管 39 色方案，以对急性白血病诊断分型。

方法 根据 AL 患者常见的免疫表型和 Cytex 流式仪的通道设置（紫光 V16+蓝光 B14+红光 R8），

筛选 35 个特异性抗体 (HLA-DR、CD1a、CD2、CD3、CD4、CD5、CD7、CD8、CD9、CD10、CD11b、CD13、CD14、CD15、CD16、CD19、CD20、CD22、CD33、CD34、CD38、CD56、CD64、CD65、CD66c、CD71、CD99、CD117、CD123、CD300e、cMPO、cCD79a、cCD3、nuTdT、CD45) 来标记 AL 患者骨髓细胞的胞内和胞外抗原, 分别使用 Cytex 流式仪为两管 (23 色和 16 色) 和 Canto™ II (6 色) 进行检测。

结果 Cytex NL-CLC 和 Canto™ II 都能准确识别不同类型的 AL 患者。两组的细胞群分类均无显著性差异($P > 0.05$, $CV < 7.5\%$); 22 例 AL 患者 (异常细胞比例范围 7%-96.5%) 和 8 例正常样品两组的符合率为 100%。AL 患者的细胞比例无统计学差异 ($P > 0.05$)。两组间抗原表达率和表达强度均无统计学差异($P > 0.05$)。

结论 本次研究使用 Cytex NL-CLC 全光谱流式仪两管 39 色 panel 可以有效的帮助 AL 患者诊断分型, 且具有分析直观、简便、样本使用较少等优势, 值得临床推广和应用。

PO-0291

基于加权基因共表达网络分析急性髓系白血病预后 相关标志物及生物信息学验证

智鹏

解放军医学院

目的 急性髓系白血病(Acute myeloid leukemia, AML)为骨髓和外周血中髓系祖细胞(白血病母细胞)异常增殖和聚集的恶性肿瘤,使造血系统受到严重损害。目前可用于治疗 AML 的方案有化疗、干细胞移植、细胞免疫治疗等,虽然具备一定的疗效,但同时也存在很多问题,比如短期疗效良好,长期预后差,毒副作用大等。没有一种疗法可达到完全治愈 AML 的目标。本研究运用临床生物信息学分析方法,以阐明 AML 发生发展、耐药、预后不良的潜在生物标志物,为 AML 的临床治疗提供方法指导,以期发现新的治疗思路。

方法 基于 TCGA 数据库、GEO 数据库及 GTEx 数据库,建立 AML 二级数据库,针对数据库开展差异分析, WGCNA 分析,获取与 AML 预后相关的重叠基因,针对重叠基因开展富集分析及蛋白互作网络构建,进而获得关键基因,针对关键基因开展生存分析进行内部验证,再利用其他 GEO 数据进行外部验证,从而获取预后相关的核心基因。

结果 从 TCGA 数据库中获取 151 例 AML 患者 mRNA 转录组数据及临床数据,在 GTEx 数据库中提取 337 例正常血液 mRNA 转录组数据。GEO 数据库中 GSE9476 为符合要求的实验数据; GSE142698 作为外部验证数据。差异分析及 WGCNA 分析后共获得 36 个重叠基因,富集分析发现重叠基因与中性粒细胞活化、癌症中的转录失调、急性髓系白血病、肿瘤坏死因子等生物学指标有关;蛋白互作网络构建发现 MPO、CCT2、TUBB、CDA、CEBPB、STMN1、TREM1、TUBA4A、TYMS、BCL2A1 为关键基因;利用生存数据进行生存分析发现 MPO、BCL2A1、TUBA4A、CEBPB、STMN1 具有统计学意义。GSE142698 验证发现 MPO、BCL2A1、STMN1 具有统计学意义。

结论 MPO、BCL2A1、STMN1 为与 AML 预后相关的潜在生物标志物,可为 AML 的进一步研究和治疗方案的优化提供参考。

PO-0292

塞利尼索联合 HAD 或 CAG 方案对 复发难治急性髓系白血病的疗效研究

王涛、隗佳、马梁明、朱秋娟、贡蓉、高志林、田卫伟、陈斌
山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 观察塞利尼索联合 HAD 或 CAG 方案对复发难治急性髓系白血病的疗效（完全缓解，CR 率；部分缓解，PR 率；未缓解，NR 率），以及复发率，治疗相关死亡率（TRM），2 年总生存率（OS），无事件生存率（EFS）（NCT 05726110）。

方法 选择塞利尼索(60 mg) 一周两次，应用两周（共四次，塞利尼索总量 240mg），联合 HAD 或 CAG 方案对复发难治 AML 患者进行再诱导治疗。骨髓象提示增生活跃的患者选择 HAD 方案，骨髓象提示增生减低患者选择 CAG 方案。

结果 2023 年 1 月-7 月共有 8 名复发难治 AML 患者进入临床研究观察，完全缓解(CR)率 50%(4 / 8)，部分缓解(PR)率 25%(2 / 8)，有效率 75%，未缓解率（NR）25%(2 / 8)。主要不良反应为骨髓抑制、重度感染。

结论 塞利尼索联合 HAD 或 CAG 方案对复发难治急性髓系白血病的疗效显著，可扩大病例进行深入研究。

PO-0293

血液肿瘤患者感染新型冠状病毒 Omicron 变异株发生重型 感染和不良预后的危险因素——一项中国单中心回顾性分析

叶丽^{1,2,3,4}、杨焯^{1,2,3,4}、张学武^{1,2,3,4}、王路^{1,2,3,4}、朱俐^{1,2,3,4}、李霞^{1,2,3,4}、周一乐^{1,2,3,4}、郑小龙^{1,2,3,4}、周歆平^{1,2,3,4}、任艳玲^{1,2,3,4}、许改香^{1,2,3,4}、马丽亚^{1,2,3,4}、杨春梅^{1,2,3,4}、王华锋^{1,2,3,4}、周德^{1,2,3,4}、杨敏^{1,2,3,4}、叶杏浓^{1,2,3,4}、韦菊英^{1,2,3,4}、俞文娟^{1,2,3,4}、钱劼靖^{1,2,3,4}、姜引军^{1,2,3,4}、谢万灼^{1,2,3,4}、黄健^{1,2,3,4}、孟海涛^{1,2,3,4}、金洁^{1,2,3,4}、佟红艳^{1,2,3,4}

1. 浙江大学医学院附属第一医院
2. 浙江省血液肿瘤(诊治)重点实验室
3. 浙江大学癌症研究院
4. 浙江省血液科临床医学研究中心

目的 探讨血液肿瘤患者感染新型冠状病毒 Omicron 变异株后发生重型感染和不良预后的危险因素。

方法 回顾性分析 2022 年 12 月 1 日至 2023 年 2 月 15 日浙江大学医学院附属第一医院血液科收治的 134 例血液肿瘤患者感染新型冠状病毒 Omicron 变异株的临床特征，分析发生重型感染和不良预后的危险因素。

结果 134 例患者中 32 例（23.9%）为无症状/轻症，39 例（29.1%）为重症，其中 73 例（54.4%）接种至少 2 次新冠疫苗。无症状/轻症患者中 50% 接种至少 3 次疫苗，而重症患者中 56.4% 未接种新冠疫苗。多因素分析结果表明新冠疫苗接种次数为发生重症感染与否的独立预后因素，小于 2 次接种疫苗的患者发生重症感染率高（OR=4.213, 95% CI 1.433-12.392, p=0.009）。持续新冠感染或 30 天内死亡的患者为预后不良组（n=57），其他为预后良好组（n=77）。两组之间的中位年龄（p=0.015）、疾病状态（p=0.001）、接种疫苗次数（p=0.001）、中性粒细胞计数（p=0.011）、外周血免疫球蛋白水平（p=0.038）和外周血白介素-6 水平（p=0.025）有显著统计学差异。多因素分析结果显示接种疫苗次数和外周血免疫球蛋白 G 水平为预后不良与否的独立预后因素。接种疫苗小于 2 次（OR=0.233, 95%CI 0.068-0.798, p=0.020）和外周血免疫球蛋白 G 低于 1000（OR=0.220, 95%CI 0.066-0.753, p=0.014）与预后不良相关。

结论 接种疫苗多次和较高的免疫球蛋白 G 水平可提高感染 COVID-19 Omicron 变异株患者的临床预后。

PO-0294

2 例儿童唐氏综合征合并急性淋巴细胞白血病的临床分析

王雨娴、熊昊、陈智、杨李、孙鸣、卢文婕、祁闪闪、杜宇、陶芳、罗琳琳
武汉儿童医院

目的 探讨儿童唐氏综合征 (Down syndrome, DS) 合并急性淋巴细胞白血病 (Acute Lymphoblastic Leukemia, ALL) 的临床特性。

方法 回顾性分析 2 例 DS-ALL 患儿的临床资料并复习相关文献。

结果 2 例患儿中男女各 1 例, 发病年龄为 9 岁和 11 岁; ALL 免疫分型均为 B 型。2 例均接受标准规范化疗方案治疗, 但早期对化疗反应欠佳, 例 1 患儿采用高危方案治疗, CAM 疗程后微小残留病灶 (Minimal Residual Disease, MRD) 转阴, 2019 年 5 月结疗, 目前随访无病生存。例 2 患儿巩固治疗前 (第十二周) MRD 为 0.1%, 升为高危方案治疗, HR1-1 疗程后 MRD 转阴, 且持续维持阴性, 2013 年 3 月进入维持治疗, 现仍维持治疗。

结论 DS-ALL 患儿和 NDS-ALL 患儿诊断时临床表现均相似。主要表现为脾脏肿大、血常规异常和外周血可见幼稚淋巴细胞等, DS-ALL 几乎都是 B 细胞表型。

DS-ALL 患者的治疗仍具有挑战性, 因为很难在获得完全长期缓解所需的化疗剂量和化疗后不良反应之间找到平衡。本文 1 例病例患儿按照现行化疗方案的中危方案开始化疗, 但早期诱导缓解化疗效果欠佳, 升级至高危方案后可获得完全缓解。提示 DS-ALL 患儿可能对现行 ALL 化疗方案的中危均不敏感, 需接受高危级别的化疗, DS-ALL 患儿对强化疗的耐受明显欠佳。接受强化疗后严重感染的风险更高。这 2 例 DS-ALL 患儿在每次强化疗后均发生骨髓抑制, 导致临床出现严重的粒细胞缺乏合并脓毒血症。因此对 DS-ALL 患者化疗期间需强化保护隔离措施, 例如全程安置于层流床内, 同时需要做好化疗后骨髓抑制期间支持措施, 如积极使用粒细胞刺激因子促进造血功能恢复, 输注浓缩红细胞、单采血小板等辅助治疗措施。化疗后骨髓抑制合并感染期间积极予以强力抗生素和抗真菌等积极抗感染治疗、加强 MTX 血药浓度的检测, 及时增强亚叶酸钙解救的剂量和次数。本文 2 例患儿虽然在强化疗的过程中化疗相关不良反应较普通患儿严重, 但经过强化疗后病情均可有效缓解, 例 1 患儿无病生存至今, 例 2 患儿经强化疗后病情缓解现仍维持治疗, 监测 MRD 无复发。DS-ALL 患儿在经过规范化治疗和积极的支持治疗后仍有获得长期缓解的希望, 所以应对 DS-ALL 患儿积极治疗。CAR-T 及单抗靶向治疗等或可有助于降低治疗相关毒副作用, 提高预后生存期望, 但仍需多中心大样本进一步研究。

PO-0295

磷酸化 STAT5 在急性 B 淋巴细胞白血病中的预后意义

许秀丽、蔡梓红、黄子聪、周洋、梁海梅、刘启发、周红升
南方医科大学南方医院

目的 JAK-STAT 通路的失调与急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 的发生密切相关, 但目前磷酸化 STAT5 在 B-ALL 中临床意义不明。本研究旨在研究磷酸化 STAT5 (P-STAT5) 在 B-ALL 中的表达及其对预后的影响。

方法 采用流式细胞术法检测 184 例 2018 年 1 月至 2021 年 12 月南方医院 PDT-ALL-2016 队列初诊的 B-ALL 患者骨髓中 P-STAT5 的表达, 9 名患者无 MRD 检测, 共 177 例患者纳入后续分组分

析, 所有患者均接受儿童样 PDT-ALL-2016 方案治疗, 收集患者临床资料分析临床特征及其预后。

结果 在 184 名患者中, 71 例(38.9%)患者显示 P-STAT5 高表达。其他临床特征包括性别、年龄、白细胞计数、髓外浸润、核型、免疫表型在两组间无显著差异。P-STAT5high 组的 3 年无事件生存 (EFS) 及总生存 (OS) 率均显著低于 P-STAT5low 组 (EFS: 23.5%对 52.1%, $P<0.01$; OS: 44.8%对 65.2%, $P<0.01$)。单因素分析提示 P-STAT5 高表达、CNLS、CD20 阳性、IKZF1 缺失及化疗后第 45 天 MRD (MRD3) 与预后相关, 多因素分析提示, P-STAT5 高表达(HR=2.09)、MRD3 阳性(HR=1.69)是 B-ALL 预后不良的独立因素(均 $P<0.05$)。将 P-STAT5 与 MRD3 联合分析, 定义新危险分层, 可发现 P-STAT5high/MRD3+即高危组 3 年 EFS 及 OS 率均显著低于中危 (P-STAT5high/MRD3-或 P-STAT5low/MRD3+) 及低危组 (P-STAT5low/MRD3-) (EFS: 11.7% vs 43.1% vs 57.6%, $P<0.05$; OS: 36.5% vs 56.7% vs 74.1%, $P<0.01$)。

结论 P-STAT5 高表达 B-ALL 患者预后不良, 其与 MRD3 状态的动态组合可作为 B-ALL 新的危险分层策略。

PO-0296

Bcl-2 表达与 Bcl-2 抑制剂在急性髓系白血病中疗效的相关性研究

吴佳霏、李慧
四川省人民医院

目的 探讨 Bcl-2 蛋白在急性髓系白血病 (AML) 患者中表达的临床意义, 进而研究 Bcl-2 表达与维奈克拉 (VEN) 在 AML 患者中疗效及预后的关系。

方法 回顾性收集和分析 2018 年 7 月至 2022 年 12 月就诊于四川省人民医院 117 例初诊 AML 患者的临床资料, 按患者骨髓活检标本免疫组化染色结果分为 Bcl-2 蛋白阳性组和阴性组。采用 χ^2 或 Fisher 确切概率法, 检验 Bcl-2 蛋白与 AML 患者临床特征及分子遗传学特征的关系。经 VEN 治疗后, 60 例患者进行疗效评估, 采用 χ^2 检验对 Bcl-2 蛋白阳性组和阴性组的疗效进行比较。进一步使用 Log Rank 检验比较两组间生存时间。

结果 117 例 AML 患者中, Bcl-2 蛋白阳性率 61.5%, 阴性率 38.5%。初诊 AML 患者中, ≥ 60 岁患者 27.1% (13/48) Bcl-2 蛋白为阴性, 72.9% (35/48) 为阳性; < 60 岁的患者, 46.4% (32/69) 为阴性, 53.6% (37/69) 为阳性。13.5% (7/52) Bcl-2 阳性组伴 ASXL1 基因突变。60 例患者经过 VA 方案初次诱导后, 总 CR/CRi 率为 73.3% (44/60), 其中 Bcl-2 阴性组与阳性组分别为 73.9% (17/23) 和 73.0% (27/37); 不良反应主要表现为血液学不良反应, 38.4% (8/23) 阴性组和 10.8% (4/37) 阳性组患者出现 IV 级血小板减少; 总 mOS 为 14.27 个月, 其中阴性组 14.13 个月, 阳性组 14.27 个月。42 例使用 IC 方案治疗的患者中 CR/CRi 率为 76.2% (32/42), 阴性组与阳性组分别为 80.0% (16/20) 和 72.7% (16/22); 不良反应与 VA 方案相似, 也是血液学不良反应, 其中 IC 方案中出现中性粒细胞减少性发热的比率明显高于 VA 联合方案, 分别 59.5% (25/42) 和 21.1% (4/19)。

结论 Bcl-2 蛋白在 AML 患者中高表达, 可作为 AML 患者不良预后风险因素。AML 患者使用 VEN 可获得较好的治疗反应, VEN 对 Bcl-2 阴性患者亦具有良好疗效。VEN 治疗可显著改善患者预后, 特别是 Bcl-2 阳性预后差的 AML 患者。

PO-0297

FLT3-ITD 急性髓系白血病患者诱导 巩固与移植全流程管理研究

王涛、隗佳、马梁明、朱秋娟、贡蓉、高志林、田卫伟
山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 观察 FLT3-ITD 急性髓系白血病患者诱导与巩固化疗 3 次后，直接选择异基因干细胞移植的临床研究。

方法 23 例 FLT3-ITD 急性髓系白血病患者选择 IA 或 HAD 方案诱导治疗，中大剂量阿糖胞苷巩固治疗后，选择异基因干细胞移植控制疾病进展；观察疗效（完全缓解，CR 率；部分缓解，PR 率；未缓解，NR 率），以及复发率，2 年总生存率（OS），无事件生存率(EFS)。

结果 本组研究中的诱导化疗的完全缓解(CR)率 65.2%(15 / 23)，部分缓解(PR)率 13.0%(3 / 23)，有效率 78.3%（17/23），未缓解率（NR）26.1%(6 / 23)。中位随访时间为 42.6（5.0-93.7）个月，OS 率为 69.5%。23 例患者均获得粒细胞及血小板植入，中性粒细胞中位植入时间为 17（11~32）d，血小板中位植入时间为 14（9~31）d。

单倍型移植组急性 GVHD 发生率高于 HLA 全相合同胞移植组 [36.0%vs 18.2%，P=0.003]。

结论 FLT3-ITD 急性髓系白血病患者在 6 个月内接受诱导，巩固化疗，并行异基因干细胞移植的全流程管理疗效显著，可扩大病例进行深入研究。

PO-0298

舒适化护理模式在有创操作治疗期间 对儿童肿瘤患者家长护理满意度的提升效果

巩水莲
北京京都儿童医院

目的 探究舒适化护理模式在有创操作治疗期间对儿童肿瘤患者家长满意度提升的应用效果。

方法 选取 2022 年 6 月至 2022 年 12 月于北京京都儿童医院血液科治疗检查的 50 例儿童肿瘤疾病患者家长自愿接受舒适化护理的好家纳为研究对象。按照随机抽签法进行分组，分为研究组和对照组，每组各 25 例。对照组家属的患儿在治疗期间给予常规护理，研究组家属的患儿直接应用丙泊酚静脉注射，进行无痛操作检查，比较两组儿童有创操作治疗检查的成功率和治疗检查后家长对护理的满意度。

结果 研究组患者有创操作治疗的成功率高于常规组（ $p < 0.05$ ）；家属对护理的总满意度明显高于常规组（ $p < 0.05$ ）。

结论 应用舒适化护理模式在儿童肿瘤患者有创操作治疗期间有效的提高了操作的成功率，显著提升了家属对护理的满意度，值得临床推广。

PO-0299

CD25 is an independent adverse prognostic factor and refines risk stratification in COG low-risk group in pediatric AML

Dong Hu^{1,2}, Wen Du^{1,2}, Hui Yu^{1,2}, Jing He², Wei Zhou³, Simin Shu³, Yaokun Ma^{3,4}, Juan Li^{1,2}, Wei Liu^{1,2}, Cong Lu^{1,2}, Jine Zheng^{1,2}, Xiaoqing Li^{1,2}, Yanli He^{1,2}, Junxia Yao^{1,2}, Huiyu Li^{1,2}, Xiaolan Feng⁵, Shiang Huang^{1,2}

1. Center for Stem Cell Research and Application, Union Hospital, Tongji Medical 11 College, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan, China

2. Institute of Hematology, Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

3. Wuhan Kindstar Diagnostics, Wuhan, China

4. School of Basic Medical Sciences, Wuhan University Taikang Medical School, Wuhan, China

5. Cumming School of Medicine, University of Calgary, Calgary, AB, Canada

Objective CD25 is a critical leukemia stem cell biomarker and a promising predictive marker for putative targeted therapies in AML. CD25 showed significant prognostic value in adult acute myeloid leukemia (AML), which improves risk stratification in cytogenetically intermediate-risk AML. The genetic landscape of pediatric AML is distinct from adult and the prognostic value of CD25 in pediatric AML has not been well characterized. In this study, we aim to characterize the prognostic significance of CD25 in pediatric AML patients.

Methods The expression of CD25 of leukemia blasts were measured by flow cytometry. Mann-Whitney U test and/or Kruskal-Wallis test were performed to compare CD25 expression as continuous variable between different subsets of patients. Bivariate Spearman correlation test was used to measure associations among continuous variables. Chi-square tests were carried out to compare categorical variables between different subsets of patients. RFS and OS were defined as previous described. Cut-points to define positive and negative CD25 expression were modeled using the maximally selected rank statistics from the 'maxstat' R package. Uni-variable survival analyses using Kaplan–Meier method were performed to evaluate association of RFS or OS with dichotomous variables, the differences were calculated by log-rank test. Multivariable Cox regression models were used for RFS and OS.

Results We demonstrated a unique expression pattern of CD25 protein, with higher expression of CD25 in RUNX-RUNX1T1, CBFB-MYH11 and FLT3-ITD positive cases and lower expression in cases with KMT2A fusions, NPM1+/FLT3-ITD- and CEBPADM changes. We adopted a best-separation method and defined 4.35% as the cut point for CD25 positivity to reach optimal prognostic capability. CD25 positive cases are prevalently enriched in pediatric AML with core-binding factor (CBF)-associated translocations and are significantly associated with shorter relapse free survival ($p < 0.001$) and overall survival (OS, $p < 0.001$). In addition, multivariable Cox analyses revealed that CD25 positivity predicts worse clinical outcomes (OS: $p = 0.001$) in pediatric AML irrespective of prognostic factors including Children's Oncology Group (COG) risk level, cyto-genomic statuses and white blood cell count. Furthermore, CD25 positivity indicated shorter OS within COG low-risk and CBF AML subsets.

Conclusion In short, we found that CD25 is prevalently overexpressed in CBF subtype of pediatric AML, independently predicts adverse clinical outcomes in pediatric AML and improves risk stratification in particular by further refining COG low-risk and CBF AML.

PO-0300

嵌合抗原受体 T 细胞治疗后的巨噬细胞活化综合征 1 例报告并文献复习

马馭、张慧芳、姜慧娟、徐海浪、张焕新、夏洁云、李护君、乔建林、李振宇、徐开林、闫志凌
徐州医科大学附属医院

目的 探讨急性 B 淋巴细胞白血病输注 CD19 CAR-T 细胞后并发的 HLH 的诊断及治疗要点。

方法 报道 1 例经无关供者全相外周血造血干细胞移植后达 CR，后又复发的急性 B 淋巴细胞白血病患者，2022-01-05 于我院输注 CD19 CAR-T 细胞后出现 HLH，分析其临床特点及探讨可能机制、治疗要点。

结果 输注后 d12 患者出现巨噬细胞活化综合征，予以血浆置换、小剂量激素、托珠单抗、成分输血、保肝降酶、G-CSF 促进造血等综合治疗后症状缓解。d89 评估患者病情达 CR，2023-7 患者至我院复查，疗效评估达 CR，MRD 阴性，HLA 检测示供体来源细胞比例为 100%，现继续随访。

结论 针对出现 HLM 的患者，早期识别和立即进行治疗干预以产生快速反应是至关重要的，CAR-T 相关的 HLH/MAS 治疗主要针对 CAR-T 细胞的持续活化和 CRS，治疗方案同 CRS，包括应用糖皮质激素、IL-6 阻断剂，往往最先采用静脉注射甲强龙冲击疗法，如疗效不是很明显，开始使用环孢素 A (CsA) 的肠外注射。部分患者尝试应用血浆置换、炎性因子吸附等治疗也取得一定效果。针对复发性疾病患者，异体造血干细胞移植 (HSCT) 也具有高度优先性。

PO-0301

评价 ABCD 治疗血液病患者侵袭性曲霉病的疗效和安全性

庞爱明¹、高广勋²、任金海³、王巍⁴、张义成⁵、冯四洲¹

1. 中国医学科学院血液病医院

2. 空军军医大学第一附属医院

3. 河北医科大学第二医院

4. 哈尔滨医科大学附属第二医院

5. 华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 注射用两性霉素 B 胆固醇硫酸酯复合物 (ABCD) 较传统两性霉素 B 肾毒性更小，国产 ABCD 在血液病并发 IFD 患者中缺乏证据，本研究旨在评价国产 ABCD 用于血液病患者侵袭性曲霉病 (IA) 治疗的有效性和安全性。

方法 本研究为多中心、单臂研究，计划入组 65 例侵袭性曲霉病患者接受 ABCD 抗真菌治疗，治疗周期为 28 天。主要终点为治疗有效率，次要终点为 ABCD 相关不良事件发生率。

结果 截至 2023 年 2 月研究共入组 40 例患者进行阶段分析，所有入组患者可评估安全性，30 例 (75%) 治疗至少 1 周患者可评估疗效。中位年龄为 43 (范围 18-68) 岁，基础疾病主要为急性髓系白血病 (n=28, 70%)，多为肺部 (n=39, 97.5%) 曲霉感染特征性表现，其中 3 例 (7.5%) 微生物学检出曲霉菌。本研究中 62.5% (n=25) 的患者有抗真菌治疗史，在治疗无效 (n=12, 48%) 或预防突破 (n=13, 52%) 后换用 ABCD 治疗，ABCD 的中位治疗时间为 18.5 (范围 1-28) 天，完成治疗 (治疗时间≥28 天) 的受试者比例 62.50% (25/40)。日均剂量 (±SD) 为 2.54 (±0.79) mg·kg⁻¹·d⁻¹。患者治疗有效率为 66.7% (20/30)。有 12.5% (n=5) 的患者因输液反应提前结束治疗 (经过对症治疗后，症状均在当天消失)，提示临床治疗中应关注输液反应的防治。3/4 级不良事件有发热 (5%)、低钾血症 (30%) 和丙氨酸氨基转移酶增高 (7.5%)，无 3/4 级血肌酐增加事件，表明了 ABCD 较低的肾毒性。

结论 国产 ABCD 在治疗侵袭性曲霉病中显示出了良好的临床疗效和可接受的毒性，尤其是肾毒性低，可作为抗真菌治疗新的选择。

PO-0302

艾沙康唑治疗血液系统疾病患者侵袭性真菌病的有效性和安全性研究

潘攀、翟卫华、马巧玲、杨栋林、庞爱明、姜尔烈、冯四洲、韩明哲
中国医学科学院北京协和医学院血液病医院

目的 侵袭性真菌病 (Invasive fungal disease, IFD) 在血液系统疾病患者中有较高的发生率及致死率，既往研究显示艾沙康唑对曲霉菌、毛霉菌等多种病原所致的侵袭性真菌病均有较好疗效及安全性。为评估艾沙康唑在血液系统疾病患者中的疗效及安全性，中国医学科学院血液病医院造血干细胞移植中心进行了一项回顾性非干预性单臂病例分析研究。

方法 本研究共纳入 12 例于 2022 年 8 月 1 日至 2023 年 3 月 1 日期间诊断（包括确诊/临床诊断/拟诊）为 IFD 且接受艾沙康唑治疗 >7 天的患者。

结果 全部 12 例患者中，7 例诊断为侵袭性曲霉菌病，5 例诊断为侵袭性毛霉菌病。所有患者均采用艾沙康唑单药抗真菌治疗；其中 4 例患者初始应用艾沙康唑治疗，余 8 例患者为挽救性治疗使用。本研究应用艾沙康唑治疗的中位时间为 43.5 天 (11-86)，治疗结束时，全部患者总体有效率 (Overall Response, OR) 为 67% (8/12)，其中痊愈率 (Complete Response, CR) 为 42%，好转率 (Partial Response, PR) 为 25%；初始治疗患者中 3 例 (75%) 患者达到 OR，而挽救治疗患者中 5 例 (62.5%) 患者达 OR。安全性评估显示治疗用药期间 1 例患者出现转氨酶升高至正常上限 3 倍以上，未见患者因不良反应停用艾沙康唑。

结论 本项研究探讨了艾沙康唑在血液系统疾病患者中的应用，结果显示其表现出良好的疗效及安全性，是治疗血液系统疾病患者侵袭性真菌病的有效治疗方案；且初始抗真菌治疗使用艾沙康唑可能有更有效率。

PO-0303

NCTD 通过靶向 PPP5C 对人白血病细胞增殖、凋亡的影响及机制研究

张鑫、于国兴、崔冰洁、杜静
滨州医学院附属医院

目的 研究去甲斑蝥素 (norcantharidin, NCTD) 通过靶向磷酸蛋白磷酸酶催化亚基 5C (PPP5C) 对人白血病 NB4、K562 细胞增殖、凋亡能力的影响及机制研究。

方法 体外培养 NB4、K562 细胞，电转 pcDNA3.1 和 PPP5C-pcDNA3.1 质粒至 NB4、K562 细胞，遗传霉素 (G418) 筛选 NB4、K562 稳转细胞系。Western blot 和 qRT-PCR 检测 PPP5C mRNA 和蛋白表达水平。采用 CCK-8、迁移实验、细胞活死染色分别检测 NB4、K562 细胞的增殖能力、迁移能力和死亡率。将 NB4、K562 稳转细胞分为对照组和不同浓度 NCTD 组，分别用含有 0、8、16、32 $\mu\text{g/ml}$ NCTD 的 1640 培养基培养；细胞活死染色检测死亡率并对细胞形态进行拍照；Western blot 检测各组细胞 caspase 3、Cleaved caspase 3、JNK、p-JNK、p38、p-p38 和 Tubulin 蛋白表达水平。

结果 转染 NB4、K562 细胞 PPP5C 表达水平显著提高后, 细胞增殖能力、迁移能力、抗凋亡能力显著增强。与 0 $\mu\text{g/mL}$ NCTD 组比较, 8、16 和 32 $\mu\text{g/mL}$ NCTD 处理组细胞凋亡增加、形态改变和凋亡蛋白表达水平升高。

结论 NCTD 能够通过抑制 PPP5C 促进 NB4、K562 细胞凋亡, 抑制细胞的增殖。

PO-0304

叶酸代谢途径通过调控 HO-1 诱导 急性髓系白血病耐药的机制研究

成冰清

贵州医科大学附属医院

目的 “肿瘤是一种代谢性疾病”已经成为共识。急性髓系白血病 (AML) 是成人急性白血病中发病率最高的恶性造血系统疾病, 耐药仍旧是临床治疗该病的瓶颈。随着代谢组学和高通量筛选等技术的整合, 彻底改变了人们在癌细胞增殖中对代谢的依赖性的理解, 近年来不少研究提出 AML 耐药时内源性代谢谱也发生了改变, 通过靶向特征的代谢改变有望逆转耐药。我们发现代谢重编程可通过多种途径诱导 AML 细胞耐药, 这种现象或许与 HO-1 介导叶酸代谢途径有关。

方法 重组病毒分别感染各组 AML 细胞, 荧光显微镜观察细胞转染情况, Real time-PCR 和 Western blot 在基因组 mRNA 和蛋白水平检测 MTHFD2 在 AML 细胞中的表达。在体内体外实验中调控 MTHFD2 后 Real time-PCR 和 Western blot 法检测 MTHFD2-H 和 MTHFD2-L 两组 AML 肿瘤细胞的 HO-1、GFI-1 表达情况。HPLC-MS/MS 法检测 AML 肿瘤细胞的叶酸代谢速率的改变。CCK-8 检测各组细胞增殖抑制率; 流式细胞术-Annexin V/PI 检测调控 MTHFD2 后各组 AML 细胞株的凋亡率。

结果 我们初步证实叶酸代谢途径酶 MTHFD2 能调控 HO-1。HO-1 能影响 AML 的耐药, 沉默 MTHFD2 的表达会诱导 AML 细胞株的凋亡。慢病毒沉默 THP-1 细胞株中 MTHFD2 的表达会使 HO-1 的基因和蛋白水平都升高(图 3D), 但沉默 HO-1 无法影响 MTHFD2 基因表达。STRING 网络检测发现 MTHFD2 与 HO-1 存一定的关联性, 但不存在明确的路径。具体机制仍需要我们探索。我们通过 TCGA 数据库分析 GFI-1 与 MTHFD2 存在相关性, 前期实验证实 GFI-1 对 AML 耐药相关, 且能调控 HO-1。

结论 结合前期的工作基础提出以下假说: ①叶酸代谢重编程可以通过 MTHFD2 上调 HO-1 诱导 AML 细胞的耐药; ②MTHFD2 对 AML 细胞的保护作用可能通过 GFI-1 影响叶酸代谢途径发挥作用。在后续研究中, 我们将使用代谢组学、蛋白质组学、免疫共沉淀、信号通路激活/阻断等方法来研究 MTHFD2 表达调控与 HO-1, 叶酸代谢以及肿瘤耐药之间的关系并探讨其具体分子机制。进一步阐明 AML 耐药的发生机制, 为克服 AML 耐药和研发新型药物提供新的思路和实验依据。

PO-0305

职业性慢性苯中毒的外周血淋巴细胞亚群分析

唐君玲¹、牟玲¹、郑丽¹、贺炜¹、刘仟千¹、吴佳霏¹、张琳依¹、张庭强¹、蒋结梅¹、王丽¹、王永义¹、刘永生²

1. 重庆医药高等专科学校附属第一医院职业病与中毒医学科
2. 重庆医药高等专科学校

目的 研究职业性慢性苯中毒患者的淋巴细胞亚群变化特征。

方法 采集 4 例患者外周血进行流式细胞检测淋巴细胞亚群。

结果 4例铅中毒患者外周血中淋巴细胞亚群紊乱, PT1、PT2、PT3、PT4的NK样T细胞比例(%)增高分别为: 20.70、20.23、11.20、16.48; 早期活化T细胞: 12.88、28.98、44.96、13.15。PT1、PT2、PT3的边缘带B细胞有不同程度的增高, 分别为16.48、13.41、36.98。
结论 职业性慢性苯中毒患者存在T细胞亚群的紊乱和边缘带B细胞的升高。

PO-0306

伴 der(1;7)(q10;p10)血液肿瘤患者临床及实验室特征

张艳、曹巍、李志鹏、张坤、王春芳、王彤
河北燕达陆道培医院

目的 分析伴 der(1;7)(q10;p10)血液肿瘤患者临床及实验室特征。

方法 回顾性分析 57例患者临床资料, 分别进行骨髓形态学、免疫分型、染色体核型分析及血液肿瘤突变组分析, 总结其临床及实验室特征。

结果 收集河北燕达陆道培医院 2012年4月1日至2022年12月31日 57例伴 der(1;7)(q10;p10)血液肿瘤患者。其中 MDS 29例, AML 10例, AA 3例, MDS转AML 1例, MDS伴MF 1例, AML伴MF 1例, T淋巴母细胞白血病/淋巴瘤 1例, 慢性淋巴细胞白血病 1例, 套细胞淋巴瘤 1例, 诊断不清 9例。男性 50例, 女性 7例, 男:女=7.14:1。中位年龄 59岁(29岁~81岁)。>60岁 25例, 50~59岁 12例, 40~49岁 15例, 40岁以下 5例。单纯 der(1;7)(q10;p10)染色体异常患者 17例(29.8%), 伴有附加染色体异常 40例(70.2%), 其中 21例伴+8(36.8%), 8例伴 del(20q)(14.0%), 6例伴+21(10.5%), 10例伴复杂染色体异常(17.5%), 存在无关克隆 2例。27例进行血液肿瘤突变组分析, 主要出现的重现性突变基因有 RUNX1 7例, ASXL1 6例, E2H2 5例, GATA2 5例, WT1 4例, TET2 4例。白血病融合基因筛查出 1例 RUNX1::RUNX1T1 阳性, 1例 MLL-PTD 阳性。11例进行骨髓形态分析, 病态造血发育异常 1~3系。11例进行免疫分型分析, 均表达髓系抗原 CD33, CD34, CD117, CD13, HLA-DR, CD38。
结论 der(1;7)(q10;p10)具有独特的临床与实验室特征, 常见于 MDS、AML。男性占绝对优势, 中老年患者多见。常伴+8、del(20q)、+21等附加染色体异常。主要累及突变基因 RUNX1、ASXL1、E2H2、GATA2、WT1、TET2等。

PO-0307

两例职业性铅中毒的外周血淋巴细胞亚群特征

张力¹、骆开兰¹、郑丽¹、晏丽¹、刘仟千¹、吴佳霏¹、张琳依¹、
张庭强¹、喻梅¹、黄小娅¹、吴月梅¹、王永义¹、刘永生²
1. 重庆医药高等专科学校附属第一医院职业病与中毒医学科
2. 重庆医药高等专科学校

目的 研究职业性铅中毒患者的淋巴细胞亚群变化特点。

方法 采集 2例患者外周血进行流式细胞检测淋巴细胞亚群。

结果 结果 2例铅中毒患者外周血中淋巴细胞亚群紊乱, PT1、PT2的TC:TS比值增高分别为: 5.15、5.26; 过渡型B淋巴细胞的比例(%)降低分别为: 1.32、0.33, 记忆B淋巴细胞比例(%)增高分别为: 26.38、42.23。

结论 铅中毒患者存在T、B细胞亚群的紊乱。

PO-0308

Identifying STRN3-RARA as a new fusion gene for acute promyelocytic leukemia

Hongbing Ma¹, Qi Zhang², He Li¹, Xue Lan⁷, Fan Gu⁴, Lanxin Zhang⁴, Lu Zhang⁴, Tong Chen³, Qiang Chen⁵, Wentong Meng⁶, Yu Wu¹, Hong Chang¹, Ting Liu¹, Chong Chen², Yu Liu²

1. Department of Hematology, Institute of Hematology, West China Hospital, Sichuan University
2. Department of Hematology and Institute of Hematology, State Key Laboratory of Biotherapy and Cancer Center, West China Hospital, Sichuan University, Chengdu, Sichuan, China
3. Sichuan Hua Xi Kindstar Medical Diagnostic Centre, Chengdu, Sichuan, China
4. Sichuan University
5. Sichuan neo-life stem cell biotech inc., Institute of Blood Transfusion, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College
6. Laboratory of Stem Cell Biology, State Key Laboratory of Biotherapy, West China Hospital
7. West China, Sichuan University

Objective While most of them are driven by PML-RARA, about 2% of acute promyelocytic leukemia (APL) contain variants of RARA-fusions, which provide challenges for diagnosis and treatment for these patients. Here, we reported a novel t(14;17) translocation in an APL patient, which gave rise to a new fusion gene, STRN3-RARA.

Methods STRN3-RARA was identified in an APL patient by morphology without PML-RARA fusion gene and any known variant. The APL responded well to the combination of all-trans retinoic acid (ATRA) and arsenic trioxide and followed by standard consolidation and maintenance. The patient refused to receive stem cell transplantation. The APL relapsed 10 months after complete remission and showed resistance to ATRA, ATO and venetoclax. The patient succumbed to infection. A series of experiments in vivo and in vitro were conducted to establish STRN3-RARA as a functional driver of APL.

Results We found that STRN3-RARA led to a transcriptional program similar to those of classical PML-RARA driven APL through both direct and indirect genome binding. And ATRA treatment could also degrade the STRN3-RARA protein. Further, STRN3-RARA, cooperating with the loss of UTX, which was mutated in the patient, drove a full-blown APL in mice through a partial differentiation block. Consistent with APL with other RARA-fusion variants, the STRN3-RARA APL cells were less sensitive to ATRA treatment and the patient quickly relapsed after the initial response to ATRA treatment. Transcriptome analyses showed that the TNF α pathway was upregulated by STRN3-RARA and drug screening verified that cepharanthine, an FDA-approved drug capable of reducing TNF α stimulation, could inhibit the growth of both U937 cells with STRN3-RARA expression and the relapsed APL cells from the patient.

Conclusion Taken together, our study identified a new APL fusion gene, STRN3-RARA, and validated it as a functional APL driver, providing insight into the diagnosis and treatment of non-classic APL patients.

PO-0309

急性早幼粒细胞白血病临床治愈后转化为急性髓系白血病伴成熟型一例并文献复习

张水生¹、张井珠^{1,2}、胡欢荣¹

1. 江西省人民医院
2. 赣州市妇幼保健院

目的 探讨急性早幼粒细胞白血病 (APL) 临床治愈后转化为其它急性髓系白血病 (AML) 的潜在机制。

方法 回顾性分析 1 例 APL 患者 10 年余诊治过程, 结合相关文献讨论其发病机制、治疗及预后。

结果 1 例 t(15; 17)(q22; q21)的 APL 患者经诱导化疗后缓解期持续 10 年余, 复发时转化为急性髓系白血病伴成熟型 (AML-M2a)。

结论 APL 患者缓解 10 年余后转化为 AML-M2a 临床极为罕见, 分析其发病机制可能与“抑制克隆”扩增有关。APL 治愈后转化其它急性白血病应引起临床与患者重视, 监测 MICM 分型可及早发现疾病转化并进行干预, 争取较长的生存期。

PO-0310

WT1 阳性合并 FLT3-ITD 阳性儿童急性 B 淋巴细胞白血病 1 例并文献复习

刘文慧、吴涛、刘恒、田红娟、周芮、宗雪莲
中国人民解放军联勤保障部队第 940 医院

目的 探讨 WT1 阳性合并 FLT3-ITD 突变的急性淋巴细胞白血病患者的临床特征及诊疗方法。

方法 选择 2018 年 11 月, 我科收治的 1 例 8 岁男性 WT1 阳性合并 FLT3-ITD 突变的急性 B 淋巴细胞白血病患者为研究对象。根据其 MICM 分型, 进行诊断。采用回顾性分析方法, 对患者的临床表现与诊治过程进行分析。

结果 ①病史采集: 患者因“进行性头晕、乏力半月”入院。②入院完善血常规: WBC $157.5 \times 10^9/L$, HGB 30g/L, PLT $18 \times 10^9/L$ 。骨髓细胞形态学: 原始+幼稚淋巴细胞占 98.4%。免疫分型: 异常原始 B 淋巴细胞占 95.1%, 表达 HLA-DR、CD19、CD56、CD34、CD22、CD38, 部分表达 CD10、CD13、CD33。染色体核型: 46, XY[20]。融合基因均阴性。诊断为: 急性 B 淋巴细胞白血病。先后接受多药方案联合化疗, 病情缓解, 后口服药物维持治疗。③2020 年 6 月 14 日复查骨髓复发, WT1 阳性。FLT3-ITD 突变。给予索拉非尼联合多药化疗, 后行哥供弟 HLA 单倍型异基因造血干细胞移植。2021 年 7 月 16 日入院复查骨髓再次复发, 多种药物联合化疗效果欠佳。

结论 WT1 阳性合并 FLT3-ITD 突变的急性淋巴细胞白血病患者预后差, 需要更多的前瞻性研究来阐明 FLT3 在 ALL 中突变的预后意义, 进一步提高此类患者的生存率。

PO-0311

Development and validation of UHPLC-MS/MS method for simultaneous quantification of venetoclax and voriconazole in human plasma and its application in acute myeloid leukemia patients

Ping Gao, Wen Zhang, Xiaosheng Fang, Bing Leng, Yahui Zhang, Xin Liu, Xin Wang, Nan Guo
Shandong Provincial Hospital Affiliated to Shandong First Medical University

Objective Venetoclax, an orally bioavailable BCL - 2 inhibitor, emerged as a breakthrough for the treatment of leukemia but has a wide interindividual variability and drug-drug interaction in pharmacokinetics. In clinical process, there is a high possibility that venetoclax and voriconazole, both mainly metabolized by the enzyme cytochrome P450 (CYP), will be co-administered to patients combined with fungal infections, but the study on the DDI of them has been rarely reported. In this paper, a rapid, sensitive and reproducible method was established for the quantification of venetoclax and voriconazole in human plasma simultaneously by using the ultra high-performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry (UHPLC-MS/MS).

Methods The Waters UPLC-MS/MS system consisted with Waters ACQUITY UPLC I-Class and Xevo TQ-D IVD was used in the experiments. The Waters UPLC-MS/MS system consisted with Waters ACQUITY UPLC I-Class and Xevo TQ-D IVD was used in the experiments. The mass analysis used positive electro-spray ionization (ESI) in multiple reaction monitoring (MRM) mode, the cone voltage was maintained at 45.0 V, and the collision energy was set at 25.0 V for venetoclax, 60.0 V for voriconazole and 40 V for voriconazole-D3. The quantification mass transitions to detect venetoclax was m/z 868.5 \rightarrow 321.0 and voriconazole at m/z 350.0 \rightarrow 127.0 and IS at 353.0 \rightarrow 127.0, respectively. After single-step protein precipitation, the analytes were separated on a Hypersil GOLD C18 column (3 μ m, 2.1 \times 50 mm) with methanol and 0.1% formic acid (v/v) and 2 mM ammonium acetate in water, the gradient elution began at 10% B, equilibrated for 0.5 min, increased to 90% B in 0.7 min, maintained for 0.8 min, changed back to 10% B in 0.1 min, then equilibrated for 0.9 min prior to the next injection, the total run time was 3 min, and the flow rate was set at 0.4 ml/min. The method has been fully validated and then successfully applied to a pharmacokinetic study in acute myeloid leukemia patients received venetoclax with or without voriconazole. Adult men and women diagnosed histologically confirmed acute myeloid leukemia (AML) or myelodysplastic syndromes (MDS) who are undergoing venetoclax treatment are included in this study. Venetoclax was administrated with constant dose at least for 5 days, the steady-state concentrations of blood were collected on day 6 into potassium EDTA-containing tubes by venipuncture before 0.5 h (C_{min}) of venetoclax dosing and after 6 h (C_{max}).

Results The calibration ranges were 0.1-10 μ g/ml for venetoclax and 0.05-10 μ g/ml for voriconazole with correlation coefficients (r^2) $>$ 0.998. With simpler sample preparation and shorter run time, the precision and accuracy, matrix effect and extraction recovery of this method were all in the acceptance criteria. 8 AML patients and 1 MDS patient were included in the pharmacokinetics study. 3 patients were administrated with venetoclax (100mg qd) combined with voriconazole (200mg q12h), other 6 patients were administrated with venetoclax 400mg qd. The validated UHPLC-MS/MS method was successfully applied to measure venetoclax and voriconazole concentrations in plasma, the C_{max} in venetoclax group and combination group was 2.27 ± 1.27 μ g/mL and 2.29 ± 0.45 μ g/mL, while the C_{min} was 1.03 ± 0.40 μ g/mL and 2.02 ± 0.32 μ g/mL, respectively. The results indicated that voriconazole (200 mg q12h) as a moderate CYP3A inhibitors was able to increase venetoclax (100 mg qd) exposures to the same level with that of 400 mg qd group. The C_{min} in combination group was significantly higher than that of venetoclax group, and the C_{max} in both venetoclax group and combination group exhibited a larger interindividual variability than C_{min} which indicated the necessity of therapeutic drug monitoring.

Conclusion A novel UHPLC-MS/MS method for simultaneous determination of venetoclax and voriconazole in human plasma was established and fully verified. As to our know, this is the first reported UHPLC-MS/MS method which can simultaneously detect the concentration of venetoclax and voriconazole in human plasma, which is suitable for routine therapeutic drug monitoring analysis in clinical settings, especially for the AML and other hematologic malignancies patients combined with fungal infections who needs to accept the co-treatment of venetoclax and voriconazole. As can be seen in the results, voriconazole was able to increase venetoclax exposures to the expected level and the C_{max} of both groups seemed go through a larger interindividual variability, which may lead to several unexpected adverse reactions. This makes it necessary to consider TDM as a helpful tool in patients undergoing co-treatment of venetoclax and voriconazole. Further research of the DDI between venetoclax and voriconazole dependent on this method in AML/MDS patients was on going.

PO-0312

FAT1 enhances the sensitivity of AML cells to idarubicin via inhibiting autophagy

Nan Zhang, Hao-ping Sun, Fang-yi Fan, Hai Yi
People's Liberation Army The General Hospital of Western Theater Command

Objective Emerging studies have indicated that autophagy participants in AML chemosensitivity. FAT1 has been reported to undergo high-frequency mutation in AML and regulate proliferation of AML cells. However, it is unknown whether autophagy was associated with FAT1 in regulating AML chemosensitivity.

Methods qPCR and Western blot were used to determine the mRNA and protein levels of molecules. Trypan blue exclusion and Caspase3 activity assays were used to detect the death and apoptosis of AML cells. Luciferase reporter assay were used to examine the activity of ATG10 promoter.

Results In this study, we for the first time demonstrated that FAT1 enhanced the killing effect of idarubicin (IDA) to AML cells via decreasing the IDA-induced autophagy in AML cells. Moreover, FAT1 weakened the IDA-induced AML autophagy by downregulating ATG10 expression. Mechanistically, we found that silencing FAT1 elevated the phosphorylated and intranuclear smad2/3 protein levels, thus increasing the activity of ATG10 gene promoter.

Conclusion Taken together, these results revealed that FAT1 downregulates ATG10 expression by decreasing TGF β -smad2/3 signaling activity, thus decreasing the IDA-induced autophagy level and increasing the sensitivity of AML cells to IDA, suggesting that the "FAT1-TGF β -smad2/3-ATG10-autophagy" pathway may be a novel target for developing sensitizing strategy to AML chemotherapy.

PO-0313

“干白沙”、维奈克拉与阿扎胞苷循环应用维持治疗 AML 疗效及安全性观察

陈琳、王琳、米瑞华、魏旭东
河南省肿瘤医院

目的 评估“干白沙”（人重组干扰素 α -1b，人重组白细胞介素 2，沙利度胺）、维奈克拉与阿扎胞苷循环应用维持治疗 AML 疗效及安全性。

方法 对于获得完全缓解的初诊 AML 患者，在完成诱导巩固治疗后且 MRD 为阴性状态，开始维持治疗，第一个月应用“干白沙”方案 28 天，第二个月应用维奈克拉 400mg 28 天，第 3 个月应用阿扎胞苷 7 天，每三个月循环一次，维持治疗 2 年，共完成 8 个循环，统计患者总生存，无进展生存及不良事件。

结果 21 例 AML 患者进入维持治疗，中位随访 22 个月。2 例患者 MRD 转阳维持治疗失败，MRD 阴性维持时间分别为 6、8 个月。2 年 EFS 为 90.5%，2 年 OS 为 95.2%。非血液学不良事件主要为发热（100%），考虑为干扰素所致，可自行缓解。81.0% 的患者出现骨髓抑制，42.9% 为 III/IV 级骨髓抑制，经过调整用药后，患者可以耐受，未出现因不良事件导致停药。

结论 “干白沙”、维奈克拉与阿扎胞苷三方案交替循环用于 AML 的维持治疗可延长患者的长期生存，安全性良好，值得临床应用推广。

PO-0314

维奈克拉联合减低剂量 HAD 方案治疗 初诊急性髓系白血病的疗效观察

阎璋松、李洋、张斌、何劲松、李洁思、魏述宁、王琦、李秋玲、胡波、刘凯奇、秘营昌
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨维奈克拉联合减低剂量 HAD 方案治疗初诊急性髓系白血病（AML）的疗效及安全性。

方法 回顾性分析 25 例采用维奈克拉联合减低剂量 HAD 方案诱导治疗的初诊 AML 患者的相关临床资料并进行统计学分析。

结果 从 2022 年 5 月至 2023 年 1 月，共 25 例初诊 AML 患者采用维奈克拉联合减低剂量 HAD 方案诱导治疗。其中，男性 16 例，女性 9 例，中位年龄 34 (17-58) 岁；初诊时中位白细胞数 14.09 (1.85-114.55) \times 10⁹/L；按照 2022 年 ELN 预后分层，低危组 13 (52.0%) 例，中危组 3 (12.0%) 例，高危组 9 (36.0%)。一疗程总体有效率（完全缓解+部分缓解）88.0% (95% CI, 74.3-100)，完全缓解率 84.0% (95% CI, 68.6-99.4)。截止 2023 年 5 月 30 日，中位随访 9 个月，一年总生存、无事件生存、无复发生存分别为 100%、94.7% (95% CI, 89.6-99.8%)，94.7% (95% CI, 89.6-99.8%)。

结论 维奈克拉联合减低剂量 HAD 方案治疗初诊 AML 患者，一疗程完全缓解率高，安全性良好。

PO-0315

维奈克拉联合 HA（HAV）治疗老年或不适合强化疗的年轻 初诊急性髓系白血病（非 APL）患者的临床疗效，安全性分析

刘凯奇¹、索晓慧²、白观臣³、阎璋松¹、李洋¹、张斌¹、贺劲松¹、李洁思¹、魏述宁¹、王琦¹、李秋玲¹、胡波¹、秘营昌¹

1. 中国医学科学院血液病医院

2. 邯郸市中心医院血液科，河北邯郸

3. 青岛大学附属泰安市中心医院血液科，山东泰安

目的 评价维奈克拉联合 HA（HAV）治疗老年或不适合强化疗的年轻初诊急性髓系白血病（非 APL）患者的有效性和安全性

方法 回顾性分析 2020 年 7 月至 2023 年 4 月采用 Ven+HA 方案诱导治疗的 33 例患者的临床资料，并进行分析。

诱导方案包括 VEN (100mg, 第 0 天;200mg, 第 1-14 天), HHT (2 mg/m², 第 3-9 天)和阿糖胞苷 (50 mg/m², 第 3-9 天)。获得 CR 或 CRi 后，根据 ELN 指南和中国成人 AML 诊治指南推荐行异基因造血干细胞移植(Allo-HSCT)。不适合 allo-HSCT 的患者接受巩固和维持治疗。巩固治疗包括 2 个周期 VEN 联合中剂量 Ara-C (VEN 400 mg, 第 1-7 天, Ara-C 1 g/m²/q12h, 第 2-4 天;≥65 岁患者 Ara-C 0.5g/m²/q12h, 第 2-5 天), 1 个周期 DA (DNR 45 mg/m², 第 1-2 天, Ara-C 100 mg/m², 第 1-5 天)方案, 2 个周期 HA (HHT 2 mg/m², 第 1-5 天, Ara-C 100 mg/m², 第 1-5 天)方案。巩固治疗后仍处于 CR 的患者(中危和不良风险)接受维持治疗。维持治疗采用 AZA (100 mg/d, 第 1-5 天), 每月 1 次, 至少治疗 4 个周期。

结果 截至 2023 年 4 月，33 例初治 AML 患者接受 HAV 诱导治疗。

1 个疗程后 ORR (CR+PR)为 90.9% (95% CI, 80.6-100%)，CR 率为 87.9% (95% CI, 76.1-99.6%)。79.3%(23/29)的 CR 患者 MRD 检测阴性(95% CI 63.6-95.0%)。3 级及以上不良反应包括中性粒细胞减少(100%)、血小板减少(100%)、发热性中性粒细胞减少(100%)。诱导治疗期间无患者死亡。中位中性粒细胞恢复时间为 10 (5-15)d, 中位血小板恢复时间为 10 (3-17)d。

截至 2023 年 6 月 30 日, 中位随访 10(2-23)个月, 5 例患者接受 allo-HSCT, 预计 12 个月 OS 率、EFS 率和 DFS 率分别为 83.0% (95% CI: 73.4-92.6%)、71.3% (95% CI: 60.0-82.6%)和 75.9% (95% CI: 64.4-87.4%)。

结论 HAV 作为老年或不适合强化疗的年轻初诊急性髓系白血病患者诱导治疗方案, 缓解率高, 安全性良好。

PO-0316

维奈克拉联合高三尖杉酯碱、阿糖胞苷及阿克拉霉素 (HAAV) 方案作为年轻初诊 AML 诱导治疗的安全性和有效性分析

周泽平¹、赵邢力²、索晓慧³、白观臣⁴、石泽延⁵、骆云雅⁶、谭雅娴¹、卢新笑²、原琳玉²、张丛丛³、李银玲³、高思凤⁴、张继磊⁴、李姮⁶、赵卫华⁵、彭宏凌⁶、郭鹏翔⁷、秘营昌⁸、刘凯奇⁸

1. 昆明医科大学第二附属医院

2. 天津市人民医院肿瘤血液中心, 天津市

3. 邯郸市中心医院血液科, 河北邯郸

4. 青岛大学附属泰安市中心医院血液科, 山东泰安

5. 广西医科大学第一附属医院血液科, 广西南宁

6. 中南大学湘雅二医院血液科, 湖南长沙

7. 贵州省人民医院血液科, 贵州贵阳

8. 实验血液学国家重点实验室、国家血液病临床医学研究中心、中国医学科学院血液病研究所、中国协和医科大学血液病医院, 天津市

目的 评估维奈克拉联合 HAA 方案 (HAAV) 作为初诊年轻成人 AML 患者诱导方案的有效性和安全性。

方法 在中国 8 家医院进行的单臂前瞻性临床试验。符合条件的初诊急性髓细胞白血病 (不包括急性早幼粒细胞白血病) 患者 (16-60 岁) 被纳入试验。该试验已在 ClinicalTrials.gov 上注册 (NCT05893472), 目前仍在继续招募患者。

诱导方案: 诱导方案包括: 高三尖杉酯碱 (HHT, 2.5mg/m²/d, d3-7), 阿克拉霉素 (Acla, 20mg/d, d3-7), 阿糖胞苷 (Ara-c 100mg/m²/d, d3-7 (维持 24h)) 联合维奈克拉 (VEN, 100mg d1, 200mg d2, 400mg d3-8)。

主要终点 为 HAAV 方案诱导治疗一周期后的总反应率 (ORR): 包括完全缓解 (CR)、完全缓解伴血细胞计数不完全恢复 (CRi)、形态学无白血病状态 (MLFS) 和部分缓解 (PR)。

结果 截止 2023 年 6 月 30 日, 共有 40 新诊断的 AML 患者入组。中位年龄 43 岁 (范围, 18-60 岁), 男性占 60% (24/40)。根据欧洲白血病网络预后分组 (ELN 2022), 14 例 (35.0%)、14 例 (35.0%)、12 例 (30.0%) 患者分别属于预后良好组, 预后中等组和预后不良组。所有入组患者结束一周期 HAAV 诱导化疗后, ORR 为 97.5% (39/40), CR 率为 95.0% (38/40)。根据 ELN 预后分组 (2022 年), 预后良好组患者的 CR 率为 100% (14/14), 预后中等组患者的 CR 率为 100% (14/14), 预后不良组患者的 CR 率为 83.3% (10/12)。获得 CR 患者中, 32 例进行了流式 MRD 检测, 88.9% (32/36) 的患者 MRD 阴性。诱导治疗期间, 所有患者都出现了 ≥3 级的血液学毒性, 常见的非血液学不良反应为感染和粒细胞缺乏期发热。诱导治疗期间无一例患者死亡。获得 CR 的患者, 诱导治疗结束后至白细胞计数恢复至 ≥1.0 × 10⁹/L 的中位时间为 13 天 (范围, 10-52), 血小板计数恢复至 ≥20 × 10⁹/L 的中位时间为 13 天 (范围, 2-33)。

结论 VEN 联合 HAA (HAAV 方案) 作为初诊年轻成人急性髓系白血病患者诱导治疗方案缓解率高, 耐受性好。

PO-0317

真实世界中贝林妥欧单抗治疗复发难治急性 淋巴细胞白血病的疗效及不良反应分析

吴涛、石亚军

中国人民解放军联勤保障部队第 940 医院

目的 真实临床世界中，分析单中心使用贝林妥欧单抗治疗复发难治急性 B 淋巴细胞白血病患者
的疗效及不良反应。

方法 回顾性分析 2021 年 6 月至 2022 年 8 月联勤保障部队第九四〇医院血液科收治的 13 例复
发难治的急性淋巴细胞白血病患者使用贝林妥欧单抗的临床资料。

结果 13 例患者中，共计使用 14 例次单抗，从骨髓情况来看，单抗使用前，共 8 例患者骨髓未
缓解，使用后 6 例患者骨髓达 CR (6/8, 占 75%)，2 例患者骨髓仍未缓解 (2/8, 占 25%)；从
MRD 情况来看，单抗使用前，共 4 例患者仅 MRD 阳性 (骨髓达 CR)，使用后 3 例患者 MRD 阴
性 (3/4, 占 75%)，1 例患者出现骨髓复发，疾病进展 (1/4, 占 25%)；从 BCR/ABL1 P210 定
量情况看，单抗使用前，共 2 例患者仅基因定量阳性 (MRD 阴性)，使用后 1 例患者基因定量为
0，另 1 例患者基因定量达到 MR4.5；从骨髓抑制情况来看，共 8 例次患者发生 III-IV 级中性粒
细胞减少 (8/14, 占 57.14%)，共 6 例次患者发生 III-IV 级血红蛋白减少 (6/14, 占 42.86%)，共
5 例次患者发生 III-IV 级血小板减少 (5/14, 占 35.71%)；从不良反应来看，11 例次患者出现发
热 (11/14, 占 78.57%)，1 例患者出现癫痫 (1/14, 占 7.14%)，1 例患者出现三叉神经痛
(1/14, 占 7.14%)，1 例患者出现头痛 (1/14, 占 7.14%)，3 例患者出现细胞因子释放综合征
(3/14, 占 21.43%)，2 例患者出现皮疹 (2/14, 占 14.29%)，4 例患者出现转氨酶升高 (4/14,
占 28.57%)，1 例患者单抗治疗结束 12 天后出现卡肺 (1/14, 占 7.14%)

结论 贝林妥欧单抗对复发难治的急性淋巴细胞白血病缓解率较高，尤其是 MRD 阳性患者，且血液
学毒性总体较小，不良反应以发热为主，总体可以耐受。

PO-0318

Characteristics and correlation of gene mutations in 134 patients with acute myeloid leukemia

Tao Wu, Miao He, Fangqing Zhao

Department of Hematology, Lanzhou General Hospital, Lanzhou, Gansu, 730050, China

Objective To investigate the characteristics of gene mutations in 134 newly diagnosed acute
myeloid leukemia (AML) patients by next-generation sequencing.

Methods The clinical data of 134 patients with acute myeloid leukemia (non-APL) who were
newly diagnosed in our department from June 2017 to June 2022 were retrospectively analyzed.
Next generation sequencing was used to detect AML-related genes, and the genes frequency
and mutation characteristics of AML patients were analyzed.

Results Among the 134 patients, 120 (76.1%) patients had gene mutations, 26 (19.4%) patients
had single gene mutations, 27 (20.1%) patients had 2 gene mutations, and 49 (36.6%) patients
carried ≥ 3 gene mutations. 32 (23.9%) patients were detected without gene mutations. Among
134 patients, the total mutation detection rate as follows: NPM1 (17.91%, n=24), FLT3-ITD
(15.67%, n=21), DNMT3A (14.93%, n=20), CEBPA single mutation (10.45%, n=14), TET2
(10.45%, n=14), NRAS (10.45%, n=14). The genes mutation rates in different karyotypes were
different. In 19 patients with favorable-risk, the frequencies of gene mutations from high to low
were NRAS (21.05%, n=4)、KRAS (21.05%, n=4)、KIT (10.53%, n=2)；In 96 patients

with intermediate-risk, the frequencies of gene mutations from high to low were NPM1 (25.00%, n=24), FLT3-ITD (20.83%, n=20), DNMT3A (18.75%, n=18), CEBPA (12.50%, n=12), TET2 (12.50%, n=12). In the 19 poor risk group, the frequencies of gene mutations from high to low were ASXL1 (21.05%, n=7), NRAS (15.97%, n=3), TP53 (15.79%, n=3), EZH2 (10.53%, n=2). The mutation rates of ASXL1 and TP53 were significantly higher than those of good prognosis group and moderate prognosis group.

Conclusion The frequency of gene mutations in AML patients is high, with more than 76.1% of patients carrying at least one gene mutation. The frequency of mutations in different genes in patients with different chromosome karyotypes is inconsistent, and there are obvious dominant mutations.

PO-0319

SET-CAN/WT1 融合基因阳性的 T 细胞急性淋巴细胞白血病 1 例

张研^{1,2}、张茜¹

1. 中国人民解放军联勤保障部队第 940 医院
2. 甘肃中医药大学

目的 T 细胞急性淋巴细胞白血病 (T-ALL) 是具有高度侵袭性的恶性肿瘤之一。NOTCH1/FBXW7 突变是其最常见的一种基因突变, 而 SET-CAN/WT1 融合基因阳性的 T-ALL 较少见。为提高对 SET-CAN/WT1 融合基因阳性的 T-ALL 的认识。

方法 回顾性分析 2020 年 4 月解放军联勤保障部队第九四〇医院收治的 1 例 SET-CAN/WT1 融合基因阳性的难治性 T-ALL 患者的临床资料并结合相关文献进行复习。

结果 SET-CAN/WT1 融合基因阳性的 T-ALL 患者确诊半年内分别予以 VIDCP、Hyper CVAD A、西达苯胺联合 VIDCPL、FLAG 等方案化疗均无明显疗效, 半年后白血病基因检测提示: 除 SET-CAN/WT1 融合基因阳性外, 并未发现伴随其他血液病相关基因异常, 随即给予 Hyper-CVAD-B(MA)方案联合西达苯胺、VDCLP 方案治疗。发病 1 年后出现眼底、鼻腔黏膜、皮肤粘膜出血, 出血点逐渐增加虽积极治疗但病情仍持续进展死亡。

结论 SET-CAN 同时伴有 WT1 融合基因阳性的 T-ALL 患者较为罕见, 属难治性, 起病急, 进展快, 预后差, 生存期短。在临床诊疗过程中应重视此类细胞遗传突变和分子异常的研究, 增加对此病的认识, 积累和总结更多的病例, 以期更好地了解难治性 T-ALL 与 SET-CAN/WT1 融合基因相关性, 进而推动临床进展。

PO-0320

TP53 突变对于接受儿童样化疗方案治疗的成人急性淋巴细胞白血病的预后影响

区家旺、许秀丽、周雅、刘启发、周红升
南方医科大学南方医院

目的 研究 TP53 突变 (TP53_m) 对于接受儿童样化疗方案治疗的成人急性淋巴细胞白血病的预后影响。

方法 回顾性分析在南方医科大学附属南方医院收治的 283 例接受 PDT-ALL-2016 方案 (基于 GRAALL2003 backbone 的儿童样方案) 的成年 ALL 临床资料和二代测序数据 (包括 57 例含初发-复发配对测序数据患者), 分析伴 TP53_m ALL 患者的临床特征, 并通过生存分析研究 TP53_m 的预后意义。

结果 在 283 例初诊标本中, 31 例检出 TP53_m (11.0%), 而在 57 例复发标本中 17 例检出 TP53_m (29.8%), 两者具有统计学差异 ($\chi^2=13.9, P<0.001$)。主要是错义突变($n=32$), 其次是移码, 无义, 整码, 与剪切突变($n=11, 4, 3, 2$) (图 1)。与无 TP53_m 患者比较, TP53_m 患者非 AYA(≥ 40 岁)群体比例、复杂核型比例和巩固治疗前微小残留病 (MRD3) 阳性率更高 ($P=0.023, 0.002, 0.024$, 表 1)。在中位随访 20.5 月后, 对于整体队列, TP53_m 组 3 年总体生存率 (OS, 43.6% vs 66.7%) 和无事件生存率 (EFS, 30.4% vs 56.6%) 显著低于无 TP53_m 组 ($P=0.0086, 0.0056$, 图 2A, B)。年龄亚组分析提示, TP53_m 对于非 AYA 患者 ($N=64, 22.6\%$) 的 OS 和 EFS 有不良预后意义 (3 年 OS, 18.2% vs 50.9%, $P=0.0033$; 3 年 EFS, 0 vs 45.3%, $P=0.00028$, 图 2C, D), 而在 AYA 组 ($N=219, 77.4\%$) TP53_m 无预后意义 (3 年 OS, 60.6% vs 71.0%, $P=0.55$; 3 年 EFS, 52.5% vs 59.6%, $P=0.57$, 图 2E, F)。

结论 TP53_m 在初发成人 ALL 中发生率低, 而复发时较高。在接受儿童样化疗方案治疗的非 AYA ALL 中, 伴 TP53_m 患者整体预后差。

PO-0321

使用儿童方案治疗急性淋巴细胞白血病 可改善初诊中枢神经系统白血病预后

梁海梅、陈俊杰、刘启发、周红升
南方医科大学南方医院

目的 探讨相较于成人方案, 儿童样方案能否改善初诊急性淋巴细胞白血病 (ALL) 合并中枢神经系统白血病 (Ndx CNSL) 患者的预后, 以及能否减少治疗过程中 CNSL 的发生。

方法 成人方案队列纳入 ≥ 14 岁的, 于 2006 年 1 月至 2015 年 12 月诊断的 ALL 患者 612 人, 所有患者接受 Hyper-CVAD 方案治疗。儿童样方案 PDT-ALL-2016 队列纳入 2016 年 1 月至 2021 年 12 月新诊断的 ALL 患者 411 人, 所有患者均接受 PDT-ALL-2016 方案化疗。Ndx CNSL 定义为脑脊液细胞学检查发现白血病细胞或存在明显的神经系统体征。

结果 在 1023 名患者中, 共 59 名患者存在 Ndx CNSL, 成人方案队列 35 例 (5.72%), PDT-ALL-2016 队列 24 例 (5.84%), 两组患者的基线特征均无显著的统计学差异。在中位随访时间 42.48 月后, 对于 Ndx CNSL, PDT-ALL-2016 队列的总体生存率 (OS) 及无事件生存率 (EFS) 显著优于成人队列 (3 年 OS, 38.2% vs 14.26%, $P=0.044$, 图 1; 3 年 EFS, 37.1% vs 12.42%, $P=0.039$, 图 2)。在成人方案队列中, 69 (11.27%) 名患者在治疗过程中出现 CNSL, PDT-ALL-2016 队列中 29 (7.06%) 名患者治疗过程中发生 CNSL, 显著低于成人方案队列 ($P=0.032$)。

结论 相较于成人方案, 儿童样方案可改善初诊 ALL 合并 CNSL 患者的预后, 并减少中枢复发发生率。

PO-0322

“三药联合方案”在急性早幼粒细胞白血病中的应用

房秋云、周春林、张俊平、弓晓媛、李艳、刘凯奇、刘兵城、王迎、魏辉、王建祥、秘营昌
中国医学科学院血液病医院

目的 急性早幼粒细胞白血病 (APL) 是急性髓系白血病 (AML) 的一种亚型, 全反式维甲酸 (ATRA) 联合化疗 (CHT) 治疗 APL 的完全缓解率高达 90%。

方法 本研究回顾了我们的中心 57 例应用柔红霉素联合维甲酸、亚砷酸“三药方案”进行诱导治疗的 APL 患者的疗效及安全性。具体治疗方案为: 诱导治疗 (DAA 方案): ATRA, 30mg/m²/d, 口服,

亚砷酸 10mg/天(0.15mg/Kg/d); DNR, 45mg/m²/d(ATRA 治疗开始第 4—6 天); 巩固治疗方案: 低危组患者: DAA*2, MAA*1 (M: 米托蒽醌 6-8mg/M²/天); 高危组患者: DAA*2,MAA*2。无论低危或高危组患者均进行 6-8 次腰穿+鞘注治疗。维持治疗方案: (1) ATRA+As₂O₃, 以上方案交替进行各 4 周期后治疗结束。

结果 57 例患者中, 中位年龄为 43 岁 (14-61 岁), 中位白细胞数: 3×10⁹/L, (0.58-172.49×10⁹/L), 按照中国急性早幼粒细胞白血病诊疗指南 (2018 年版) 危险度分层, 低危组患者 35 例 (61.4%), 高危组患者 22 例 (38.6%), 2 例患者在诱导治疗过程中因出现严重颅内出血发生死亡, 余 55 例患者均完成所有方案治疗, 并进行治疗后规律随访, 2 例患者失访 (3.6%)。诱导治疗后完全缓解率 96.5% (55/57), PML-RARA 融合基因定量转阴率为: 49.1% (27/55), 第二疗程 PML-RARA 融合基因定量转阴率为: 92.7% (51/55); 第二疗程转阴率为 100%。诱导治疗中, 低纤维蛋白原血症发生率为 77.2% (44/57); 7% (4/57) 患者出现颅内出血; 维甲酸分化综合征发生率为 (29.8%); 4 级以上粒细胞缺乏发生率为: 70.2% (40/57); 4 级以上血小板减少发生率为 71.9% (41/57); 粒缺伴发热发生率为: 82.5% (47/57), 应用亚砷酸期间因 QTc 间期延长暂停药物的发生率为: 14% (8/57)。最终发生分子学复发的患者为 3 例 (5.5%), 1 例患者复发后进行了自体移植, 另外 2 例患者行挽救治疗, 截至到随访日期 3 例患者均存活。55 例患者的中位随访时间为: 65.8 个月 (1.17-132.1 个月), 5 年 OS 为 96.5%±2.4%, 5 年 RFS 为: 94.6%±3.1%。

结论 “DAA 三药联合”方案在 APL 患者的治疗中体现出了很好的疗效, 并且不良反应发生率较低, 患者耐受可。

PO-0323

奥雷巴替尼一线治疗 Ph 阳性急性淋巴细胞白血病的单中心真实世界研究

朱怿言、蔡文治、杨小飞、陈苏宁
苏州大学附属第一医院

目的 探讨奥雷巴替尼一线治疗初诊 Ph 阳性急性淋巴细胞白血病 (Ph+ ALL) 的有效性与安全性。

方法 回顾性分析 2021 年 12 月至 2023 年 5 月期间, 苏州大学附属第一医院血液科住院收治 Ph+ ALL 患者接受奥雷巴替尼为基础的治疗方案真实世界数据。

结果 共纳入 46 例患者, 所有患者均接受以奥雷巴替尼为基础的治疗方案。初诊时一线应用奥雷巴替尼患者 14 例, 其中 5 例在诱导时联合贝林妥欧单抗, 1 例在诱导时联合维奈克拉。中位随访时间为 4.9 个月 (2~16.5 个月), 中位无进展生存 (PFS) 时间为 4.9 个月 (2~16.5 个月), 中位总生存 (OS) 时间为 4.9 个月 (2~16.5 个月)。诱导后完全缓解 (CR) 率 100%, 3 月内获得完全分子学反应 (CMR) 率 85.7%, 4 例患者在治疗 2 月内即获得 CMR; 仅 1 例患者因配型成功接受同胞全合异基因造血干细胞移植, 其余患者均未接受异基因移植; 口服奥雷巴替尼治疗后, 患者的主要不良反应为骨髓抑制, 且均可耐受。所有患者均未发生≥3 级非血液学毒性事件。

结论 以奥雷巴替尼作为一线 TKI 应用的治疗方案对于 Ph+ ALL 患者具有良好的有效性与安全性, 同时可减少对异基因移植的需要。

PO-0324

急性白血病患者院内感染的相关因素

李兰兰

陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 分析急性白血病患者院内感染的相关因素,对具有易感因素的患者采取相应的防护措施。

方法 选取我科急性白血病患者 420 例,采用回顾性分析的方法对患者院内感染的感染部位、病原菌种类及相关危险因素进行分析。应用 SPSS17.0 软件,所获数据采用 χ^2 检验、Pearson 单因素分析,将单因素分析得出的显著性变量进入非条件 Logistic 回归模型,检验水准 $\alpha=0.05$

结果 420 例急性白血病患者出现院内感染 76 例,感染率为 19.64%,感染 151 例次,例次感染率为 46.17%。其中最多见的感染部位为呼吸道感染,其构成比为 38.16%。采用 Pearson 单因素分析显示,患者出现院内感染与性别无显著相关性 ($P>0.05$),与患者的年龄、住院时间、血红蛋白水平、是否中性粒细胞缺乏(粒缺)及粒缺持续时间有关 ($P<0.05$)。

结论 在临床工作当中应严格病房管理制度,减少家属探视,病房定期消毒,严格无菌操作,加强手卫生要求,尽量缩短住院时间,及早入住层流病房治疗,着重对易感部位进行预防和护理,可有效减少急性白血病患者合并院内感染的机率。

PO-0325

CD37 interacts with alpha4 integrins and regulates self-renewal of leukemic stem cells through PI3K-AKT pathway in MLL-AF9 induced acute myeloid leukemia

Jin Yuan Lu^{1,2}, Yuting Ma^{1,2}, Zheng Li^{1,2}, Xiaoxue Tian^{1,2}, Wenjun Zhang², Guangming Wang¹, Jun Xu¹, Aibin Liang²

1. Tongji University School of Medicine

2. Tongji University Affiliated Tongji Hospital (Shanghai Tongji Hospital)

Objective This study aims to understand the mechanism of tetraspanin CD37 in the initiation of MLL-AF9 induced acute myeloid leukemia (AML).

Methods CD37 expression was confirmed by Gene Expression Profiling Interactive Analysis (GEPIA). CD37 conditional knockout mice were generated by CRISPR-CAS9 technology and LoxP-CreERT2 strategy. Offspring of CD37 floxed mice (CD37 fl/fl) and CreERT2 mice (Cre+) were screened by PCR and mice with CD37 fl/fl, Cre+ genotype were selected for further studies. Lineage negative bone marrow cells (Lin- BM cells) were obtained from CD37 fl/fl, Cre+ mice and transfected with MSCV-MLL-AF9-IRIS-YFP in vitro, followed by transplantation into recipient mice after irradiation (F0). Tamoxifen was injected intraperitoneally in order to induce CD37 deletion. After establishment of AML, leukemic stem cells (LSCs) with phenotype of YFP+, c-kit+ were sorted by flow cytometry and further transplanted into new recipient mice (F1). Phenotypes including tumor infiltration, cell cycle, apoptosis and colony formation were observed and compared between CD37 fl/fl LSCs and CD37 -/- LSCs. Differential genes were determined by transcriptome sequencing and verified by qPCR and western blot. ShRNA sequences targeting CD37 were designed and introduced into AML cell lines (MV4-11, THP-1 and OCI-AML2). AML cells were cultured alone or with BM stromal cells (HS-5 and OP-9) in order to observe changes in signal transduction.

Results CD37 expression was upregulated in AML, compared to normal BM samples. In our established MLL-AF9 induced AML mouse model, deletion of CD37 caused a dramatic impact on the initiation of AML. Mice transplanted with CD37 -/- AML LSCs showed less infiltration of leukemic cells into spleen and bone marrow, compared to those with CD37 fl/fl AML LSCs. CD37 knockout induced a G1-S arrest in the cell cycle, an increased apoptosis, and a decreased colony

formation of AML LSCs. By establishing a gradient transplantation model, we observed a significant reduction of LSC frequency in CD37^{-/-} AML and a prolonged survival of mice transplanted with CD37^{-/-} AML LSCs. Transcriptome sequencing revealed several differential genes between CD37^{fl/fl} and CD37^{-/-} LSCs, including Cdkn1b, Bcl2, Itgb7 and Pik3cb, which were further verified by qPCR and western blot. Experiments in vitro using AML cell lines also highlight the regulatory role of CD37 in AML signal transduction. CD37 knockdown using shRNAs caused a significant downregulation of integrins including ITGA4, ITGB1 and ITGB7, especially when cocultured with BM stromal cells. PI3K-AKT pathway was remarkably activated in the coculture system, but it was attenuated when CD37 expression was downregulated. Co-IP experiments indicate a modest interaction between CD37 and alpha4 integrins, and immunofluorescence experiments also identified colocalization of these two molecules.

Conclusion We have confirmed that CD37 deletion attenuates the initiation of MLL-AF9 induced AML, accompanied by transcriptional changes including downregulation of alpha4 integrins and reduced AKT phosphorylation. Further experiments are needed to confirm if inhibition of alpha4 integrins will interfere the signal transduction of PI3K-AKT pathway, and if other molecules also take part in this process.

PO-0326

靶向 SIRT5 通过抑制线粒体代谢 与 venetoclax 协同治疗急性髓系白血病

王默然、朱瑞琪、石威、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 异常的烟酰胺代谢已被报道参与急性髓系白血病（AML）中 venetoclax 耐药性的调节。SIRT5 是一种依赖于 NAD⁺的酶，参与线粒体代谢。因此，我们提出猜想探究靶向 SIRT5 并联合 venetoclax 是否对 AML 细胞具有协同效应，并从代谢的角度分析联合治疗的机制。

方法 在 AML 细胞系中转染携带 shNC 或 shSIRT5 的慢病毒，或者使用 SIRT5 的特异性抑制剂，然后用 venetoclax 处理，以观察联合治疗对细胞增殖、凋亡和克隆形成的影响。通过尾静脉注射转染了 shNC 或 shSIRT5 的 MOLM-13 细胞，并经灌胃给予安慰剂或 venetoclax（80 mg/kg/天）治疗，持续 14 天，通过活体成像和检测骨髓中 hCD45⁺细胞的比例来评估体内白血病细胞的清除情况。通过测量 ATP、谷胱甘肽、线粒体超氧化物和氧消耗速率（OCR）来评估联合治疗对 AML 细胞代谢水平的影响。采用透射电镜检测敲低 SIRT5 和应用 venetoclax 后细胞线粒体结构的变化。

结果 与对照组相比，敲低 SIRT5 后使用 venetoclax 进一步抑制了 AML 细胞的增殖，减少了克隆形成，并诱导了细胞凋亡。体内实验证实抑制 SIRT5 增强了 venetoclax 对白血病细胞的清除效应。从机制上看，透射电镜结果显示，敲低 SIRT5 后线粒体的数量减少，线粒体肿胀，出现嵴溶解、消失。联合治疗改变了 AML 细胞的代谢状态，促进了线粒体 ROS 的产生，下调细胞内谷胱甘肽的水平，抑制了 ATP 的生成，减少了线粒体的氧化磷酸化。

结论 敲低 SIRT5 可诱导 AML 细胞的氧化应激并抑制线粒体的能量代谢。靶向 SIRT5 与 venetoclax 在体外和体内可产生对 AML 细胞的协同治疗作用。

PO-0327

CRM1/XPO1 与 B 细胞急性淋巴细胞白血病的临床预后有关， 是抑制 Foxo1 通路的治疗靶点

邓诗雨、区家旺、黄子聪、蔡梓红、唐冰清、吴正炜、刘一谦、黄康瑜、刘南南、周红升
南方医院

目的 Exportin-1 (XPO1)，在肿瘤发生过程中发挥着重要作用。然而，XPO1 在 B-ALL 中的预后和治疗价值尚无报道。

方法 利用人类蛋白质图谱 (HPA) 数据集和 RT-qPCR 结果分析正常 B 细胞和 B-ALL 细胞中 XPO1 和 Foxo1 表达的差异。利用南方医院 110 例新诊断的 B-ALL 患者的 RNA-seq 数据分析 XPO1 表达水平与预后之间的相关性。通过体外实验，探究塞利尼索 (KPT-330)，一种 XPO1 选择性抑制剂的抗肿瘤作用。通过生物信息学分析、Western blot 和 RT-qPCR 等方法探讨其潜在机制。

结果 在新诊断的 B-ALL 患者中，较高的 XPO1 水平或 Foxo1 水平与预后不良有关。利用 B-ALL 和正常人的骨髓 (BM)、外周血 (PB) 细胞以及 B-ALL 细胞系，我们发现 XPO1 和 Foxo1 在 B-ALL 患者和 B-ALL 细胞系中的表达显著增加。与 HPA 数据库结果一致，Foxo1 和 XPO1 的表达呈正相关。Foxo1 是 B-ALL 中重要的转录因子，主要定位于细胞核。塞利尼索通过抑制 XPO1 从而抑制 Foxo1 的表达 (在细胞核和细胞质中均减少)，下游 Foxo1 靶基因表达受抑，导致 B-ALL 细胞的生长抑制、凋亡和周期停滞。与 Foxo1 抑制剂 (AS1842856) 联用，塞利尼索对 B-ALL 细胞的增殖抑制和凋亡诱导作用可显著增强。此外，塞利尼索能强烈诱导 B-ALL 细胞凋亡，但对正常细胞的影响极小，这意味着该类药物有望用于 B-ALL 的靶向治疗。

结论 我们的研究结果表明，XPO1 是 B-ALL 的有效预后指标，也是 B-ALL 治疗的潜在靶点。

PO-0328

自制动漫视频宣教在血液科中的应用

贾韵名、徐燕
北京高博博仁医院

目的 探讨动漫视频宣教护理在白血病患者中的应用价值

方法 选择 2023 年 5 月~ 2023 年 5 月我院收治的白血病患者 80 例，按随机数字表法分为两组，各 40 例。对照组采用常规护理，观察组在原宣教方法的基础上增加动漫宣教视频结合宣教路径单，均持续干预至患者出院。比较两组患者的护理满意度、健康宣教知识掌握情况及遵医行为。

结果 观察组遵医行为、护理满意度、健康宣教知识掌握程度均优于对照组，差异有统计学意义 ($P < 0.05$)；

结论 视频宣教式健康教育增强了患者遵医行为，有效缓解了医患矛盾，节约了医护人力资源。动漫视频的宣教画面生动活泼，内容设计具体形象，重点突出，通俗易懂，易于接受，提高了患者的自觉遵医行为，同时提高了护理满意度，提高了优质服务效果，值得应用。

PO-0329

AML 伴 CBF β ::MYH11 融合基因病例分享

于莹、陈诗丽、李嘉燕、何秋蓉、廖丹
广州华银医学检验中心有限公司

目的 AML 伴 CBF β ::MYH11 融合基因病例分享

方法 结合临床表现、病史、血常规、骨髓细胞形态学、流式免疫分型、融合基因、基因突变检查结果综合分析。

结果 患者，女，65岁，鼻腔出血，怀疑学医系统疾病入院。

血常规：白细胞 83.19x10⁹/L，血红蛋白 52g/L，血小板 13x10⁹/L。

骨髓细胞形态：见比例约为 72.0% 的原始细胞，其胞体类圆，胞浆量少，蓝色，含数量不等的颗粒，胞核类圆，染色质疏松，可见核仁 1-3 个，髓过氧化物酶染色（MPO）阳性，考虑为原始髓系原始细胞。

流式细胞免疫分型：见比例约为 58.3% 的异常原始幼稚髓系细胞，呈 CD45 弱阳性，SSC 值较大，表达：CD34（99.5%）、CD13（99.1%）部分表达：CD117（26.8%）、HLA-DR（20.4%）、CD33（68.4%）、CD38（31.0%）少量表达：CD123（13.1%）不表达：cMPO、CD7、CD16、CD64、CD14、CD11b、CD3、CD56、CD8、CD4、CD2 CD19、cCD79a、cCD3、CD15、CD10、CD36、CD71、CD41a、CD61。

融合基因(q-PCR)检测：CBF β -MYH11 融合基因阳性，WT1 基因过表达。

基因突变（NGS）检测：KIT 和 SETBP1 的一级突变。

综合诊断：AML 伴 CBF β ::MYH11 融合基因阳性。

结论 CBF β ::MYH11 融合基因，是人类 16 号染色体上的 CBF β 基因与 MYH11 基因融合产生的属于急性髓系白血病（AML）中常见的融合基因。主要见于 FAB 分型的急性粒单核细胞白血病 M4Eo 亚型；但 10% 可不伴异常嗜酸细胞 M4，少见于 M2。CBF β -MYH11 融合基因与突变的 KIT 基因共同作用，在白血病发病过程中可能起重要作用。

PO-0330

Selinexor-based Combination Therapy could Induce Relapsed/Refractory Acute Myeloid Leukemia Patients to Remission Quickly

Weida Wang¹, Jingxia Xu², Yuanbin Song¹, Yingying Cui¹, Hanying Huang¹, Yun Wang¹, Yang Liang¹, Bingyi Wu¹
1. Sun Yat-sen University Cancer Center
2. Huadu District People's Hospital of Guangzhou

Objective To explore the effects and safety of selinexor-based combination therapy on relapsed/refractory(R/R) acute myeloid leukemia patients.

Methods We analysed the remission and safety of the R/R AML patients who treated with selinexor-based combination therapy between October, 2021 and April, 2023 in Sun Yat-sen university cancer center retrospectively. The primary endpoint was overall response rate (ORR), and secondary endpoints included the duration of remission.

Results 12 patients of R/R AML who received selinexor-based combination therapy were enrolled. The median age was 48 years (19 to 70 years) (3/12 patients \geq 60years, 9/12 patients < 60 years). 5 patients defined as relapsed AML, including 1 patients relapsed after HSCT. 7 patients defined as refractory AML. 4 patients were secondly AML, 2 patients were diagnosed with AML evolving from MDS and 2 patients have a history of ovarian cancer after

multiple chemotherapy. 3 patients have extramedullary invasion (1 skin and 2 central nervous system). The median number of cycles of previous chemotherapy was 4 (rang, 2 to 9). The median percentage of blast cells in the bone marrow was 39.75 (6– 77.5) %. 4 patients had complex or poor karyotype. The highest mutation frequency is FLT3-ITD (3/12) and TP53 (3/12) (Table 1). Selinexor started from 40 mg qw in the first 2 weeks and 60mg qw after 2 weeks with acceptable AEs. The following treatment combinations were conducted: 1. hypomethylating agent (HMA) + Bcl 2 inhibitor, n=5; 2. anthracycline + cytarabine, n=4; 3. decitabine + cytarabine + aclarubicin + G-CSF (DCAG): n=3. In addition, patients with FLT3-ITD mutations all received sorafenib therapy (Table 2). After one course of selinexor-based combined treatment, 10 (10/12, 83.33%) patients achieved complete remission (CR) or complete remission with incomplete blood count recovery (CRi). 3 patients (3/12, 25%) obtained minimal residual disease (MRD) negative, 1 patient (1/12, 18.33%) achieved partial remission (PR) and one appeared to no response (NR). The total ORR rate was 91.67% (11/12). The median remission time was 19.5 days (rang 14 to 32 days) after selinexor-based combined treatment. 3 patients recurred rapidly despite the good response to the therapy (2 CRi and 1 MRD negative), which were 10 days, 24 days, 35 days respectively. Besides, 2 patients were relapsed in 9 days and 22 day after the drug withdrawal due to the financial reasons or pneumoniasepsis respectively. All patients experienced 4° myelosuppression. Infection rate was 58.33%, including febrile neutropenia (4/12, 33.33%), and pneumonia (3/12, 25%).

Conclusion Selinexor-based combined therapy could induce R/R-AML patients to remission quickly. Further investigation of large randomized controlled trials is needed.

PO-0331

Safety and efficacy of flumatinib in patients with chronic myeloid leukemia resistant or intolerant to imatinib

Yuntao Liu¹, Yunfan Yang², Hui Sun³, Li Meng⁴, Hai Lin⁵, Chunyan Chen⁶, Jianda Hu⁷, Xuliang Shen⁸, Minghui Duan⁹, Yanli Zhang¹⁰, Abulaiti Dilinazi¹¹, Jinghua Wang¹², Hongqian Zhu¹³, Luoming Hua¹⁴, Qing Leng¹⁵, Chun Zhang¹⁶, Lili Sun¹⁷, Weiming Li¹⁸, Huanling Zhu², Bingcheng Liu¹

1. National Clinical Research Center for Blood Diseases, Institute of Hematology, Chinese Academy of Medical Sciences, Tianjin, China
2. Department of Hematology, Institute of Hematology, West China Hospital of Sichuan University, Chengdu, Sichuan, China
3. The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University, Zhengzhou, Henan, China
4. Tongji Hospital Tongji Medical College of Huazhong University of Science & Technology, Wuhan, Hubei, China
5. Department of Hematology, First Hospital of Jilin University, Changchun, Jilin, China
6. Qilu Hospital of Shandong University, Jinan, Shandong, China
7. Willis F. Pierce Memorial Hospital, Fuzhou, Fujian, China
8. Heping Hospital Affiliated to Changzhi Medical College, Changzhi, Shanxi, China
9. Department of Hematology, Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Beijing, China
10. Henan Cancer Hospital, Zhengzhou, Henan, China
11. Hematologic Disease Center, The First Affiliated Hospital of Xinjiang Medical University, Xinjiang Hematologic Disease Institute, Urumqi, Xinjiang, China
12. The Second Affiliated Hospital of Harbin Medical University, Harbin, Heilongjiang, China
13. Department of Hematology, Guizhou Provincial People's Hospital, Guiyang, Guizhou, China
14. Affiliated Hospital of Hebei University, Baoding, Hebei, China
15. Anshan Central Hospital, Anshan, Liaoning, China
16. The First Affiliated Hospital of Jiamusi University, Jiamusi, Heilongjiang, China
17. The First Affiliated Hospital of Harbin Medical University, Harbin, Heilongjiang, China
18. Xiehe Hospital Tongji Medical College of Huazhong University of Science & Technology, Wuhan, Hubei, China

Objective Flumatinib mesylate is a derivative of imatinib and has higher selectivity and potency toward BCR::ABL1 kinase compared with imatinib. Flumatinib was approved by the National

Medical Products Administration in late 2019 for patients with newly diagnosed CML-CP. In real-world clinical practice, flumatinib has been used as not only the first-line therapy but also later-line therapy based on its substantial inhibitory effect against BCR::ABL kinase and tolerable side-effect profile. In this multicenter, retrospective, and observational study, we analysed the efficiency and safety of flumatinib in CML patients resistant or intolerant to Imatinib in the real world.

Methods The adult CML-CP patients resistant or intolerant to imatinib and started flumatinib as 2nd line therapy between January 1, 2020, and January 21, 2022 were collected from 18 centers in china. The primary outcome was to demonstrate the probabilities of responses including complete hematologic response (CHR), cytogenetic response, and molecular response (MR) after the later line of flumatinib. The secondary outcome was to assess adverse events (AEs). The flumatinib was prescribed according to the clinical practice. The diagnosis and response evaluation were defined according to the European Leukemia Net 2020 recommendations. The event-free survival (EFS) is defined as time from initiating flumatinib to death for any reason, progression, loss of complete hematologic response(CHR), loss of complete cytogenetic response(CCyR), confirmed loss of major molecular response (MMR), treatment failure according ELN2020, treatment discontinuation for any reason. Progression-free survival (PFS) is defined as time from initiating flumatinib to death for any reason, progression to advanced phase. The side effect were graded according to the National Cancer Institute Common Terminology Criteria for Adverse Events Version 4.0.

Results 164 patients with CML-CP with a median age of 51 (range: 17–87) years received flumatinib as the 2L treatment after imatinib were included in this retrospective study, 95(57.9%) males and 69 (42.1%) females. The medium interval from imatinib to flumatinib was 13.2(1-185) months. All patients in the chronic phase received flumatinib treatment with a median dosage of 600 mg/day. The treatment was switched from imatinib to flumatinib due to intolerance, nonoptimal response, or to achieve DMR.

The median duration of flumatinib treatment was 10.9 (2–25.46) months. Discontinuation of flumatinib treatment was observed in 17 (11%) patients, with a median treatment duration of 8.8 (2-25.46) months.

The probabilities of CHR, CCyR/MR2, MMR, and MR4 or better at baseline and after flumatinib therapy have been represented in Table 1. CHR and MR were not reported in 2 and 3 patients respectively during the flumatinib treatment due to lack of data. The patients without evaluable data were considered without response. The rate of CHR, CCyR/MR2, MMR and MR4 or better were 86% (141/164), 48.2% (79/164), 15.2% (25/164) and 7.9% (13/164) at baseline increased to 97.6% (160/164), 81.1% (133/164), 65.2% (107/164), 34.8% (57/164) respectively during flumatinib treatment.

The probabilities of response from CHR to MR after flumatinib therapy were analyzed based on clinical parameters. The gender, age, and ELTS score at diagnosis had no influence on the response to flumatinib, whereas the response to imatinib, the interval from imatinib to flumatinib, transcript expression levels were associated with the response to flumatinib.

Four patients discontinued the flumatinib therapy due to AEs, but none of the patients with diverse complications had comorbidities deterioration leading to the discontinuation of flumatinib therapy. Total of 73 patients had multiple AEs related to imatinib at baseline, and most of these AEs were improved after the flumatinib treatment. 27 patients had hematological toxicities during exposure to Flumatinib and 21 patients' had newly emerged hematological AE after initiating Flumatinib. Most nonhematological AEs were grade ≤ 2 , and only 2 patients showed grade ≥ 3 diarrhea. The major flumatinib-related nonhematological AEs included gastrointestinal AEs (n = 29), rash (n = 9), and creatinine elevation (n =7).

Conclusion In conclusion, this retrospective study had suggested promising effects of flumatinib, which induced high rates of CCyR and MMR or DMR in patients resistant or intolerant to imatinib. The incidence of AEs during flumatinib treatment was tolerable and comparable with AEs reported in the previous studies. Therefore, the present study showed that treatment with flumatinib as 2L therapy in patients resistant or intolerant to imatinib was reasonable.

PO-0332

异基因造血干细胞移植在儿童样方案时代下 仍能改善高危成人急性淋巴细胞白血病预后

陈俊杰、王治香、刘启发、周红升
南方医科大学南方医院

目的 儿童样方案极大延长了成人急性淋巴细胞白血病（ALL）的生存。目前对于异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）在这一背景下能否改善高危 ALL（HR-ALL），尤其是微小残留病阴性（MRD-）患者的生存有着极大的争议。针对这一问题，本研究在 PDT-ALL-2016 队列中探讨 allo-HSCT 对成人 ALL 在不同 MRD 状态下生存的影响。

方法 PDT-ALL-2016 队列是儿童样方案队列，纳入 2016.1.1 至 2021.12.31 就诊于南方医院，≥14 岁的 ALL 患者 411 人。本研究纳入诱导治疗获得 CR1 并符合任一高危标准患者 265 人，高危标准如下：白细胞计数 $>30\times 10^9/L$ （B-ALL）， $100\times 10^9/L$ （T-ALL）；pro-B 或 ETP；存在 t(9;22)，t(1;19)，t(4;11)，复杂核型，亚二倍体，高超三倍体或 Ph 样特征；IKZF1 突变或缺失。根据有无供者决定是否移植（移植队列 168 人，非移植队列 97 人）。MRD 检测于巩固治疗前进行。

结果 两组患者基线数据均无统计学差异。在中位随访 43.6 月（3.8-60.0 月）后，移植患者的 3 年 OS 及 EFS 均优于非移植队列。相较于非移植队列，移植队列 CIR 更低，而 NRM 增高。对于 MRD+ 亚组，接受移植患者 EFS 及 OS 更长，CIR 更低。对于 MRD- 亚组，移植同样能改善 EFS，OS 及 CIR（表 1，图 1）。

结论 在儿童样方案化疗时代，无论 MRD 状态，allo-HSCT 能通过降低复发进一步改善预后。

PO-0333

The pediatric-inspired regimen improved quality and quantity of life for patients with acute lymphoblastic leukemia, beyond age, risk stratification, and hematopoietic stem cell transplantation

junjie chen, Zhixiang Wang, Qifa Liu, Hongsheng Zhou
Nanfang Hospital

Objective Patients in the Nanfang hospital with acute lymphoblastic leukemia (ALL) have had continuous survival improvement since the 2000s. To examine the main factors affecting prognosis, we conducted a retrospective analysis at a single center.

Methods 1023 evaluable patients were in this analysis (median age, 26, with a range of 14 to 73 years). The pediatric-inspired regimen, PDT-ALL-2016 regimen, was introduced in 2016, since then all patients received this treatment (N=414). While all patients between 2000 and 2015 received adult regimens (N=612). The median follow-up time for the PDT-ALL-2016 cohort was 44.7 months, and that for the adult regimen cohort was 92.9 months.

Results For the whole series, the 5-year overall survival (OS5y) was $57.8\pm 5.3\%$ in PDT-ALL-2016 cohort and $31.3\pm 5.4\%$ in the adult regimen cohort ($P<0.001$). There was no significant difference in treatment-related mortality (TRM) between the two cohorts, with rates of 11.9% and 10.6%, respectively ($P=0.652$). The PDT-ALL-2016 cohort showed a lower cumulative incidence of relapse (CIR) at 5-year (38.1%) compared to the adult regimen (61.1%, $P<0.001$). Subgroup analysis revealed that all age groups, except for patients aged 41-50 years ($HR=0.77$, 95% CI, 0.48-1.21, $P=0.251$), can benefited from the PDT-ALL-2016 regimen. Notably, the older patients subgroup (50-73 years old) showed a significant improved outcome within the PDT-ALL-2016

cohort, compared with adult regimen cohort (HR=0.3, 95% CI, 0.17-0.54, $P<0.001$). Within this subgroup, CIR and TRM were 44.9% vs. 75.1% ($P<0.001$) and 4.3% vs. 12.1% ($P=0.196$), in PDT-ALL-2016 cohort and adult regimen cohort, respectively. Furthermore, subgroup analysis indicated that both high-risk and standard-risk patients had better outcome in the pediatric-inspired regimen cohort. For the HR group, OS5y were 25.1±6.3% vs. 55.5±6.1% ($P<0.001$), and EFS5y were 18.8±5.8% vs. 43.1±5.9% ($P<0.001$) in two cohorts. Patients who underwent allo-HSCT could also benefit from PDT-ALL-2016 regimen. For this subgroup, OS5y were 47.7±7.1% vs. 67.7±6.1% ($P<0.001$), and EFS5y were 37.2±6.7% vs. 53.9±6.7% ($P<0.001$) in adult regimen cohort and PDT-ALL-2016 cohort, respectively.

Conclusion For adult ALL patients, compared with adult regimen, pediatric-inspired regimen resulted in significant improved outcome in all age and risk groups, as well as in patients who underwent allo-HSCT.

PO-0334

贝林妥欧单抗治疗成人急性白血病的全过程护理

刘晓荣

苏州大学附属第一医院

目的 总结从 2022 年 5 月至 2023 年 7 月在我科收治的 25 例复发/难治的成人前体 B 淋巴细胞白血病患者在使用贝林妥欧单抗治疗过程中的护理经验。

方法 从 2022 年 5 月至 2023 年 7 月, 我科收治 25 例的复发/难治的成人 B 淋巴细胞白血病患者, 均使用贝林妥欧单抗治疗。从患者入院开始, 详细记录患者治疗过程中的情况, 用药前的评估、患者配合情况、药物配置、药物安全输注、输注中断情况、药物使用过程中的细胞因子释放综合征、神经毒性反应及其他不良反应的观察与护理, 及时有效地评估贝林妥欧单抗治疗患者的器官功能状态等护理方法。

结果 25 例患者共计输注 327 次的贝林妥欧单抗输注, 其中, 有 2 例因发生 IV 级细胞因子释放综合征及神经毒性反应中断输注, 经治疗后症状好转, 继续其他方案治疗。3 例发生 II 级细胞因子释放综合征, 经治疗后好转继续使用倍利妥欧单抗治疗。2 例发生肝功能损害。所有患者经治疗后顺利出院。

结论 贝林妥欧单抗药物费用昂贵, 配置过程复杂, 需要无菌条件配置。药物半衰期短, 需要持续多日的连续 24 小时给药, 持续输注要求高。不良反应发生率高且较严重, 需要护理人员具有早期发现不良反应能力, 快速配合医生进行积极抢救的应急能力。经过全方位的全程护理, 可使患者的不良反应得到有效观察及护理。

PO-0335

奥加伊妥珠单抗治疗 MRD 阳性及复发/难治性 ALL 单中心回顾性分析

张婷、蔡梓红、朱凯波、王治香、林韧、刘启发、周红升

南方医科大学南方医院

目的 本研究为探讨奥加伊妥珠单抗治疗中国人群 CD22 阳性的急性淋巴细胞白血病, 尤其是 MRD 阳性的患者, 其有效性及安全性。

方法 我们进行了一项单中心的回顾性数据分析, 在本中心自 2022 年 6 月至 2023 年 6 月收治的 ALL 患者中, 11 名患者接受奥加伊妥珠单抗治疗, 中位随访时间为 4 个月。在这 11 例患者中, 有

2 例为化疗后 MRD 持续阳性, 1 例为分子学复发, 8 例为复发/难治性。2 例患者为单独髓外病变。不足 1 疗程、仅完成 1 疗程、完成 2 疗程的患者数分别如下: 2 例(18.2%,2/11)、3 例(27.3%,3/11)、6 例(54.5%, 6/11)。有 6 例患者(54.5%, 6/11)进行了异基因造血干细胞移植, 回输日期距离末次给药中位时间为 50(37-76)天。

结果 本队列中 3 例 MRD 阳性的患者均完成 2 疗程输注, 治疗开始后第 14 天、第 1 疗程、第 2 疗程评估疗效 CR 率均为 100%(3/3), CMR 率分别为 33.3%(1/3)、100%(3/3)、100%(3/3)。8 例难治/复发的患者中, 治疗开始后第 14 天、第 1 疗程、第 2 疗程评估疗效 CR 率分别为 66.7%(4/6)、62.5%(5/8)、100%(3/3), CMR 率分别为 50%(3/6)、50%(3/6)、100%(2/2)。奥加伊妥珠单抗治疗 6 月的 OS 为 81.818(±11.629)%, EFS 为 72.727(±13.428)%。

11 例(100%, 11/11)患者均出现中性粒细胞减少, 7 例(63.6%, 7/11)患者出现血小板减少。3 例(27.2%, 3/11)未缓解患者治疗期间出现严重感染, 1 例为耶氏肺孢子菌肺炎。11 例患者均进行熊去氧胆酸药物预防, 4 例(36.3%, 4/11)患者出现肝酶升高。MRD 阳性组未出现 VOD, 2 例(18.1%, 2/11)复发/难治的患者出现 VOD, 1 例为第 1 疗程后及半相合造血干细胞移植后出现。另 1 例患者为半相合造血干细胞移植后出现。

结论 本项单中心的回顾性研究的提示, 奥加伊妥珠单抗能够迅速帮助 ALL 患者达到 CR 和 CMR 状态。对于 MRD 阳性的患者, 奥加伊妥珠单抗治疗疗效更佳, 未出现严重不良反应。然而, 在中国人群使用奥加伊妥珠单抗治疗 MRD 阳性患者的安全性和有效性仍需进一步研究。

PO-0336

BCR::ABL1 与 SET::NUP214 融合基因双阳的慢性粒细胞白血病急变期病例 1 例并文献复习

董晓燕^{1,2,3,4,5,6}、邬成业^{1,2,3,4,5,6}、李玉龙^{1,2,3,4,5,6}、商保军^{1,2,3,4,5,6}、朱尊民^{1,2,3,4,5,6}

1. 河南省人民医院血液病研究所
2. 河南省血液病理重点实验室
3. 河南省干细胞分化与调控重点实验室
4. 河南省 CAR-T 细胞治疗与转化工程研究中心
5. 郑州大学人民医院
6. 河南大学人民医院

目的 探讨 BCR::ABL1 与 SET::NUP214 融合基因双阳的慢性粒细胞白血病急变期病例的临床及实验室特征。

方法 回顾性分析 1 例 BCR::ABL1 与 SET::NUP214 融合基因双阳的慢性粒细胞白血病急变期病例, 了解其临床表现、形态学、免疫学、细胞遗传学及分子生物学特征; 同时综合文献复习总结此类特殊病例的临床诊断和预后特点。

结果 患者为中年男性, 40 岁, 以“发现左上腹包块半年余, 头晕、耳鸣 5 天”为主诉入院, 血常规示白细胞明显增高; 上腹 CT 示“巨脾”; 骨髓为 CML-CP 骨髓象。染色体: 46,XY,t(9;22)(q34;q11)[10]。BCR::ABL1 p210 阳性。临床诊断为 CML-CP。给予国产伊马替尼治疗, 未达 pCyR。10 月后疾病进展, 外周血原幼细胞 31%, 骨髓原幼细胞占 57.2%, POX 阴性。免疫学分型: 原幼细胞表达 CD38、CD34、CD33、CD13、CD123, 部分表达 CD7、CD71, 考虑为 AML。染色体核型 46,XY,t(9;22)(q34;q11)[9]/46,XY[11]; 白血病 43 种融合基因筛查显示 BCR::ABL1 p210 和 SET::NUP214 融合基因双阳。给予“DA 联合达沙替尼”方案化疗, 疗效评估为 CR, 持续随访患者 7 个月。文献复习见报道此类病例 2 例, 两例均为 CML-BP (AML 变), 1 例经异基因造血干细胞移植后持续存活, 另一例疾病进展后死亡。

结论 SET::NUP214 融合基因可能为影响 CML 患者疾病进展和 TKI 治疗耐药的因素之一, 异基因造血干细胞移植可能为治疗此类少见疾病的推荐治疗方式。

PO-0337

贝林妥欧单抗治疗 1 例干细胞移植后 复发儿童急性混合细胞白血病的护理

周小琴、吴芳芳、唐全希、王丽、郑晓茂
陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 探讨贝林妥欧单抗治疗 1 例干细胞移植后复发儿童急性混合细胞白血病的护理。

方法 选择 2023 年 6 月陆军军医大学附属第二医院血液科收治的 1 例贝林妥欧单抗治疗干细胞移植后复发急性混合细胞白血病的女性患儿作为研究对象。此患者首次干细胞移植后出现复发，拟行第 2 次移植，入院后予以 VP 方案降低肿瘤负荷接贝林妥欧单抗治疗。回顾性分析其病例资料，以及病情观察和严密护理。

结果 此病例为急性混合细胞白行外周血造血干细胞移植治疗后复发的女性患儿，贝林妥欧单抗从 5.15ug/(m².d)逐渐爬坡达到最大剂量 15.15ug/(m².d),治疗 11d 后患儿骨髓完全缓解（CR），且微小残留病灶(MRD)均 < 1 × 10⁻⁴。治疗过程中患儿出现不同程度的发热、低血压、心率极低等，此例患儿使用地塞米松与贝林妥欧同步输注，经抗感染、去甲肾上腺素等对症处理后均好转。此病例护理措施总结为：确保贝林妥欧单抗的正确使用；抗感染和支持治疗；个性化护理（密切观察患儿的病情，家属积极参与病情管理）；心理支持和家庭教育。

结论 贝林妥欧单抗治疗复发的急性混合细胞白血病的儿童，可以达到较高的缓解率，贝林妥欧单抗治疗复发的急性混合细胞白血病的儿童更需要综合的护理措施。

PO-0338

一例复发难治急性淋巴细胞白血病患者 合并假性动脉瘤切除的护理体会

刘畅
陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 探讨急性淋巴细胞白血病化疗后的患者在骨髓抑制期，并发口腔溃疡，由口腔溃疡面感染灶形成的假性动脉瘤切除的护理。

方法 回顾性总结我中心于 2022 年 7 月收治的一例复发难治急性淋巴细胞白血病患者，在骨髓抑制期合并假性动脉瘤，突发瘤体破裂出血，予以切除的护理经验。针对患者制订一系列个性化的护理，包括伤口护理，预防感染，饮食指导，心理护理等。

结果 患者出血得以控制，血象逐渐恢复正常，渡过骨髓抑制期，感染灶得以控制，未出现继发感染，出院时手术切口愈合良好，拟行造血干细胞移植术。

结论 急性淋巴细胞白血病患者化疗后处于骨髓抑制期，粒细胞减少是病人并发感染的最主要因素，患者的护理有其特殊性。血管临近组织的感染灶，通过淋巴管及营养血管蔓延，进而波及血管壁极易导致动脉瘤的形成。除了应做好骨髓抑制期的相关护理外，应加强对口腔、肛周等常见感染的观察与护理，以及疾病缓解期的饮食、活动、感染预防及健康宣教。对患者进行保护性隔离，预防感染能有效的降低血管瘤的风险，提高患者生活质量及护理满意度。

PO-0339

COVID-19 后造血干细胞移植患者化疗后 相关性味觉改变的影响状况调查及其护理干预

曾梦苹

陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 探究 COVID-19 后造血干细胞移植患者在化疗后味觉改变的影响因素并提出干预措施

方法 选取 2021 年 10 月 ~ 2022 年 12 月感染 COVID-19 后移植患者接受化疗治疗 120 例，采用中文版化疗相关味觉改变量表(CiTAS) 中文版对患者的味觉进行评估，将 CiTAS 总分 ≤ 18 分者 29 例列入未发生味觉改变组，CiTAS 总分 > 18 分者 91 例纳入味觉改变组，收集两组患者相关资料并进行单因素和多因素 Logistic 回归分析，探讨 COVID-19 后移植患者化疗发生相关性味觉改变的影响因素。

结果 COVID-19 后造血干细胞移植患者出现化疗相关性味觉改变发生率为 75.83%(91/120)。两组在性别、年龄、化疗前口腔是否干燥、化疗期间有无患口腔炎症及负性情绪间存在差异，差异有统计学意义($P < 0.05$)。经多因素 Logistic 回归分析发现女性、年龄 < 60 岁、化疗前口腔干燥、化疗期间患口腔炎症及负性情绪是影响 COVID-19 造血干细胞移植患者化疗后发生化疗相关性味觉改变的危险因素，差异有统计学意义($P < 0.05$)。

结论 COVID-19 后造血干细胞移植患者化疗后化疗相关性味觉改变发生率高，性别、年龄、化疗期间患者的口腔情况及情绪是发生化疗相关性味觉改变的重要因素。

PO-0340

Estimated Glomerular Filtration Rate and Urinary Microalbumin to Creatinine ratio changes in chronic myeloid leukemia patients treated with Tyrosine Kinase Inhibitors

Sanmei Wang, Xiaoli Zhao, Yutian Lei, Yu Zhu

Jiangsu Provincial People's Hospital (The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University)

Objective Tyrosine kinase inhibitors (TKIs) have achieved remarkable success in chronic myeloid leukemia (CML), but previously studies showed that unrecognized adverse events limit their application, due in part to the kidney injury. To study dysfunctions of TKIs-redireted kidney disorders in CML patients, we evaluated the incidence of acute kidney injury (AKI) and chronic kidney disease (CKD) in chronic-phase (CP) CML patients treated with imatinib, dasatinib, nilotinib and flumatinib.

Methods Tow hundred forty-one newly diagnosed CP CML patients treated with TKIs were analyzed. The creatinine and glomerular filtration rate (GFR) were estimated with the Modification of Diet in Renal Disease equation (MDRD). Moreover, urinary microalbumin to creatinine ratio (U-mALB/Cr) among fifty-five patients was demonstrated in the end of follow-up.

Results No patients had TKI-associated AKI. Imatinib was associated with a higher incidence of CKD in comparison with dasatinib, nilotinib and flumatinib. 6 patients (2.5%) developed CKD while they were receiving a TKI; 4 of these patients (66.7%) did so while they were being treated with imatinib ($P < 0.05$). In patients with no CKD at the baseline, imatinib was shown to reduce GFR over time. Interestingly, although more patients (20%) showed abnormal U-mALB/Cr among 55 patients compared to evaluation with GFR, imatinib group still displayed the highest injured rate (36.7%).

Conclusion The administration of TKIs may be much safer than previous studies in the setting of CKD in CP CML patients, and U-mALB/Cr may represent a strategy to evaluate the kidney injury.

PO-0341

骨髓微环境脂代谢异常与 MDS 发生发展的关系研究

李遇春、吕晓东
河南省肿瘤医院

目的 检测 MDS 患者骨髓中脂肪细胞因子的表达水平，探讨其与 MDS 疾病亚型、突变基因及克隆异质性的关系。

方法 酶联免疫吸附（ELISA）法检测 64 例 MDS 患者和 24 例继发 AML（SAML）患者骨髓中脂肪细胞因子的表达水平，这些脂肪因子包括 CTRP1（人补体 C1q 肿瘤坏死因子相关蛋白 1），LEP（瘦素），ADP（脂联素），降脂素，内脂素，TNF- α （肿瘤坏死因子），IL-6（白介素-6），CCL2（趋化因子配体 2），SCF（造血干细胞因子），SDF1A（基质细胞衍生因子 1A）。我们对其中的 70 例患者进行高通量测序，检测了 65 种 MDS 相关基因，并根据基因突变位点的 VAF 值判断克隆属性。接下来，我们分析了异常脂肪细胞因子与 MDS 亚型、突变基因及克隆异质性的关系。

结果 骨髓脂肪细胞因子与 MDS 疾病亚型的分析结果显示，MDS 伴无原始细胞增多组、伴原始细胞增多组和 SAML 组，内脂素水平逐渐升高（ $P=0.002$ ）。而 SAML 组较 MDS 伴原始细胞增多组，SCF 水平明显降低（ $P=0.015$ ），CTRP1 水平明显升高（ $P=0.041$ ）。基因突变检测结果显示，45 例（64%）患者检出突变基因，其中伴发 1 个突变 16 例（36%），2 个突变 15 例（33%），3 个突变 10 例（22%），4 个突变 4 例（9%）。脂肪细胞因子与突变基因相关分析发现，随着瘦素和 CXCL12 表达水平降低，MDS 基因突变发生率明显升高（ $P=0.03$ ， $P=0.009$ ）。根据基因突变信息进行克隆数分析，在进行基因突变的 70 例患者中，27 例（60%）患者携带 1 个克隆，14 例（31%）携带 2 个克隆，4 例（9%）携带 3 个克隆。且瘦素、CXCL12 表达水平降低时 MDS 突变基因的克隆异质性明显增强（ $P=0.008$ ， $P=0.022$ ）。

结论 骨髓脂肪细胞因子水平与 MDS 细胞分化、基因突变的发生和其克隆异质性关系密切，本研究有利于进一步明确 MDS 发病及病程进展的影响因素和机制。

PO-0342

SLIT2 promoter hypermethylation-mediated SLIT2-IT1/miR-218 repression drives leukemogenesis and predicts adverse prognosis in myelodysplastic syndromes

Jingdong Zhou, Tingjuan Zhang, Zijun Xu, Jiang Lin, Jun Qian
Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

Objective Epigenetic modifications have been implicated with crucial roles in myelodysplastic syndromes (MDS) progression. Previously, we have investigated the genome-wide DNA methylation alterations during MDS evolution to acute myeloid leukemia (AML) by next generation sequencing (NGS). Herein, we reported an evident methylation change in CpG islands at the SLIT2 promoter identified by NGS, and further determined the role and clinical implication.

Methods SLIT2 promoter methylation was detected by RT-qMSP in MDS and AML patients. The clinical and prognostic significance of SLIT2 promoter methylation were evaluated. The functional roles of SLIT2-IT1/miR-218 were determined in vitro and in vivo. The molecular mechanisms of

SLIT2-IT1/miR-218 in leukemogenesis were identified based on RNA-Seq. Moreover, the FISH, RIP assays and luciferase reporter assays were implemented to verify the molecular network.

Results Firstly, increased SLIT2 promoter methylation was validated in 11 paired MDS/AML patients during disease evolution. Meanwhile, SLIT2 promoter methylation was remarkably increased in MDS/AML patients related to controls, and was correlated with poor clinical phenotype and outcome. Interestingly, SLIT2 expression was particularly upregulated in AML patients and was not correlated with SLIT2 promoter methylation. However, SLIT2-embedded genes SLIT2-IT1 and miR-218 were downregulated in AML patients, which was negatively associated with SLIT2 promoter methylation, and further validated by demethylation studies. Functionally, SLIT2-IT1/miR-218 overexpression exhibited anti-leukemia effects by affecting cell proliferation, apoptosis and colony formation in vitro and in vivo. Mechanically, SLIT2-IT1 may function as a competing endogenous RNA by “sponges” miR-3156-3p to regulate BMF expression, whereas miR-218 may directly target HOXA1 in MDS progression.

Conclusion Our findings demonstrate that SLIT2 promoter hypermethylation is associated with disease evolution in MDS, and predicts adverse prognosis in both MDS and AML. Epigenetic inactivation of SLIT2-IT1/miR-218 by SLIT2 promoter hypermethylation could be act as a promising therapeutic target in MDS.

PO-0343

miR-1246: 骨髓增生异常综合征去甲基化治疗失败的耐药靶点

付晓研、姜俏、李虹、张蕊
中国医科大学附属第一医院

目的 本研究旨在研究 miR-1246 在骨髓增生异常综合征去甲基化治疗失败后的表达，探索骨髓增生异常综合征去甲基化治疗的耐药机制。

方法 收集 5 例高危骨髓增生异常综合征患者初诊时及治疗失败时的配对骨髓标本进行 miRNA 高通量测序分析；同时在体外建立 DAC 耐药性的 MOLM-14/DAC 细胞系，进行 miRNA 高通量测序分析。

结果 5 例配对标本中，治疗失败时对比初诊时共有 75 个 miRNA 上调，194 个 miRNA 下调，其中 3 例患者在耐药后出现 miR-1246 显著增高。在 DAC 耐药性的 MOLM-14/DAC 细胞系中，通过 miRNA 高通量测序发现在耐药和亲本细胞系中共有 91 个 miRNA 差异表达，其中上调 miRNA 有 44 个，miR-1246 位列第 7 位。此外，miR-1246 及其潜在靶基因 CADM1 在 GO 富集和 KEGG 富集通路中同时出现关于细胞粘附作用表达下调。

结论 miR-1246 是在骨髓增生异常综合征去甲基化治疗失败患者及耐药细胞系中均高表达的异常 miRNA。miR-1246 在实体肿瘤中多表现为促癌作用，通过其靶基因调节下游传导通路，影响肿瘤细胞的分化、侵袭、迁移以及化疗耐药等。我们推测高危骨髓增生异常综合征去甲基化药物作用后出现 miR-1246 高表达，可能是通过靶向其潜在靶基因 CADM1，介导细胞粘附的生物学作用参与疾病进展及耐药的发生。

PO-0344

B 淋巴细胞的分化异常与 MDS 的发生发展相关

任颜、崔燕妮、王宏伟
山西医科大学第二医院

目的 MDS 患者突变谱比较复杂，其分子遗传改变已经得到了更好的理解，但分子机制尚未完全阐

明。本研究通过对 MDS 患者与正常对照之间的差异表达基因(DEGs)进行鉴定和通路富集分析,进一步阐明 MDS 发生发展的分子机制。

方法 1 从基因表达总括数据库(GEO)下载 3 个 mRNA 表达数据集,分别为 GSE19429、GSE4619 和 GSE58831。2 通过交互式 Web 工具 GEO2R 筛选 MDS 患者和正常对照样本之间的 DEGs。应用 Benjamini 和 Hochberg 错误发现率(FDR)方法校正 P 值,对假阳性结果的发生进行校正。将调整后的 P 值 <0.05 和 $|\log_2FC|>0.5$ 作为截断阈值标准。3 利用 DAVID 数据库对鉴定的 DEGs 进行了生物过程、细胞成分、分子功能(GO)和京都基因和基因组百科全书(KEGG)途径富集分析。FDR <0.05 用作显著性的阈值。4 使用 STRING 映射共同的 DEGs,并将总分大于 0.4 的挑选出来构建 PPI 网络,然后使用 Cytoscape 软件进行可视化。

结果 1 三个数据集中共同的 DEGs 一共 114 个,其中包括 33 个共同上调基因和 81 个共同下调基因。2 在生物过程(BPs)中下调的基因显著富集于 RNA 聚合酶 II 启动子转录的负调控、转化生长因子 β 受体信号通路的负调控、B 细胞分化、DNA 重组等;上调的基因主要富集在对 β 干扰素的反应、I 型干扰素信号途径、对 α 干扰素的反应、对生物刺激的反应、凋亡过程的正调控等。在 KEGG 途径富集分析中,共同的下调 DEGs 主要富集于原发性免疫缺陷、B 细胞受体信号通路和转化生长因子 β 信号通路;而上调基因主要富集 p53 信号通路。3 PPI 网络构建与模块分析:最重要的 10 个枢纽基因是 IRF4、PAX5、RAG1、CD79A、CD79B、CXCR4、EBF1、STAT1、VPREB1 和 POU2AF1。使用 MCODE 从 DEGs 的 PPI 网络获得一个重要模块,该模块由 15 个节点和 93 个边缘组成。功能和 KEGG 途径富集分析表明,该模块中的基因主要与转录调控、B 细胞分化和原发性免疫缺陷有关。

结论 B 淋巴细胞的分化异常以及原发性免疫缺陷与 MDS 的发生发展密切相关,进一步分析 MDS 患者临床特征与 B 细胞免疫分型之间的相关性可能有助于判断 MDS 的预后,并为 MDS 的精准治疗提供靶点。

PO-0345

MDS 伴发噬血细胞综合征的 15 例单中心报道

何雪峰、宋悦

苏州大学附属第一医院

目的 分析骨髓增生异常综合征(MDS)伴发噬血细胞综合征(HLH)的患者的临床和实验室特征。

方法 回顾性分析单中心 15 例 MDS 伴发 HLH 的患者的临床和实验室特征。

结果 15 例患者中位年龄 66 岁,男女比例 8:7,67%患者超过 60 岁。8 例患者为 MDS-MLD,3 例患者为 MDS-EB,2 例患者为 MDS-RS,2 例患者为 MDS-h。60%伴有染色体核型异常,53%具有 MDS 特征的基因突变。所有患者均表现出典型的 HLH 进展。100%表现出发热,87%表现出肝脾肿大,73%表现出骨髓噬血现象,73%患者有低纤维蛋白原/高甘油三酯血症,67%患者有肝损害,27%患者有 EBV 感染,所有患者均接受了 HLH 相关治疗。80%的患者接受了针对 MDS 的治疗。8 例(53.5%)患者获得 HLH 的部分缓解,剩余患者均死于 HLH。所有死亡患者中,75%患者死于 HLH 诊断 2 个月内。4 例 EBV-HLH 中,3 例 EBV 获得清除者存活

结论 MDS 可以伴发 HLH。此类患者若无法控制 HLH,病死率高,多数在 2 个月内死亡。

PO-0346

With ASXL1 mutation of the clinical features and prognosis of MDS

Jie Zhang, rong gong, kun zhu, jia wei

Third Hospital of Shanxi Medical University, Shanxi Bethune Hospital, Shanxi Academy of Medical Sciences, Tongji Shanxi Hospital

Objective to study the clinical features and prognosis of With ASXL1 mutation of myelodysplastic syndrome.

Methods we collected our nearly five years with ASXL1 gene mutations in patients with myelodysplastic syndrome cases, to analyze the clinical characteristics and prognosis, combined with the literature and discuss the clinical features and prognosis.

Results we collected 249 newly diagnosed MDS patients. A total of 48 ASXL1 mutations were found in 249 MDS patients (48/249, 19.28%). Including the second generation sequencing results of 41 cases, 25 cases with frameshift mutations, missense mutation in 2 cases, 14 cases of nonsense mutations. The ASXL1 mutated myelodysplastic syndrome patients has a median age of 61 years old. The baseline characteristics of ASXL1-mutated (ASXL1 MUT) and wild-type (ASXL1 WT) patients were comparable. IPSS-R prognostic stratification well predict the clinical outcome of MDS patients ($P = 0.030$). Compared with group ASXL1 WT, ASXL1 MUT group show IPSS - R high frequency of the high-risk group of patients, IPSS -R relatively low-risk patients low frequency. ASXL1 mutation showed significant co-occurrences with RUNX1 ($P = 0.002$), U2AF1 ($P = 0.001$), and TET2 ($P = 0.018$) mutations, and it was mutually exclusive with DNMT3A mutation ($P = 0.036$). MDS with non-frameshift mutations in IPSS -R high-risk patients showed relatively short overall survival period ($P = 0.016$).

Conclusion IPSS-R prognostic stratification well predict the clinical outcome of MDS patients. Compared with group ASXL1 WT, ASXL1 MUT group show IPSS - R high frequency of the high-risk group of patients, IPSS -R relatively low-risk patients low frequency. ASXL1 mutation showed significant co-occurrences with RUNX, U2AF1, and TET2 mutations, and it was mutually exclusive with DNMT3A mutation. MDS with non-frameshift mutations in IPSS -R high-risk patients showed relatively short overall survival period. This study collected the sample size is less, still need a lot of sample size for more accurate research.

PO-0347

Water dissolvable arsenic sulfide nanoparticles induce multiple-lineage differentiation and post-differentiation apoptosis in leukemia and myelodysplastic syndromes

Haiyan Xu

Institute of Basic Medical Sciences Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

Objective Differentiation induction is an ideal therapeutic strategy for leukemia with relative low toxicity in comparison with chemotherapies, which induces leukemia cells into different lineages and enhances the cells apoptosis. However, there is little induction therapeutics up to date. Meanwhile, therapeutic choice for refractory anemia arising from ineffective erythropoiesis in myelodysplastic syndromes (MDS) has long remained an unmet demand, and a part of MDS patients would develop to refractory acute myeloid leukemia. The aim of this work is to apply arsenic sulfide (As_4S_4) nanoparticles with hydrophilic polymeric coating to cells from different subtypes of MDS to investigate the inducing differentiation effect and underlying mechanisms.

Methods Water dissolvable arsenic sulfide nanoformulation (ee-As₄S₄) was fabricated by blending raw arsenic crystal powders with a kind of hydrophilic polymer through melting co-extrusion technology. The ee-As₄S₄ was incubated with AML cell lines, CML cell lines, bone marrow samples of MDS patients and orally administrated to a refractory AML mouse model. In addition, HeLa cells stably expressing green fluorescent protein (GFP)-tagged Ras-Gap SH3 domain-binding protein 1 (G3BP1) and HEL cells were also used for mechanistic studies. Immunological fluorescent staining, qPCR, and assays for apoptosis, cell cycles, ROS measurement were mainly employed in the experimental studies. In conclusion, ee-As₄S₄ holds significant potentials for the treatment of leukemia and refractory anemia that arises from ineffective erythropoiesis.

Results The water dissolvable arsenic sulfide nanoformulation (ee-As₄S₄) was fabricated, which is able to induce erythroid and megakaryocytic differentiation in chronic myeloid leukemia (CML) cells, induce multiple-lineage differentiation and post-differentiation apoptosis in AML cells and a refractory AML animal model, and promote terminal erythropoiesis in the bone marrow mononuclear cells (BMMNCs) of MDS patients with different subtypes. The ee-As₄S₄ can be largely internalized by the cells and plays strong reduction role inside the cells to down regulate the intracellular reactive oxygen species (ROS), which leads to the inhibition of histone deacetylase (HDAC) activity in the CML cells and triggers the phosphorylation of eukaryotic translation initiation factor 2 α (eIF2 α) in the bone marrow cells of MDS patients. Interestingly, the phosphorylation of eIF2 α consequently led to the increase of globin in mRNA and protein levels, as well as induced the formation of stress granules (SGs) that caused the segregation and inactivation of eIF4E and inhibited the synthesis of general protein in the BMMNCs. Besides, ee-As₄S₄ mitigated the oxidative stress in BMMNCs by eliminating intracellular reactive oxygen species. All mechanisms together contributed to the effective differentiation of erythroblasts of early and terminal stages.

Conclusion In conclusion, ee-As₄S₄ holds significant potentials of differentiation-inducing therapeutics for the treatment of leukemia and refractory anemia that arises from ineffective erythropoiesis.

PO-0348

The m6A methyltransferase METTL14 promotes myelodysplastic syndromes progression via SETBP1-mediated activation of PI3K-AKT signaling pathway

Lingxu Jiang

The First Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine

Objective Epigenetic abnormalities play an essential role in myelodysplastic syndromes (MDS) progression. m6A, as the most abundant epigenetic modification in mammalian mRNA, was recently found to be involved in the pathological processes of myeloid malignancies. However, the roles of m6A and m6A regulators in MDS remain elusive.

Methods Colorimetric ELISA was used to profile m6A levels of MDS patients. Bioinformatics analysis, quantitative-PCR (q-PCR), and western blotting were used to investigate the clinical significance of m6A methyltransferase METTL14 in MDS. The biological functions of METTL14 were explored using in vitro and in vivo models, m6A sequencing (m6A-seq) and RNA sequencing (RNA-seq) were used to search for key target gene and key signaling pathway of METTL14 in MDS. Methylated RNA immunoprecipitation (MeRIP)-qPCR, RNA immunoprecipitation (RIP)-qPCR, and RNA stability assay were conducted to validate the target of METTL14. Bioinformatics analysis and quantitative-PCR (q-PCR) were applied to investigate the clinical significance of target gene and its correlation with METTL14 in MDS. Western blotting was used to validate the signaling pathway of METTL14 in MDS.

Results The present study showed that the overall RNA m6A level was increased in MDS patients with excess blasts. Further exploration identified m6A methyltransferase METTL14 as the critical enzyme responsible for aberrant m6A modification in MDS. METTL14 was highly expressed in MDS patients with excess blasts, and independently associated with poor prognosis and rapid leukemic transformation. Knockdown of METTL14 inhibited proliferation and clone formation ability of MDS cells by inducing cell apoptosis and cell cycle arrest in vitro. Xenograft model in vivo also supported the oncogenic role of METTL14 in MDS. Mechanistically, oncogene SETBP1 was identified as the direct target of METTL14. METTL14 promoted expression of SETBP1 and enhanced SETBP1 mRNA stability via increasing m6A abundance of SETBP1 transcripts. PI3K-AKT signaling pathway was consequently confirmed as the downstream of METTL14-m6A-SETBP1 to induce MDS tumorigenesis.

Conclusion Collectively, this study revealed that METTL14 exerted oncogenic role by METTL14/m6A/SETBP1/PI3K-AKT signaling axis, and highlighted that METTL14-mediated m6A modification could be potential therapeutic target for MDS.

PO-0349

骨髓增生异常综合征对阿扎胞苷耐药靶向治疗新策略探索

耿杰¹、陈浩然²、张昊军¹、张力中¹、卢学春^{1,3}

1. 山西医科大学, 基础医学院

2. 山西医科大学, 管理学院

3. 解放军总医院第二医学中心血液病科

目的 既往研究表明约有 50% 的骨髓增生异常综合征 (myelodysplastic syndromes, MDS) 患者对阿扎胞苷 (Azacitidine) 产生耐药, 且可能与 ITGA5 表达异常相关。本研究旨在利用生物信息学分析方法鉴定 MDS 患者的耐药相关基因, 预测靶向治疗药物, 提高 MDS 患者对 Azacitidine 的敏感性。

方法 以“(myelodysplastic syndromes) AND Azacitidine”为检索式在 GEO 数据库中检索数据, 纳入编号为 GSE76203 的 RNA-seq 数据, 包含 7 个敏感组样本和 5 个耐药组样本, 使用 R 语言 edgeR 包进行差异表达分析, 鉴定差异表达基因 (Differential expression genes, DEGs)。使用 DAVID 数据库对 DEGs 进行 GO 和 KEGG 分析, 并揭示耐药基因相关信号通路。使用 Uniprot 和 PDB 数据库获取蛋白质 3D 结构模型, 并利用 AutoDockTools 和 vina 进行分子对接。CellMinerCDB 数据库用于药物敏感性分析, 最后结合药理学与药代动力学方法综合评估药物疗效, 确定候选药物。

结果 转录组分析结果显示, 耐药组鉴定出 283 个上调基因, 251 个下调基因 ($P < 0.05$)。耐药相关基因 ITGA5 和 ITGA6 表达上调, 主要参与细胞黏附分子、造血细胞谱系、癌症等 KEGG 信号通路, GO 富集主要与蛋白质结合、细胞外分泌体、整合素结合等相关。分子对接结果显示: Entrectinib、Tamoxifen、Ceritinib 能与 ITGA5 稳定结合 (结合能: -9.9、-8.2、-7.2 kcal/mol), Temsirolimus、Selinexor、Everolimus 能与 ITGA6 稳定结合 (结合能: -10.1、-8.7、-8.6 kcal/mol)。药物敏感性分析结果显示这些药物均能抑制靶基因表达, 其中 Fulvestrant 是双靶点抑制剂。基于药理学与药代动力学的药物相互作用分析显示, 候选药物与 Azacitidine 无不良反应发生。

结论 本研究发现 ITGA5 和 ITGA6 在 Azacitidine 耐药的 MDS 患者中起着重要作用, 并基于此确定了 7 种有望提高 MDS 患者对 Azacitidine 治疗敏感性的候选药物, 为缓解 MDS 耐药提供新的治疗策略。

PO-0350

寻找诊断骨髓增生异常综合征的生物标记物 并对其进行功能分析和免疫浸润分析

王欣怡

广西医科大学第一附属医院

目的 骨髓增生异常综合征是一组异质性克隆干细胞疾病，其特征是髓系细胞分化和发育异常，导致无效造血。我们希望能通过分析骨髓增生异常综合征患者和健康对照组的样本，找到差异基因从而发现新的诊断标志物和治疗靶点。

方法 我们通过 GEO 数据库找到与骨髓增生综合症相关的微阵列分析其基因表达。以 $p \leq 0.05$, $|\log fc| \geq 1.5$ 为限制条件，并对筛选出来的差异表达基因进行 GO 和 KEGG 功能富集分析和 ssGSEA 免疫浸润分析。

结果 我们一共找到 26 个差异表达基因，其中，19 个差异表达基因表达上调，7 个差异表达基因表达下调，我们发现，这些差异基因主要富集在病毒感染和免疫应答相关的通路，且差异表达基因与大部分免疫细胞相关，这有可能成为新的免疫治疗的靶点。

结论 骨髓增生异常综合征患者骨髓微环境中的基因表达与正常患者不同，本研究对微阵列数据进行分析，发现差异表达基因通过调控一系列信号通路和免疫细胞发挥作用，这有可能成为新的诊断和治疗靶点。

PO-0351

一项旨在评估塞利尼索序贯阿扎胞苷治疗新诊断的骨髓增生 异常综合征 EB1 或 EB2 患者安全性和有效性的单中心、 单臂、Ib/II 期的临床试验

马丽亚、羊文莉、周歆平、叶丽、许改香、胡超、罗颖婉、杨春梅、佟红艳
浙江大学医学院附属第一医院

目的 本研究旨在评估塞利尼索序贯阿扎胞苷在新诊断的 MDS-EB1 或 EB2 患者中的安全性和有效性。

方法 我们开展了一项单中心、单臂、Ib/II 期临床试验，纳入 18 岁或 18 岁以上新诊断的 MDS-EB1 或 EB2 患者。主要终点是 II 期推荐剂量（RP2D）和最大耐受剂量（MTD）。次要终点为总反应率（ORR）。

结果 目前为止共纳入 15 位患者，中位年龄为 57 岁，MDS-EB1 占 26.7%，EB2 占 73.3%。93.3% 的患者属于 IPSS-R 高危或极高危。塞利尼索分为三个剂量组：40mg qw、40mg biw 和 60mg qw，每组各 3 例患者。60mg qw 组的一位患者在口服一次塞利尼索后因恶心、呕吐、乏力和单纯疱疹病毒感染而停止治疗。随后，40mg qw 组和 40mg biw 组各新增 3 例患者。因此，14 名患者可进行疗效评估。ORR 为 78.6%（11 例），CR 为 21.4%（3 例）；mCR+HI 1 例（7.1%）；mCR 7 例（50.0%）。其中 TP53 突变患者有 3 例，1 例获得 CR，2 例获得 mCR。常见的不良事件为中性粒细胞减少（93.3%）、贫血（86.7%）、血小板减少（80.0%）、疲劳（53.3%）、恶心（26.7%）、头晕（26.7%）、呕吐（20.0%）和食欲减退（20.00%）。

结论 塞利尼索序贯阿扎胞苷在新诊断的 MDS-EB1 或 EB2 患者中显示出很好的疗效，且不良事件总体是可控的。该临床试验还在进行中，以进一步评估这种序贯疗法的疗效和安全性，为 MDS-EB 患者提供一种新的治疗选择。

PO-0352

Venetoclax 联合去甲基化药物治疗中 高危 MDS 患者真实世界数据分析

高清妍、赵金影、李冰、曲士强、潘丽娟、焦蒙、徐泽锋、肖志坚、秦铁军
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 去甲基化药物（HMAs）治疗为不适合移植高危骨髓增生异常综合征(MDS)患者标准治疗选择，然而其总体疗效有限。临床试验数据显示小分子 BCL-2 抑制剂 venetoclax 联合阿扎胞苷治疗高危 MDS 患者存在临床获益。本研究旨在分析真实世界中 venetoclax 联合 HMAs 治疗中高危 MDS 的疗效及安全性。

方法 回顾性收集并分析我中心自 2021 年 3 月-2022 年 12 月连续收治的共计 45 例中高危 MDS 患者应用 venetoclax 联合 HMAs 治疗的疗效及安全性。

结果 共 45 例 MDS 患者，其中 91% 患者为 IPSS-R 评分高危或极高危患者，接受 venetoclax 联合 HMAs 治疗的中位周期为 2(范围 1-10)。按照 2023IWG 推荐 MDS 疗效评价标准，中位随访 185 天，总有效率(ORR)为 51.1% (23/45)；完全缓解(CR)率为 28.9% (13/45)。25 例初治 MDS 患者 ORR 为 60% (15/25)，CR 率为 28% (7/25)，初治 MDS 患者最佳疗效均在第一个疗程后获得。中位 OS 为 343 (95%CI, 207-479) 天，患者死亡多数因本病进展。维奈克拉联合去甲基化药物治疗有效者中位 OS 未达到，治疗无效者中位 OS 为 343 (95%CI, 206-479) 天 (p=0.001)。最常见的 3-4 级不良事件为血细胞减少 (93%)。8 例 (17.8%) 患者曾因严重感染和细胞减少等不良反应中断 venetoclax 治疗。存在 SETBP1 基因突变可能延长患者住院时间 (51.5 天 vs 27 天, p=0.017)。

结论 综上显示 venetoclax 联合 HMAs 治疗高危 MDS 患者存在临床获益，但需密切检测治疗过程中严重血细胞减低等不良事件。

PO-0353

Bcl-2 表达与 Bcl-2 抑制剂在 高危 MDS 患者中疗效的相关性研究

吴佳霏、李慧
四川省人民医院

目的 Bcl-2 在 MDS 患者中的表达是否存在差异及其与 VEN 治疗的疗效和预后是否存在相关性，目前尚无研究报道。通过分析 Bcl-2 蛋白在 MDS 患者中的表达，评估其是否与 VEN 治疗的疗效和预后相关。

方法 回顾性收集 2018 年 7 月至 2022 年 12 月就诊于四川省人民医院的 71 例 MDS 患者的临床数据，根据 Bcl-2 蛋白的表达差异将患者分为阴性和阳性两组，采用卡方检验分析 Bcl-2 蛋白表达与患者临床特征及分子遗传学特征的关系。28 例高危 MDS 患者使用 VA 联合方案治疗，10 例使用 HMA 单药治疗。以卡方检验进行疗效比较，采用 Kaplan-Meier 曲线评价 OS，Log Rank 检验比较组间生存，应用 Cox 回归模型分析患者 OS 的影响因素。

结果 MDS 患者的临床特征与 Bcl-2 表达之间无显著相关性。在分子遗传学方面，伴基因改变的 Bcl-2 阳性患者 (71.9%) 显著多于阴性患者 (42.1%) (P=0.035)；伴 NPM1 基因突变的阳性患者 (18.6%) 显著多于阴性患者 (0%) (P=0.045)。治疗 1 个疗程后，VA 联合方案中 71.4% 的患者与 HMA 单药方案中 40% 的患者获得 CR/mCR。Bcl-2 阳性患者中，VA 联合方案中有 75% 的患者获得 CR/mCR，HMA 单药方案患者中有 33.3% 获得 CR/mCR (P=0.087)。VA 联合方案患

者的 mOS 为 6.87 个月，其中 Bcl-2 阴性患者为 2.93 个月，阳性为 7.47 个月；在 ≥60 岁的老年患者中，Bcl-2 阳性患者 OS 较阴性患者显著延长 (P=0.029)。在 IPSS-R 极高危 Bcl-2 阳性患者中，VA 联合方案患者的 OS 较 HMA 单药方案显著延长。

结论 Bcl-2 蛋白促使 MDS 疾病进展。在 Bcl-2 阳性高危 MDS 患者中，与 HMA 单药方案相比，VA 联合方案具有良好的治疗反应，具有较高的缓解率并可延长总生存期。

PO-0354

罗特西普在骨髓增生异常综合征和原发性骨髓纤维化 真实世界中的疗效和安全性分析

常豆豆、张睿娟、李丛池、张夏林
山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 探讨罗特西普在骨髓增生异常综合征（MDS）和原发性骨髓纤维化（PMF）在真实世界的治疗效果以及安全性。

方法 回顾性分析山西白求恩医院 2022 年 9 月-2023 年 7 月收治的输血依赖性的 10 例骨髓增生异常综合征（根据 IPSS-R 评分，有 5 例为低危、2 例中危、3 例高危）和 1 例原发性骨髓纤维化患者，其中 4 例患者单用罗特西普治疗，7 例为罗特西普联合其他药物治疗。罗特西普的起始剂量为 1mg/kg，每 3 周皮下注射一次。主要终点是 12 周时的血红蛋白应答率（血红蛋白应答定义为连续 2 次或两次以上评估中血红蛋白水平相对基线升高 ≥1.5g/dL，且在此期间无红细胞输注）。次要终点是 12 周时的输血负担和治疗相关不良反应。

结果 11 例患者接受罗特西普治疗，其中有 8 名（73%）女性和 3 名（27%）男性，中位发病年龄为 65 岁。治疗后 12 周，有 3/11（27%）的患者达到主要终点，其中 1 例为原发性骨髓纤维化，1 例为低危 MDS，1 例为中危 MDS。有 5/11（45%）的患者输血负担减少 ≥50%，其中 1 例为原发性骨髓纤维化，3 例为低危 MDS，1 例为中危 MDS。在极高危 MDS 患者中并未发现有显著的临床获益。截止到 2023 年 7 月 31 日，有 3/11（27%）名患者脱离输血。罗特西普常见的不良反应为乏力、高血压、腹泻、关节痛等，但这些不良反应均为 1-2 级。

结论 罗特西普对于近三分之一的 MDS 和 PMF 患者有良好的早期疗效，可减轻一半左右患者的输血负担，且安全性较好。

PO-0355

重促红细胞生成素联合维 A 酸和十一酸睾酮治疗较低危骨髓 增生异常综合征患者贫血有效性和安全性的前瞻性、 开放标签、多中心临床研究中期分析

梅琛¹、郑翠萍²、谢亚萍³、邵燕萍⁴、周歆平¹、马丽亚¹、叶丽¹、许改香¹、佟红艳¹

1. 浙江大学医学院附属第一医院
2. 温州市中心医院
3. 杭州市第一人民医院
4. 浙江省台州医院

目的 90%以上的较低危骨髓增生异常综合征（MDS）患者长期面临难治性贫血和输血依赖，严重影响生活质量。目前治疗以重组人促红细胞生成素（EPO）为主，但单药有效率有限，仅为 30%-40%。前期研究表明十一酸睾酮可促进红系造血，全反式维甲酸（ATRA）也具有体外促进血细胞分

化的功能。因此，我们设计并实施了 EPO 联合 ATRA 和十一酸睾酮方案治疗较低危 MDS 患者伴贫血的临床研究，以评估其疗效和安全性。

方法 在这项多中心、单臂研究中，纳入了来自 4 个不同医院，并根据 2016 年 WHO 分类和修订版国际预后评分系统 (IPSS-R) 新诊断的较低危 MDS 患者。入组患者接受 EPO (10000 IU/天) 加 ATRA (25 mg/m²/天) 和十一酸睾酮 (80 mg, 每日 2 次) 的治疗，治疗期持续 3 个月。主要终点为血红蛋白反应率，定义为连续 2 次或 2 次以上评估 (间隔 2 周) 血红蛋白水平较基线升高 ≥1.5 g/dL，且在此期间未输注红细胞，完成 3 个月治疗后评估反应情况。

结果 截止 2023 年 7 月，共入组患者 43 例，中位年龄 65 岁，男性 24 例，女性 19 例，中位血红蛋白 63g/L，18 例患者 EPO 浓度 >500IU/L，总体血红蛋白应答率为 65.1% (28/43)。在 EPO 浓度大于 >500IU/L 的患者中血红蛋白应答率为 61.1% (11/18)，EPO 浓度 ≤500 的患者中血红蛋白应答率为 68.0% (17/25)，两者无统计学差异。其中 32 例患者进行了二代测序检测，SF3B1 突变患者 15 例，血红蛋白应答率为 80.0% (12/15)，ASXL1 突变患者 8 例，血红蛋白应答率为 37.5% (3/8)。

结论 本研究表明 EPO 联合维 A 酸和十一酸睾酮方案能有效提高较低危 MDS 患者的疗效，并且不受 EPO 浓度的影响，值得进一步随机对照研究来验证疗效。

PO-0356

以 MDS 为表现的伴隐匿性 TNIP1::PDGFRB 重排的患者 1 例报道

闫怡汝、曲世强、李承文、徐泽锋、蔡文字、秦铁军、张培红、贾玉娇、肖志坚

中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)，实验血液学国家重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室

目的 探讨 1 例以 MDS 为表现的伴隐匿性 TNIP1::PDGFRB 重排的患者临床特点以及治疗情况

方法 采用 RNA-seq 以及 RT-PCR 的方法确认融合基因以及断裂点，并对治疗前后骨髓融合基因转录本进行检测。

结果 该病人临床表现为全血细胞减少 (白细胞: $2.77 \times 10^9/L$, 中性粒细胞 $0.98 \times 10^9/L$, 血红蛋白 77g/L, 血小板 $4 \times 10^9/L$)、骨髓增生明显活跃，原始细胞比例 13.5%，粒细胞、红细胞以及巨核细胞均有明显的发育异常，无骨髓纤维化。染色体核型分析为 t (5;19)(q33; p13.2)，使用 PDGFRB 探针检测无 PDGFRB 重排，使用 RNA-seq 的方法最终检测到 TNIP1::PDGFRB 重排，RT-PCR 确认为 TNIP111 号外显子和 PDGFRB12 号外显子的重排，该重排是因 5 号染色体长臂 32-33 区域一段 916kb 的微小片段缺失造成。我们使用低剂量伊马替尼 (100mg 隔天一次) 和地西他滨进行治疗，该患者实现了完全缓解伴部分血液学恢复和完全细胞遗传学反应 (complete remission with partial hematologic recovery, CCyR)，染色体核型分析均正常，RT-PCR 几乎检测不到 TNIP1::PDGFRB 转录本，但最终死于造血干细胞移植并发症。

结论 传统的染色体核型分析只能检测到较大片段的异常，RNA-seq 的出现能够发现隐匿性携带融合基因的患者，当发现了酪氨酸激酶相关重排的患者能够寻找有效的激酶抑制剂来实现长期缓解。

PO-0357

MDS-SF3B1 亚型 WHO 2022 与 ICC 诊断标准的验证与比较

刘琳琳、秦铁军、徐泽锋、曲士强、潘丽娟、张喻堤、吴君颖、李冰、肖志坚
中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 对第 5 版造血淋巴组织肿瘤 WHO 分型（WHO2022）与髓系肿瘤和急性白血病国际共识分型（ICC）MDS-SF3B1 诊断标准进行验证和比较。

方法 收集自 2016 年 8 月至 2022 年 6 月在中国医学科学院血液病医院初诊的 100 例原始细胞不增多的伴 SF3B1 突变或环状铁粒幼红细胞（RS） $\geq 15\%$ 的骨髓增生异常综合征（MDS）患者的病例资料，按照 WHO2022、ICC 标准分型诊断。

结果 被纳入的 100 例 MDS 患者包括 78 例 SF3B1 突变患者和 22 例无 SF3B1 突变但 RS $\geq 15\%$ 的患者，后者较前者血小板更低、复杂核型更多、IPSS-R 预后分级更高危，有更多 U2AF1 突变和 TP53 突变（ $P < 0.05$ ），生存（OS）期更短（ $P = 0.037$ ）。将 100 例患者按照 WHO2022 诊断分型，80 例患者被诊为 MDS-SF3B1，20 例患者因存在 biTP53 突变、复杂核型、-5q、-7 而被排除，其相较 MDS-SF3B1 患者有显著更短的 OS（ $P = 0.014$ ）。排除高危因素后的 MDS-SF3B1 患者中，65 例 SF3B1 突变患者与 15 例无 SF3B1 突变但 RS $\geq 15\%$ 的患者生存不再有显著差异（ $P = 0.787$ ），但 SF3B1 突变患者更少伴有 U2AF1 突变（ $P = 0.001$ ）、ASXL1 突变（ $P = 0.091$ ）和 TP53 突变（ $P = 0.089$ ）。80 例 WHO2022 MDS-SF3B1 患者按 ICC 标准重新诊断，有 52 例患者仍能被诊为 MDS-SF3B1，15 例无 SF3B1 突变的患者、1 例外周血 1% 原始细胞的患者、8 例 SF3B1 VAF $< 10\%$ 的患者和 4 例伴有 RUNX1 突变的患者被 ICC MDS-SF3B1 标准排除，上述 28 例患者 52 例 MDS-SF3B1 的患者 OS 无显著差异（ $P = 0.432$ ）。因 VAF $< 10\%$ 而被排除的 8 例患者相较 52 例 MDS-SF3B1 患者有更低的中性粒细胞、血小板、环状铁粒幼红细胞（ $P < 0.05$ ）和更低的红系造血比例（ $P = 0.084$ ），VAF $< 10\%$ 组中位 OS 较短，但未达统计学差异（中位 OS 3 个月对未达到， $P = 0.083$ ）。

结论 支持将 biTP53 突变、-5q、-7 及复杂核型等不良预后因素作为 MDS-SF3B1 亚型的排除标准，在此基础上 WHO2022 将 RS $\geq 15\%$ 等同于 SF3B1 突变有其合理性。VAF $< 10\%$ 群体异质性更强，尽管生存未达到统计学差异，仍建议对 SF3B1 VAF 做出区分。

PO-0358

伴 NPM1 基因突变的骨髓增生异常综合征及慢性粒单核细胞白血病患者特征及预后

龚婧晔、李冰、秦铁军、徐泽锋、潘丽娟、曲士强、高清妍、肖志坚
中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 探索伴 NPM1 基因突变的 MDS 及 CMML 患者的特征及预后，验证 WHO（2022）及 ICC（2022）诊断标准关于急性髓系白血病伴 NPM1 基因突变（NPM1-mt AML）的合理性。

方法 回顾性分析本中心 2016 年 8 月至 2022 年 12 月收治的伴 NPM1 突变的初诊 MDS 及 CMML 患者，将 NPM1-wt MDS 患者及 NPM1-mt AML 患者作为对照组。

结果 共有 45 例 NPM1-mt MDS 患者及 14 例 NPM1-mt CMML 患者。与 NPM1-wt MDS 患者相比，NPM1-mt MDS 患者年龄更小，有着更高的原始细胞比例，白细胞计数更高，绝大部分为正常核型，较高危患者比例更高，未见 ASXL1、U2AF1 等 MDS 常见突变，更易见同时伴有 DNMT3A、NRAS、BCOR、WT1、FLT3、CEBPA 突变。在伴有 NPM1 突变的 MDS、CMML 及 AML 三组患者中，MDS 组较 CMML 组年龄为小，MDS 组较 AML 更常伴有 BCOR 突变，AML 组较 MDS 更常

伴有 FLT3-ITD 突变, CMML 组较 MDS 组更常伴有 PTPN11 突变。共可获得 8 例原始细胞<5% 的 MDS 或 CMML 患者自然病程, 均发生进展, 中位进展时间 3.5 个月。大部分原始细胞≥5% 的 MDS 及 CMML 患者接受了去甲基化治疗 (HMA) 为基础的治疗 (分别为 22/33 和 9/10), 分别有 45.5% (15/33) 及 50% (5/10) 的患者发生进展, 两组的 OS 及 PFS 未见差异, 较 AML 组 OS 趋于缩短。依据骨髓原始细胞 10% 及 5% 对 NPM1-mt MDS 患者进行分析, 均未见两组患者在临床特征、基因突变谱及预后存在差异。

结论 伴有 NPM1 突变的 MDS、CMML 及 AML 三组患者存在不同的伴随突变, 这可能导致其表型不同, NPM1-mt MDS 与 NPM1-mt CMML 患者短期内发生进展, 可行以 HMA 为基础的预先治疗, 无需等待。WHO (2022) 诊断标准不限制骨髓原始细胞比例即可诊断 NPM1-mt AML 具有合理性。

PO-0359

地西他滨

卢育洪、刘晶

暨南大学附属第五医院(河源市深河人民医院)

目的 介绍一例肺癌患者化疗+免疫+抗血管治疗后继发 CCUS, 经地西他滨 4 疗程治疗后血象改善, 肺部肿瘤也退缩, 提示去甲基化治疗在实体瘤中的可能有效。

方法 临床病例观察:

患者 (2022.2) 因咳嗽、咳痰、胸闷就诊, CT 检查及穿刺活检病理确诊: 肺腺癌; 基因未检测到靶点突变, TxNxM0, 完成“紫杉醇 240mg (1 次)/培美曲塞 800mg (4 次) d1、卡铂 500mg d1、替雷利珠单抗 200mg d1, q3w”6 周期, 末次加贝伐珠单抗后, 外周血 PLT $3 \times 10^9/L$, WBC $< 1 \times 10^9/L$, 予 TPO、G-CSF 治疗后血象恢复, 2022-9-21 行“胸腔镜下右肺下叶肺癌根治术+胸腔黏连松解术+肋间神经阻滞术”, 病理提示浸润性肺腺癌伴脉管侵犯。2023-01-17 因瘀斑及牙龈出血就诊, 血常规: WBC: 2.26, N: 1.72, HGB: 61, MCV 108、MCHC 正常, 血清铁蛋白 1347 ng/mL, 查骨髓穿刺及活检 MICM: 形态、核型分析、免疫表型基本正常, MDS/MPN38 基因结果 CBL 非同义突变 48.48%, TET2 非同义突变 11.8%, 诊断为意义未明克隆性血细胞减少, 升白、升板、促造血等对症治疗效果不佳, 2023-02-08 予“地西他滨 25mg d1-5”后患者出现 IV 度骨髓抑制伴发热, 体温最高可达 39.8℃, 经过升白、升血小板及抗感染治疗, 病情稳定出院。2023-03-06 患者复查血常规提示: 白细胞(WBC): $5.60 (10^9/L)$ 中性粒细胞(NEUT#): $3.69 (10^9/L)$ 血红蛋白(HGB): 81 (g/L) 血小板(PLT): $33 (10^9/L)$, 之后患者分别于 2023-03-23、05-05、06-03、07-07 予“地西他滨 25mg d1-5”。

结果 血象改善, 肺部占位也稳定甚至缩小, 一般情况及生活质量改善。

结论 去甲基化治疗带给血液系统克隆性疾病患者生存获益, 在实体瘤中的意义仍不明确, 该例患者的治疗效果似乎给去甲基化治疗实体瘤带了一线光明, 其机制还需进一步研究

PO-0360

IL-1 β signaling and Treg subsets correlates with progression of myelodysplastic syndrome: a prospective study

Xiaoying Zhang¹, Chunyan Wang¹, Xingcheng Yang¹, Hu Qian¹, Yicheng Zhang^{1,2}, Jia Wei^{1,2,3}

1. Department of Hematology, Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan, China

2. Immunotherapy Research Center for Hematologic Diseases of Hubei Province, Wuhan, Hubei 430030, China;

3. Department of Hematology, Shanxi Bethune Hospital, Shanxi Academy of Medical Sciences, Tongji Shanxi Hospital, Third Hospital of Shanxi Medical University, Taiyuan, 030032, China;

Objective Dysregulated immune microenvironment has been recognized as a key pathogenic driver of MDS.

Methods A total of 98 patients with newly diagnosed MDS were enrolled in this prospective study and compared the patients of MDS as low-risk group (L-group) and high-risk group (H-group) based on the revised international prognostic scoring system (IPSS-R) score. In order to explore the changes of immune disorders during the occurrence and progression of MDS, and identify critical differentially expressed factors as well as prognostic relevance. What's more, to probe the possible immunological mechanism in the progression of MDS.

Results In the H-group, the plasma levels of IL-9, β -NGF, PDGF-bb, MIP-1 β , GRO- α and TNF- β were significantly lower, and the percentage of bone marrow M-MDSCs was significantly higher. What's more, that the ratio of percentage or absolute count of naïve regulated Treg(nTreg) and induced regulatory Treg(iTreg) decreased significantly which was an independent protective factor for OS. These differentially expressed factors were observed similarly during the clonal expansion of MDS cells and leukemic transformation. Compared with the L-group, the expression level of IL-1 β was significantly higher in the H-group, which was an independent prognostic factor for PFS, and its expression was significantly correlated with the percentage of M-MDSCs. And in the H-group, the mRNA expression of NLRP3, ASC, and Caspase 1 were significantly increased.

Conclusion Our study firstly revealed that the expression of pro-inflammatory cytokines are elevated in low-risk MDS, while the immune disorder of microenvironment and the transformation of nTreg to iTreg may be the key immune mechanisms leading to disease progression. NLRP3/IL-1 β pathway may play an important role in the progression of disease.

PO-0361

聚乙二醇干扰素治疗 60 例骨髓增殖性肿瘤的疗效及安全性评价

马瑀、冷青、宁道华
鞍山市中心医院

目的 骨髓增殖性肿瘤 (MPN) 是一组起源于造血干细胞(HSC)的克隆性血液系统肿瘤, 其发病率逐年升高。新型长效聚乙二醇 α 干扰素 (PEG-IFN α) 是近年来被推荐治疗 ph-MPN 的理想药物。

本研究收集 PEG-IFN- α 治疗 MPN 患者的临床资料, 观察并评估其疗效和安全性。

方法 纳入 2021 年 1 月至 2023 年 2 月期间鞍山市中心医院收治的 60 例 MPN 患者为研究对象, 包括真性红细胞增多症 (PV) 26 例、原发性血小板增多症 (ET) 22 例、原发性骨髓纤维化 (PMF) 8 例、原发性血小板增多症后骨髓纤维化 (PET) 3 例及慢性粒细胞白血病 (CML) 1 例。其中 JAK2 V617F 突变阳性 52 例, JAK 12 exon 突变阳性 1 例, CALR 突变阳性 3 例、三阴 Ph-MPN 3 例及 bcr-abl 阳性 1 例。所有患者采用 PEG-IFN α 180 μ g 皮下注射, 起始 1 周 1 次后, 每 2 周 1 次, 根据血常规调整治疗间歇, 连续治疗 4-12 个月, 评估疗效、MPN10 评分及不良反应。

结果 患者中位年龄 41(38-77)岁, 其中 11 例(18.3%)存在血栓病史。91.6%(55/60)患者达到血液学缓解(HR), 其中 58.3%(35/60)患者完全血液学缓解(CHR), 中位 JAK2 V617F 基因突变负荷从初始时的 50.8%下降至 29.7%, 中位 MPN10 评分从初始时 26 分下降至 10 分。不良反应主要为 1-2 级流感样症状(15%)和注射局部红肿(13.3%), 均未影响治疗。

结论 本研究表明 PEG-IFN α 治疗 ph-MPN 疗效确切, 可显著改善患者临床体质性症状及其生活质量, 且能够降低 ph-MPN 患者基因突变负荷。PEG-IFN α 不良反应轻, 给药间隔时间延长使患者对治疗依从性高, 是 MPN 治疗的新选择。

PO-0362

多发性骨髓瘤伴红细胞增多症患者一例并文献复习

范澄璐

常熟市第一人民医院

目的 原发性 PV 伴 MM 极为罕见, 目前国内未见报导。有资料表明银屑病患者恶性肿瘤的发病率远较一般人群为高。针对我们收治的一例 MM 合并 PV 且有银屑病病史的患者的诊疗进行分析, 为临床治疗提供参考。

方法 患者男性, 57 岁, 有银屑病病史 30 年, 未予正规治疗。2010 年左右体检发现脾脏肿大, 血红蛋白量升高 ($>165\text{g/L}$), 骨髓 JAK2 V617F 突变阳性, 诊断红细胞增多症。曾予干扰素皮下注射治疗 2 月, 后间断口服羟基脲联合静脉放血治疗, 因 HCT 下降暂停放血。2020 年初复查骨髓提示骨髓纤维化(网织染色++-+++)。2021 年 2 月双肩疼痛, 肌力下降, 4 月症状加重, 不能握住筷子。2021-5-10 至苏大附一院骨科住院治疗, 2021-05-21 于超声引导下 C3-5 椎体旁肿物穿刺活检术, 术后病理: (C3-5 椎体旁)浆细胞增生性病损, 结合病史和免疫组化结果, 符合浆细胞瘤(浆细胞比例约 90%)。转血液科, 查免疫固定电泳: 发现 IgA- λ 型 M 蛋白; 血清蛋白电泳: M 蛋白占 0.8% (定量: 0.4344g/L); 血清游离轻链 $\kappa 8.58\text{mg/L}$, $\lambda 216\text{mg/L}$ $\kappa/\lambda 0.03$ 。骨髓形态: 骨髓增生活跃, 浆细胞少见, 有核细胞增生活跃, 粒/红比例高, 成熟红细胞重叠分布, 血小板明显增多。骨髓 MM 免疫分型: 分析 2.1×10^{-3} 的浆细胞群体, 为单克隆浆细胞。

结果 2021-6-6、7-13、8-16、9-23 日分别给予 4 个疗程 VRD 方案化疗, 同时予羟基脲 0.5g bid , 卢可替尼 5mg bid 口服。患者全身皮疹逐渐好转。血液学疗效评估: 2021-07-13 (C1) 评估为 CR, 2021-10-23 (C4) 评估为 sCR。4 疗程后查体: 肝脏肋下未及, 脾大, I/II/III 20/24/4cm。

结论 PV 和意义未明的单克隆免疫球蛋白血症(MGUS)的发生没有明确相关性。MPN 和 MM 之间存在潜在的共同遗传背景。本例患者在确诊 MM 之前有 10 年的 PV 病史, 期间服用羟基脲, 并间断放血治疗。目前羟基脲相关性的第二肿瘤不能排除。allo-ASCT 在 MPN/MGUS 中有治疗先例, 在适合移植的患者中不失为一种选择。JAK 抑制剂在改善 MPN 体质性症状的同时, 也许有一定的抗骨髓瘤作用。银屑病与骨髓瘤有着共同的免疫缺陷基础, 同样可能导致 MM 发病率的升高。

PO-0363

Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤临床护理实践指南的整合

张倩倩、解文君、刘亚婷、赵金影、李俊杰

中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 整合现有骨髓增殖性肿瘤(MPN)临床护理实践相关指南, 形成高质量本土化证据资源, 为临床知识转化提供依据, 以期使临床实践者护理患者时有规可行、有据可依。

方法 在国际实践指南注册与透明化平台进行指南整合注册，以 ADAPTE 指南整合方法为指导，根据“6S 证据金字塔”模型对证据进行自上而下的检索及筛选，对纳入的指南进行质量评价和内容分析，提取、梳理、整合 MPN 临床护理实践的推荐意见。检索时限为 2011 年 9 月—2022 年 9 月。

结果 最终纳入 6 篇循证类指南、6 篇专家共识类指南和 4 篇临床决策，共提取出 40 条推荐意见，整合为入院评估、症状管理、危险因素管理、用药管理、治疗目标管理和随访管理 6 个 I 级主题和 19 个 II 级主题。

结论 纳入的指南整体质量较高，推荐意见丰富、具体且高度一致，可为后期证据转化提供资源准备。但部分内容仍需补充拓展，建议该领域学者结合临床需求，制订更加全面、具体的临床护理实践指南。

PO-0364

伴 RUNX1-RUNX1T1 融合基因阳性肥大细胞白血病 1 例并文献复习

刘渊博、朱尊民

河南省人民医院血液病研究所 郑州大学人民医院

目的 分析 1 例肥大细胞白血病患者的临床、病理学、遗传学及分子生物学特征，提高对该疾病的认识。

方法 回顾性分析河南省人民医院收治的 1 例肥大细胞白血病患者临床资料，该患者行血液学、骨髓形态学、骨髓组织病理学、流式细胞学、遗传学及分子生物学等检查。并结合国内外相关报道进行预后生存分析。

结果 该患者为男性，年龄 16 岁，主要临床表现能双下肢疼痛，血常规提示白细胞明显升高、贫血及血小板明显减低，超声提示脾大。初诊时骨髓细胞形态学原始粒细胞占 30.4%，肥大细胞占 1.6%。流式细胞学提示 CD34、HLA-DR、CD33 阳性异常髓系幼稚细胞占有核细胞的 13.46%，CD117、CD25 阳性异常肥大细胞占 3.32%，1 周期化疗后，复查骨髓细胞形态学提示肥大细胞占 42.8%、原始粒细胞占 6.4%，流式细胞学提示异常肥大细胞占有核细胞的 14.52%、异常髓系幼稚细胞占有核细胞的 6.91%。患者骨髓组织病理学可见大量不典型肥大细胞浸润，骨髓组织免疫组化表现为 CD117、类胰蛋白酶、CD25、CD30、MPO 阳性。融合基因筛查结果为 RUNX1-RUNX1T1、WT1 阳性，二代基因测序结果为 KIT D816H、TET2 G1172fs、EZH2 S21fs、SH2B3 R398C、SAMD9 N720fs、TTN T11933N、SAMD9 R106C。荧光原位杂交证实骨髓肥大细胞及原始粒细胞存在 t(8, 21)(q22; q22)，RUNX1-RUNX1T1 融合基因阳性，两者可能起源于相同的早期造血细胞。诊断为“肥大细胞白血病并急性髓系白血病”，后患者行阿伐替尼联合化疗治疗 3 周期，异常肥大细胞呈下降趋势但未达到完全缓解。随访 5 月后，患者复查骨髓细胞学、骨髓组织病理学、流式细胞学及分子生物学，提示疾病进展。

结论 肥大细胞白血病是系统性肥大细胞增生症的一种少见亚型，恶性程度高，对治疗反应不持久，预后很差，其诊断及治疗应得到足够重视。

PO-0365

地西他滨联合造血干细胞移植治疗幼年粒单核细胞白血病 109 例结果

彭智勇¹、高靖瑜²、冯晓勤²、宗颢¹、吕博¹、岳莉¹、汤浩然¹、师文欠¹、岳丹¹

1. 东莞台心医院

2. 南方医科大学南方医院

目的 评估地西他滨及造血干细胞移植治疗幼年粒单核细胞白血病（JMML）疗效。

方法 回顾性分析 2016 年 1 月至 2021 年 12 月期间在南方两大移植中心接受 HSCT 的 109 例 JMML 患者。移植前采用标准剂量地西他滨（DAC）联合/不联合化疗，移植后采用低剂量 DAC（10mg/m².d）作为维持治疗。移植前治疗分为初始治疗和桥接治疗两个连续的阶段，初始治疗分为地西他滨（DAC）单药组和 DAC 联合化疗组；桥接治疗为 DAC 联合减低强度的 FLAG 化疗。主要根据供受者 HLA+KIR 配型以及患儿病情选择三种不同的 HSCT 方案：互补移植也即单倍体序贯无关脐带血(CT)、单倍体淋巴细胞输注+无关脐带血移植(LCT)、相合的无关供者移植(MDT)，预处理以 Cy+Flu+4BU/（3BU+TT）为基础，移植后小剂量 DAC 作为维持治疗，采用临床指标反应作为简易的疗效评估模型，并以基因突变的 VAF 值作为 MRD 监测。

结果 初始治疗后 109 例患者中有 91 例(83.5%)达到临床缓解，血小板反应率达到 60%，DAC 组(45 例)与 C-DAC 组(64 例)无统计学差异($p=0.870$)。106 例接受桥接治疗后临床疗效较初始治疗进一步改善($p=0.015$)，72.1%（31/43 例）突变频率下降超过 30%。HSCT 移植后中位随访 41（13~76）个月，OS 为 92.2%±2.8%，LFS 为 88.4%±3.6%，TRM 为 3.7%，复发率 8%，原发植入失败 2 例（1 例为未行桥接治疗，另一例为 LCT 组），II-IV 度 aGVHD 为 37.6%，III-IV 度 GVHD 11.2%，cGVHD 31.4% 以局限轻度为主。移植后 DAC 仅少部分患儿出现短暂骨髓抑制，无明显肝肾等副作用。三种移植方案跟预后均无显著差异

结论 DAC 单药作为初始治疗是有效的，DAC 联合 FLAG 作为桥接治疗进一步改善了临床疗效和基因水平，尤其是血小板反应；移植后 DAC 是安全的；JMML 整体疗效改善与移植方式无关，很可能是移植前后 DAC、移植前 FLAG 化疗和 HSCT 联合治疗的策略。

PO-0366

JAK2 Exon12 突变的真性红细胞增多症一例

陈钦、于莹、陈诗丽、李嘉燕、何秋蓉、廖丹、彭韵莹

广州华银医学检验中心有限公司

目的 探讨 JAK2 Exon12 突变的真性红细胞增多症（PV）的 MICM 检测结果分析及鉴别诊断。

方法 对 1 例 JAK2 Exon12 突变的真性红细胞增多症的临床资料、骨髓涂片、骨髓活检、流式免疫分型、染色体核型、基因检测等结果进行分析。

结果 男性，73 岁，脾肿大，WBC: 11.54*10⁹/L，Gran: 76.70%，Lym: 12.70%，Mono: 4.9%，Hb: 180g/L；PLT: 327*10⁹/L。骨髓涂片见骨髓增生尚活跃，粒/红比例减低，粒系以中性分叶核粒细胞为主，未见巨核细胞，淋巴细胞比例增高，血小板不少，未见原始细胞增多及明显病态造血，疑混入部分外周血。骨髓活检见骨髓增生极度活跃（造血面积约 95%），粒红比约为 2:1，粒系以偏成熟阶段细胞为主；红系增生，以中晚幼红细胞为主；巨核细胞数量增多（5-10 个/HPF），形成疏松的集簇或贴近骨小梁，有显著的多形性，不同大小的细胞混合存在，大部分胞核呈正常的折叠或深分叶状。流式免疫表型未见原始细胞增多，见淋系比例增高，粒系比例减低，以成熟粒细胞为主。骨髓染色体核型分析结果为 46,XY，白血病 56 种融合基因阴性，MDS/MPN 相关基因突变筛查检出 JAK2 exon12 c.1624_1629del 缺失突变，突变比例 17.24%。综合以上信息诊断为真性红细胞增多症（PV）。

结论 JAK2 V617F 在 PV 中的检出率为 95%，部分 JAK2 V617F 阴性的 PV 患者可检出 JAK2 基因第 12 外显子突变。根据 WHO（2017）真性红细胞增多症诊断标准，满足 3 个主要标准（Hb>165g/L、骨髓活检三系增生、JAK2 exon12 突变），故诊断为 PV。

PO-0367

基于 PROMIS 框架的骨髓增殖性肿瘤患者 口服药物治疗期间健康困扰的质性研究

刘亚婷、赵金影、张倩倩、解文君、李俊杰
中国医学科学院血液病医院(血液学研究所)

目的 患者报告结局（Patient-reported Outcomes, PROs）是指不经医生或其他人解释，直接来自患者本人的健康相关信息。而患者报告结局测量信息系统（Patient-reported Outcomes Measurement Information System, PROMIS）以 WHO 健康框架为基础，包括生理、心理和社会健康三大方面，是目前国际上最先进的系统性、标准化的 PROs 测量工具。由于 PROs 工具种类较多，选择合适的研究工具对于临床应用和研究具有极大挑战。因此，本研究旨在以 PROMIS 为理论框架，探究骨髓增殖性肿瘤（myeloproliferative neoplasms, MPN）患者院外接受口服药物治疗期间的健康困扰，为医护人员完善 MPN 特异性患者报告结局测量工具提供依据。

方法 本研究采用描述性质性研究，按照 PROMIS 理论框架下的生理健康、心理健康和社会健康设计访谈提纲。采用目的抽样法，选取 26 名门诊随访的 MPN 患者进行一对一的半结构访谈。使用内容分析法对访谈材料进行整理和分析。

结果 本研究纳入 26 名研究对象，其中 PV10 名，ET 7 名，PMF 9 名；男 14 名，女 12 名；年龄（52.27±10.99）岁；确诊中位年限为 4 年。健康困扰的 3 大类目包括生理健康、心理健康和社会健康，基于此三大类目析出 5 个亚类目和 13 个主题。生理健康包括症状负担、药物副作用；心理健康包括心理困扰；社会健康包括社会支持和角色功能。在 13 个主题中，“疲乏”、“全身负担重”、“疾病不确定感”、“感恩家人和朋友的支持”以及“家庭角色受限”分别是各亚类目中提及频次最多的主题。

结论 MPN 患者的健康困扰既存在相同点，也存在差异性。由于疾病症状负担较为突出，MPN 患者产生了程度各异的患病体验和疾病管理需求。MPN 患者在接受治疗的过程中逐渐面临终身带病、多病共存甚至疾病进展的生活状态，对自身的生理、心理及社会健康均带来严峻挑战。同时，患者作为医疗服务的使用者，在院外接受口服药物治疗期间，对解决这些需求的最佳方式有着独特的视角和见解。医护人员需聚焦于 MPN 特异性患者报告结局工具的融合和研发，以及加强对老年 MPN 患者多病共存下的精准评估，从而帮助患者平衡治疗与生活的共处模式，打造对患者友好的慢病管理环境，提高患者身心舒适度。

PO-0368

地西他滨联合全反式维甲酸预防伴 TLS-ERG 阳性的儿童 原发性髓系肉瘤移植后复发 1 例

王庆伟、高莉、张森林、胡映歆、刘虎、肖佩芳、卢俊、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 探讨地西他滨联合全反式维甲酸对伴 TLS-ERG 融合基因阳性的儿童原发性髓系肉瘤行异基因造血干细胞移植后的有效性。

方法 分析 1 例伴 TLS-ERG 融合基因阳性的原发性髓系肉瘤患儿，在行异基因造血干细胞移植后给予地西他滨联合全反式维甲酸的预防性治疗的临床转归，并复习相关文献。

结果 患儿在造血干细胞移植后第 11 个月发生了中枢神经系统白血病及骨髓的分子生物学复发。立即予包括阿扎胞苷+供体淋巴细胞输注+ 维奈托克+鞘内注射的挽救性治疗。在达到 6 个月的缓解状态后，患儿再次出现中枢神经系统白血病及骨髓的分子生物学复发。

结论 伴 TLS-ERG 融合基因阳性的髓系肉瘤预后极差，含地西他滨及全反式维甲酸在移植后的维持治疗的有效性需要进一步探讨，亟需一种新的治疗方法帮助此类患儿。

PO-0369

奥密克戎时代骨髓增殖性肿瘤患者罹患新型冠状病毒肺炎严重程度的影响因素分析

齐飞扬、宝梅、高汉林、江倩
北京大学人民医院

目的 探究奥密克戎变异株大流行期间骨髓增殖性肿瘤（MPN）患者罹患新型冠状病毒肺炎（COVID-19）严重程度的影响因素。

方法 于 2022 年 12 月 15 日至 2023 年 3 月 15 日奥密克戎变异株大流行期间通过在线问卷调查收集 239 例在北京大学人民医院就诊的 MPN 患者的数据，通过多因素分析探究 COVID-19 的患病率及疾病严重程度的影响因素。

结果 239 例 MPN 患者包括原发性血小板增多症（ET）90 例（37.7%）、真性红细胞增多症（PV）50 例（20.9%）、原发性骨髓纤维化（PMF）87 例（36.4%）、ET 后骨髓纤维化（post -ET MF）7 例（7.1%）和 PV 后骨髓纤维化（post -PV MF）5 例（5.1%）。在此次疫情期间，239 例（100%）患者均罹患 COVID-19，其中轻型 226 例（94.6%）、普通型 4 例（1.7%）、重型 7 例（2.9%）、危重型 2 例（0.8%）。多因素 logistic 回归分析显示，年龄增加（OR=2.361，95%CI 1.241~4.491；P = 0.009）、MPN 分型为 MF（OR=10.217，95%CI 1.125~92.795；P = 0.039）、伴合并症（OR=5.253，95%CI 1.253~22.027；P = 0.023）是 MPN 患者发生普通型、重型或危重型 COVID-19 的危险因素。在 MF 患者中，MF 风险分层≥中危-2（OR=8.372，95%CI 0.746~94.016；P = 0.078）的患者疾病严重性更高。

结论 奥密克戎变异株大流行期间，年龄较大、患 MF 或伴合并症是 MPN 患者发生非轻型 COVID-19 的危险因素。MF 患者中，风险分层≥中危-2 的患者罹患 COVID-19 的严重性显著增加。

PO-0370

骨髓增生异常综合征/骨髓增殖性肿瘤伴 SF3B1 突变和血小板增多患者的临床特征和预后研究

李富慧、秦铁军、李冰、曲士强、潘丽娟、焦蒙、高清妍、肖志坚、徐泽锋
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨骨髓增生异常综合征/骨髓增殖性肿瘤伴 SF3B1 突变和血小板增多（MDS/MPN-SF3B1-T）患者的临床特征和预后。

方法 收集 2006 年 6 月至 2022 年 12 月到我院就诊的 177 例 MDS/MPN-SF3B1-T 患者临床资料，回顾性分析这些患者的临床资料，应用 Kaplan-Meier、Log-rank 和 Cox 回归模型进行相关预后因素分析并建立预后积分系统。

结果 177例符合2022年WHO诊断分型标准的MDS/MPN-SF3B1-T患者纳入研究,就诊时主要临床资料[中位数(范围)]:年龄65(16-84)岁,血小板计数(PLT)549(450~1894)×10⁹/L,骨髓环状铁粒幼红细胞(RS)比例38(0~94)%。共有121例患者具有二代测序的相关数据,常见的基因突变包括SF3B1(93.4%)、JAK2(29.4%)、TET2(19.0%)、DNMT3A(12.4%)、ASXL1(11.6%)、MPL(5.8%)、TP53(5.8%)、SETBP1(5.0%),34.7%的患者SF3B1突变和JAK2和/或MPL突变均阳性。经单因素和多因素分析,年龄≥65岁(HR 2.534, P=0.012, 积1分)、Hb<75g/L(HR 2.242, P=0.017, 积1分)、复杂核型(HR 4.638, P=0.047, 积1.5分)、PLT≥800×10⁹/L(HR 2.306, P=0.027, 积1分)、RS<15%(HR 3.920, P=0.002, 积1.5分)、SETBP1突变阳性(HR 6.538, P=0.017, 积2分)和SRSF2突变阳性(HR 5.605, P=0.011, 积2分)是MDS/MPN-SF3B1-T患者生存的独立不良预后因素,将上述变量纳入MDS/MPN-SF3B1-T的预后积分系统,并且将患者分为低危(0分)、中危(1~3分)、高危(≥3.5分)三组,三组患者的生存期存在显著差异(低危比中危比高危=96个月比69个月比26个月,任意2组均有P<0.05)。

结论 本研究中年龄≥65岁、Hb<75g/L、PLT≥800×10⁹/L、复杂核型、RS%<15%、SETBP1突变阳性和SRSF2突变阳性是MDS/MPN-SF3B1-T患者生存的独立不良预后因素,上述变量联合对MDS/MPN-SF3B1-T的生存具有较好的预测作用。

PO-0371

MDS/MPN 伴中性粒细胞增多一例并文献复习

李晶

山西医科大学第二医院(山西红十字医院)

目的 提高临床对骨髓增生异常综合征/骨髓增殖性肿瘤(Myelodysplastic syndrome/Myeloproliferative neoplasms, MDS/MPN)伴中性粒细胞增多的认识。

方法 回顾1例不典型慢性髓系白血病(atypical chronic myeloid leukemia, aCML)即MDS/MPN伴中性粒细胞增多患者的临床资料并查阅复习国内外相关文献。

结果 该患者表现为血常规白细胞增高、血小板减少,费城染色体(Ph染色体)及BCR/ABL融合基因均阴性,具有骨髓粒系增殖特征。二代基因测序提示SETBP1(+), ASXL1(+), SRSF2(+), CBL(+), ETNK1(+), PDGFRA(+), NOTCH1(+)

结论 MDS/MPN伴中性粒细胞增多是ph染色体及BCR/ABL均阴性的MDS/MPN的一种罕见亚型,其诊断除了基于形态学特征,基因二代测序可以辅助诊断。该病治疗目前没有统一的标准,针对MDS或MPN治疗策略可以应用,但预后差。

PO-0372

奥雷巴替尼对伴FGFR1重排的治疗效果探讨

闫怡汝、曲世强、刘晋琴、李承文、徐泽锋、秦铁军、贾玉娇、李冰、肖志坚

中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所),实验血液学国家重点实验室,国家血液系统疾病临床医学研究中心,细胞生态海河实验室

目的 探讨奥雷巴替尼对伴FGFR1重排的治疗效果以及对伴CNTRL::FGFR1融合基因的BaF3细胞系的杀伤作用。

方法 采用荧光原位杂交(FISH)和QRT-PCR的方法对CNTRL::FGFR1融合基因进行定量分析;体外实验采用CCK-8、流式细胞术检测细胞周期和细胞凋亡,蛋白质免疫印迹(Western Blot, WB)

对奥雷巴替尼抑制的信号通路进行分析。通过半数致死量（IC₅₀）评价伴融合基因的 BaF3 对奥雷巴替尼的敏感性。

结果 伴 CNTRL::FGFR1 重排的患者应用奥雷巴替尼（40mg 口服隔日一次）治疗后肝脾肿大迅速减轻，外周血白细胞水平迅速降低。外周血原始细胞比例由 10%降至 2%，骨髓原始细胞比例由 18%降至 6%。FISH 检测骨髓 FGFR1 阳性率由 92%降至 22%。QRT-PCR 检测骨髓 CNTRL::FGFR1 转录本降低，治疗过程中无明显副作用。实现了部分缓解(partial remission, PR)和主要细胞遗传学反应(major cytogenetic response, MCyR)。复发时获得了新的染色体异常和 FGFR1 K656E、V561M 新突变。体外实验发现相较于伊马替尼、达沙替尼、帕纳替尼和培米替尼，奥雷巴替尼对伴 CNTRL::FGFR1、CNTRL::FGFR1 K656E、CNTRL::FGFR1 V561M 的 BaF3 细胞系具有显著的杀伤作用（IC₅₀: 1.62-11.86nM），同时诱导细胞凋亡和细胞周期阻滞在 G₀/G₁ 期。奥雷巴替尼能够剂量依赖性的抑制伴融合基因的 BaF3 细胞系的磷酸化的 FGFR1、STAT3 以及 STAT5，抑制相关信号通路的激活。

结论 奥雷巴替尼是一种潜在的 FGFR1 抑制剂，能够明显抑制 CNTRL::FGFR1、CNTRL::FGFR1 K656E、CNTRL::FGFR1 V561M。对伴有 FGFR1 重排的患者可考虑早期应用奥雷巴替尼治疗后再进行异基因造血干细胞移植以延长患者生存。

PO-0373

儿童慢性粒细胞白血病慢性期的临床分析及 ELTS 评分预测价值的初步探讨

郑方圆、江倩、张乐萍、陆爱东
北京大学人民医院

目的 评估伊马替尼治疗的疗效和安全性，并初步探讨 ELTS 风险分层对治疗反应和生存结局的预测作用。

方法 回顾性分析我院 2005 年 1 月至 2022 年 7 月应用伊马替尼一线治疗的 192 例 CML-CP 患儿病历资料，分析其临床特征、治疗反应、生存结局，及 ELTS 评分对治疗反应和生存结局的预测作用。

结果 (1) 192 例应用伊马替尼一线治疗的 CML-CP 患儿中，男女比例 1.3:1，初诊中位年龄为 11.0 岁，自伊马替尼应用至随访中位时间 51 月。(2) 伊马替尼治疗 3 个月完全血液学反应（CHR）获得率 91.4%，1 年完全细胞遗传学反应（CCyR）、主要分子学反应（MMR）、分子学反应 4.0（MR4.0）、分子学反应 4.5（MR4.5）累积获得率分别为 87.8%、41.9%、17.1%、10.9%。ELTS 评分为影响 MMR、MR4.0、MR4.5 累积获得率的独立影响因素，但对 CCyR 累积获得率无影响。(3) CML-CP 患儿 5 年无事件生存（EFS）、无进展生存（PFS）、无失败生存（FFS）、总生存（OS）、考虑竞争事件的 OS 分别为 76.8%、86.8%、69.8%、95.5%、97.2%，ELTS 评分为影响 FFS、PFS、EFS 的独立影响因素，但对 OS、考虑竞争事件的 OS 无影响。(4) 伊马替尼治疗 CML-CP 患儿的血液学不良反应发生率 52.6%，其中 3~4 级为 13.5%，非血液学不良反应发生率为 66.1%，其中 3~4 级为 1.6%，最常见为胃肠道毒性，经对症处理或调整用药后均恢复。持续应用伊马替尼、未达成年终身高的 83 例 CML-CP 患儿，75.9% 出现身高增长减慢。

结论 (1) 伊马替尼一线治疗儿童 CML-CP 能获得良好治疗反应和总体生存，安全性高，短期内不良反应少，但长期可能会引起身高增长障碍。(2) 初诊时 ELTS 评分可有助于儿童 CML-CP 的疾病风险分层，低危组较中高危组更能获得分子学缓解和良好预后，但对长期总生存结局预测作用不大。

PO-0374

酪氨酸激酶抑制剂治疗的儿童慢性粒细胞白血病急变期的临床研究

郑方圆、江倩、张乐萍、陆爱东、左英熹、丁明明、贾月萍、程翼飞
北京大学人民医院

目的 探讨儿童 CML-BP 的临床特征并分析预后影响因素。

方法 回顾性分析我院 2008 年 1 月至 2022 年 11 月应用 TKI 治疗的 28 例 CML-BP 患儿病历资料，分析其临床特征、治疗情况、生存结局及其影响因素。

结果 (1) 28 例 CML-BP 患儿中，男女比例 1.15: 1，急变时中位年龄 10 岁，急变后中位随访时间为 79 月；诊断时即为 CML-BP 共 4 例，诊断时为加速期 (CML-AP) 共 1 例，诊断时为 CML-CP 共 23 例，后者中由 CML-CP 未经 CML-AP 直接进展为 CML-BP 占 75%；急变类型中急淋变占 71.4%、急髓变占 21.4%、混合细胞白血病急性变占 3.6%、嗜碱性粒细胞急性变占 3.6%。急变后行 TKI 联合化疗再进行 HSCT 治疗 19 例、单纯 TKI 联合 HSCT 治疗 2 例、TKI 联合化疗 7 例。(2) 28 例 CML-BP 患儿的 5 年 EFS、OS 分别为 40.5%、59.3%，TKI 联合诱导化疗后骨髓缓解情况以及是否行造血干细胞移植 (HSCT) 治疗，是影响预后的独立因素。(3) 在行 HSCT 治疗的 21 例 CML-BP 患儿，HSCT 前 BCR-ABL1IS 基因水平低者，HSCT 后基因越有持续阴性的倾向 (P=0.055)。

结论 (1) 儿童 CML-BP 由 CML-CP 直接进展而来的比例比成人大，总体预后差。(2) 在 TKI 联合诱导化疗之后达 CR 者以及行 HSCT 治疗者可提高生存率。(3) HSCT 前 BCR-ABL1IS 基因水平较低者，HSCT 后基因水平越有持续阴性的倾向。

PO-0375

The upregulation of the FBLN1 and HS3ST4 genes may represent a potential mechanism driving the fibrotic progression in primary myelofibrosis and leading to adverse prognosis.

Jian Huang, Qiutian Feng, Shiwei Hu, Xinlu Zhang, Danhong Xiang, Lingrong Tu
the Fourth Affiliated Hospital, College of Medicine, Zhejiang University

Objective Myelofibrosis is a group of diseases characterized by increased proliferation of bone marrow fibrous connective tissue and a decrease in hematopoietic cells, leading to impaired bone marrow hematopoietic function. Myelofibrosis includes primary myelofibrosis (PMF), myelofibrosis secondary to polycythemia vera (post-PV MF), and myelofibrosis secondary to essential thrombocythemia (post-ET MF). Studies suggest that certain genes may be responsible for driving the development of myelofibrosis and causing adverse prognosis.

Methods By conducting RNA-Seq analysis, we investigated the differentially expressed genes and their impact on prognosis in primary myelofibrosis and secondary myelofibrosis. Furthermore, we analyzed the potential mechanisms driving the progression of fibrosis. Additionally, we performed a comparative analysis of the clinical features among various types of myelofibrosis.

Results In this study, we performed transcriptome sequencing to analyze gene expression differences in 14 overt-PMF samples, 5 post-ET MF samples, and 3 post-PV MF samples. Functional and pathway analyses were conducted on these differentially expressed genes, and cluster heatmaps were used to visualize their expression patterns. Simultaneously, we

performed a comparative analysis of clinical characteristics among 370 overt-PMF patients, 96 post-ET MF patients, and 52 post-PV MF patients. The study revealed that compared to post-PV MF, overt-PMF showed 81 upregulated and 2 downregulated differentially expressed genes, while compared to post-ET MF, overt-PMF displayed 19 upregulated and 3 downregulated differentially expressed genes (Figure a) (Figure b). Based on the similarity of gene expression profiles among the samples, a clustering analysis was performed (Figure c). The results demonstrated that in overt-PMF, the FBLN1 gene was significantly upregulated compared to post-PV MF and was enriched in pathways related to extracellular matrix formation and cell adhesion among the differentially expressed genes (Figure d). Additionally, the HS3ST4 gene was significantly upregulated in overt-PMF compared to post-ET MF and was enriched in pathways related to interleukin-8 generation and regulation of cytokine production involved in inflammatory responses. In the analysis of clinical characteristics among different types of myelofibrosis patients, it was observed that overt-PMF was more prone to transform into acute leukemia compared to post-PV MF, had a higher tendency to develop transfusion dependency (Figure e), and exhibited lower hemoglobin levels and hematocrit at the time of diagnosis (Figure f). Moreover, compared to post-ET MF, overt-PMF had a higher likelihood of transforming into acute leukemia and lower platelet counts at the time of diagnosis.

Conclusion The research findings indicate that the expressions of FBLN1 and HS3ST4 genes are significantly upregulated in overt-PMF, and patients with overt-PMF have a worse prognosis compared to those with post-PV MF and post-ET MF. Previous studies have shown that FBLN1 is involved in extracellular matrix assembly, promoting the formation and stabilization of collagen fibers. It can also interact with integrin receptors and other cell adhesion molecules, participating in cell-extracellular matrix signaling processes. On the other hand, HS3ST4 is involved in processes such as cell adhesion, cell migration, and cell signaling. Based on these findings, it is speculated that the upregulation of FBLN1 and HS3ST4 gene expressions may potentially drive the progression of fibrosis and lead to an adverse prognosis in patients with myelofibrosis.

Acknowledgement: This research was funded by the Key R&D Program of Zhejiang, No. 2022C03137; Public Technology Application Research Program of Zhejiang, China, No. LGF21H080003; Zhejiang Medical Association Clinical Medical Research special fund project, No. 2022ZYC-D09.

Correspondence to: Dr Jian Huang, Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine. No. 79 Qingchun Road. Hangzhou, Zhejiang, PR China. househuang@zju.edu.cn

PO-0376

Clinical and genetic features by next-generation sequencing and RNA sequencing in Pre-fibrotic Primary Myelofibrosis Patients

Jian Huang, Shiwei Hu, Xiudi Yang, Jingjing Zhu
The First Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine

Objective The 2016 WHO classification recognized pre-fibrotic primary myelofibrosis (pre-PMF) as a distinct entity. However, little is known about the clinical characteristics, prognosis and genetic features of pre-PMF patients with JAK2V617F mutations, CALR exon 9 mutations, MPL and triple-negative (TN) mutations. Such knowledge is essential to depict the landscape of pre-PMF and develop mechanism-based approaches to slow the progression of pre-PMF.

Methods Here, we conducted a retrospective study of 234 pre-PMF patients defined by 2016 WHO diagnostic criteria in 13 hematooncology centers between 01 January 2015 and 31 July 2023 (ChiCTR2200061208). We evaluated clinical characteristics, risk factors and genetic features of progression to overt-PMF in pre-PMF patients.

Results Among 234 pre-PMF patients, 135 (57.7%) harbored JAK2V617F, 36 (15.4%) CALR and 3 (1.3%) MPL mutations; 60 (25.6%) patients were negative for all three mutations. JAK2V617F-mutated patients were older ($P=0.036$), had more constitutional symptoms ($P=0.027$) and cardiovascular risk factors ($P=0.045$), higher white blood cell count (WBC) ($P<0.001$), hemoglobin level (HB) ($P<0.001$), neutrophil granulocyte (NEU) ($P<0.001$), eosinophilic granulocyte (EOS) ($P<0.001$), basophilic granulocyte (BAS) ($P<0.001$), hematocrit (HCT) ($P=0.002$) and red blood cell distribution width (RDW) ($P<0.001$) (Figure A). CALR-mutated cases had higher platelet hematocrit (PCT) ($P=0.043$) and lactic dehydrogenase (LDH) ($P=0.008$). Besides, CALR group had a higher proportion of 25.0% to progress to overt-PMF than JAK2V617F group (9.6%) and TN group (6.7%) ($P=0.025$) (Figure A).

As for risk factors of progression to overt-PMF, univariable analysis found it was associated with mean platelet volume (MPV) ($P=0.019$), HB ($P=0.027$), WBC ($P=0.008$), LDH ($P=0.004$) and CALR mutations ($P=0.007$). Multivariable analysis revealed that lower HB value ($P=0.041$; HR 0.981, 95% CI 0.962-0.999) and CALR mutation ($P=0.001$; HR 3.716, 95% CI 1.331-10.069) had negative impact on the progression to overt-PMF (Figure B). When divided by HB with cut-off point of 128 g/L, patients with HB value ≤ 128 g/L were more likely to progress to overt-PMF compared to >128 g/L groups ($P=0.007$) (Figure C). And patients carried CALR mutation were also more likely to progress to overt-PMF ($P<0.001$) (Figure D).

To assess the prognostic factors in genetic features, we performed next-generation sequencing (NGS) in 18 pre-PMF patients, including 9 JAK2V617F, 3 CALR and 6 TN, 3 of which progressed to overt-PMF and 15 stayed in pre-PMF until the end of the follow-up. 38 genes and 68 mutations were detected. JAK2V617F was the most frequently mutated gene (9/38, 23.7%), followed by TET2 (7/38, 18.4%), RELN (4/38, 10.5%) and ASXL1 (3/38, 7.9%). JAK2V617F-mutated patients possessed more mutations related to activation signaling pathway ($P=0.025$) and DNA methylation ($P=0.033$) (Figure F). TN patients possessed more mutations related to transcription factor ($P=0.048$) (Figure F). Patients who progressed to overt-PMF possessed more mutations associated with myeloid related transcription factor ($P=0.025$) (Figure H). We further performed RNA-Seq analysis in 6 pre-PMF samples and 14 overt-PMF samples. Compared to pre-PMF, overt-PMF showed 49 up-regulated and 13 down-regulated differentially expressed genes (DEGs), of which CSCF3 and CXCL13 were significantly up-regulated (Figure I,J). Gene ontology (GO) functional enrichment analysis showed that DEGs were enriched in cell-cell signaling, cytokine activity, monocyte chemotaxis and chemokine activity (Figure K). KEGG biofunctional analysis showed that DEGs were significantly enriched in cytokine-cytokine receptor interaction, chemokine signaling pathway, IL-17 signaling pathway and NF-kappa B signaling pathway (Figure L).

Conclusion In conclusion, CALR-mutated pre-PMF patients with HB value ≤ 128 g/L were more likely to progress to overt-PMF. Genetic analysis found patients with high proportion of progress to overt-PMF tended to possess mutations associated with myeloid related transcription factor. And the upregulation of CSCF3 and CXCL13 may potentially drive the progression of overt-PMF in pre-PMF patients through inflammatory and cytokine related pathways.

Acknowledgement: This research was funded by the Key R&D Program of Zhejiang, No. 2022C03137; Public Technology Application Research Program of Zhejiang, China, No. LGF21H080003; Zhejiang Medical Association Clinical Medical Research special fund project, No. 2022ZYC-D09.

*Correspondence to:

Jian Huang, M.D., Ph.D., Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of Zhejiang University School of Medicine, Hangzhou 310003, Zhejiang, China. E-mail: househuang@zju.edu.cn

PO-0377

血红蛋白浓度与 CML 初诊患者预后的相关性

王燕

贵州医科大学附属医院

目的 本研究拟探讨初诊 CML 患者的贫血程度是否与后期 BCR-ABL 融合基因对 TKI 的敏感程度相关。

方法 筛选 CML 初诊患者临床资料（2019 年 1 月-2022 年 1 月），采用荧光定量 PCR 定量监测患者 BCR/ABL 融合基因的表达，分别记录初诊，TKI 治疗 3 月、6 月、12 月后患者 BCR-ABL 表达量（均值±标准差%IS），计算融合基因表达量下降一半（CR0.5）以及完全缓解所需要时间（CR）。并以 CML 患者初诊时的血红蛋白（Hb）浓度将患者分为 4 组：重度贫血 30~60g/L（A）、重度贫血 60~90 g/L（B）、轻度贫血 90~120（C）、>120 g/L（D）。比较不同组患者的 CR0.5 与 CR，以及 3 月、6 月、12 月的 BCR-ABLIS 下降程度。

结果 共纳入 112 例 C 资料完整的 CML 患者。A、B、C、D 组患者 CR0.5 分别为 11.75±10.21M、6.82±8.08M、2.72±1.406M、3±2.138M。AC、AD、BC 组 CR0.5 相比均有显著性差异（ $P < 0.05$ ）。D 组患者在 TKI 治疗 3 月后 BCR-ABL 下降百分率与其他组相比均有显著性差异（ $P < 0.05$ ）。AC、AD、CD、BC 组在治疗 12 月后 BCR-ABL（%IS）下降程度有差异（ $P < 0.05$ ）。而 AC、AD 组在治疗 6 月后分子生物学缓解程度也呈现显著性差异（ $P < 0.05$ ）。

结论 CML 患者诊断时贫血程度不同，其后期对 TKI 的敏感程度不同，对 CML 病人预后有一定程度的指示作用。

PO-0378

BCR/ABL 阴性 MPN 患者淋巴细胞亚群的临床意义研究

陈紫薇、王诗轩

南昌大学第一附属医院

目的 本文主要通过检测初治 BCR/ABL 阴性骨髓增殖性肿瘤（myeloproliferative neoplasm, MPN）患者外周血中淋巴细胞亚群的水平，探讨 MPN 患者的免疫微环境淋巴细胞亚群的分布及其临床意义。

方法 本研究纳入南昌大学第一附属医院 2020 年 10 月至 2023 年 2 月初治的 123 例 MPN 患者，采用多参数流式细胞术检测外周血淋巴细胞亚群。收集患者的临床资料，回顾性分析 MPN 患者不同亚型、驱动基因突变及临床表现中淋巴细胞亚群淋巴细胞计数的差异

结果 与对照组相比，MPN 组患者的 CD3 + T 细胞计数，CD3 + CD8 + T 细胞计数，CD16 + CD56 + NK 细胞计数，CD19 + CD3-B 细胞计数和 Treg 计数降低。与 ET 患者相比，PMF 患者的 CD3 + T 细胞计数，CD4 + T 细胞计数和 Terg 细胞计数降低。与原发性血小板增多症（essential thrombocythemia, ET）相比，原发性骨髓纤维化（primary myelofibrosis, PMF）患者 CD3+T 细胞、CD4+T 细胞、Terg 细胞计数降低。CALR 突变的患者 CD16+CD56+NK 细胞计数较对照组明显降低，JAK2V617F 突变和三阴性患者 CD3+T、CD8+T、CD16+CD56+NK 细胞计数较对照组明显降低。ET 患者中脾肿大患者 CD3+T 细胞计数、CD3+CD8+T 细胞计数较肺非脾肿大患者降低。与 pre-PMF 相比，overt-PMF 患者 CD3+T 细胞、CD4+T 细胞、CD8+T 细胞、Treg 细胞计数降低。

结论 不同 MPN 亚型之间免疫微环境存在差异，PMF 患者免疫功能受损较 ET、PV 患者更为严重。JAK2V617F 基因突变和三阴性患者免疫功能受损较 CALR 突变患者更为严重。ET 脾肿大患者和 overt-PMF 患者的免疫功能受损较 ET 非脾肿大和 pre-PMF 患者更为严重。这也符合 MPN 不同临床特征之间的预后差异。

PO-0379

Ph-骨髓增殖性肿瘤患者单中心回顾性研究： 疫苗接种安全性评价与 COVID-19 感染

王彬彬、王勉、郭方宇、张燕、徐黄萌、杨建民、唐古生
海军军医大学第一附属医院（上海长海医院）

目的 本研究旨在回顾性观察新型冠状病毒疫苗在 Ph- MPN 患者中接种安全性情况及其对患者新冠感染后疾病临床特征的影响，为 Ph- MPN 等特殊人群未来其他可能公共卫生事件疫苗接种政策提供决策依据

方法 纳入 2020 年 12 月至 2023 年 3 月在我院就诊且信息完善的 119 例 MPN 患者，根据患者自愿疫苗接种实际情况分为疫苗接种组（n=63）和未接种组（n=56）。分析两组患者在疫苗相关不良反应、血液学参数变化、疾病进展等方面的差异。

结果 12.7%接种疫苗的 MPN 患者发生了疫苗相关的不良反应，与健康受试者没有显著差异。不良反应的发生与疾病临床特征、血液学参数和疫苗生产商无明显相关性。临床病理特征、血常规异常和基础疾病等不是疫苗接种后不良事件的危险因素。此外，MPN 患者在疫苗接种前后，其血常规参数无明显变化在接种 1 年后，接种组与非接种组的血常规参数、药物调整频次、心血管事件发生率等均无明显改变。两组均未发生继发性肿瘤或白血病，治疗方案未受明显影响。疫苗接种与未接种患者后续新冠感染率及临床症状表现类似，均以非重症感染为主要表现。

结论 MPN 患者疫苗接种的短期和长期安全性良好，未对疾病治疗和进程产生显著影响，新冠感染后也极少表现为重症患者。

PO-0380

真实世界中芦可替尼治疗 ph 阴性骨髓增殖性肿瘤 相关骨髓纤维化患者的疗效和安全性研究

柳宁宁、徐泽锋、秦铁军、曲士强、潘丽娟、高清妍、焦蒙、李冰、肖志坚
天津血液病医院

目的 评价真实世界中芦可替尼治疗 ph 阴性骨髓增殖性肿瘤(MPN)相关骨髓纤维化(MF)患者的疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2015 年至 2022 年我院应用芦可替尼的 227 例 ph 阴性 MPN 相关 MF 患者的临床资料。采用腹部超声或脾脏触诊监测患者脾脏变化，MPN 症状评估表-症状总积分（MPN-SAF TSS）评估症状，2013 年 EUMNET 和 IWG-MRT 共识标准评估疗效，按照美国不良反应常用术语标准（CTCAE）5.0 版进行安全性评估。

结果 中位随访时间 35(3~98)月，可评估患者的总生存(OS)为 29(3~98)月，3 年生存率 71.7(±3.5)%（见图 1）。截至末次随访，132 例(58.1%)患者仍在继续使用芦可替尼。治疗期间，45.1%（78/172）患者脾脏达到临床改善(CI)，用药第 6 月、12 月、24 月、36 月和 48 月脾脏达 CI 患者比例分别为 30.7%(31/101)、29.2%(19/65)、28.6%（14/49）、36.0%(9/25)和 50%(3/6)。91.0%(183/201)的患者脾脏肋下长度有不同程度缩短，中位最佳缩短百分比为 58.2%（95%CI 53.86~62.86）。73.0%(84/115)患者 MPN-SAF TSS 较基线减少≥50%，用药第 6 月、12 月、24 月、36 月和 48 月 MPN-SAF TSS 较基线减少≥50%的患者比例分别为 43.2%(19/44)、54.3%(19/35)、51.6%(16/31)、52.9%(9/17)和 75.0%(6/8)。103 例(89.6%)患者 MPN-SAF TSS 出现不同程度减少，中位最佳减少百分比为 69.4%（95%CI 65.15~73.93）。用药第 12 和 24 月，分别有 44.3%（27/61）和 42.9%（12/28）的患者骨髓纤维化程度较基线下降（Z=2.620, P=0.009;

Z=2.054, P=0.040)。用药过程中,最常见的血液学不良事件是贫血(59.8%, 134/224)和血小板计数降低(38.4%, 86/224);非血液学不良事件多为1/2级,多数患者对不良事件可耐受,较少停药。

结论 真实世界中芦可替尼治疗ph阴性MPN相关MF患者具有长期缩小脾脏和改善体质性症状的疗效,且可改善部分患者骨髓纤维化程度,不良事件主要为可耐受的贫血和血小板计数降低。

PO-0381

慢性粒细胞白血病患者 TKIs 减量治疗的真实世界研究

李艳、刘兵城、魏辉、王迎、刘凯奇、秘营昌、王建祥
中国医学科学院血液病医院

目的 研究真实世界中,慢粒患者服用不同种类TKI的耐受情况,及在不同疗效状态下进行减量,评估减量后疗效情况。

方法 本研究回顾性分析了2011年1月15日至2021年7月15日我院慢粒患者共299例,均为因血液学/非血液学不耐受而进行剂量减低,分析初诊时基线使用TKI情况,不良反应的种类及发生率,重点分析、比较不同种类TKI减量后的疗效。

结果 本研究回顾性分析了为因血液学/非血液学不耐受而进行剂量减低的慢粒患者299例,慢性期290例,加速急变期9例。290例慢性期患者,因非血液学不耐受减量者37例(12.7%),主要不良反应为水肿、骨痛、皮疹等,因血液学不耐受减量者254例(87.3%)。198例(68.3%)一线选择伊马替尼,其中143例/198(72.2%)在获得MMR前即因血液或非血液学不耐受而进行减量,其中仅47例/143(33.3%)患者在长期减量维持中取得了MMR及以上疗效。134例患者在取得CCyR之前开始减量,其中仅29例(21.6%)取得MMR及以上疗效,相反,共有46例患者在取得MMR以上疗效后减量患者,43例(93.5%)仍持续保持MMR及以上深度疗效,仅3例患者维持在CCyR或融合基因定量在0.1-1%水平,无减量后疾病进展患者。其中157例/198(79.3%)患者仅服用伊马替尼,41例(20.7%)患者经历包含伊马替尼及至少一种二代TKI的剂量减低。132/198例(66.7%)为伊马替尼服用小于6个月开始减低剂量,其中66例为伊马替尼服用小于1个月。另外,85例患者一线或二线选择二代TKI,并因不耐受而将二代TKIs减量。其中47例/85(52.3%)一线伊马替尼,后续因不耐受而更换为二代TKIs,其中34为达沙替尼,13例为尼罗替尼减量。其中57例患者在疾病获得MMR前开始减量服药,仅22例(33.6%)取得CCyR以上深度疗效(包含28%达MMR以上疗效者),结局与一线伊马替尼减量相似。

结论 与减量前已取得稳定MMR的患者相比,减量前未取得至少CCyR,且因无法耐受的AE,过早进行TKI减量,无论选择一代或二代TKI进行减量维持,最终会导致67.7%(伊马替尼一线减量)及72%患者(二代TKI一线减量)无法实现MMR及以上疗效,最终导致治疗失败。

PO-0382

Dhx15 缺失影响 Vav-Dhx15-KO 小鼠内源性造血

王雪纯、蔡媛华、叶露雅、吴婉婷、王少元
福建医科大学附属协和医院

目的 Dhx15是ATP依赖的RNA解旋酶,在小鼠ATP能量代谢、血管发育、淋巴功能以及B细胞存活中扮演重要角色。课题组前期研究发现dhx15可通过UPR途径调节斑马鱼的造血。但Dhx15在小鼠造血系统中作用未见相关报道。课题主要运用条件性敲除模型研究Dhx15对小鼠造血系统发育的影响。

方法 1.运用 cre-loxp 系统构建小鼠血液系统 Dhx15 条件性敲除模型, PCR 鉴定、统计各胎龄及出生后小鼠的基因型占比, 分析 Dhx15 血液系统敲除对各基因型小鼠出生率的影响。2. Dhx15fl/fl (WT) 和 Dhx15fl/fl;vav-icre (vav-Dhx15-KO, KO) 小鼠整体、肝脏、股骨/胫骨外观观察; 各胎龄胎肝细胞 (Fetal liver, FL) 计数; 胎肝和骨髓 HE 染色, 探究 vav-Dhx15-KO 胎鼠贫血及造血器官造血能力的变化。3. E12.5~E16.5 胎鼠外周血涂片 Wright-Giemsa 染色、流式细胞等实验, 探究 vav-Dhx15-KO FL 中造血干细胞、各类造血祖细胞及红细胞分化成熟情况。4. 运用竞争性移植实验和体外克隆形成实验研究 vav-Dhx15-KO 胎鼠的干细胞造血重建能力。5. 将 E12.5 胎肝进行 RNA-seq 探究 vav-Dhx15-KO 胎鼠严重贫血并死于围产期的潜在机制。

结果 1. vav-Dhx15-KO 胚胎鼠严重贫血、各胎龄胎肝细胞、胎肝及骨髓内有核细胞明显减少, 胎鼠造血能力下降并于围产期死于严重贫血。2. vav-Dhx15-KO 各胎龄胎鼠外周血成熟红细胞减少、有核红细胞增多; 幼稚红细胞占比增加、髓系祖细胞和未成熟髓样细胞占比增多; 造血干细胞及各类祖细胞集群减少, 胎鼠造血干细胞增殖分化能力受抑。3. vav-Dhx15-KO 胎鼠干细胞体外克隆形成能力受损、体内造血重建能力丧失, 小鼠内源性造血受损。16. E12.5 vav-Dhx15-KO 胎鼠细胞周期、DNA 代谢/修复/损伤应激、氧结合、ATPase 活性等通路显著下调富集。

结论 Dhx15 是调控小鼠造血液系统发育的重要因子, Dhx15 缺失可能通过 DNA 复制、DNA 损伤修复途径影响胎鼠造血干/祖细胞增殖、分化成熟能力, 最终导致小鼠严重贫血并死于围产期。

PO-0383

低剂量地西他滨治疗成人原发免疫性血小板减少症的核心基因及关键通路的生物信息学分析

徐前飞、朱爱萍
安庆市第一人民医院

目的 基于 GEO 数据库筛选出与低剂量地西他滨治疗成人原发免疫性血小板减少症 (ITP) 相关差异基因 (DEG), 并通过多组学分析其相关的核心基因及关键通路。

方法 从 GEO 数据库筛选 GSE154703 数据集, 借助 GEO 数据库的基因表达分析工具 (GE02R), 以 $|\log_{2}(\text{fold change})| \geq 1$ 以及 $P < 0.01$ 为标准筛选数据库中的 DEG。利用 David 在线数据库对 DEG 进行 GO 功能富集分析和 KEGG 通路富集分析。利用 STRING 数据库构建蛋白质相互作用网络 (PPI) 并利用 Cytoscape 的 CytoHubba 和 Mcode 插件分析其核心基因。

结果 结果共发现 1248 个差异基因, 其中下调基因 404 个, 上调基因 844 个。综合 GO 功能富集、KEGG 通路富集分析及蛋白相互作用网络分析, 共发现 17 条 BP、12 条 CC、13 条 MF 和 13 条 KEGG 通路, 并筛选出 TNF、CD4、CD80、FOXP3、CXCL8、CD19、IL7、CD274、CD38、CCRL2 为 hub 基因。

结论 筛选出的关键基因和信号通路有助于加深对低剂量地西他滨治疗 ITP 分子机制的理解, 同时为 ITP 的治疗提供新的策略。

PO-0384

AML 中 CMSS1::FLT1 重排导致 FLT1 酪氨酸激酶自主激活和细胞增殖

葛雪苹¹、李希茜¹、杨小珊²、张宏¹、李军¹、张晓慧¹、孙谕¹、肖晟³、李炳宗¹

1. 苏州大学附属第二医院

2. 苏州精准医疗科技有限公司

3. 哈佛大学医学院布莱根妇女医院病理科

目的 血管内皮细胞生长因子受体 (VEGFR) 在肿瘤发生发展中非常重要, VEGFR 扩增或过表达在肿瘤中非常常见, 但 VEGFR 重排从未报道。我们在一例 AML 首次发现 CMSS1:: VEGFR1 重排。本研究的目的在于发现 CMSS1:: VEGFR1 重排的致癌机制。

方法 本研究采用核型分析, DNA NGS, RNA NGS, RT-PCR, Sanger 一代测序, FISH 进行融合基因断裂点克隆。采用构建 CMSS1::FLT1 融合基因稳定表达质粒来建立 AML 体外细胞模型, 采用 Western blot 技术来分析 FLT3 的自主激活和下游信号通路细胞。使用 CCK-8 方法检测细胞的增殖及对化疗药物阿西替尼(Axitinib)的敏感性。

结果 一名 79 岁的女性患者, 表现为白细胞减少入院。骨髓形态和免疫表型诊断为急性髓系白血病。骨髓染色体核型检出 3 号染色体和 13 号染色体之间发生重排作为唯一改变, 为非重现性重排。全基因组重排 DNA NGS 发现 13 号染色体上的 VEGFR1 (FLT1) 和 3 号染色体上的 CMSS1 发生断裂重排, 其 CMSS1::FLT1 基因融合读码框完整, 融合蛋白包括了完整的 FLT1 酪氨酸激酶区。进一步 RT PCR 和一代测序在 RNA 水平证实了融合转录本表达。CMSS1::FLT1 表达质粒转入 NIH3T3 后, 其细胞增殖增加一倍左右。免疫荧光证实该融合蛋白主要在细胞质中表达。一系列免疫沉淀合并 Western blot 分析发现该融合蛋白自主磷酸化 (无需生长因子), 并自主激活下游靶点 MAPK 磷酸化。该 CMSS1::FLT1 表达细胞模型对 FLT1 抑制剂阿西替尼(Axitinib)敏感。

结论 我们发现人类肿瘤中首例涉 VEGFR 的重排。功能分析证实该重排可导致 FLT1 酪氨酸激酶自主激活, 符合其他同类酪氨酸激酶受体重排的致癌机制。VEGF 是机体内最重要的血管生成因子。FLT1 在血管生成和肿瘤转移中的作用众所周知, 但 CMSS1 的功能尚不清楚。但 CMSS1 是 RNA 结合蛋白, 已知携带多聚功能基团。CMSS1::FLT1 激活导致其下游 MAPK 通路的激活, MAPK 为诱导内皮细胞增殖所必须, 同时 MAPK 蛋白激活可有助于肿瘤的发生和发展。我们的体外研究也证明表达 CMSS1::FLT1 的细胞对酪氨酸激酶抑制剂 Axitinib 敏感。同时, 靶向 plcyPKC-MAPK 信号通路抑制剂, 如米喹妥林和优立替尼, 也可能有治疗上的帮助。

PO-0385

抑制细胞自噬提高 CRM1 抑制剂抗套细胞淋巴瘤效应

张可杰、陈昱涵、张永利

厦门大学附属中山医院

目的 本研究探讨抑制细胞自噬对 CRM1 抑制剂抗套细胞淋巴瘤效应的影响。

方法 首先应用 CCK8 法观察新型 CRM1 抑制剂 (KPT-330) 体外对 MCL 细胞增殖的影响; 然后通过 MDC 染色分析自噬体的形成和 Western-blot 检测 LC3B 的切割探讨 KPT-330 对 MCL 细胞自噬流的影响; 最后应用 CCK8 法, 通过 CalcuSyn 联合用药软件分析, 观察氯喹和 KPT-330 抗 MCL 的协同作用。

结果 新型 CRM1 抑制剂 KPT-330 对 MCL 细胞株的增殖有明显的抑制作用, 且呈剂量依赖性。KPT-330 作用于 MCL 细胞后, 导致自噬泡形成增加, LC3B-II 表达增加, 并具有浓度依赖性, 表明 KPT-330 导致 MCL 细胞自噬体形成增加。氯喹联合 KPT-330 导致 MCL 细胞 LC3B-II 表达高于

单药氯喹或单药 KPT-330, 提示 KPT-330 导致 MCL 细胞自噬增加。CalcuSyn 2.0 软件分析结果提示 KPT-330 和氯喹联合可以产生协同抗 MCL 效应。

结论 新型 CRM1 小分子靶向抑制剂 KPT-330 具有体外抑制 MCL 细胞增殖, 诱导细胞自噬的作用; KPT-330 联合自噬溶酶体抑制剂氯喹可产生协同抗 MCL 作用, 为临床联合用药提供了实验依据。

PO-0386

CEBPG 通过激活 EIF4EBP1 促进急性髓系白血病进展

方芳、江优、潘健、卢俊
苏州大学附属儿童医院

目的 急性髓系白血病 (AML) 是一种占造血系统恶性肿瘤 7.6% 的髓系肿瘤。AML 是一种复杂的疾病, 了解其病理生理有助于 AML 治疗和预后的改善。在本研究中, 我们评估了 CEBPG 在 AML 中的表达谱和分子功能。

方法 采用基因干扰系统下调 AML 细胞 CEBPG 的表达, 用 qPCR 和 westernblot 检测干扰效率。用 CCK-8 检测基因敲除对 AML 细胞生长的影响, westernblot 检测 PARP 的裂解, 流式细胞仪检测基因敲除对 AML 细胞凋亡的影响。对敲除 CEBPG 的 AML 细胞株进行 RNAseq 分析, 获得与 CEBPG 相关的下游基因和通路提示。利用基因干扰系统抑制下游基因 EIF4EBP1 的表达, 验证其功能。

结果 我们研究了 AML 细胞系和非 AML 造血细胞的 ChIP-Seq 数据, 发现 CEBPG 在 AML 细胞系中通过其远端增强子被激活。利用公共转录组数据集、癌细胞系百科全书 (CCLE) 和 westernblot, 我们还发现 CEBPG 在 AML 中异常高表达。此外, 我们发现 CEBPG 通过激活 EIF4EBP1 促进 AML 细胞增殖, 从而促进 AML 的进展。这些结果表明 CEBPG 可以作为 AML 的潜在治疗靶点。

结论 本研究系统探讨了 CEBPG 在 AML 中的分子功能, 并确定 CEBPG 是 AML 治疗的一个潜在靶点。我们的发现为 AML 的病理生理学提供了新的见解, 并阐明了 CEBPG 在促进 AML 进展中的关键作用。

PO-0387

电离辐射抑制人骨髓间充质干细胞增殖分化的蛋白质组学和脂质组学分析

韩冬梅、丁丽、郑晓丽、李晟、闫洪敏、刘静、王恒湘
中国人民解放军空军特色医学中心

目的 包括放疗在内的预处理方案目前仍广泛应用于恶性血液病的造血干细胞移植, 且在移植中发挥着重要作用。然而, 电离辐射是否会影响人骨髓间充质干细胞 (MSCs) 的功能及其潜在机制尚不清楚。本研究旨在探讨电离辐射对 MSCs 增殖和分化的影响及其可能的机制。

方法 将 MSCs 分为 1Gy 组 (1Gy) 和对照组 (未经放射干预)。评估两组 MSCs 的增殖、凋亡、成脂和成骨分化能力。此外, 还进行了脂质组学和蛋白质组学分析, 以探讨电离辐射对 MSCs 功能的影响。

结果 X 射线照射抑制 MSCs 的增殖, 促进细胞凋亡, 降低其成脂和成骨分化能力。1Gy 组和对照组之间的关键脂质, 如甘油三酯 (TG) 和磷脂酰胆碱 (PC), 以及枢纽蛋白, 如 MYBBP1A 和 POLR3B, 表现出显著差异。此外, MYBBP1A 和 POLR3B 与 TG 变化呈正相关, 但与 PC 呈负相关。

结论 辐射抑制 MSCs 的增殖和分化, 这可能与关键脂质 (TG 和 PC) 和蛋白质 (MYBBP1A 和 POLR3B) 的改变有关。这些发现有助于解释 MSCs 对辐射的反应, 并对放疗后基于 MSC 的骨髓微环境改变的干预具有指导意义。

PO-0388

一例阵发性睡眠性血红蛋白尿靶向治疗的案例分析

买买吐逊·台万古

新疆维吾尔自治区喀什地区第二人民医院

目的 阵发性睡眠性血红蛋白尿, 在临床上是一种溶血性疾病, 作为后天获得的疾病, 此疾病是由于造血干细胞 PIG-A 基因突变后导致的糖化肌醇磷脂锚连接蛋白缺失, 从而引起的细胞性能发生一定的变化[1]。针对此疾病, 尽早诊断并采用合适手段治疗对改善患者预后有重大意义。

方法 本文主要以选取本院收治的 1 例阵发性睡眠性血红蛋白尿患者的临床资料开展回顾分析, 探讨该疾病的靶向治疗体会。

结果 在临床上, 对于阵发性睡眠性血红蛋白尿的治疗中, 应当以对症支持治疗及减少溶血发作为目标, 目前主要以药物控制病情为主, 治疗药物包括糖皮质激素、依库珠单抗、联合化疗、抗氧化药物、碳酸氢钠、抗凝药物等, 其他治疗包括输血及基因治疗。若是患者出现了输血依赖、激素耐药、骨髓衰竭并伴有反复性血栓形成等情况, 应当选择异基因造血干细胞移植治疗[3]。在本例患者的治疗过程中, 在考虑为“阵发性睡眠性血红蛋白尿”疾病后, 就给予患者多糖铁复合物胶囊、维生素 C 片、碳酸氢钠片、叶酸片等药物进行治疗。于上级医院进一步接受诊治, 明确此疾病后, 拟定靶向药物治疗, 治疗方案为: 1) 前 4 周: 依库珠单抗注射液, 0.6g/周/静滴; 2) 第 5 周: 依库珠单抗注射液, 0.9g/2 周/静滴。治疗期间, 患者一般情况良好, 需警惕患者病情变化。

结论 阵发性睡眠性血红蛋白尿症作为一种后天获得性溶血性疾病, 终末补体蛋白 C2 抑制剂——依库珠单抗, 如今已经成为此病的标准治疗药物, 且用药治疗后的疗效、安全性优势均显著, 治疗中采用依库珠单抗对患者用药, 通过其与人体补体 C5 的有效结合, 以此有效抑制 C5 向 C5a 和 C5b 的裂解, 从而阻断补体活化的途径, 以此缓解溶血症状, 不仅能够有效改善患者的溶血表现、降低乳酸脱氢酶水平, 而且还可使得 30-50% 的患者脱离红细胞输注, 且更能明显改善溶血相关病症, 比如血栓、肾功能衰竭、平滑肌功能障碍等情况, 能有效改善患者的预后, 明显提高其生活质量。依库珠单抗的临床应用, 现已成为阵发性睡眠性血红蛋白尿症未来免疫治疗的重要分支, 当然依库珠单抗的应用也存在一些局限性, 部分患者的血红蛋白并不能完全恢复。

PO-0389

Functional and mechanistic investigation of urolithin C on leukemia cell apoptosis and autophagy via the ERK/AMPK signaling pathway

于国兴、张鑫、崔冰洁、刘翠兰、杜静

滨州医学院附属医院

目的 To investigate the effects and mechanisms of urolithin C (UC) on the apoptosis and autophagy of leukemia cell line HL60 and NB4 through the ERK/AMPK signaling pathway.

方法 HL60 and NB4 cells were cultured in vitro, and the effects of different concentrations of UC on cell viability were detected using CCK-8 method. Flow cytometry was used to detect cell

apoptosis rate. Western blot was used to detect the protein expression levels of cleaved caspase3, LC-3 I/II, p-ERK, p-AMPK in cells of each group.

结果 CCK-8 results showed UC could dose-dependently inhibit the proliferation of cells; the results of flow cytometry showed that UC can induce cell apoptosis in a dose-dependent manner; Western blot results showed that UC increased the expression levels of cleaved caspase 3, LC3-I/II, p-AMPK, and p-ERK proteins.

结论 In vitro experiments have shown that UC can inhibit leukemia cell proliferation and induce an increase in autophagy levels by promoting the ERK/AMPK signaling pathway.

PO-0390

血液肿瘤患者肛周感染护理质量评价指标体系的构建

杜欣¹、唐露¹、曾荔¹、陶俊¹、吴芳芳¹、王欢²、冯一梅¹、高蕾¹、孔佩艳¹、张曦¹

1. 陆军军医大学附属第二临床医学院

2. 重庆医科大学发展与规划处

目的 构建血液肿瘤患者肛周感染护理质量评价指标，指导血液肿瘤患者肛周感染护理实践。

方法 以“结构-过程-结果”三维质量评价模型为理论指导，采用文献分析和头脑风暴的方法初步拟定血液肿瘤患者肛周感染护理质量评价指标体系并编制专家函询问卷，采用 Delphi 法对 29 名专家进行两轮函询，运用层次分析法确定各指标权重。

结果 2 轮函询问卷有效回收率分别为 96.55% 和 100%，专家权威系数分别为 0.88 和 0.89，肯德尔和谐系数分别为 0.259 和 0.263（均 $P < 0.01$ ），各级指标重要性评分为 4.00~5.00 分，变异系数为 0.000~0.245，最终形成的血液肿瘤患者肛周感染护理质量评价指标体系包括一级指标 3 项，二级指标 12 项，三级指标 49 项。

结论 本研究构建的血液肿瘤患者肛周感染护理质量评价指标体系具有科学性、可靠性，可为血液肿瘤患者相关肛周感染护理质量评价与监测量化提供参考依据，促进护理质量持续改进。

PO-0391

达妥昔单抗 β 治疗复发/难治神经母细胞瘤疗效及安全性分析

刘红艳、房建铭、刘琦、张迎丽、董泽宇、唐锁勤、孙媛

北京京都儿童医院

目的 评价达妥昔单抗 β 治疗复发/难治神经母细胞瘤儿童的安全性和有效性。

方法 7 例神经母细胞瘤患儿中男 4 例、女 3 例；均为复发/难治性患者。共完成 28 个周期的达妥昔单抗 β 免疫治疗。评价达妥昔单抗 β 治疗的不良反应发生率及短期疗效。

结果 本组患者的 CRIES 疼痛评分均 ≤ 3 分，以肢体疼痛或腹痛为主要表现；7 例患儿均出现发热，平均热峰 40°C ； ≥ 3 级感染发生率为 10.7%；1 例过敏体质患者（既往移植过程中发生过 Steven-Johnson 综合征）发生严重的毛细血管渗漏综合征；1 例患者因疾病进展提前终止免疫治疗。截至末次随访时间，5 例患者预后改善，1 例颅内进展。

结论 1. 复发/难治性神经母细胞瘤患儿对达妥昔单抗 β 的总体耐受性良好，不良反应多为轻-中度；2. 过敏体质患者注意严密关注毛细血管渗漏综合征。3. 短期疗效佳，长期疗效需继续观察。

PO-0392

以血小板减少性紫癜为首发症状的歌舞伎综合征 1 例并文献复习

刘红艳、刘琦、张迎丽、董泽宇、房建铭、唐锁勤、孙媛
北京京都儿童医院

目的 探讨以血小板减少为首发症状的歌舞伎综合征诊断学特征。

方法 回顾性分析 2019 年 5 月北京京都儿童医院血液肿瘤科收治的 1 例以血小板减少为首发症状的歌舞伎综合征患儿的临床资料,并复习相关文献。

结果 患儿女童,反复皮肤瘀点、瘀斑 5 年,诊断免疫性血小板减少性紫癜;鉴于患儿具有长眼裂、外侧三分之一眉毛稀疏、拱形眉、鼻尖扁平、眼距宽,外眼角上斜,内斜视、下颌短、下眼睑外翻等特殊面容,伴智力低下、右手通贯掌、手足第 4、5 指骨短及口腔牙齿发育异常,经基因检测,诊断为歌舞伎综合征,为 KMT2D 基因 g.49445040 杂合突变。给与激素及丙球治疗后随访 4 年血小板稳定在 $(80-100) \times 10^9/L$ 。

结论 1.歌舞伎综合征部分患者合并免疫性血小板减少症,如出现血小板减少并特殊面容者,应警惕歌舞伎综合征的可能。必要时行基因检测。2.给与治疗后血小板减少性紫癜恢复佳。

PO-0393

Research on Different Compound Combinations of Realgar-Indigo Naturalis Formula to Reverse APL Arsenic Resistance By Regulating Autophagy through mTOR Pathway

Chengyuan Xue¹, Li Ruibai^{1,2}, Pan Yiming¹, Li Guangda¹, Xu Jing¹, Chen Xinyi¹, Hou Li¹

1. Dongzhimen Hospital, Beijing University of Chinese Medicine

2. Xiyuan Hospital, China Academy of Chinese Medicine Sciences

Objective Acute promyelocytic leukemia (APL) is a subtype of acute myeloid leukemia, and 90% of APL patients carry positive fusion gene of the promyelocytic leukemia protein (PML)- retinoic acid receptor α (RAR α), which drives the development of APL. All-trans retinoic acid and arsenic trioxide is able to cure 90% of APL patients by targeting PML-RAR α . However, there are still 5%-10% of patients who will relapse due to drug resistance. Compound realgar-indigo naturalis formula (RIF) was developed based on the characteristics of APL pathogenesis. It contains four Chinese herbs: realgar, natural indigo, danshen root and heterophylly falsestarwort root. Clinical studies have confirmed that RIF has a certain efficacy on APL, which shown non-inferiority compared with arsenic trioxide. In addition, RIF combined with all-trans retinoic acid has become the first-line treatment regimen in APL guidelines in China. This study further clarified the efficacy of RIF on arsenic-resistant APL, explored the mechanism, and laid the foundation for further improving the efficacy of APL. Our research aims to investigate the mechanism of different combinations of the compound of RIF in reversing arsenic resistance in APL.

Methods The arsenic-resistant cell line HL60-PML^{A216V}-RAR α , which could stably express PML^{A216V}-RAR α , was established by lentiviral transfection. Among compounds of RIF, the active compound of realgar is tetra-arsenic tetra-sulfide (As₄S₄, A), for natural indigo is indirubin (I), for danshen root is tanshinone IIa (T), and the for heterophylly falsestarwort root is total saponins of Radix Pseudostellariae (S). The four compounds were applied on the HL60-PML^{A216V}-RAR α cell line. Cell viability was detected by CCK-8 method. Hoechst staining was used to observe cell morphology, Annexin V/PI double staining was applied to detect cell apoptosis, JC-1 detection was used to detect mitochondrial membrane potential, flow cytometry was used to detect CD33

expression to evaluate cell differentiation, and Western blotting was used to observe the changes in the levels of PML^{A216V}-RAR α , apoptosis-related factors, PI3K/AKT/mTOR and autophagy in the control, A, ITS and AITS groups. The PI3K inhibitor LY294002 and the autophagy inhibitor Baf A1 were combined and applied to observe the changes in the levels of PML^{A216V}-RAR α , mTOR and p62 after blocking the PI3K or autophagy pathway.

Results The arsenic-resistant cell line HL60-PML^{A216V}-RAR α was successfully established. Compared with the control group, A, ITS and AITS groups all inhibited the growth of HL60-PML^{A216V}-RAR α cells in a time-dependent manner ($P < 0.0001$). The IC₅₀ value of AITS was significantly lower than the other groups ($P < 0.0001$), and AITS group exhibited the strongest inhibitory effect, followed by ITS and A. Hoechst staining and JC-1 detection both showed that AITS had the strongest effect in inducing apoptosis. Annexin V/PI detection showed that the apoptosis rate of the control group was 10.04%, 15.19% for A group, 12.46% for ITS group, and 28.05% for AITS group. The differences between the groups were statistically significant ($P < 0.0001$). Detection of CD33 expression showed: control group (79.72%), ITS group (79.19%), A group (28.60%), AITS group (24.46%), and there were significant differences between groups ($P < 0.001$ or $P < 0.0001$). AITS could reduce PML^{A216V}-RAR α protein, caspase3, Bcl-2 levels more than ITS and A ($P < 0.05$ or $P < 0.0001$), and ITS was better than AITS and A in increasing cleaved PARP-1 levels ($P < 0.0001$). AITS decreased the levels of PI3K, mTOR, P-mTOR, AKT, p-AKT and p62 and increased the level of LC3B ($P < 0.001$ or $P < 0.0001$). Electron microscopic detection of autophagy showed that AITS had the highest level of autophagy, AITS combined with LY294002 increased the level of p62 and decreased the level of mTOR ($P < 0.0001$) compared to the AITS group; while when AITS was combined with Baf A1, the level of p62 increased ($P < 0.0001$) and the level of mTOR also increased ($P < 0.001$). Autophagy could be induced by serum starvation. As the concentration of fetal bovine serum decreased, the effects of degrading PML^{A216V}-RAR α and p62, and LC3B level increasing were stronger.

Conclusion Tanshinone Ila, indirubin and total saponins of Radix Pseudostellariae could enhance the effect of tetra-arsenic tetra-sulfide down-regulating PML^{A216V}-RAR α , and the mechanism was suggested to be related to inhibiting mTOR pathway to activate autophagy.

PO-0394

阿霉素通过增加细胞铁自噬导致心脏毒性

余雅亭、牛海玥、张梦莹、刘梦圆、张越、杨金月、刘玉梅、邢莉民、邵宗鸿、付蓉、王化泉
天津医科大学总医院

目的 阿霉素广泛应用于淋巴瘤、骨髓瘤、乳腺癌等恶性肿瘤，确实改善了这些患者的预后。但其毒副作用尤其是心血管方面的副作用仍不容小觑。研究表明脂质体阿霉素，较普通阿霉素，其抗肿瘤活性增加而心脏毒性减低。我们的目的是分析阿霉素（DOX）导致小鼠心肌损伤的机制，并与脂质体阿霉素（L-DOX）相比较，以确定潜在的缓解策略。

方法 本研究用阿霉素或脂质体阿霉素治疗小鼠或 HL-1 细胞系，并与对照组比较心脏形态学、血流动力学效应和铁自噬相关指标。

结果 DOX 显著诱导心肌细胞死亡，而 L-DOX 对心肌损伤的影响较小。DOX 显著增加心肌细胞自噬、铁死亡及脂质过氧化水平，随后的实验表明 NCOA4 介导的铁自噬在阿霉素诱导心肌损伤（DIC）机制中起到关键作用，并且 Fer-1 的添加可以挽救 DIC，而 L-DOX 的铁自噬增高水平相对较低。另外，相较于体外实验，体内实验中 NCOA4 水平在 DOX 组与 L-DOX 差别更大。

结论 我们得出结论，L-DOX 引起的心脏毒性小于 DOX，主要是由于两个方面：聚乙二醇化脂质体外壳的保护作用和铁自噬的减少。因此，NCOA4 可以作为针对 DIC 的心脏保护的潜在候选药物靶点，但是目前仍需进一步研究 NCOA4 在 DIC 发病过程中的具体作用及其下游信号通路。

PO-0395

1 例针对骨髓坏死治疗模式的探讨

张晓芬、贾海鹏、王洁、段衍超
山东第一医科大学第二附属医院

目的 介绍 1 例胃腺癌合并骨髓坏死的临床特点及治疗

方法 报告 1 例胃腺癌合并骨髓坏死诊治经过并进行文献复习

结果 患者男，47 岁，以乏力、黑便为首发症状，完善胸腹部 CT、胃镜等检查，确诊为胃腺癌伴多处转移（胸腰椎、腹腔、腹膜后淋巴结转移），因全血细胞减少行骨髓检查，其中骨髓细胞形态学：骨髓坏死，骨髓细胞严重溶解，结构不清；骨髓活检：骨髓多片状坏死，可见少数 CK（+）异型细胞，存在骨髓转移癌；骨髓免疫表型及染色体核型未见异常。动态化验血常规提示全血细胞呈进行性减低，存在红细胞及血小板输注依赖，且输注后未见改善，治疗期间予以甲泼尼龙 40mg qd 改善骨髓坏死，先后予以 2 周期卡瑞利珠单抗 200mg d1+替吉奥 20mg d1-14 治疗，后放弃治疗，生存期 3 月。

结论 骨髓坏死本身不是独立的疾病，是一种少见的临床综合征，多为血液肿瘤、实体肿瘤、重度感染等诱发，临床上以全身骨痛、发热、贫血、不同程度血细胞减少等，骨髓检查显示骨髓细胞溶解破坏，出现大片嗜酸性、结构不清的无定形物质为特征，发病机制尚不清楚，文献报道与骨髓微循环障碍、外源性细胞凋亡有关。胃腺癌伴骨髓转移并骨髓坏死时，外周血表现为贫血进行性加重甚至全血细胞减少，存在输血依赖且输注无效，预后极差，生存期短暂。治疗原发病的同时，可联合糖皮质激素缓解骨髓炎症反应，另外文献报道输注脐带血间充质干细胞促进骨髓造血功能恢复；改善微循环治疗有利于减轻骨髓纤维化；输注血制品改善骨髓供血供氧，有利于坏死骨髓的修复。

PO-0396

筛选新型铁死亡抑制剂杀伤高级别 B 细胞淋巴瘤的基础研究

李泓毅、卢学春
中国人民解放军总医院第二医学中心

目的 存在 c-MYC 和 BCL-2 重排的高级别 B 细胞淋巴瘤(High grade B cell lymphoma, HGBCL)属于高度侵袭性 B 细胞淋巴瘤，患者预后差，耐药性强。本研究拟探明 c-MYC 和 BCL-2 重排的 HGBCL 与预后不良相关的核心基因，以此为基础筛选相关治疗药物，为后续治疗 c-MYC 及 BCL-2 重排的 DHL 提供基础。

方法 通过 GEO 数据库检索 HGBCL 的基因表达谱数据。采用 edgeR 软件包及 WGCNA 软件包筛选核心基因，通过 PanDrugs 数据库筛选可能对 HGBCL 具有治疗作用的药物。将来曲唑处理 DOHH-2（c-MYC 和 BCL-2 重排的 HGBCL）后进行转录组高通量测序并进行 KEGG 富集分析；使用 CCK-8 法验证来曲唑杀伤效果及联合铁死亡抑制剂 Fer-1 是否可以挽救细胞死亡；使用 GSH 试剂盒及 MDA 试剂盒分别检测药物处理前后 DOHH-2 内谷胱甘肽及脂质表达变化情况进一步验证铁死亡通路激活。

结果 选取编号为 GSE44164 为实验组，GSE43677 为对照组。共得出 287 个核心基因，并通过 PanDrugs 数据库筛选获得药物来曲唑。CCK-8 验证来曲唑对 DOHH-2 具有杀伤作用，IC50 平均值为 38.04umol/L。药物处理后 DOHH-2 细胞的 Bcl-2、Bax、PARP-1 等凋亡蛋白表达均无显著差异，转录组测序的通路结果显示来曲唑的作用机制可能为铁死亡通路激活，富集的基因为 VDAC3、FTL、FTH1 等。来曲唑与 Fer-1 联合处理细胞发现，Fer-1 能够挽救来曲唑对淋巴瘤细胞的杀伤作用；此外药物处理后 DOHH-2 内谷胱甘肽及脂质表达变化验证来曲唑通过铁死亡通路对细胞起到杀伤作用。

结论 通过生信方法筛选出药物来曲唑可能对 c-MYC/Bcl-2 重排的 HGBCL 具有治疗作用, 通过 CCK-8 及转录组测序结果发现, 来曲唑对其的杀伤效果可能是通过铁死亡途径发生作用。

PO-0397

抑制雌激素通路对高级别 B 细胞淋巴瘤杀伤作用的基础研究

李泓毅、卢学春

中国人民解放军总医院第二医学中心

目的 存在 c-MYC 和 BCL-2 重排的高级别 B 细胞淋巴瘤(High grade B cell lymphoma, HGBCL)属于高度侵袭性 B 细胞淋巴瘤, 患者预后差, 耐药性强。本研究拟探明 c-MYC 和 BCL-2 重排的 HGBCL 与预后不良相关的核心基因, 以此为基础筛选相关治疗药物, 为后续治疗 c-MYC 及 BCL-2 重排的 DHL 提供基础。

方法 通过 GEO 数据库检索 HGBCL 的基因表达谱数据。采用 edgeR 软件包及 WGCNA 软件包筛选核心基因, 通过 PanDrugs 数据库筛选可能对 HGBCL 具有治疗作用的药物。将来曲唑、阿那曲唑及依西美坦处理 DOHH-2 (c-MYC 和 BCL-2 重排的 HGBCL) 后进行转录组高通量测序并进行 KEGG 富集分析; 使用 CCK-8 法验证此类药物杀伤效果; 使用 Western blot 验证药物处理前后细胞凋亡蛋白的表达情况, 使用共聚焦显微镜及流式细胞术验证药物处理后细胞的凋亡作用是否发生。

结果 选取编号为 GSE44164 为实验组, GSE43677 为对照组。共得出 287 个核心基因, 并通过 PanDrugs 数据库筛选获得药物来曲唑。CCK-8 验证此类药物对 DOHH-2 具有杀伤作用, 来曲唑 IC50 平均值为 38.04umol/L、阿那曲唑 IC50 平均值为 35.12umol/L、依西美坦 IC50 平均值为 29.3umol/L。依西美坦、阿那曲唑处理后的 DOHH-2、SUDHL-10 细胞的 Bcl-2、Bax、PARP-1、cleaved-caspase9、caspase9 等凋亡蛋白表达具有显著差异, 而来曲唑无明显变化, 通过上述结果可以看出依西美坦作用最强。通过共聚焦显微镜、流式细胞术显示药物处理后, 细胞的增殖及凋亡均有显著差异。

结论 通过生信方法筛选出药物来曲唑可能对 c-MYC/Bcl-2 重排的 HGBCL 具有治疗作用。

PO-0398

TP53 突变在成人 t 细胞白血病/淋巴瘤中的临床意义

许瑶

贵州医科大学附属医院

目的 成人 t 细胞白血病/淋巴瘤(Adult T-cell leukemia /lymphoma, ATL)是由人 t 细胞嗜淋巴病毒 1 型(HTLV-1)引起的外周 t 细胞肿瘤, 预后较差。在许多癌症中, TP53 突变与不良预后相关, 但在早期的研究中, TP53 单核苷酸变异(snv)、插入缺失(indels)或拷贝数变异(cnv)并未被证明是 ATL 患者的预后因素。目的: 研究 TP53 基因突变对 ATL 不同治疗方式预后的影响。

方法 方法: 运用 DNA 基因测序法检测 145 例患者初治时骨髓样本。

结果 检测出 27 例患者存在 TP53 基因突变, 共 32 个单核苷酸变异或插入缺失(SNVs/indels), 11 例患者观察到 TP53 拷贝数变异(CNVs)。总共, 145 例患者中有 38 例携带 TP53 SNVs/indels 或 TP53 CNVs, 将其归类为 TP53 突变。在整个队列中, TP53 突变和非 TP53 突变患者的中位生存期分别为 1.2 年和 6.4 年($P < 0.001$)。同种异体造血干细胞移植(HSCT)后, TP53 突变患者($n = 7$)和非 TP53 突变患者($n = 24$)的中位生存期分别为 1.4 年和未达到($P = 0.001$)。

结论 无论采用何种治疗策略, TP53 突变都与 ATL 的不良预后相关, 需要建立预后模型来克服 ATL 患者 TP53 突变的不利影响。

PO-0399

整合素 $\alpha II b\beta 3$ 介导的信号通路对血小板活性的影响研究

张娟

四川省医学科学院·四川省人民医院

目的 探讨整合素 $\alpha II b\beta 3$ 介导的信号通路对血小板活性的影响。

方法 采用流式细胞术检测干预 $\alpha II b\beta 3$ 信号通路对血小板钙流的影响及血小板线粒体膜电位的变化，共聚焦显微镜观察血小板钙流及线粒体膜电位的镜下变化，流式细胞术检测干预 $\alpha II b\beta 3$ 信号通路对血小板活性的影响，检测干预 $\alpha II b\beta 3$ 信号通路对血小板聚集的影响。

结果 流式细胞术观察干预 $\alpha II b\beta 3$ 信号通路后血小板钙流，药物的使用，并未阻止 Thrombin 对 PLT 的钙流的影响。Thrombin 刺激后，线粒体膜电位降低。随着预处理的 DGY-06-116 浓度升高，线粒体膜电位的下降逐渐被缓解。0.5 U/ml Thrombin 即可引起 PLT 线粒体膜电位的降低，而 DGY-06-116 和 Eptifibatide 的应用可以缓冲 Thrombin 的这种效应。用 DGY-06-116 预处理 1 h 后再加入 1 U/ml 的 Thrombin 激活 PLT，PLT Src (pY418) 表达发生变化，并随着 DGY-06-116 浓度升高而呈下降趋势。

结论 整合素 $\alpha II b\beta 3$ 信号通路对血小板的钙流、线粒体膜电位、活化指标及聚集功能均具有复合影响。

PO-0400

育龄女性白血病患者患病后真实体验的质性研究

江玉琳

西安交通大学第一附属医院

目的 探索育龄女性白血病患者患病后的真实体验，并为血液病房护理实践提供依据。

方法 采用质性研究中的现象学研究方法，于 2022 年 12 月—2023 年 5 月对 8 例育龄女性白血病患者进行半结构式访谈，根据 Colaizzi 7 步分析法对资料进行整理分析；提炼出主题。

结果 将育龄女性白血病患者患病后的真实体验归纳为 5 个主题：对早期症状的忽视——误诊；确诊后强烈的情绪反应——焦虑；治疗中承受的巨大压力——自我形象改变、担心生育力受影响；获得信息的强烈愿望——疾病相关信息缺乏；生活质量——与家庭功能状态相关。

结论 育龄女性白血病患者患病后会出现复杂、强烈的身心反应，护理人员应了解患者的切身感受和心里需求，在治疗护理患者同时，关注患者的身心健康，丰富护理内涵，提高整体护理质量。

PO-0401

维奈克拉、阿扎胞苷联合地塞米松（VAD）方案一线治疗初诊急性 T 淋巴细胞白血病

雷雨田、赵晓丽、洪鸣、钱思轩、王帅、朱雨
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 探讨维奈克拉、阿扎胞苷联合地塞米松（VAD）一线治疗初诊急性 T 淋巴细胞白血病（T-ALL）患者的疗效及安全性。

方法 回顾性收集于江苏省人民医院就诊的 6 例初诊 T-ALL 患者的临床信息。6 例患者均予以 VAD 方案诱导治疗，具体用法为：维奈克拉 100mg 第 1 天，200mg 第 2 天，300 mg 第 3 天，400mg 第 4-28 天；阿扎胞苷 75mg/m² 第 1-7 天；地塞米松 40mg 第 1-4 天，第 11-14 天。

结果 6 例患者中男性 4 例，女性 2 例，中位年龄为 44.5（29-64）岁，其中 4 例为早前 T 细胞急性淋巴细胞白血病（ETP）。在诱导治疗第 15 天的中期评估中，已有 5 例（83.3%）患者骨髓原始细胞 < 5%，其中 1 例达到流式 MRD 阴性；在诱导治疗结束后（第 28-45 天）的评估中，以上 5 例患者均获得 CR 且流式 MRD ≤ 1%，其中 1 例流式 MRD 阴性。3 例患者缓解后接受了异基因移植，1 例 NR 患者经 CAR-T 临床试验获 CR 后桥接异基因移植。诱导治疗期间所有患者经历了 3-4 级血液学毒性，但仅有 4 例需要血制品输注，3 例发生了中性粒细胞减少性感染发热，无血流感染、感染性休克事件。无肿瘤溶解综合征或其他 3 级以上非血液学毒性发生。桥接异基因移植的患者在移植前均拥有良好的体能与脏器功能。

结论 VAD 方案作为初诊 T-ALL 诱导治疗的缓解率高，且耐受性良好，对拟进行异基因移植的患者可作为优选的诱导方案。

PO-0402

吉瑞替尼联合化疗一线治疗伴 FLT3 突变的急性髓系白血病（AML）的疗效和安全性

雷雨田、赵晓丽、洪鸣、钱思轩、王帅、朱雨
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 探讨吉瑞替尼联合化疗一线治疗伴 FLT3 突变的急性髓系白血病（FLT3mutAML）的疗效及安全性。

方法 回顾性收集于江苏省人民医院就诊的 16 例初诊 FLT3mutAML 患者的临床资料。3 例采用标准 IA 方案诱导，13 例采用 VA 方案（阿扎胞苷 100mg/m² d1-7，维奈克拉 100mg d1，200mg d2，300mg d3，400mg d4-28）诱导，初诊以 NGS 的方法检出 FLT3-ITD/TKD 突变后立即加用吉瑞替尼 80mg qd 治疗（诱导化疗启动 7 天内）。后续巩固治疗方案包括：体能良好者 Ara-c 2.0g Q12h d1-3 3 至 4 疗程，体能欠佳者采用 VA 方案 6 疗程。后续的巩固治疗中仍持续吉瑞替尼 80mg qd 联合治疗，并在巩固治疗结束后继续吉瑞替尼 80mg qd 单药维持治疗至少 2 年。

结果 16 例患者中男性 12 例，女性 4 例，中位年龄为 52.5（15-76）岁；FLT3-ITD 突变 15 例，FLT3-TKD 突变 1 例。吉瑞替尼联合 IA/VA 方案诱导后一周期 CR/CRi 率为 93.8%（15/16），81.3%（13/16）患者一疗程后达流式 MRD 阴性。巩固治疗期间所有患者均获得流式细胞术 MRD 阴性的 CR，87.5%（14/16）患者获得 NGS 法检测 FLT3 阴性。3 年轻例患者在 CR1 接受异基因造血干细胞移植，无移植后复发。其余 13 例患者未行移植。截至 2024 年 3 月，中位随访 18 个月，2 例患者复发，12 个月总生存率为 69%，无复发生存率为 56%。第一疗程诱导治疗后脱离中性粒细胞缺乏中位时间为 26（15-51）天，血小板恢复（>50×10⁹/L）中位时间为 24（10-68）天。诱导期间 56.3%（9/16）患者发生粒细胞缺乏伴发热，后续治疗期间 18.8%（3/16）患者发生 3 级 QTc 延长，无肿瘤溶解综合征或其他严重脏器不良反应发生。

结论 吉瑞替尼联合化疗一线治疗 FLT3mutAML 具有极高的完全缓解率，缓解程度深，即使在 CR1 未进行异基因移植的人群中也获得了良好的无复发生存。吉瑞替尼在一线治疗中诱导、巩固、维持阶段均表现出良好的耐受性，与常规化疗方案联合并未观察到毒性增加。

PO-0403

伴 t(1;10;5;9;22)5 重染色体易位 CML 患者一例

周静¹、陈祥俊²、郑珊林¹、蒋莉¹、李鸿瑞¹、贺艳丽¹

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 慢粒伴 5 重染色体易位是罕见的变异型易位。为丰富此类异常，加深对此类异常的认识，本文分析一例伴 t(1;10;5;9;22)5 重染色体易位 CML 患者的实验室检查。

方法 对 1 例白细胞增多的 20 岁男性患者的采取其骨髓标本，进行流式免疫分型，G 显带的染色体核型分析及分子生物学检测综合分析。

结果 流式免疫分型结果为髓系增殖，以中性粒细胞为主，伴部分细胞发育异常，请结合临床及分子遗传学等辅助检查综合鉴别 CML 等疾病。骨髓染色体核型分析结果为 46,XY,t(1;10;5;9;22)(q42;q24;q13;q34;q11.2)[20],20 个中期相细胞均为涉及 1 号，10 号，5 号，9 号及 22 号染色体多重断裂产生的易位。分子生物学检测结果为 BCR::ABL1 融合基因 p210 型阳性，JAK2 基因 V617F，JAK2 基因 12 号外显子，CALR 基因 9 号外显子及 MPL W515L/K 基因突变均为阴性。

结论 该患者的细胞遗传学结果为涉及到 1 号，10 号，5 号，9 号及 22 号染色体的 5 重易位，是罕见的变异型易位。关于变异型易位患者的预后，仍存在争议。本例患者的预后情况还有待临床治疗观察及随访。

PO-0404

基于云平台的延续护理对白血病患者阈下抑郁影响的研究

肖韶连、兰大华

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨基于云平台的延续护理对白血病患者阈下抑郁的影响。

方法 采用便利抽样法，选取 2022 年 7 月—2023 年 8 月在我中心化疗的 74 例白血病患者作为研究对象。按照入院时间先后顺序，将 2023 年 2 月—8 月入院的患者作为试验组，2022 年 7 月—2023 年 1 月入院的患者作为对照组，各 37 例。试验组在常规护理基础上实施基于云平台的延续护理，对照组采用常规护理，21 d 为 1 周期，共干预 4 个周期。于干预前、干预后采用阈下抑郁初筛量表-流调中心抑郁量表 (Centre for Epidemiological Studies Depression Scale,CES-D)、汉密尔顿抑郁量表-17(Hamilton Rating Scale for Depression,HAMD-17)、基本心理需求量表 (Basic Psychological Needs Scale,BPNS) 和白血病患者生命质量测定量表 (Functional Assessment of Cancer Therapy-Breast,FACT-B) 评价干预效果。

结果 试验组 34 例、对照组 36 例完成研究。干预后，两组的 CES-D 评分、HAMD-17 评分均较干预前降低 ($P<0.05$)，试验组的 CES-D 评分、HAMD-17 评分均低于对照组，差异有统计学意义 ($t=7.748,P<0.001;t=8.150,P<0.001$)；两组的 BPNS 评分均较干预前提高，试验组的 BPNS 评分明显高于对照组 ($t=-6.534,P<0.001$)；两组的 FACT-B 评分均较干预前提高，试验组的 FACT-B 评分明显高于对照组 ($t=-4.579,P<0.001$)。

结论 基于云平台的延续护理可改善白血病患者阈下抑郁状况，提升其自我决定感和生活质量。

PO-0405

初诊血小板计数与基因突变的关系及对 AML 预后的影响

苏静敏、王少元
福建医科大学附属协和医院

目的 目前急性髓系白血病（AML）的预后分层与治疗策略选择主要是依靠细胞遗传学与分子生物学特征，但一般需要一周以上时间才能得到检测结果。血小板计数可影响实体瘤患者预后，但对初治非急性早幼粒细胞白血病（APL）的 AML 预测价值尚待明确。为探索便捷、快速、有效的 AML 预后预测方法，完善 AML 的分层诊疗，本研究拟探索初诊血小板计数与基因突变关系及其对 AML 预后的影响。

方法 对我院 2017-2019 年 337 例初治 AML（非 APL）患者进行回顾性研究。经 X.Tile 软件分析出初诊血小板计数最佳 Cut-off 值用于分组。采用 Spearman 相关性检验分析初诊血小板计数与 AML 患者基因突变的相关性。采用 Kaplan-Meier 生存分析和 Cox 回归分析血小板计数对 AML 患者总体生存期（OS）和无进展生存（PFS）影响。

结果 不同血小板计数的 AML 患者临床特征不同。初诊血小板计数与 BiCEBPA 基因突变存在显著负相关（ $P<0.05$ ）。初诊骨髓巨核细胞比例与 NPM1、DNMT3A 基因突变存在显著正相关（ $P<0.05$ ）。初诊血小板计数高与更长的 OS 相关（ $P<0.05$ ）。1 疗程缓解率、复发、移植是影响 AML 患者 OS 的独立预后因素（ $P<0.05$ ）；外周血白细胞计数、血红蛋白水平、移植是影响 AML 患者 PFS 的独立预后因素（ $P<0.05$ ）。

结论 AML 患者初诊血小板计数与 BiCEBPA、NPM1、DNMT3A 突变相关；AML 患者初诊血小板计数高提示预后较好。

PO-0406

伴有 t(15;17)(q24;q21)和 t(9;22)(q34;q11.2)的 AML-M3 病例一例

赵晶、李鸿瑞、蒋莉、郑珊林
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 伴有 t(15;17)(q24;q21)和 t(9;22)(q34;q11.2)的 AML-M3 病例一例

方法 对一例 AML-M3 患者的临床资料、骨髓活检、骨髓细胞学、免疫分型、融合基因、细胞遗传学的特征进行分析。

结果 临床资料如下，男，59 岁，WBC $169.21 \times 10^9/L$ ，RBC $2.92 \times 10^{12}/L$ ，HB 83g/L，N 57.1%，L 4.1%，M 32.1%，E 0.6%，B 6.1%，PLT $53 \times 10^9/L$ 。骨髓活检提示造血组织增生极度活跃，间质中纤维组织明显增生；骨髓细胞学符合急性早幼粒细胞白血病（AML-M3）骨髓象；免疫分型提示在 CD45/SSC 点图上设门分析，髓系向原始延伸的分布区域可见异常细胞群体，约占核细胞的 91%，其阳性表达 CD9、CD13、CD33、CD38、CD56、CD58、CD64、CD123、MPO。淋系增殖明显受抑。融合基因筛查定性检测出 BCR/ABL1（p210）融合基因和 PML/RAR α （bcr3）融合基因阳性；骨髓染色体核型分析结果为 46,XY,t(9;22)(q34;q11.2)[12]/47,idem,+8,?(8)(q10) \times 2,t(15;17)(q24;q21)[8]。

结论 t(15;17)(q24;q21)伴 t(9;22)(q34;q11.2)是 AML-M3 中少见的异常，且增加疾病进展风险，综合临床及实验室特征分析，有利于全面评价疾病预后，并为个体化治疗方案提供依据。

PO-0407

一例 ins(17;15)隐匿型急性早幼粒细胞白血病实验室分析

程琳、郑珊林、李鸿瑞、蒋莉
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 一例 ins(17;15)隐匿型急性早幼粒细胞白血病实验室分析

方法 对一例隐匿型急性早幼粒细胞白血病患者的融合基因、免疫分型、细胞遗传学及分子遗传学的特征进行分析

结果 融合基因 PML/RAR α 提示 Bcr3 型阳性 (10.13%)。微小残留可见原始-前体区域细胞约占核细胞的 7.5%，主要表达 HLA-DR、CD9、CD33、CD34、CD117，考虑为免疫表型异常的白血病细胞，提示可见约 7.5% 的异常细胞。染色体核型分析结果为：46,XY,add(7)(q22),ins(17;15)(q21;q11.2q22)[13]/46,XY[12]，提示分析 25 个中期相细胞中 13 个细胞核型存在 7 号染色体长臂附加未知来源片段，15 号染色体部分长臂插入 17 号染色体长臂中。中期相 FISH 结果为：46,XY,add(7)(q22),ins(17;15)(q21;q11.2q22)[4].ish ins(17;15)(q21;q11.2q22) (RARA+,PML+;PML-,RARA+)[4] 46,XY,add(7)(q22),ins(17;15)(q21;q11.2q22)[4].ish 17p13.1(p53 \times 2),17p11.1-q11.1 (CEP17 \times 2) [4]

提示此患者中期相细胞的 PML/RARA 易位探针检测结果为阳性，p53/CEP17 缺失探针未见信号异常，结合骨髓染色体核型分析的结果提示存在 7 号染色体长臂附加未知来源片段，15 号染色体长臂存在 RARA 信号，并且 15 号染色体部分长臂插入 17 号染色体长臂，形成 PML/RARA 融合信号。

结论 对于非典型 APL，可结合融合基因、核型分析、中期相 FISH 等综合评估。对疾病快速诊断、用药方案选择及预后评估具有重要意义。

PO-0408

研究一例 AML 移植后骨髓染色体核型异常患者

葛昱君
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 研究一例 AML 移植后骨髓染色体核型异常患者

方法 对一例 AML 移植后骨髓染色体核型异常患者的骨髓细胞学、流式微小残留、细胞遗传学特征进行分析。

结果 骨髓细胞学结果：急性髓系白血病 (AML) 治疗后，骨髓增生尚活跃，粒系占 48%，红系占 13%，巨核细胞可见，形态上考虑完全缓解。流式微小残留结果：未见免疫表型明显异常的细胞 (残留白血病细胞 $<10^{-4}$)。骨髓染色体核型分析结果：//46,XY,del(20)(q13)[5]/46,XY[15]。

结论 AML 患者移植后骨髓染色体核型异常的极少见，提示供者可能骨髓染色体核型异常。综合实验室特征分析，有助于全面评价疾病预后，并为个体化治疗方案提供实验室依据。

PO-0409

塞来昔布缓解 CAR-T 治疗导致的细胞因子释放综合征机制研究

何秀、李乃农、夏雪梅
福建医科大学附属协和医院

目的 研究塞来昔布对嵌合抗原受体 T 细胞治疗导致的细胞因子释放综合征的缓解作用及其机制，为细胞因子释放征的治疗提供新方法。

方法 使用 CD19 CAR 的慢病毒表达载体感染活化的 T 细胞，在体外和体内评估 CD19 CAR-T 细胞的抗肿瘤功能，构建 CAR-T 抗肿瘤动物模型，研究塞来昔布给药在体内对 CAR-T 抗肿瘤效果及细胞因子水平的影响。使用流式细胞术检测 NSAIDs 对 CAR-T 细胞的杀伤功能影响。PMA 诱导 THP-1 细胞分化成巨噬细胞，体外研究 CAR-T 细胞和肿瘤细胞的共培养上清液对巨噬细胞细胞因子分泌的影响及塞来昔布在该过程中的作用。以 Trizol 法提取经杀伤上清及 NSAIDs 共同作用的巨噬细胞 RNA，进行 RNA 测序，分析塞来昔布减轻 CRS 的机制。

结果 1.制备 CD19 CAR 慢病毒转染 T 细胞效率约 41.3%，在体内外均发挥良好的抗肿瘤活性。2.塞来昔布在抗肿瘤模型中可降低 CAR-T 治疗所致的 CRS 且不影响其体内抗肿瘤活性。3.经塞来昔布作用后的巨噬细胞，细胞因子释放综合征的关键细胞因子 IL-6 水平较对照组明显下降，且 NSAIDs 对巨噬细胞活性没有影响。4.巨噬细胞是 CAR-T 治疗导致 CRS 的主要细胞因子来源，塞来昔布通过下调炎症相关通路基因及活性氧代谢相关基因通路抑制炎症相关基因表达，降低 CAR-T 治疗导致的 CRS

结论 塞来昔布通过下调与炎症及活性氧代谢相关通路，抑制巨噬细胞分泌 CRS 关键细胞因子 IL-6

PO-0410

一例伴 t(4;11)易位的成人急性 B 淋巴细胞白血病患者实验室分析

李锐、蒋莉、郑珊琳
武汉康圣达医学检验中心

目的 研究一例伴 t(4;11)易位的成人急性 B 淋巴细胞白血病患者实验室分析

方法 对一例成人急性 B 淋巴细胞白血病患者细胞形态学、免疫分型、细胞遗传学及分子遗传学的特征进行分析。

结果 临床资料如下，女，61 岁，血常规：白细胞：220.74*10⁹/L；红细胞计数：2.66*10¹²/L；血红蛋白：86g/L；血小板计数：91*10⁹/L；

细胞形态学符合急性白血病（AL）骨髓象，急性淋巴细胞白血病（ALL）可能，骨髓片显示淋巴细胞比例升高，占 97.5%，原始及幼稚淋巴细胞占 96.5%，其特点：胞体略大小不等，核呈圆形或类圆形，染色质细致，核仁 1 到 3 枚，胞浆少量，浆染蓝色。血片：原始及幼稚淋巴细胞占 87%（形态同骨髓描述）。免疫分型原始细胞分布区域可见异常细胞群体，约占核细胞的 90%，其阳性表达 HLA-DR、CD15、CD19、CD22、CD38、CD58、CD123、CD200、cCD79a，少量表达 TdT。髓系增殖明显受抑。提示：异常 B 淋巴细胞增殖，B-ALL 可能。染色体核型分析结果为 46, XX,t(4;11)(q21;q23)[5]/46, XX[4]，提示 9 个中期相细胞中存在 5 个细胞 4 号和 11 号染色体的易位。43 种融合基因筛查提示 KMT2A::AFF1 融合基因阳性。

结论 伴 t(4;11)易位的成人急性 B 淋巴细胞白血病患者，综合实验室特征分析，按成人急性 B 淋巴细胞白血病的细胞遗传学预后分组（NCCN 2021）：预后不良（参考《中国成人急性淋巴细胞白血病诊断与治疗指南（2021 年版）》），为个体化治疗方案提供实验室依据。

PO-0411

一例伴 t(9; 11)易位的 ph 遮蔽型慢性粒细胞白血病患者实验室分析

兰燕、李鸿瑞 蒋莉 郑珊林
武汉康圣达医学检验中心

目的 研究一例伴 t(9; 11)易位 ph 遮蔽型慢性粒细胞白血病患者实验室分析

方法 对一例患者慢性粒细胞白血病患者细胞形态学、免疫分型、细胞遗传学及分子遗传学的特征进行分析。

结果 临床资料如下，外周血 WBC $45.08 \times 10^9/L$ ，RBC $1.96 \times 10^{12}/L$ ，HB 68g/L，PLT $47 \times 10^9/L$ ，原始细胞 70%。细胞形态学符合慢性粒细胞白血病诊断，骨髓片提示粒系比值减低，占 4.5%，早幼粒及以下阶段细胞均可见。原始髓系细胞占 88%，形态为：胞体大小不等，胞核呈圆形或类圆形，可见凹陷，核染色质较细致，核仁 1 至数枚，胞浆量中等，染灰蓝色，部分细胞可见颗粒，少数可见空泡；免疫分型髓系向原始延伸的分布区域可见异常细胞群体，约占核细胞的 95.5%，其阳性表达 MPO、CD9、CD13、CD15、CD33、CD38、CD58、CD64、CD117、CD123，淋系增殖明显受抑；染色体核型分析结果为 $46,XX,t(9;11)(p21;q23)[20]$ ，提示 20 个中期相细胞核型均存在 9 号和 11 号染色体易位；43 种融合基因筛查提示检测出 KMT2A::MLL3 融合基因和 BCR::ABL1(p210)融合基因阳性，BCR-ABL1 P210 型融合基因定量检测为 73.96%。同时检测到 ABL1 激酶发生 T315I 突变，出现 T315 突变，提示普纳替尼耐药。

结论 伴 t(9; 11)易位 ph 遮蔽型慢性粒细胞白血病为罕见病例，综合实验室特征分析，有助于全面评价疾病预后，并为个体化治疗方案提供实验室依据。

PO-0412

PML/RAR α -FISH 伴 ider(17)(q10)t(15;17)的急性早幼粒细胞白血病

刘旭强、蒋莉、李鸿瑞
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 PML/RAR α -FISH 伴 ider(17)(q10)t(15;17)的急性早幼粒细胞白血病的信号分析。

方法 采用 FISH 技术，结合骨髓染色体核型分析、免疫分型、融合基因筛查、骨髓细胞学，对间期细胞核内 PML/RAR α 信号模式进行研究分析。

结果 临床资料如下，女，28 岁，临床诊断怀疑 APL，骨髓染色体核型结果为 $46,XX,der(15)t(15;17)(q22;q21),ider(17)(q10)t(15;17)[20]$ 。免疫分型结果为主要表达 HLA-DR、CD9、CD13、CD33、CD38、CD58、CD64、CD117、CD123、MPO，提示急性髓系细胞白血病鉴别 AML-M3 等亚型。融合基因筛查结果为检测出 PML/RAR α (bcr1) 融合基因阳性。骨髓细胞学结果为考虑急性早幼粒细胞白血病 (AML-M3) 骨髓象。同时荧光原位杂交 (FISH) 检测到 PML/RAR α 易位探针可见非典型融合信号，信号模式为 nuc ish(PML,RAR α) $\times 4$ (PML con RAR $\alpha \times 3$)[348/400]。

结论 关于 ider(17)(q10)t(15;17)这种变异易位，它是急性早幼粒细胞白血病中一种较少见的染色体异常，是由 15 号和 17 号染色体易位后的 17 号染色体长臂等臂形成的衍生 17 号染色体，从而导致 FISH 结果中出现 1 红 1 绿 3 融合的信号模式。临床上患者对全反式维甲酸(all-trans retinoic acid, ATRA)联合化疗有效。

PO-0413

QuANTUM-First Trial: FMS-like Tyrosine Kinase 3-Internal Tandem Duplication (FLT3-ITD)-Specific Measurable Residual Disease (MRD) Clearance Assessed Through Induction and Consolidation Is Associated with Improved Overall Survival (OS) in Newly Diagnosed (ND) FLT3-ITD+ AML Patients (pts)

Jianxiang Wang¹, Alexander E Perl², Harry P Erba³, Pau Montesinos⁴, Radovan Vrhovac⁵, Elżbieta Patkowska⁶, Hee-Je Kim⁷, Pavel Zak⁸, Po-Nan Wang⁹, Jaime E Connolly Rohrbach¹⁰, Ken CN Chang¹⁰, Li Liu¹⁰, Yasser Mostafa Kamel¹⁰, Karima Imadalou Imadalou¹⁰, Arnaud Lesegretain¹⁰, Jorge Cortes¹¹, Mikkael A Sekeres¹², Hervé Dombret¹³, Sergio Amadori¹⁴, Richard F Schlenk¹⁵, Mark J Levis¹⁶

1. Blood Disease Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences
2. University of Pennsylvania, Philadelphia, PA, USA
3. Duke Cancer Institute, Durham, NC, USA
4. La Fe University and Polytechnic Hospital, Valencia, Spain
5. University Hospital Centre Zagreb, Zagreb, Croatia
6. Institute of Hematology and Blood Transfusion, Warsaw, Poland
7. Catholic Hematology Hospital, Seoul St. Mary's Hospital, College of Medicine, The Catholic University of Korea, Seoul, South Korea
8. University Hospital Hradec Kralove, Hradec Kralove, Czechia
9. Chang Gung Medical Foundation, Linkou, Taiwan
10. Daiichi Sankyo, Basking Ridge, NJ, USA
11. Georgia Cancer Center at Augusta University, Augusta, GA, USA
12. Sylvester Cancer Center, University of Miami Health System, Miami, FL, USA
13. Saint Louis Hospital, University of Paris, Paris, France
14. Tor Vergata Polyclinic Hospital Rome, Rome, Italy
15. National Center of Tumor Diseases Trial Center, German Cancer Research Center and Department of Internal Medicine V, Heidelberg University Hospital, Heidelberg, Germany
16. Johns Hopkins University, Baltimore, MD, USA

Objective FLT3-ITD is among the most common mutations in AML but has not historically been routinely assessed in patients in remission due to limitations of conventional detection methods. In the phase 3 QuANTUM-First trial, quizartinib, a type-II FLT3 inhibitor, significantly improved OS vs placebo when added to intensive chemotherapy and as maintenance monotherapy in patients with FLT3-ITD+ ND-AML. We analyzed the impact of FLT3-ITD-specific MRD on clinical outcomes in QuANTUM-First.

Methods Genomic DNA from BM or PB in patients with remission after 1-2 courses of induction and at end of consolidation (prior to transplant [HCT] or continuation for HCT patients and prior to continuation for non-HCT patients) was analyzed with a FLT3-ITD PCR-NGS assay. ITD mutations after induction were cross-validated against ITDs at enrollment; ITD variant allele frequencies (VAFs) were calculated with a sensitivity of $\sim 10^{-5}$ and MRD was classified as undetectable below a 0 cutoff or as MRD- using a predefined 10^{-4} cutoff. Composite CR (CRc; CR+CRi) rates by MRD status during induction were compared between arms by stratified CMH test. ITD VAFs during induction and consolidation were compared between arms by Wilcoxon rank sum test. Nominal P-values were not adjusted for multiplicity.

Results 539 patients were randomized to quizartinib (n=268) or placebo (n=271); 368 patients (68.3%) achieved CRc after induction and MRD analysis was performed on 321 (87.2%) of these patients (quizartinib, n=162; placebo, n=159) during induction response assessments. MRD was also assessed in 337 patients (quizartinib, n=172; placebo, n=165) at end of consolidation prior to continuation; of these, 166 (n=87 and n=79, respectively) received HCT. The proportion of patients in CRc at end of induction with ITD MRD $< 10^{-4}$ was similar between arms (quizartinib 25.4% vs placebo 21.8%; P=0.3430), but a greater proportion of patients had CRc with undetectable MRD (0 cutoff) with quizartinib vs placebo (12.3% vs 7.0%; P=0.0403). For patients

with CRc at end of induction, the median best ITD VAF by end of consolidation was lower with quizartinib vs placebo (0% vs 0.0017%; $P=0.0006$). Using the 0 ITD VAF cutoff at end of induction, a longer OS was observed with quizartinib vs placebo regardless of MRD status (HR: 0.79 in MRD-, 0.75 in MRD+). In MRD+ patients, median OS was not reached with quizartinib and 35.4 months with placebo. Results were similar using an MRD- cutoff of 10^{-4} .

Conclusion These findings demonstrate the prognostic utility of ITD-specific MRD measurements in the management of patients with FLT3-ITD+ AML, and suggest that long-term OS benefits with quizartinib derive in part from a deep and sustained reduction of FLT3-ITD.

PO-0414

QuANTUM-First: Safety by Treatment Phase and by Age in Newly Diagnosed (nd) Patients with FMS-Like Tyrosine Kinase 3-Internal Tandem Duplication (FLT3-ITD) Positive Acute Myeloid Leukemia (AML)

Sujun Gao¹, Harry P Erba², Hervé Dombret³, Alexander E Perl⁴, Tsvetomir Mitov⁵, Li Liu⁶, Kamel Yasser Mostafa⁶, Karima Imadalou⁶, Youngsook Choi⁷, Mark J Levis⁸, Richard F Schlenk⁹

1. Department of Hematology, the First Hospital, Jilin University

2. Duke Cancer Institute, Durham, NC, USA

3. Saint Louis Hospital, University of Paris, Paris, France

4. University of Pennsylvania, Philadelphia, PA, USA

5. Daiichi Sankyo, London, UK

6. Daiichi Sankyo, Basking Ridge, NJ, USA

7. Daiichi Sankyo, Munich, Germany

8. Johns Hopkins University, Baltimore, MD, USA

9. National Center of Tumor Diseases Trial Center, German Cancer Research Center and Department of Internal Medicine V, Heidelberg University Hospital, Heidelberg, Germany

Objective In the phase 3 QuANTUM-First trial, quizartinib significantly improved overall survival (OS) vs placebo when added to intensive chemotherapy and as maintenance monotherapy in patients with FLT3-ITD+ ND-AML. We describe quizartinib safety by treatment phase (Induction, Consolidation, Continuation) and patient age (<60, 60-64, ≥65 years) in QuANTUM-First.

Methods

Patients aged 18-75 years were randomized 1:1 to quizartinib 40 mg/day or placebo with standard induction chemotherapy; patients in remission then received consolidation chemotherapy in combination with quizartinib (40 mg/day) or placebo, followed by monotherapy continuation with quizartinib (30-60 mg/day) or placebo for up to 36 cycles. Safety was evaluated in patients who received study drug.

Results In both arms, median treatment durations were 2 weeks in Induction, 4 weeks in Consolidation, and 1.3 years in Continuation. Treatment-emergent adverse event (TEAE) rates were similar between arms in Induction & Consolidation (Induction [quizartinib/placebo]: 98.1%/97.4%; Consolidation: 92.5%/91.4%); grade ≥3 TEAEs were more common with quizartinib in Continuation (quizartinib/placebo, 78.4%/57.6%). Common TEAEs were GI events, infections, hypokalemia, pyrexia, febrile neutropenia, and rash in Induction & Consolidation; and upper respiratory tract infections, GI events, cytopenias and increased ALT in Continuation. In Induction & Consolidation, most patients in both arms had myelosuppression (median <4 weeks to recovery); in Continuation, more patients had myelosuppression with quizartinib. ECG QT prolongation was more common with quizartinib in all phases (QT interval corrected using Fridericia's formula [QTcF] >450 ms [quizartinib/placebo]: Induction: 23.0%/11.9%; Consolidation: 22.5%/7.4%; Continuation: 26.7%/15.2%). Rate of QTcF prolongation of >500 ms was low and only seen in Induction & Consolidation (Induction [quizartinib/placebo]: 0.8%/0.7%; Consolidation: 2.3%/0%). Ventricular arrhythmias were rare with quizartinib (2 patients [0.8%] had cardiac

arrest/ventricular fibrillation with severe hypokalemia). Infections were the most common serious TEAEs (SAEs). TEAEs leading to death were numerically higher with quizartinib in Induction & Consolidation, mainly due to infections in older patients, but lower with quizartinib in Continuation. TEAEs leading to discontinuation were higher with quizartinib vs placebo (Induction [quizartinib/placebo]: 9.8%/4.1%; Consolidation: 5.8%/2.9%; Continuation: 15.5%/7.6%). TEAEs leading to discontinuation of quizartinib were mostly infections in Induction & Consolidation and cytopenias in Continuation.

SAEs and TEAEs leading to death or discontinuation were more common in older patients (≥ 65 years [$n=134$]) vs younger patients (<60 or 60-64 years [$n=399$]). Infections in the elderly were most commonly severe, serious, or fatal TEAEs and a main cause of early death. With quizartinib, cytopenias were more common in younger patients, QT prolonged was highest in the 60-64 years group, and GI AEs were more common in older patients with quizartinib. QTcF >500 ms occurred mainly with quizartinib in patients aged 60-64 years (<60 years [quizartinib/placebo]: 0.6%/0%; 60-64 years: 10.8%/0%; ≥ 65 years: 1.4%/3.1%).

Conclusion In Q-F, quizartinib-associated infections and cytopenias were observed across phases; QTcF >500 ms was rare. Patients aged ≥ 65 years had more SAEs and TEAEs leading to death or discontinuation, vs younger patients. The safety profile of quizartinib across the different treatment phases and age subgroups supports an overall positive benefit/risk.

PO-0415

Kinetics of Complete Remission (CR) and CR Duration with Quizartinib and Its Impact on Overall Survival (OS) and Event-Free Survival (EFS) in Patients with FLT3-ITD+ Newly Diagnosed Acute Myeloid Leukemia (ND-AML) in QuANTUM-First

Hao Jiang¹, Pau Montesinos², Alexander E Perl³, Mikkael A Sekeres⁴, Li Liu⁵, Yasser Mostafa Kamel⁵, Karima Imadalou⁵, Richard F Schlenk⁶, Harry P Erba⁷, Hervé Dombret⁸

1. Peking University People's Hospital

2. Hospital Universitari i Politècnic La Fe, Valencia, Spain

3. University of Pennsylvania, Philadelphia, PA, USA

4. Sylvester Cancer Center, University of Miami Health System, Miami, FL, USA

5. Daiichi Sankyo, Basking Ridge, NJ, USA

6. National Center of Tumor Diseases Trial Center, German Cancer Research Center, Department of Internal Medicine V, Heidelberg University Hospital, Heidelberg, Germany

7. Duke Cancer Institute, Durham, NC, USA

8. Saint Louis Hospital, University of Paris, Paris, France

Objective The phase 3 QuANTUM-First study (NCT02668653) demonstrated that in patients with FLT3-ITD+ ND-AML, the addition of quizartinib, an oral, type-II FLT3 inhibitor, to standard chemotherapy \pm allogeneic transplantation (allo-HCT), followed by continuation monotherapy for up to 3 years, decreased risk of death by 22.4% vs placebo (PMID: 37116523). We assessed the impact of duration of CR (DOCR) on OS and EFS, and kinetics of CR achievement over time after induction.

Methods Eligible patients were randomized 1:1 to receive standard induction chemotherapy plus either quizartinib (40mg/day) or placebo. Patients who achieved CR or CR with incomplete hematologic recovery (CRi) received consolidation with ≤ 4 cycles of high-dose cytarabine plus quizartinib (40mg/day) or placebo and/or allo-HCT (quizartinib/placebo not given during allo-HCT), followed by up to 36 cycles (~ 3 years) of continuation monotherapy with quizartinib (30-60mg/day) or placebo. OS was the primary endpoint, EFS, CR and CRc (CR+CRi) rates were secondary

endpoints, DOCR was an exploratory endpoint. The impact of DOCR on OS was analyzed by extended Cox regression model.

Results Of 539 patients (quizartinib/placebo, n=268/271), 297 achieved CR (quizartinib/placebo, n=147/150). Among 533 treated patients, 20% had 2 induction cycles. Baseline characteristics in CR patients were balanced between arms: quizartinib/placebo median age, 56.0/55.5 years; female, 55.8%/60.0%; ECOG PS ≥ 1 , 64.6%/63.3%; NPM1^{mut}, 66.7%/64.7%; CEBPA^{mut}, 25.9%/23.3%; FLT3 variant allele frequency $>25\%$, 68.7%/66.7%; WBC at diagnosis $\geq 40 \times 10^9/L$, 55.8%/49.3%. Median OS in CR patients was not reached (95%CI, 48.6 months-NE) with quizartinib vs 35.4 (15.1-NE) months with placebo (HR 0.572 [95%CI, 0.400-0.816]). CR rate was 55% in each arms; median DOCR was longer with quizartinib vs placebo (38.6 vs 12.4 months; HR 0.621 [95%CI, 0.451-0.857]). DOCR was a strongly predictive covariate for OS (HR 0.156 [95%CI, 0.113-0.216]; nominal $P < 0.0001$). HR for quizartinib vs placebo effect on OS in a model with time-dependent covariate DOCR status was higher (HR 0.851 [95%CI, 0.672-1.076]) vs primary OS analysis HR (0.776 [0.615-0.979]). EFS favored quizartinib over placebo when induction treatment failure (ITF) was defined as not achieving CRc or CR by the end of induction up to day (D) 56 from the last induction cycle, with HRs of 0.729 (0.592-0.897; $P=0.0031$) and 0.818 (0.669-0.999; $P=0.032$), respectively. EFS was similar between arms when ITF was defined per FDA guidance as not achieving CR by D42 from start of last induction cycle (HR 0.916 [0.754–1.114]; $P=0.24$). Between D42 and end of induction, 51 patients achieved CR (quizartinib/placebo, n=33/18) and considered as ITFs with events on D1 in primary EFS analysis. Among them, 9 (quizartinib/placebo, n=5/4) had CRi by D42 and became CR after D42 in the induction phase.

Conclusion In QuANTUM-First, the longer DOCR most likely contributed to the OS advantage with quizartinib vs placebo; there was a delay in CR achievement with quizartinib, and an EFS advantage was shown with quizartinib when ITF was defined as not achieving CRc/CR between end of induction and D56.

PO-0416

A pediatric T-ALL patient with NUP214::ABL1 fusion gene accompanied by CDKN2A/B deletion: the reflections on the timing of TKI administration

Jiang Zhu, Xiangjun Chen, Cong Lu, Juan Li, Wen Du, Shi'ang Huang, Xiaoqing Li, Jin'e Zheng, Yanli He
Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective This study aimed at exploring the timing of targeted therapy of T-ALL patients characterized by concomitant NUP214::ABL1 and CDKN2A/B deletion.

Methods A 6-year-old boy of T-ALL detected positive NUP214::ABL1 fusion gene and CDKN2A/B deletion. Morphology, immunology, cytogenetics, and molecular biology were used for monitoring throughout the treatment.

Results After induction chemotherapy, the patient attained complete remission (CR) on day 46 with MRD under 0.01%, along with the negative of NUP214::ABL1 fusion gene and CDKN2A/B deletion. He had an early relapse in bone marrow on the second maintenance chemotherapy in the week of 62 after CR. Given that the NUP214::ABL1 recurred, he received dasatinib combined with conventional chemotherapy, but the outcome was dissatisfactory. His guardian abandoned therapy about one month later at the diagnosis of relapse.

Conclusion Early initiation of TKI treatment may be a promising option for T-ALL patients with NUP214::ABL1 fusion gene accompanied by CDKN2A/B deletion. Further studies and more clinical experience are required to elucidate TKI's role in these patients.

PO-0417

巩固化疗间隔期对急性髓系白血病复发的影响及其预后因素分析

苏文娜

福建医科大学附属协和医院

目的 本研究目的是比较巩固化疗平均间隔期对诱导化疗后获得 CR 的急性髓系白血病（非 M3）患者复发率的影响以及探索其预后因素。

方法 收集并随访我院 2019 年 10 月至 2022 年 10 月接受诱导化疗获得 CR 并进入巩固化疗的 194 例新诊断的急性髓系白血病（非 M3）患者的临床资料。回顾性分析巩固化疗平均间隔期（Mean interval of consolidation therapy, CTMI）、巩固化疗方案、2022 年 ELN 预后分层、基因突变等对患者复发率、生存率、无进展生存时间（Progression-free survival, PFS）与总生存时间（Overall survival, OS）的影响。采用 SPSS26.0 及 R4.2.2 统计学软件进行统计分析。CTMI 作为连续变量进行分析，使用限制性立方样条（Restricted cubic spline, RCS）进行回归分段取得相应截断值。采用 Mann-Whitney U 或 Kruskal-Wallis 检验根据基线特征比较 CTMI，组间比较采用卡方检验，采用 logistics 回归分析法分析复发因素，用 Kaplan-Meier 方法绘制生存曲线，将 Log-rank 检验后 $P < 0.05$ 的因素纳入 COX 回归分析模型进行多因素分析。

结果 通过分析表明巩固化疗平均间隔期与复发率无显著相关性（ $P < 0.05$ ）。MRD 未转阴和 ELN 危险分层（预后不良）是 AML 复发的独立危险因素 LDH（乳酸脱氢酶） > 245 IU/L、MRD 未转阴、ELN 危险分层（预后不良）是影响 AML 患者 PFS 的独立预后因素。CR 后合并严重不良反应、ELN 危险分层（预后不良）、LDH > 245 IU/L、复发是影响 AML 患者 OS 的独立预后因素。

结论 巩固化疗间隔期延长对 AML 复发及预后没有影响，或其影响较小可被其他因素抵消，如 ELN 危险分层、MRD 情况、合并有严重不良反应等，故待患者状态恢复后行下一周期化疗似乎是可行的。

PO-0418

低、中危 AML-CR1 患者行异基因造血干细胞移植的预后分析

陈娉婷、吴勇

福建医科大学附属协和医院

目的 对于低危及中危患者，《2022ELN 指南》并未推荐 Allo-HSCT 作为一线治疗方案。本研究旨在探究低、中危成人 AML 患者首次完全缓解（CR1）后是否序贯 Allo-HSCT 及相关预后分析。

方法 收集本院 2019 年 1 月至 2022 年 1 月就诊的初治低、中危 AML-CR1 患者（除 APL）的临床资料，随访截止至 2023 年 8 月。根据 CR1 后治疗方法分为移植组与非移植组，比较两组总生存期（OS）、无病生存期（DFS）、无复发生存期（PFS）、累计复发率（CIR）等预后指标；运用 Cox 比例风险回归模型及二元 Logistic 回归模型分析相关预后因素。

结果 1. 将 232 例低、中危 AML-CR1 患者分为移植组（ $n = 67$ ；低危 $n = 27$ ，中危 $n = 40$ ）与非移植组（ $n = 165$ ；低危 $n = 77$ ，中危 $n = 88$ ）。比较二者生存及预后情况得出：移植组患者 OS、DFS、PFS 相较非移植组均显著延长（ $P < 0.001$ ）；移植组患者的 CIR 相较非移植组患者低，（HR=0.153, 95%CI: 0.098-0.238, $P < 0.001$ ）。将 67 例接受 Allo-HSCT 患者，分为低危组（ $n = 27$ ）与中危组（ $n = 40$ ），两组 NRM 均较低，（低危 vs 中危：4.2% vs 5.3%）。

2. 运用 Cox 回归模型分析得出移植与否、AML 分型、危险分层、初始骨髓原始细胞计数（%）、KIT 突变阳性是低、中危 AML-CR1 患者 OS 的独立危险因素；移植与否、AML 分型、危险分层、TET2 突变阳性、KIT 突变阳性是 DFS、PFS 的独立危险因素。

结论 低危及中危成人 AML 患者在达到 CR1 后, 相较于维持化疗等其他治疗方法, 选择异基因造血干细胞移植 (Allo-HSCT) 进行缓解后巩固维持治疗对其生存预后有明显提升。

PO-0419

Identifies CD99+/CD69+ Cell Population Relevant to AML Disease Progression

Ruiting Wen¹, Juan Xia², Jingping Zhang¹, Guocai Wu¹, Zhanghui Chen¹, Zhigang Yang¹

1. Central People's Hospital of Zhanjiang

2. Affiliated Hospital of Guangdong Medical University

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is a heterogeneous disease in a complex microenvironment, which complicates efforts to understand how different cell types affect disease genesis and prognosis. Single-cell RNA-sequencing (scRNA-seq) has revealed AML transcriptionally heterogeneous, but the relationship between heterogeneity and the prognosis and clinical curative effect is unclear. Moreover, very few of the studies described the detailed dynamics of AML cells and the common hierarchy among health donors, pre- and post-treatment patients.

Methods scRNA-seq comparing differentially expressed genes and the dynamics of the peripheral blood cell composition in newly diagnosed AML (N-AML), after a course of chemotherapy (T-AML), and healthy donors. The marker and differentially expressed genes which were identified in scRNA-seq data analysis were verified in clinical specimens by flow cytometry, confocal microscopy experiment and quantitative real-time PCR.

Results In the present study, we combined scRNA-seq and genotyping to profile 81014 cells of peripheral blood from 10 samples, including six AML samples and four healthy donors. Lower percentages of lymphocytes and more abundant and heterogeneous variation of AML cell types were observed in newly diagnosed AML, which was relieved after chemotherapy. Re-clustering of myeloid cells revealed the cell type compositions of leukemia-related cells were associated with the AML prognosis, especially expression of CD69+CD99+ cells were abundant in progenitor-like cells. Pseudotime analysis showed a cell transition trajectory of leukemia cells distinct from mature monocytes, while CD69+CD99+ cells were in the early stages of differentiation with upregulation of stem cell and leukemia-associated pathways. Flow cytometry and confocal microscopy experiment showed the proportion of CD99+CD69+ cells were increased in N-AML and relapse AML patients, and decreased significantly when these patients achieved complete response. Additionally, the expression of CD99+CD69+ cells were also positively correlated with the risk stratification and the percent of CD34+ cells in N-AML patients. The mRNA expression of CYTL1, SPINK2, PRSS57, CLEC11A, SOX4 were significantly upregulated in AML patients.

Conclusion The expression of CD69+CD99+ cells in peripheral blood of AML patients is related to clinical curative effect and prognosis, and CD69+CD99+ may be a new surface marker of leukemia stem cells. CYTL1, SPINK2, PRSS57, CLEC11A, SOX4 may be the intervention targets of AML. We for the first time revealed the relationship between AML heterogeneity and clinical efficacy and prognosis at the single cell level, which paved the way for in-depth understanding of the complex microenvironment of AML.

PO-0420

一例 t(3;21)复杂核型的骨髓纤维化 (PMF) 继发急性白血病患者实验室分析

李慧玲¹、陈祥俊²、李鸿瑞¹、蒋莉¹、郑珊林¹、邱学奎¹、刘建拓¹、张海琴¹、贺艳丽²

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 一例 t(3;21)复杂核型的骨髓纤维化 (PMF) 继发急性白血病患者实验室特征进行分析

方法 对一例骨髓纤维化 (PMF) 继发急性白血病患者细胞形态学、免疫分型、细胞遗传学及分子遗传学的特征进行分析。

结果 外周血细胞形态显示原始细胞比例占 27%，成熟红细胞大小略不等，有中空，可见椭圆形红细胞，偶见泪滴形红细胞。骨髓片提示骨髓增生减低，原始细胞比例占 13.5%(外周血占 27%)，巨核细胞未见，考虑外周血急性白血病(AL)骨髓象，倾向髓系。免疫分型提示急性髓系细胞白血病 (AML)。染色体核型结果为 45 ~ 47,XY,t(3;21)(q26;q22),del(7)(q22),del(11)(q21),?del(13)(q12q21),+mar[cp20]，提示为多种染色体畸变的复杂核型。白血病 43 种融合基因筛查定性检测出 AML1/MDS1 融合基因阳性，JAK2 V617F 突变定性检测为阳性。未检测到 JAK2 基因 12 号外显子突变，未检测到 CALR 基因 9 号外显子发生变异，MPL W515L/K 基因突变定性检测为阴性。髓系血液疾病 248 种基因突变分析该样本 CBL 基因上检测到一个剪切位点突变:c.1228-2A>G(杂合, 突变频率 80%)，JAK2 基因上检测到一个错义突变:c.1849G>T(p.Val617Phe)(杂合, 突变频率 38.1%)，两处突变通过验证被确认为此样本的体细胞获得性突变，与髓系血液疾病相关的致病性改变。

结论 骨髓纤维化 (PMF) 继发急性白血病患者出现 t(3;21)(q26;q22)提示预后不良，生存率低，同时本例患者核型为复杂核型，增加了疾病进展的风险，综合实验室特征分析,有助于全面评价疾病预后,并为个体化治疗方案提供实验室依据。

PO-0421

一例伴 t(4;11)和 inv(16)的急性髓系细胞白血病患者实验室分析

吴珍、李鸿瑞 蒋莉 郑珊林

武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 研究一例伴 t(4;11)和 inv(16)的急性髓系细胞白血病患者实验室分析

方法 对一例儿童急性髓系细胞白血病患者免疫分型、细胞遗传学及分子遗传学的特征进行分析。

结果 免疫分型符合急性髓系细胞白血病 (AML) 免疫表型,原始细胞分布区域可见异常细胞群体,约占有核细胞的 23%，其阳性表达 CD13、CD33、CD34、CD38、CD58、CD117、CD123、MPO。染色体核型分析结果为 46,XX,t(4;11)(q21;q23),inv(16)(p13q22),i(17)(q10)[17]/46,XX[3]，提示分析 20 个中期相细胞，其中 17 个细胞核型存在 4 号和 11 号染色体易位，16 号染色体臂间倒位，17 号染色体长臂等臂。荧光原位杂交 (FISH) 提示可能存在 p53 位点缺失 (63%)。急性早幼粒细胞白血病融合基因筛查未检测出相关基因。儿童血液肿瘤全转录组测序分析提示 FUS::SLC7A5 和 ZNF259::chr4 融合基因阳性。

结论 伴 t(4;11)和 inv(16)的儿童急性髓系细胞白血病是一种少见的两种染色体易位同时存在的罕见异常，综合实验室特征分析，有助于全面评价疾病预后，并为个体化治疗方案提供实验室依据。

PO-0422

Identification and validation of a prognostic risk-scoring model for AML based on m7G-associated gene clustering

Ruiting Wen, Chiyi Zhang, Guocai Wu, Yunmiao Guo, Zhigang Yang
Department of Hematology, Central People's Hospital of Zhanjiang

Objective New evidence demonstrates that 7-methylguanosine (m7G) methylation modifications play an important role in acute myeloid leukemia (AML), while the exact role of m7G-related genes in the prognosis of AML remains unclear. We will identify and validate a prognostic risk-scoring model for AML based on m7G-associated gene clustering.

Methods Gene expression profiles of AML cases and corresponding clinical information were obtained from public databases. Patients in the TCGA cohort were well classified into three clusters based on m7G-related genes. WGCNA identified the characteristic gene modules of the clusters. Furthermore, univariate COX and LASSO regression analyses were applied to select prognosis-related genes to construct a prognostic risk score model. Kaplan-Meier curves and subject operating characteristic curves were used for survival analysis.

Results A prognostic risk score model was constructed with CBR1, CCDC102A, LGALS1, RD3L, SLC29A2 and TWIST1 as the characteristic genes. AML patients could be divided into high-risk and low-risk groups, and the survival rate of patients in the low-risk group was higher. In the training set, the area under the curve values at 1, 3 and 5 years were 0.871, 0.874 and 0.951, respectively, showing good prediction. Different histograms combining clinical factors and prognostic risk score models were constructed to estimate individual survival better. Further analysis showed that the risk score was associated with immune infiltration.

Conclusion A new prognostic scoring model with CRB1, CCDC102A, LGALS1, SLC29A2, RD3L and TWIST1 as the feature genes was developed to predict the prognosis of AML. This scoring model and key risk genes could provide potential prognostic biomarkers for AML patients.

PO-0423

Clinical and molecular characteristics of acute myeloid leukemia and the dismal prognosis of TP53 mutations in a real-world setting

Hong Liu

Department of Hematology, The Affiliated Huaian No.1 People's Hospital of Nanjing Medical University

Objective This study aimed to evaluate the incidence and prognostic significance of common cytogenetic and molecular abnormalities in patients with TP53-mutated and nonTP53-mutated acute myeloid leukemia (AML).

Methods We retrospectively analyzed the clinical data of 326 patients with newly diagnosed AML hospitalized in our institution between October 2015 and June 2021. Classification variables were reported as percentages and compared by χ^2 tests. Survival rates were evaluated by the Kaplan-Meier method.

Results The incidence of TP53 mutations in AML patients in this clinic was 9.8%, of whom 87.5% patients were over 50 years old. The common concurrent mutations of TP53 were DNMT3A, IDH2, NRAS and TET2. Patients with a TP53 variant allele frequency (VAF) \leq 40% had better overall survival (OS) than patients with a VAF $>$ 40%. Compared with non-TP53-mutated patients, significantly more TP53-mutated patients were gene-fusion negative, +mar, -7/del (7q), -5/del (5q), -17/17p-, -12/12p-, incomplete (inc) karyotype, or complex karyotype (CK), and had FLT3-ITD or IDH2 mutations, as well as a lower complete remission (CR) rate (31.3%) and higher

recurrence rate (80.0%). The 2-year OS rates of TP53-mutated and non-TP53-mutated patients were 18.8% and 47.3%, respectively ($P < 0.001$). Univariate analysis showed that non-TP53-mutated patients with MLL family gene fusion, +mar or - 17/ 17p - karyotype, and FLT3-ITD mutations had a poor prognosis, while t(8; 21) karyotype was associated with a better prognosis. TP53-mutated patients with - 7/del (7q) or - 5/del (5q) karyotype had a poor prognosis.

Conclusion The cytogenetic and molecular landscapes differed between TP53-mutated and non-TP53-mutated patients, and some abnormalities had different values between them.

PO-0424

AHNAK 基因高表达与老年急性髓系白血病患者预后不良相关

杜鑫¹、刘霞霞²、张恬波¹、张夏林³、杨林花⁴、张睿娟¹

1. 山西医科大学第三医院
2. 临汾市中心医院
3. 山西白求恩医院
4. 山西医科大学第二医院

目的 基于单细胞 RNA 测序 (scRNA-seq) 筛选老年急性髓系白血病 (AML) 造血干细胞 (HSCs) 中的关键基因, 分析其对预后的影响。

方法 对 3 例初诊老年 AML 患者骨髓细胞进行 scRNA-seq, 采用 UMAP 聚类确定骨髓细胞类型。进一步根据 CNV 分析、干性分析、拟时序分析、差异表达基因分析和富集分析揭示 HSCs 亚群的特点, 筛选差异表达基因。通过 GEPIA2 在线工具和 RT-qPCR 对筛选出的关键基因表达进行临床验证。

结果 3 例老年 AML 患者的骨髓细胞识别出 11 类细胞, 其中 HSCs 比例差异较大; 重新聚类 HSCs, 得到 5 个 HSCs 亚群。HSCs_2 和 4 在细胞命运 2 (Fate2) 分支, CNV 评分较高, 且富集通路类似, 因此归为一组, HSCs_1、3 和 5 归为另一组; 差异表达基因分析结果显示 MALAT1、AHNAK、DMXL2 和 ATP8B4 基因差异显著。GEPIA2 在线工具分析结果显示 MALAT1、AHNAK 和 ATP8B4 基因在 AML 患者中高表达, 与健康人有显著差异 ($p < 0.05$), DMXL2 基因表达在 AML 患者和健康人中无统计学意义; 生存分析显示 AHNAK 高表达的老年 AML 患者生存率低。RT-qPCR 结果显示 AHNAK mRNA 在老年 AML 患者中的表达显著高于年轻 AML 患者 ($P < 0.05$) 和健康人 ($P < 0.05$), DMXL2 mRNA 水平在老年 AML 患者中的表达低于健康对照组 ($P < 0.05$), MALAT1 和 ATP8B4 mRNA 差异无统计学意义。

结论 AHNAK 基因在老年 AML 患者 HSCs 中高表达, 且与预后不良相关, 可能是老年 AML 预后指标。

PO-0425

VEN+HMA 方案治疗新诊断成人急性髓系白血病的临床回顾性研究

陈梅玉¹、曹雅青²、秦伟¹、卢绪章¹、曾招²、陈苏宁²

1. 南京医科大学附属常州二院
2. 苏州大学附属第一医院, 江苏省血液研究所, 卫生部血栓与止血重点实验室

目的 回顾性分析 207 例接受维奈克拉(venetoclax, VEN)联合去甲基化药物(hypomethylating agents, HMA)治疗的新诊断成人急性髓系白血病(acute myeloid leukemia, AML)患者的临床资料、治疗反应、预后等, 为临床规范化及精准使用 VEN+HMA 方案治疗 AML 提供依据。

方法 分析 207 例接受 VA 治疗的新诊断 AML 临床及实验室特征，不同亚组的疗效及患者生存预后。

结果 1、一疗程治疗患者的 CRc 率为 69.6%，MRD 阴性率为 70.5%。按 2017 ELN 危险度分层，低中高危组患者 CRc 率分别为 77.2%、64.0%、66.6%，三组患者 CRc 率无显著统计学差异 ($p=0.226$)。

2、两疗程患者 CRc 率为 77.8%，MRD 阴性率为 84.1%。其中低中高危组患者 CRc 率分别为 81.25%、78.9%、75.0%，三组患者两疗程 CRc 率无显著统计学差异 ($p=0.929$)。

3、携带 CBFB-MYH11 融合基因的患者 CRc 率为 100%，显著高于 CBFB-MYH11 融合基因阴性组患者 ($p=0.006$)；CEBPA 双突变(CEBPA double mutation, CEBPA dm)组患者的 CRc 率为 95.7%，显著高于 CEBPA 野生型患者 ($p=0.004$)。而携带 RUNX1-RUNX1T1 融合基因的患者 CRc 率为 35.3%，显著低于 RUNX1-RUNX1T1 融合基因阴性组患者 ($p=0.001$)；FLT3-ITD 突变组患者 CRc 率为 48.3%，显著低于 FLT3-ITD 野生型患者 ($p=0.007$)；TP53 突变组患者 CRc 率为 45.0%，显著低于 TP53 野生型患者 ($p=0.012$)。

4、第一疗程达 CRc 及接受 HSCT 的患者 OS 显著优于其对照组 ($p=0.0006$, $p=0.029$)。TP53 突变组(低获益)患者中位生存期 9.5 月(95%CI: 3.4-15.5)，TP53 野生型伴 FLT3-ITD 突变或 K/NRAS 突变组(中获益)患者中位生存期 21 月(95%CI: 15.2-26.7)，TP53 及 K/NRAS 野生型同时无 FLT3-ITD 突变组(高获益)中位生存期未达到。高获益组患者 OS 显著优于低获益组及中获益组 ($p < 0.0001$, $p=0.001$)，但中获益组与低获益组患者 OS 无显著差异 ($p=0.096$)。

结论 1、VA 方案显著提升 2017 ELN 高危组患者的缓解率。VA 治疗伴 RUNX1-RUNX1T1 融合基因或 FLT3-ITD 或 TP53 突变的 AML 患者疗效欠佳，可能需要联合其他药物以提升患者缓解率。

2、第一疗程达 CRc 及接受 HSCT 显著改善患者预后。接受 VA 方案治疗的 AML 患者按 TP53 突变、FLT3-ITD 突变、K/NRAS 突变定义新的预后分层依然难以区分低获益与中获益患者群体。

PO-0426

一例 CRLF2::IGH 伴 PAX5::ZCCHC7 融合的儿童 ALL

叶玉、蒋莉、郑珊林、付菁菁、李鸿瑞
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 研究一例 CRLF2::IGH 伴 PAX5::ZCCHC7 融合的儿童 ALL 患者的实验室分析

方法 对一例儿童 ALL 患者的临床资料及实验室特征进行分析。

结果 患者女，5 岁，骨髓染色体核型分析结果为：47,XX,+21[5]/46,XX[15] 提示 20 个中期细胞中 5 个细胞核型附加额外的一条 21 号染色体；FISH 检测 CRLF2 分离探针可见信号分离，阳性率约为 80%，IGH 分离探针可见信号分离，阳性率约为 82%；全转录组检测到与 ALL 相关的 CRLF2::IGH 和 PAX5::ZCCHC7 融合基因，同时检出与 ALL 明确相关的 JAK2 R683G、JAK2 T875N、ETV6 E 364*基因突变；IKZF1 基因外显子 1-8 检测到杂合缺失，为突变型异构体；MRD 监测 CD38、24、81、34、10、19、45 阳性，免疫分型检验约有 94.1%的异常幼稚 B 淋巴细胞，综合考虑为急性 B 系淋巴细胞白血病。

结论 CRLF2::IGH 重排在青少年和成人中更为常见，在儿童中罕见，患者同时存在 PAX5::ZCCHC7 融合及 JAK2 等突变、伴有 IKZF1 缺失。综合实验室分析，有利于及早诊断，有利于全面评价疾病预后，并为个体化治疗提供依据。

PO-0427

伴 EBF1-PDGFRB 融合基因阳性 Ph 样急性淋巴细胞白血病

陈绪佳¹、李鸿瑞¹、蒋莉¹、郑珊林¹、贺艳丽²

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 伴 EBF1-PDGFRB 融合基因阳性 Ph 样急性淋巴细胞白血病一例

方法 对一例伴 EBF1-PDGFRB 融合基因阳性 Ph 样急性淋巴细胞白血病免疫分型、细胞遗传学、分子生物学的特征进行分析。

结果 免疫分型示 CD45 表达弱阳性至阴性，骨髓中约有 88.0% 的异常幼稚 B 淋巴细胞，骨髓中成熟淋巴细胞约占 10.0%，粒细胞约占 1.7%，单核细胞约占 0.3%，阳性表达 CD19，cCD79a，cCD22，CD10，CD20，CD22，TDT，CD33，HLA-DR，CD34，CD38。骨髓染色体核型分析结果为 46, XY，荧光原位杂交（FISH）检测到 PDGFRB 重排，阳性信号比例 88%，并检测到 IGH 重排，阳性信号比例分别为 90%。43 种融合基因筛查阴性，IKZF1 plus 基因 CNV 检测基因 CDKN2A(EXON 2,4)，CDKN2B(EXON 2)，PAX5(EXON 1,2,5,6,7,8,10)和 ETV6(EXON 1,2,3,5,8)均杂合缺失，脑脊液免疫表型示脑脊液中未见 B 系肿瘤细胞。加做血液肿瘤全转录组检测示 EBF1-PDGFRB 融合基因阳性。

结论 EBF1-PDGFRB 多由染色体 5q33 内部缺失或平衡易位导致，常规染色体核型分析难以识别，易漏诊。可加做荧光原位杂交（FISH）PDGFRB 探针加以识别，血液肿瘤全转录组 EBF1-PDGFRB 融合基因检测加以验证。PDGFRB 的融合基因对 TKI 敏感，尽早诊断，使用伊马替尼靶向治疗联合 CAR-T 治疗，对提高此类患者缓解率及无病生存率至关重要。

PO-0428

APL 伴 ZBTB16::RAR α 变异型患者一例

付菁菁¹、李鸿瑞¹、蒋莉¹、郑珊林¹、刘建拓¹、邱学奎¹、张海琴¹、陈祥俊²、贺艳丽²

1. 武汉康圣达医学检验中心

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 研究一例 APL 伴 ZBTB16::RAR α 变异型患者的实验室分析

方法 对一例 APL 患儿的细胞形态学、免疫分型、遗传学及分子生物学的特征进行分析

结果 患者男，12 岁，细胞形态学符合急性早幼粒细胞白血病，提示粒系占 83.5%，异常早幼粒细胞占 76.5%，胞体呈圆形或类圆形，大小不等，胞核多呈类圆形，可见凹陷、扭曲、折叠及分叶，可见内外浆及伪足样突起，柴捆状 Auer 小体偶见；免疫分型髓系向原始延伸区域可见异常细胞群体，约占有核细胞的 88%，阳性表达 MPO、CD9、CD13、CD33、CD56、CD58、CD64、CD117、CD123；染色体核型分析结果为 45,X,-Y,t(11;17)(q23;q21)[18]/46,XY[2] 提示 20 个中期细胞中 18 个细胞核型存在 Y 染色体丢失，11 号和 17 号染色体易位，FISH 检测 PML/RAR α (15q24/17q21)中 RAR α 存在 3 个信号，比例为 90%；转录组测序提示存在 ZBTB16::RARA 融合及 ARID1A 基因突变，且突变为 S539X 的无义突变。

结论 伴 ZBTB16::RAR α 融合及 ARID1A 基因无义突变，染色体除 t(11;17)外还存在其他异常的 APL 患者罕见报道，患者对 ATRA 不敏感，综合实验室结果分析，利于及早诊断和全面评价疾病预后，并为个体化治疗提供依据。

PO-0429

吉瑞替尼为基础的方案对复发/难治伴 FLT3-ITD 突变 AML 患者的疗效研究

张剑、徐洋、薛胜利、苗瞄、王荧、陈苏宁、仇惠英、吴德沛
国家血液系统疾病临床医学研究中心 江苏省血液研究所 苏州大学附属第一医院血液内科

目的 探讨吉瑞替尼为基础的方案桥接 allo-SCT 对伴 FLT3-ITD 基因突变的复发/难治性急性髓系白血病 (R/R AML) 患者的安全性、有效性, 以及移植后吉瑞替尼维持治疗对 FLT3-ITD+ R/R AML 患者预后的影响。

方法 回顾性分析 2019 年 8 月至 2023 年 1 月期间在苏州大学附属第一医院治疗的 26 例伴 FLT3-ITD 突变阳性的 R/R AML 患者。统计纳入患者的复合完全缓解率 (CRc)、总生存期 (OS), 无病生存期 (DFS) 和不良反应。

结果 26 例 FLT3-ITD+ R/R AML 患者中, CR+CRi 率为 57.7% (15/26), 复合完全缓解率 (CRc) 为 84.6% (22/26)。所有患者 12 个月累计生存 (OS) 率为 79.0%。接受 allo-SCT 的患者较未接受 allo-SCT 的患者中位 OS 相比显著延长 ($p = 0.005$)。移植后是否应用 Gilt 维持治疗的患者中位 OS 均未达到, 且移植后维持治疗的患者 OS 较移植后未进行维持治疗的患者 OS 长 ($p = 0.019$)。吉瑞替尼为基础的方案最常见的 3 级及以上血液学不良反应包括中性粒细胞减少 (20 例, 76.9%)、中性粒细胞减少性发热 (16 例, 61.5%)、血小板减少 (18 例, 69.2%)。

结论 吉瑞替尼为基础的方案桥接 allo-SCT 治疗 FLT3-ITD+ R/R AML 患者的复合完全缓解率较高, 起效迅速, 有效延长患者生存期。桥接移植和移植后维持治疗明显改善患者生存。

PO-0430

Features and prognostic significance of soluble TIM-3 and its ligands Gal-9 and CEACAM1 levels in the diagnostic bone marrows of adult acute myeloid leukemia patients

Zong-Yan Shi, Kai Sun, Dai-Hong Xie, Ya-Zhe Wang, Hao Jiang, Qian Jiang, Xiao-Jun Huang, Ya-Zhen Qin
Peking university people's hospital

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is a malignant clonal disorder with high heterogeneity, and new indicators are necessary for its outcome improvement. Prognostic significance of soluble immune checkpoint molecule T-cell immunoglobulin and mucin domain 3 (TIM-3) and its ligands in the plasma has been illustrated in various solid tumors, but such study in newly diagnosed AML remains absent. This study aims to explore the patterns and prognostic significance of soluble TIM-3 and its soluble ligands Gal-9 and CEACAM1 in the bone marrows of newly diagnosed AML patients.

Methods In the current study, we measured soluble TIM-3, Gal-9 and CEACAM1 levels (sTIM-3, sGal-9 and sCEACAM1) in bone marrow (BM) plasma samples from 90 adult AML patients at diagnosis as well as 12 healthy donors (HDs) by enzyme-linked immunosorbent assays (ELISA). 15 newly diagnosed AML patients were simultaneously tested cell membrane TIM-3 expression by multi-color flow cytometry.

Results AML patients had significantly elevated sTIM-3 level and similar sGal-9 and sCEACAM1 level compared with healthy donors ($p = 0.0003, 0.26$ and 0.96). Pairwise correlation showed all correlations were significant and positive in AML patients (sTIM-3 vs sGal-9: $r = 0.42, p < 0.0001$; sTIM-3 vs sCEACAM1: $r = 0.35, p = 0.0007$; sGal-9 vs sCEACAM1: $r = 0.30, p = 0.0041$).

In the whole cohort, high sTIM-3 level was the sole independent adverse prognostic factor for relapse-free survival (RFS) (HR: 4.2 [95% CI: 1.5-11.7], $p = 0.0060$), and it together with adverse ELN risk were independent poor prognostic factors for event-free survival (EFS) (HR: 3.4 [95% CI: 1.5-7.8], $p = 0.0030$ and HR: 3.8 [95% CI: 1.5-9.6], $p = 0.0040$, favorable as reference). High sCEACAM1 level were significantly related to lower RFS (2-year RFS rate: 41.8% [95% CI: 21.4-61.1%] vs. 73.2% [95% CI: 41.2-89.6%], $p = 0.028$), and tended to be related to relapse after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) ($p = 0.068$). In addition, high sGal-9 level had significant association with lower RFS in patients receiving allo-HSCT at the first complete remission (CR1) (2-year RFS rate: 46.9% [95% CI: 13.5-75.1%] vs. 100% [95% CI: 100-100%], $p = 0.037$).

Correlation analysis showed high sTIM-3 and sCEACAM1 levels had significant relations with high WBC count ($p < 0.001$ and $= 0.033$). Comparison of soluble and cell membrane TIM-3 showed that blast and non-blast myeloid cells accounted for the majority of TIM-3⁺ cells in nucleated cells, and the percentage of non-blast myeloid TIM-3⁺ cells in nucleated cells tended to have positive correlation with sTIM-3 level in AML ($r = 0.48$, $p = 0.073$).

Conclusion sTIM-3 and its soluble ligands sGal-9 and sCEACAM1 had distinct poor prognostic significance which was related to treatment modalities. Testing of sTIM-3 and its ligands has the potential to be used in clinical routine if their prognostic significance is confirmed by more studies and widely accepted.

PO-0431

伴 MEF2D 基因重排的急性淋巴细胞白血病患者一例

楚云、李鸿瑞、蒋莉、郑珊林、付菁菁、贺艳丽

武汉康圣达医学检验中心

目的 伴 MEF2D 基因重排的急性淋巴细胞白血病患者一例

方法 对一例急性淋巴细胞白血病患者骨髓细胞学、免疫分型、细胞遗传学和分子生物学的特征进行分析

结果 临床资料如下，患者女，9 岁，骨髓细胞形态学提示符合为急性淋巴细胞白血病（ALL）骨髓象；骨髓染色体核型分析结果为 46,XX,inv(1)(p36q22)[9]/46,XX[2],提示 11 个中期相细胞中 9 个细胞核型存在 1 号染色体臂间倒位；荧光原位杂交（FISH）检测到 MEF2D 分离探针可见典型信号分离，阳性率约为 88%；全转录组测序提示存在与 ALL 明确相关的融合基因 MEF2D::KHDRBS1；免疫分型提示约有 97.0%的异常幼稚 B 细胞，CD45、CD58 阳性，综合考虑为急性 B 淋巴细胞白血病

结论 伴 MEF2D::KHDRBS1 融合在 B-ALL 中罕见，综合临床及实验室特征分析，有利于全面评价疾病预后，在鉴定新型或隐匿性 MEF2D 重排和患者及早治疗方案提供依据

PO-0432

基于二代测序的 Ig 重排 MRD 检测可提前预测 儿童急性 B 淋巴细胞白血病复发及克隆演变

常娇

中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 急性淋巴细胞白血病（ALL）是儿童时期最常见的恶性肿瘤，目前儿童 ALL 患者 5 年总生存率（OS）已超过 90%，但仍有部分患儿表现为难治或复发，预后不良。患者体内极低水平的可测

量残留病灶（MRD）可能是导致疾病复发的根源，而研究发现利用传统检测手段进行 MRD 监测达到阴性的患者仍会复发，因此需要灵敏度更高的检测方法进行 MRD 评估。

方法 基于二代测序（NGS）技术检测 Ig/TCR 重排的灵敏度可达 1×10^{-6} ，相较于多参数流式细胞术（MFC）和实时定量聚合酶链反应（q-PCR），其检测灵敏度提高了 1 到 2 个对数级。在本研究中，我们利用 NGS 检测 Ig 基因特异性重排对儿童 B-ALL 进行克隆鉴定及 MRD 监测。

结果 在本研究中，NGS-Ig 重排相较于 MFC 表现出灵敏度更高、更准确地评估 MRD 水平等优势，尤其在疾病复发前时间点，可更早地提示临床疾病复发可能，以便及时进行干预和治疗。此外，NGS-Ig 重排还能发现疾病克隆演变，为进一步探究疾病发展的内在原因提供新的思路。

结论 总之，基于 NGS 的 Ig 重排 MRD 检测作为新的分子生物学技术，在儿童 B-ALL 的 MRD 监测中不仅具有通量高、灵敏度高、提前预测疾病复发等优势，而且能为临床提供更多信息，包括肿瘤克隆性重排的具体序列、IGH 体细胞高突变率、克隆演变以及免疫组库信息等，因此逐渐成为 MRD 评估的主要手段之一。

PO-0433

Identification and Validation of Necroptosis-Related Gene Signatures to Predict Clinical Outcomes and Therapeutic Responses in Acute Myeloid Leukemia

xiangmei wen,zijun xu,jichun ma,peihui xia,ye jin,xinyi chen,wei qian,jiang lin,jun qian
Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

Objective Necroptosis is a tightly regulated form of necrotic cell death that promotes inflammation and contributes to disease development. However, the potential roles of necroptosis-related genes (NRGs) in acute myeloid leukemia (AML) have not been elucidated fully. We conducted a study to identify a robust biomarker signature for predicting the prognosis and immunotherapy efficacy based on NRGs in AML.

Methods We analyzed the genetic and transcriptional alterations of NRGs in 151 patients with AML from the TCGA. Then, we identified three necroptosis clusters and three necroptosis gene clusters. Moreover, a necroptosis score was constructed and assessed based on the differentially expressed genes (DEGs) between the three necroptosis clusters. Finally, survival analysis, mutational analysis, and immune microenvironment analysis were carried out.

Results We found three necroptosis clusters were correlated with clinical characteristics, prognosis, the tumor microenvironment, and infiltration of immune cells. A high necroptosis score was positively associated with a diverse prognosis, immune-cell infiltration, expression of programmed cell death 1/programmed cell death ligand 1 (PD-1/PD - L1), immune score, stromal score, interferon-gamma (IFNG), merck18, T-cell dysfunction-score signatures, and cluster of differentiation-86, but negatively correlated with tumor immune dysfunction and exclusion (TIDE) score, myeloid-derived suppressor cells, and M2-type tumor-associated macrophages. Our observations indicated that a high necroptosis score might contribute to immune evasion. More interestingly, AML patients with a high necroptosis score may benefit from treatment based on immune checkpoint blockade.

Conclusion Our findings may contribute to deeper understanding of NRGs in AML, and facilitate assessment of the prognosis and treatment strategies.

PO-0434

白血病患者化疗后血流感染的病原菌分布及不良事件发生的危险因素分析和预测模型构建

柳丽娟

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨白血病化疗后血流感染的病原菌分布情况、分析不良事件发生的危险因素，并构建预测不良事件发生的列线图模型。

方法 回顾性分析我科 2020 年 1 月至 2023 年 12 月收治的 417 例白血病合并血流感染患者的临床资料。分析白血病患者化疗后血流感染的发生率、病死率及病原菌分布特点；比较不同临床病理特征的患者发生不良事件（死亡或感染性休克）的情况。采用非条件 logistic 二元回归模型多因素分析筛选白血病化疗后合并血流感染患者发生不良事件的独立危险因素；使用 R 软件，建立预测不良事件发生的列线图模型；采用 Hosmer-Lemeshow 检验验证模型的预测效果。

结果 417 例白血病患者中，总病死率为 4.7%（20 / 417），血流感染全因病死率为 3.8%（16 / 417）。417 例中，革兰阴性菌感染 312 例（74.9%），主要为大肠埃希菌 135 例（43.2%）、肺炎克雷伯菌 107 例（34.2%）和铜绿假单胞菌 70 例（22.4%），死亡 10 例（3.2%）；革兰阳性球菌感染 86 例（20.6%），主要为链球菌属 44 例（51.5%）、葡萄球菌属 26 例（30.2%）、屎肠球菌 16 例（18.6%），死亡 0 例；真菌感染 19 例（4.5%），其中热带念珠菌 10 例（2.3%）、近平滑念珠菌 6 例（1.4%）、光滑念珠菌 2 例（0.4%）、新型隐球菌 1 例（0.2%），死亡 4 例（21.1%）。不同治疗阶段、危险分层、敏感抗生素使用时机、发热总时长，以及化疗方案中是否使用糖皮质激素、感染菌是否碳青霉烯类耐药、白血病是否缓解的患者不良事件发生率比较，差异均有统计学意义（均 $P < 0.05$ ）。logistic 二元回归分析结果显示，化疗方案中使用糖皮质激素、发热总时长 ≥ 7 d、敏感抗生素使用时机 ≥ 24 h、感染菌碳青霉烯类耐药均为白血病化疗后合并血流感染患者发生不良事件的独立危险因素（均 $P < 0.05$ ）。建立白血病化疗后合并血流感染患者不良事件发生的列线图预测模型，经校准与验证列线图模型具有较好的校准度和区分度。

结论 白血病患者化疗后血流感染病原菌主要以革兰阴性菌为主，化疗方案中使用糖皮质激素、发热总时长较长、敏感抗生素使用时机不佳、感染菌碳青霉烯类耐药为白血病化疗后血流感染患者发生不良事件的危险因素，以这些因素建立的列线图预测模型对不良事件发生有可靠的预测能力。

PO-0435

CLL1 CAR-T 细胞疗法在急性髓性白血病合并髓外浸润患者中应用的疗效和安全性分析

赵一帆、白雪、郭姝婧、张笑梅、刘纪乐、解天乐、赵茉含、孟浩甜、张钰、贺小圆、赵明峰
天津市第一中心医院

目的 在确诊为急性髓性白血病（Acute myeloid leukemia ,AML）的患者中，髓外疾病（extramedullary diseases ,EMDs）的发病率约为 10-20%。CLL1 CAR-T 疗法在治疗急性髓性白血病患者方面具有令人满意的疗效和安全性。本研究旨在评估髓外侵犯患者与无髓外侵犯患者在 CLL1 CAR-T 疗法疗效和不良反应方面的潜在差异。

方法 本研究总共纳入 47 位患者，分为髓外侵犯组（ $n=20$ ）和无髓外侵犯组（ $n=27$ ），采用 t 检验或 Mann-Whitney 检验对两组的总生存期，无进展生存期和缓解期进行对比，并评估其安全性。同时评估两组 CAR-T 细胞扩增程度及细胞因子释放水平。

结果 在 20 名有 EMD 的患者和 27 名无髓外侵犯的 AML 患者中，分别有 65.00%和 81.48%的患者获得了完全缓解。虽然与无髓外侵犯患者相比，髓外侵犯患者的总生存期、无进展生存期和缓解期似乎较短，但这一差异未达到统计学意义。两组患者的细胞因子释放综合征、血液学毒性等并发症的发生率相似。同时，在 CAR-T 细胞增殖水平和伴随的细胞因子释放水平方面，观察到具有髓外侵犯和无髓外侵犯的患者没有明显差异。

结论 总之，CLL1 CAR-T 疗法作为一种高效、安全的治疗策略，可用于有髓外侵犯的急性髓性白血病患者，可有效改善患者病情，显著提高预后。

PO-0436

以风险预警模型构建为基础的 AL 白血病 肛周感染风险评估预防策略

孙琛、卢婷、张晓磊
青岛市海慈医疗集团

目的 以 AL 白血病患者肛周感染危险因素风险预警模型构建为基础，实施风险评估落实个性化干预护理措施，以此降低化疗后肛周感染发生率，为 AL 白血病化疗患者肛周感染的防治措施提供客观依据，以提高护理质量，提升患者的结局质量及满意度。

方法 探索构建 AL 白血病患者肛周感染危险因素风险预警模型，运用以风险预警模型为基础的风险评估，为患者提供贯穿患者化疗全过程的专科护理评估及时准确的实施护理干预、有针对性的与患者共同制定贯穿于化疗整个过程的护理目标，指导患者提高自我管理能力和辨证施护运用中医适宜技术提高疗效等，评价化疗患者肛周感染发生率变化，患者满意度等。

结果 结果：护理质量显著提升，AL 白血病患者肛周感染发生率显著降低，提升了护理服务质量，减轻了病人痛苦，提升患者的结局质量及满意度。

结论 结论：探索构建 AL 白血病患者肛周感染危险因素风险预警模型，运用以风险预警模型为基础的风险评估，落实个性化干预护理措施更加科学性和实用性，有效降低为患者肛周感染的防治措施提供客观依据。同时，风险预警模型构建得到了临床验证，目标实现效果满意。

PO-0437

一例伴 t(1;21;8)和 t(3;17)易位的急性髓系 白血病患者实验室分析

曾姗姗、李鸿瑞 蒋莉 郑珊林 付菁菁
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 研究一例伴 t(1;21;8)和 t(3;17)易位的急性髓系白血病患者实验室分析

方法 对一例急性髓系白血病患者细胞形态学、免疫分型、细胞遗传学及分子遗传学的特征进行分析。

结果 临床资料如下:WBC 5.9×10⁹/L, PLT 7×10⁹/L, 中性粒细胞 2.82×10⁹/L; 细胞形态学符合急性髓系白血病(AML)骨髓象, 急性髓系白血病伴成熟型(WHO)/AML-M2(FAB)可能; 骨髓片提示骨髓增生活跃, 粒系占 82.5%, 原始粒细胞占 30%, Auer 小体可见, 细胞化学染色 POX:99%阳性; 免疫分型原始细胞分布区域可见异常细胞群体, 约占核细胞的 35%, 其阳性表达 HLA-DR、MPO、CD13、CD34、CD38、CD56、CD58、CD117、CD123; 染色体核型分析结果为 45,X,-Y,t(1;21;8)(p36.1;q22;q22),t(3;17)(p21;q21)[20], 提示 20 个细胞核型均存在 Y 染色

体丢失，1号、21号和8号染色体的多重断裂产生的易位，3号和17号染色体易位；融合基因筛查出RUNX1::RUNX1T1融合基因阳性。

结论 伴t(1;21;8)和t(3;17)的急性髓系白血病是一种少见的易位，综合实验室特征分析，有助于全面评价疾病预后，并为个体化治疗方案提供实验室依据。

PO-0438

慢性白血病中医临床诊治体会

徐文江、乔子剑、杨淑莲、薛春娥
廊坊市中医医院

目的 慢性白血病是一组造血系统异质性恶性血液病，大致分为慢性粒细胞白血病、慢性淋巴细胞白血病及某些少见类型白血病。慢性白血病本质是由于骨髓中白血病细胞异常增殖所致。中医学认为髓乃奇恒之腑，与肾紧密相关，髓由肾精所化生。肾精亏虚，精血不能正常化生，且易致邪毒恋髓，病程日久，毒入骨髓，毒邪未去，正气日衰，致气血津液运化不利，产生气滞、血瘀、痰凝、浊毒等病理变化，日久积滞而成。慢性白血病属于正虚邪实、邪盛正衰的一类疾病，发病较为隐匿，病程一般较长，临床表现常是虚中有实，实中有虚，虚实错杂，病理属性总属本虚标实，根据其临床证候表现，临证一般将其分为癥瘕瘀血、痰核瘰疬、肝肾阴虚、脾肾亏虚四型。

方法 本病治疗的基本原则为扶正祛邪，攻补兼施。根据患者病情虚实的不同，理好“正”与“邪”、“攻”与“补”的关系，做到“治实勿忘其虚，补虚勿忘其实”，标本缓急处理要恰当。祛邪针对病情可采取清热解毒、活血化瘀、化痰散结、理气行气等法；扶正之法根据正虚侧重的不同，分别采用益气、养血、滋阴、济阳的治法。由于慢性白血病患者正气内虚，抗病能力低下，虚损情况突出，在应用补益扶正药物时，要掌握补而不滞、温而不燥、通补结合的原则，在治疗中要注意顾护正气，保护胃气，把扶正祛邪的原则贯穿于慢性白血病治疗的全过程。

结果 慢粒在慢性期阶段，伍以清热解毒、化痰散结之药（如雄黄、青黛等），配合西药如酪氨酸激酶抑制剂、化疗等，以延长生存期、提高生存质量，有望长期无病生存乃至痊愈。发生急变后，宜采取中西医结合治疗，予适量化疗，积极配合支持疗法，以期带病生存。慢淋的病机多为正气亏虚，邪毒入髓，故扶正祛邪应贯穿慢淋各期治疗的始终。慢淋0期和1期阶段，患者虽无明显症状，但处于代谢亢进状态，此时宜用中药施治以扶正达邪，而不宜过早应用西药化疗，以免犯“虚虚之戒”，使正气更弱，致病情加重。根据慢性白血病不同阶段、证候表现，应立足于整体，抓住主要矛盾，扶正与祛邪相结合，灵活进行辨证论治。慢性白血病初期正气未虚，邪气虽实而不甚，治疗以中药为主，或可配合化疗进行，中药当祛其标实，祛毒化瘀，以祛邪而达扶正之作用，“邪祛则正安”，正气自然恢复。

结论 在慢性白血病临证辨证施治时，可酌情辨证选加如人参、补骨脂、黄芪、白术、熟地黄、冬虫夏草、黄精等扶正补虚药物及白花蛇舌草、半枝莲、青黛、山慈菇、鳖甲、猫爪草等祛瘀解毒化痰软坚之品，以期提高临床疗效。慢性白血病病情错综复杂，每多虚实夹杂之证，临床用药治疗当要遵照辨病与辨证相结合的方法，只有在辨证的基础上辨病，在辨病的范围内辨证，才能确切提高临床疗效，最大程度地改善其生活质量，延长患者的生存期。

PO-0439

双 TKI 治疗伴有 ETV6::ABL1 的 AML 患者治疗经验分享

李会丹、王小蕊、杨隽
上海市第一人民医院

目的 分享运用造血干细胞移植和双靶向 TKI 成功治疗伴 ETV6::ABL1 的 AML 患者一例。

方法 40 岁女性患者于 2022 年 1 月 18 日就诊于我院，外周血白细胞计数为 $2.24 \times 10^9/L$ ，红细胞计数为 $1.8 \times 10^{12}/L$ ，血小板计数为 $58 \times 10^9/L$ 。2 月 14 日的骨髓活检显示 MDS-IB1，带有 NPM1 突变 (34.3%) 和极低频率的 FLT3-ITD (0.6%)。3 月 22 日，外周血计数显示白细胞 $5.37 \times 10^9/L$ ，红细胞 $1.17 \times 10^{12}/L$ ，血小板 $15 \times 10^9/L$ 。骨髓穿刺显示原始细胞为 24%，伴 FLT3-ITD (15.78%) 和 NPM1 突变 (45.82%)，同时检测到 ETV6::ABL1 融合基因 (5.43%)。核型分析结果为：t(9;12)(q21;p12)。FISH 使用 ETV6::ABL1 探针，分别在一条 9 号染色体和一条 12 号染色体上观察到两个融合信号，其中衍生的 12 号染色体的绿色信号被分离。融合基因在 RNA-seq 检测中也得到了证实。治疗采用化疗桥接异基因造血干细胞移植，并在移植后运用索拉非尼防止复发，在移植后 2.5 个月时监测发现 ETV6::ABL1 比例达到了 0.21%，而 NPM1 和 FLT3-ITD 仍保持阴性，STR-PCR 显示全嵌合状态，故增加使用达沙替尼防止复发。

结果 目前患者为移植后 12 个月，持续服用达沙替尼和索拉非尼达到分子学 CR 状态，STR-PCR 为全嵌合状态。

结论 伴有 ETV6::ABL1 的 AML 患者疾病进展迅速，可能与携带 ABL1 有关。因此在危险度分层时需要考量 ABL1 在 AML 形成和进展中的作用，并对治疗做出相应的调整。我们的研究也显示双靶向 TKI 治疗该类患者是有效的，且副作用小，换着能够耐受，可切实改善患者预后。

PO-0440

中医病证结合辨治慢性白血病

徐文江、乔子剑
廊坊市中医医院

目的 慢性白血病是一组造血系统异质性恶性血液病，与急性白血病相比，自然病程进展较慢，根据其白血病细胞的形态类型，大致分为慢性粒细胞白血病（简称慢粒）、慢性淋巴细胞白血病（简称慢淋）及某些少见类型白血病。慢性白血病本质是由于骨髓中白血病细胞异常增殖所致。中医学认为髓乃奇恒之腑，与肾紧密相关，髓由肾精所化生。肾精亏虚，精血不能正常化生，且易致邪毒恋髓，病程日久，毒入骨髓，毒邪未去，正气日衰，致气血津液运化不利，产生气滞、血瘀、痰凝、浊毒等病理变化，日久积滞而成。慢性白血病属于正虚邪实、邪盛正衰的一类疾病，发病较为隐匿，病程一般较长，临床表现常是虚中有实，实中有虚，虚实错杂，病理属性总属本虚标实，根据其临床证候表现，临证一般将其分为癥瘕瘀血、痰核瘰疬、肝肾阴虚、脾肾亏虚四型。

方法 本病治疗的基本原则为扶正祛邪，攻补兼施。根据患者病情虚实的不同，理好“正”与“邪”、“攻”与“补”的关系，做到“治实勿忘其虚，补虚勿忘其实”，标本缓急处理要恰当。如《景岳全书·积聚》所述“治积之要，在知攻补之宜，而攻补之宜，当于孰缓孰急中辨之”。祛邪针对病情可采取清热解毒、活血化瘀、化痰散结、理气行气等法；扶正之法根据正虚侧重的不同，分别采用益气、养血、滋阴、济阳的治法。由于慢性白血病患者正气内虚，抗病能力低下，虚损情况突出，在应用补益扶正药物时，要掌握补而不滞、温而不燥、通补结合的原则，在治疗中要注意顾护正气，保护胃气，把扶正祛邪的原则贯穿于慢性白血病治疗的全过程。

结果 根据慢性白血病不同阶段、证候表现，应立足于整体，抓住主要矛盾，扶正与祛邪相结合，灵活进行辨证论治。慢性白血病初期正气未虚，邪气虽实而不甚，治疗以中药为主，或可配合化疗

进行，中药当祛其标实，祛毒化瘀，以祛邪而达扶正之作用，“邪祛则正安”，正气自然恢复。《素问·生气通天论》指出“阴平阳秘，精神乃治”，通过中药调节脏腑气血阴阳的平衡，提高机体的免疫功能，减少感染机会。

结论 在慢性白血病临证辨证施治时，可酌情辨证选加如人参、补骨脂、黄芪、白术、熟地黄、冬虫夏草、黄精等扶正补虚药物及白花蛇舌草、半枝莲、青黛、山慈菇、鳖甲、猫爪草等祛瘀解毒化痰软坚之品，以期提高临床疗效。慢性白血病病情错综复杂，每多虚实夹杂之证，临床用药治疗当要遵照辨病与辨证相结合的方法，只有在辨证的基础上辨病，在辨病的范围内辨证，才能切实提高临床疗效，最大程度地改善其生活质量，延长患者的生存期。

PO-0441

共表达 IL-2 提高 FLT3-CAR- $\gamma\delta$ T 细胞对急性髓系白血病的抗肿瘤作用

王晓娜¹、田孝鹏³、游凤涛²、姜丽翠²、安钢力¹、杨林^{1,2}

1. 苏州大学唐仲英血液学研究中心
2. 博生吉医药科技（苏州）有限公司
3. 苏州大学附属第一医院

目的 构建靶向人 FLT3 的 CAR- $\gamma\delta$ T 细胞，并通过 CAR 结构的优化，来探究不同结构的 FLT3-CAR- $\gamma\delta$ T 细胞对 AML 肿瘤细胞的体内外抗肿瘤效果，筛选出对 AML 肿瘤细胞体内外疗效最好的 FLT3-CAR- $\gamma\delta$ T 细胞，为未来 FLT3-CAR- $\gamma\delta$ T 细胞在 AML 的临床应用中奠定基础。

方法 制备 FLT3-CAR- $\gamma\delta$ T 细胞、FLT3-IL2-CAR- $\gamma\delta$ T 细胞和 FLT3-IL7-CAR- $\gamma\delta$ T 细胞，并在体内外评估他们对 AML 的抗肿瘤疗效。

结果 FLT3-IL2-CAR- $\gamma\delta$ T 细胞具有更显著的持续杀伤肿瘤细胞的能力和分泌抗肿瘤活性相关细胞因子释放能力。在多次肿瘤抗原刺激后，FLT3-IL2-CAR- $\gamma\delta$ T 细胞依然可以维持高比例的干细胞样记忆 T 细胞亚群。在 AML 小鼠模型中，FLT3-IL2-CAR- $\gamma\delta$ T 细胞能够显著抑制小鼠体内肿瘤细胞的扩增，延长小鼠生存期。RNA-seq 初步分析结果表明共表达 IL2 的 FLT3-CAR- $\gamma\delta$ T 细胞上调了与细胞周期通路相关的基因表达。

结论 共表达 IL-2 的 FLT3-CAR- $\gamma\delta$ T 细胞可以在体内外有效的清除 AML 肿瘤细胞，为 AML 患者的临床治疗提供了一种新的策略和方法。

PO-0442

一例 AML1/ETO 融合伴 BCR/ABL1 融合的 AML 成人患者分析

孙海、蒋莉、郑珊林、李鸿瑞
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 一例 AML1/ETO 融合伴 BCR/ABL1 融合的 AML 成人患者分析

方法 对一例 AML 患者通过结合流式免疫分型、融合基因、细胞遗传骨髓染色体核型分析进行综合研究分析。

结果 临床资料如下，女，51 岁，临床诊断为 AML，初诊的检测结果为融合基因 AML1/ETO 阳性，比例为 114.94%，BCR/ABL1（P190 型）阳性；骨髓染色体核型分析结果为 46,XX,add(1)(q32),t(8;21)(q22;q22),t(9;22)(q34;q11.2),del(10)(p11.2),der(11)t(1;11)(q32;q23),add(13)(q34)[12]/46,XX[1]。经过治疗后流式免疫微残留检测为在 CD45/SSC 点图上设门分析，原始-前体区域细胞约占有核细胞的 5%，检测范围内，其阳性表达 HLA-DR、CD15、CD33、CD34、

CD38、CD117，考虑为免疫表型异常的白血病细胞，提示可见约 5%的异常细胞；融合基因 AML1/ETO 阳性，比例为 106.33%，BCR/ABL1（P190 型）阳性，比例为 56.275%；核型的结果为

46,XX,add(1)(q32),t(8;21)(q22;q22),t(9;22)(q34;q11.2),del(10)(p11.2),der(11)t(1;11)(q32;q23),add(13)(q34)[3]/46,XX[7]。通常 AML1/ETO 融合阳性是一个比较好的标志，但该患者经治疗病情未缓解。BCR/ABL1 融合出现在 AML 比例小于 2%，此外通过对实验室统计的数据分析 AML1/ETO 融合伴 BCR/ABL1 融合出现的比例小于 1%。

结论 t(8;21)伴 t(9;22)的 AML 患者是比较罕见的，综合实验室特征分析，有助于全面评价疾病预后，并为个体化治疗方案提供实验室依据。

PO-0443

伴少见类型转录本的慢性髓性白血病及氟马替尼疗效特点

张启国¹、傅文静¹、金其川²、鲍文强²、宫文玉²、凌春²、徐士云²、吴静²、王引²、赵长志²、陈兵¹

1. 南京大学医学院附属鼓楼医院

2. 滁州市第一人民医院

目的 提高对伴少见类型转录本 CML 临床和实验室特点认识。

方法 研究 75 例 CML 患者，筛选少见类型转录本 CML 结合文献复习。

结果 男性 3 例，女性 1 例，中位年龄 62 岁。其中单纯 p190BCR-ABL、p230BCR-ABL 阳性各 1 例，P190 和 P210BCR-ABL 转录本双阳性的 2 例。p190BCR-ABL-CML 因体检血象增高，氟马替尼治疗 3 个月达完全细胞遗传学缓解，P190 为 1.27%、6 个月为 0.544%，9 个月（1.039%）因胃部不适间断停药 1 月 P190 升至 3.472%，c-ABL 激酶区未见突变，加干扰素后逐渐下降至目前 0.353%，总疗效达 CCR。p230BCR-ABL 阳性 CML 有轻微白细胞、血小板增高 2 年氟马替尼治疗 3 月达 MR4.0 阴性(P230 0%)，6 个月为 0.126%，NGS 髓系及 c-Abl 激酶区未见异常突变，期间肝功能异常，减服氟马替尼至 2 片可控，目前 P230BCR-ABL 波动于 0.508%-0.575%。1 例 P190 和 P210 转录本双阳 CML 先予伊马替尼治疗，12 个月基因转阴。31 个月丧失 MMR(P210 为 0.217%)，c-Abl 激酶 M244V 突变，改尼罗替尼治疗 3 月后基因转阴。因心脏副作用换用氟马替尼 2 年余，目前一切正常。另 1 例双阳患者氟马替尼治疗 3 个月达 CCR(P210 0.35%)，6 个月时达 MMR(P210 为 0.086%)，期间肝功能异常，护肝减量处理。

结论 氟马替尼治疗伴少见类型转录本 CML 有较好疗效，联合干扰素有增效作用。注意氟马替尼肝毒性管理。转录本类型与 CML 不同生物学特点有关。

PO-0444

靶向急性髓系白血病潜在新抗原 CAR-NK 细胞免疫治疗的临床前研究

张贝贝¹、黎亚洁¹、周一珉²、刘维春¹、杨巧萍¹、马梅燕¹、陈清秀¹、王仕举¹、陈大华¹

1. 云南大学

2. 中国科学院大学

目的 急性髓系白血病（Acute myeloid leukemia, AML）是一种异质性极强的恶性血液系统疾病，患者生存率较低。目前，靶向 CD19 等抗原的 CAR-T 细胞疗法在部分血液系统疾病临床治疗中取得了较好的疗效，然而特异性抗原的匮乏及潜在的细胞毒副作用严重阻碍了 CAR 技术在 AML 等恶性疾病中的应用。

方法 利用细胞膜蛋白表面质谱技术及流式细胞术和免疫荧光共聚焦成像等方法，探索急性髓系白血病不同亚型的潜在新抗原；运用基因工程手段构建靶向潜在新抗原的 CAR-NK 细胞；并采用多种手段验证 CAR-NK 细胞对靶细胞的体外及斑马鱼及小鼠等动物模型体内的抗癌效果，并进行安全性评估。

结果 筛选确认了若干急性髓系白血病潜在相关性新抗原并构建了数据库；进一步以 Neoantigen-1 为代表，验证了其在 FLT3-ITD+AML 等亚型（基因、细胞系及原代细胞）癌细胞膜上表达，而不在 CD34+造血干细胞以及 T 细胞、B 细胞、NK 细胞等正常细胞表面表达；成功构建了 CAR-NK 细胞并发现其在细胞水平和动物模型体内对靶细胞都具有良好的靶向抗癌性，且没有明显的毒副作用；同时靶细胞被杀伤时会高表达 PD-L1,免疫检查点阻断可进一步增强其抗癌效果。

结论 表面蛋白质组学探索急性髓系白血病等潜在新抗原，进而构建 CAR-NK 细胞验证其有效性及安全性，可为癌症精准医疗领域“通用现货型细胞”治疗产品的开发提供参考。

PO-0445

Flumatinib combined with chemotherapy for newly diagnosed adult with Ph-positive acute lymphoblastic leukemia: a single-center, retrospective observational study

shuyu Han,yanan Wang,chao Liu,silin Gan,liljie Han,jie Ma,feifei Wu,weiqiong Wang,jieke Cui,yufeng Shang,hui Sun,weimin Wang
郑州大学第一附属医院

Objective Outcomes in patients with Philadelphia chromosome positive (Ph+) acute lymphoblastic leukemia (ALL) have improved with the use of tyrosine kinase inhibitors(TKIs).

Methods This was a single-center, retrospective observational study conducted on patients with newly diagnosed Ph+ ALL patients who received flumatinib combined with multiagent chemotherapy as treatment regimen between April 2020 to May 2023. Patients were followed up by electronic medical record system and by telephone until 14 November 2023.

Results A total of 48 adults with newly diagnosed Ph+ALL were enrolled, including 25 males and 23 females. The median age was 40 years. After the administration of flumatinib combined with multiagent chemotherapy, the induced complete remission (CR), 3 month CR, and 6 month CR rates achieved 97.9%, 100%, and 93.3%, respectively. The rate of minimal residual disease negative (MRD-) by flow cytometry was 59.3%, 81.3%, 95.1%, and 90.0% in 0.5, 1, 3, and 6 months, respectively. The rates of major molecular response (MMR) were 54.6%, 61.4%, 82.0%, and 89.3% in 0.5, 1, 3, and 6 months after treatment, respectively. While the rates of complete molecular response (CMR) were 50.0%, 43.2%, 64.1%, and 85.7%. With a median follow-up of 41.1 months, the 3 years overall survival (OS), progression-Free Survival (PFS) and event free survival (EFS) were 70.8%, 62.5% and 45.8%, respectively. 35.42% (17/48) patients were administered allogeneic SCT. The OS of patients with SCT was significantly better than patients without SCT (94.1% vs. 54.8%, $p=0.0057$). The OS of patients by CR after induction therapy significantly prolonged (70.21% vs. 0, $p = 0.0001$). The OS of patients with MRD-negative was remarkably better than patients MRD-positive (71.79% vs. 55.56%, $p<0.0001$). The OS of patients whether they had achieved MMR and CMR suggested no impact on OS. 64.1%(25/39) patients received a CMR in 3 months after treatment, the OS of patients whether had achieved CMR revealed no statistical difference(68% vs. 78.57%, $p=0.4618$).

Conclusion Flumatinib combined with multiagent chemotherapy as induction had a high level of efficacy in adult with newly diagnosed Ph+ ALL patient.

PO-0446

Pegylated liposomal doxorubicin combined with cytarabine and granulocyte colony-stimulating factor for treating newly diagnosed older and unfit acute myeloid leukemia patients: A prospective, single-center, single-arm, phase II study

Bingqing Luo, Xiaoyan Tan, Yanfang Zhang, Xiao Hu, Hanqing Zeng, Hongbo Xiao, Shifeng Lou, Kang Zhou
Chinese Academy of Medical Sciences

Objective Effective treatment options are limited for elderly acute myeloid leukemia (AML) patients. A prospective phase II study was conducted to investigate the safety and efficacy of pegylated liposomal doxorubicin (PLD) combined with low-dose cytarabine (LDAC) and granulocyte colony-stimulating factor (G-CSF) in newly diagnosed older and unfit AML patients.

Methods Patients aged 60 years or older with previously untreated AML ineligible for intensive chemotherapy were enrolled. Fourteen patients were enrolled and evaluable. The study included one cycle of induction and four cycles of consolidation, followed by maintenance. Both induction and consolidation consisted of PLD, LDAC and G-CSF. Each cycle last 28 days. Key end points were response rates, overall survival (OS), progression free survival (PFS), duration of response (DOR), minimal residual disease (MRD) negative rate, relapse rate and safety.

Results The median age was 73 (64 to 81) years and 12 patients were over 70 years. The overall response rate (ORR) was 78.6% (n = 11) and the complete remission (CR)/complete remission with incomplete recovery (CRi) rate was 62.3% (n = 9) after first cycle. With a median follow-up of 12.4 months (4 to 24.8), five (55.6%) patients relapsed with median time of 13 months (5.1 to 18.6). The median DOR was 11.9 months (95% CI, 6 to NA), the OS was 15.8 months (95% CI, 8.4 to NA) and PFS was 7.73 months (95% CI, 5.13 to NA). Common grade 3 or greater adverse events were febrile neutropenia (78.5%) and infection (64.3%). Pneumonia (6, 42.8%) was the most common, followed by urinary tract infection (2, 14.3%) and bacteremia (2, 14.3%). Early (30-day) mortality was 0%.

Conclusion The combination of PLD + LDAC + G-CSF is well-tolerated and associated with high rates of CR/CRi, rapid and durable remission, and low early mortality, providing an attractive and novel treatment option for newly diagnosed elderly and unfit AML patients.

PO-0447

HDAC2-miRNA183 Epigenetic Circuit Contributes to the Growth of Philadelphia-Positive Acute Lymphoblastic Leukemia Via BCR-ABL/PTEN/AKT and c-MYC Signaling Pathways

Shudao Xiong, Yangyang Ding
The Second Affiliated Hospital of Anhui Medical University

Objective To characterize the expression and function of leukemia related/specific microRNAs (miRNAs) in Philadelphia-positive Acute Lymphoblastic Leukemia (Ph-positive ALL), and to identify the mechanistic signaling pathways in Ph-positive ALL.

Methods Differentially expressed miRNAs in Ph-positive ALL patient samples and cell line were identified using RNA-seq and qPCR. Cell proliferation and apoptosis were detected with CCK-8

and flow cytometry assays, respectively. Bioinformatics software predicted the upstream and downstream regulatory pathway of miRNA183; the dual luciferase reporter gene analysis verified the regulatory effect of miRNA183 on the target gene BCR-ABL; ChIP experiment detected the recruitment of HDACs in the miRNA183 promoter region, and western blot detected the expression of related protein in the miRNA183 related pathway.

Results We identified thirty-one differentially expressed miRNAs in three Ph-positive ALL samples vs. normal karyotype B-ALL samples. Among these alternately expressed miRNAs, miRNA183 was significantly downregulated in Ph-positive ALL. qPCR verified the down-expression of miRNA183 in Ph-positive ALL cases samples and Ph-positive ALL cell line SUP-B15. Forced over-expression of miRNA183 inhibited proliferation of SUP-B15 cells, but had no effect on NALM-6 cells (normal karyotype B-ALL). Furthermore, either forced over-expression of miRNA183 or silence down of BCR-ABL1 promoted SUP-B15 cell apoptosis.

dual luciferase reporter gene experiments proved that miRNA183 could direct bind to BCR-ABL gene; miRNA183 inhibited the expression of bcr-abl fusion protein. Our results showed that BCR-ABL is the target gene of miRNA183. In addition, forced over-expression of miRNA183 and silence down of BCR-ABL1 regulated the downstream proteins including PTEN, PARP, AKT and c-MYC with the same change trend. In complementary loss-of-function studies, inhibition of miRNA183 restored the expression of these proteins.

Treatment of SUP-B15 cells with histone deacetylase inhibitor (HDACi), resulted in decrease of cell viability in a dose-dependent manner. Surprisingly, miRNA183 levels were significantly increased in HDACi exposure. Furthermore, miRNA183 inhibitor reduced HDACi-induced upregulation of miRNA183 expression and attenuated HDACi-mediated apoptosis in SUP-B15 cells. ChIP assay demonstrated that HDAC2 but not HDAC1 was specifically recruited to the miRNA183 promoter region. Additionally, after HDACi treatment, HDACi-induced H3K27ac was recruited and accumulated at the miRNA183 promoter region. Western blot assay further proved the changes of the related proteins.

Conclusion Our results indicate that miRNA183 is a potential biomarker for Ph-positive ALL and suggest that a novel "HDAC2-miRNA183 Epigenetic Circuit" may be involved in the growth and progression of Ph-positive ALL by PTEN/AKT and c-MYC signaling pathways. Taken together, this study may provide novel approaches to the design of targeted drugs for Ph-positive ALL.

PO-0448

Analysis of pre-chemotherapy platelet count, co-mutated genes and lymphocyte subsets in FLT3-mutated acute myeloid leukemia patients with normal chromosome karyotype

Yang Chen, Jinning Shi
The Affiliated Jiangning Hospital of Nanjing Medical University

Objective FMS like tyrosine kinase 3 receptor (FLT3) mutations are associated with poor prognosis for acute myeloid leukemia (AML) patients. However, the prognosis of AML patients is influenced by many factors, such as the type of co-mutated genes. AML patients are simultaneously accompanied by abnormalities in blood cell counts and lymphocyte subsets at the onset. It is not known what effects platelet (PLT) count has on prognosis in AML patients. Therefore, the purposes of this study are to explore the link between platelet count, co-mutated genes and lymphocyte subsets in newly diagnosed FLT3-mutated AML patients with normal chromosome karyotype, and their roles in the prognosis.

Methods This study retrospectively collected the information of 157 newly diagnosed FLT3-mutated AML patients with normal chromosome karyotype. The frequency of co-mutated genes and lymphocyte subsets levels between different platelet count groups were statistically

analyzed. Then, the factors affecting prognosis in patients were screened, and the effect of platelet count on prognosis was further analyzed.

Results The mutation frequency of GATA2 gene was higher in FLT3-ITD (+) than FLT3-ITD (-) groups ($P=0.016$). $88 \times 10^9/L$ was confined as the cut-off of the platelet count. The median of white blood cell (WBC) count was higher in the $PLT < 88$ group than $PLT \geq 88$ group ($P=0.020$). Multivariate analyses revealed that lower platelet count was an independent favourable variable for overall survival (OS) ($P=0.031$) and relapse-free survival (RFS) ($P=0.001$) in FLT3-mutated AML. The estimated 5-year OS and 5-year RFS of patients with lower platelet count were higher than that of their counterparts ($P=0.014$ and $P<0.000$, respectively). The differences in levels of CD16(+) CD56(+) and CD19(+) cells varied among the $PLT < 88$ and $PLT \geq 88$ groups ($P=0.042$ and $P=0.047$, respectively). The level of CD4(+) T cell was lowest expression in the control group compared to the FLT3+AML, $PLT < 88$ and $PLT \geq 88$ groups ($P=0.008$, $P=0.021$, $P=0.019$, respectively).

Conclusion In FLT3-mutated AML patients with normal chromosome karyotype, different platelet count may have an impact on the prognosis. The mutation frequency of co-mutated genes and lymphocyte subsets levels may be correlated with platelet count.

PO-0449

POT1 基因突变对慢性淋巴细胞白血病预后和端粒生物学功能的不良影响

潘必慧、张佳乐、许张娣、马彧、徐卫、吴佳竹
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 探究 POT1 基因突变对慢性淋巴细胞白血病预后和端粒生物学功能的影响。

方法 我们招募了江苏省人民医院的 446 例 CLL 患者，其中 POT1 基因突变 17 例，分析了 POT1 基因突变与临床特征和预后的相关性。对突变型和野生型 POT1 患者进行 RNA-Seq，以探讨 POT1 突变是否可能促进疾病进展。通过 GO 和 KEGG 分析揭示其生物学作用和潜在机制，通过单样本基因集富集分析确定参与的免疫细胞亚型和肿瘤免疫微环境。

结果 我们分析了 390 例初治期(TN)患者和 56 例复发难治性(R/R)患者的 POT1 基因突变情况，发现 POT1 基因突变、Binet 分期晚期、 $\beta 2$ -MG 水平升高和 CLL-IPI 高危组是 CLL 更普遍的高危因素。进一步的 POT1 突变图谱表明，POT1 突变经常与 ARID1B、ATP6V1B2、CHD8 和 EGR2 突变共同发生，并伴有染色体异常。生存分析表明，POT1 突变与较差的 TTFT、PFS 和 OS 显著相关，与影响其他结构域的突变相比，影响 OB2 结构域的 POT1 突变患者具有较短的 PFS 和较差的 OS，与变异无关。由 POT1 突变状态、LDH 水平、CLL-IPI 评分组成的 nomogram 模型能够可靠地预测 CLL 患者的预后。RNA-Seq 显示 POT1 突变影响 CLL 细胞的转录组。GO 和 KEGG 分析发现，POT1 突变与端粒功能障碍、抑制受体上调和信号通路失调有关。

结论 POT1 基因突变对慢性淋巴细胞白血病预后和端粒生物学功能产生不良影响。

PO-0450

IL-6 敲减修饰的 CD19 CAR-T 在治疗复发难治性急 B 性淋巴细胞白血病患者安全性和有效性分析。

马金凤¹、薛胜利²、张海国¹、俞磊³、宫文洁²、颜春龙¹、康立清³、谭靖雯³、徐南³、戴海萍³、朱红佳³

1. 济宁市第一人民医院
2. 苏州大学附属第一医院
3. 上海优卡迪生物有限公司

目的 严重的细胞因子释放综合征 (sCRS) 和免疫效应细胞相关的神经毒性综合征 (ICANS) 限制了嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 疗法的广泛应用。为了克服这些挑战, 我们开发了一种新的方法, 利用抗 CD19 CAR-T 细胞并结合一个小发夹 RNA (shRNA) 元素来沉默白细胞介素-6 (IL-6) 基因。我们的目标是减少 CAR-T 细胞和单核细胞的活化和促炎细胞因子的释放, 以降低 sCRS 和 ICANS 的分级及发生率。

方法 在这两个多中心进行的 I/II 期临床试验中, 我们比较了 ssCAR-T-19 与经典 CAR-T-19 细胞 (cCAR-T-19) 在复发或难治性急性 B 淋巴细胞白血病 (r/r B-ALL) 患者中的安全性和疗效。分析两组患者 CRS ICANS 以及不良反应时间发生率, 完全缓解 (CR)、不完全血液学恢复的 CR (CRi)、累积非复发性死亡率 (NRM)、总生存期 (OS)、无进展生存期 (PFS)

结果 分析接受 ssCAR-T-19 的 47 名患者和接受 cCAR-T-19 的 40 名患者。ssCAR-T-19 组中 ≥ 3 级 CRS 的发生率仅为 14.89%, 而 cCAR-T-19 组为 37.5%。此外, ssCAR-T-19 组中仅有 4.26% 的患者出现 1 级 ICANS, 而 cCAR-T-19 组中观察到 4 名患者 (10%) 出现 1-2 级 ICANS, 2 名患者 (5%) 出现 3 级 ICANS。ssCAR-T-19 达到了更高的完全缓解 (CR) 和具有不完全血液学恢复的 CR (CRi) 率 (91.49% vs 85%)。中位随访时间 21.9 个月 (0.33~101.7 个月), cCAR-T 组的累积非复发性死亡率 (NRM) 为 13.6%, 而 ssCAR-T-19 组为 10.4% ($P=0.33$)。ssCAR-T-19 的中位总生存期 (OS) 为 37.17 个月, 而 cCAR-T-19 为 32.93 个月 ($p=0.40$)。中位无进展生存期 (PFS) 为 ssCAR-T-19 组的 24.17 个月, 而 cCAR-T-19 组为 9.33 个月 ($p=0.23$)。ssCAR-T-19 组的 6 个月 PFS 高于 cCAR-T-19 组 ($p=0.0145$)。

结论 ssCAR-T-19 提高了 CAR-T 治疗 r/r B-ALL 安全性和有效性, 表明它作为一种有前景的治疗方法。

PO-0451

奥佳伊妥珠单抗治疗急性 B 淋巴细胞白血病的有效性： 一项单中心、单臂观察研究

刘林、王宇翔、郭涛
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 观察在急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 患者中奥佳伊妥珠单抗治疗的有效性。

方法 回顾性研究 2017 年 10 月至 2024 年 3 月在华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科接受奥佳伊妥珠单抗治疗的 B-ALL 患者的临床资料。所有患者至少使用一次的奥佳伊妥珠单抗 (INO) 治疗, 以单独治疗、联合治疗或桥接治疗为主。采用骨髓细胞学、微小残留 MRD 行疗效评估。

结果 共纳入 17 例 B-ALL 患者, 男性患者 10 例 (58.82%), 女性 7 例 (41.18%), 中位年龄为 37 (12-75) 岁。INO 治疗线数: 1 线 8 例 (47.06%), 2 线 7 例 (41.18%), 3 线及以上 2 例 (11.76%)。INO 使用的中位次数为 2 (1-7) 次。INO 治疗的有效性: 14 例 (82.35%) 可评估疗效患者客观缓解率为 78.57%, 其中完全缓解率为 64.30%。以 INO 行桥接治疗有 11 例

(64.71%)，4 例桥接异基因造血干细胞移植 (allo-SCT)，7 例桥接 cart 治疗。桥接 allo-SCT 患者，移植距离末次 INO 治疗的中位时间为 45 (19-190) 天。发生肝窦系阻塞综合征 (VOD) 有 1 例 (5.88%)，2 级，发生在移植后 14 天，距离末次使用 INO 后 60 天。

结论 INO 治疗初治及复发/难治急性 B 淋巴细胞白血病疗效确定，安全性好。对于其在一线治疗联合化疗方案选择，以及桥接移植的时机仍然需要更大样本的前瞻性研究。

PO-0452

探讨基于行为改变理论的远程营养干预 用于急性白血病化疗后患者营养状态的影响

涂璇

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 急性白血病是血液系统恶性增殖性疾病，目前主要的治疗手段是化疗。有研究显示，45%—80%的肿瘤患者会出现营养不良情况，且会增加并发症和死亡风险，部分患者因无法耐受而终止治疗，严重影响患者的预后和生活质量。因此，改善患者营养情况、提高患者生活质量是目前临床亟待解决的问题。营养干预是对患者营养上的问题进行相应的改变。行为改变理论是着眼于行为改变过程与对象的需求，采取匹配的行为转变策略，以促进机体行为方式的改变、重视健康行为。因此，本文尝试将行为改变理论结合互联网远程营养干预应用于急性白血病化疗后患者中，旨在为临床工作提供依据。

目的：探讨基于行为改变理论的远程营养干预用于急性白血病化疗后患者

方法 选取 2023 年 1 月——2024 年 1 月华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科出院的 80 例白血病患者，随机分为对照组 40 例，观察组 40 例。对照组予常规出院后延伸护理干预，干预组延伸护理干预+行为改变理论的远程营养干预。对比两组护理前后营养状况、血清白蛋白水平、生活质量、免疫功能。

结果 干预前，两组患者营养评估情况比较，差异不具有统计学意义 ($P>0.05$)，干预后，干预组评分优于干预前，组间对比，干预组明显优于对照组，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。对比接受护理后生活质量、血清白蛋白水平以及护理满意度，干预组优于对照组，两组有明显差异 ($P<0.05$)。

结论 基于行为改变理论的远程营养干预可以改善急性白血病化疗后患者的营养状况，进而提高生活质量。

PO-0453

真实世界中老年急性髓系白血病患者的生存分析

王媛媛²、柳湘洁²、黄丽芳¹

1. 华中科技大学同济医学院附属同济医院

2. 华中科技大学同济医学院附属梨园医院

目的 研究真实世界中老年急性髓系白血病 (AML) 患者的生存状态，探究影响老年 AML 患者的预后因素，从而提高对老年 AML 患者的临床管理，延长其生存时间。

方法 收集华中科技大学同济医学院附属同济医院血液科自 2018 年 1 月至 2023 年 12 月收治的初治老年 AML 患者 149 例的完整资料，包括血常规，白蛋白、骨髓相关检查，治疗方案等指标，根据治疗方案将患者分组，比较生存曲线。对基因突变、融合基因、合并症进行一般资料分析，对年

龄、白细胞数量、白蛋白水平、染色体核型、骨髓原始细胞比例，骨髓增生发育异常、骨髓纤维化 7 个因素进行 Kaplan-Meier 生存分析，多因素分析采用 Cox 回归分析，寻找影响患者的危险因素。**结果** 在分析的 149 例患者中，中位 OS 仅为 2.3 个月。53 例患者仅采用支持治疗，包括成分输血、抗感染及降白细胞等治疗。96 例患者采用化学药物治疗，其中细胞毒药物化疗 49 例，单用去甲基化药物或联合维奈克拉治疗组 47 例。结果显示：化疗组患者的中位生存期（mOS）明显高于支持组（4.6 个月&1.0 个月 $p<0.0001$ ），并且去甲基化药物治疗组要明显高于细胞毒药物组（2.4 个月&8.2 个月， $p<0.0001$ ）。单因素分析年龄、白细胞数量、白蛋白水平、染色体核型、骨髓原始细胞比例，骨髓增生发育异常、骨髓纤维化对老年 AML 患者预后的影响，异常染色体核型和初诊时高白细胞数量是加剧患者不良预后因素。对基因突变、融合基因、合并症进行一般资料分析，基因突变中检出率较高的常见基因突变类型有以下 5 种：NPM1、DNMT3A、FT3、IDH1/2、CEBPA，感染是老年 AML 患者最常见的并发症，占比 56%，对治疗方案、染色体核型、白细胞数量进行多因素分析，发现单用去甲基化药物或联合维奈克拉治疗是延长老年 AML 患者的总生存期（OS）的最佳方案。

结论 在真实世界中，老年 AML 总体生存很差，患者不良细胞遗传学和基因突变的发生率显著增高。异常染色体核型和初诊时的高白细胞数量被识别为加剧患者不良预后的关键因素。积极的治疗方式，如 HMA 单用或联合维奈克拉，能够延长老年 AML 患者的总生存期。

PO-0454

SLC27A2 通过脂肪酸转运在急性淋巴细胞白血病的作用和分子机制的初步研究

芦丽华²、李翔¹、吴伯衡²、蔡青¹、胡建达^{1,2,3}

1. 福建医科大学附属第二医院

2. 福建医科大学附属协和医院

3. 福建医科大学精准医学院

目的 急性淋巴细胞白血病（ALL）是起源于 B 或 T 淋巴细胞的恶性血液疾病，属于血液恶性肿瘤的常见类型之一。课题组前期对 B-ALL 细胞株 Nalm6 及其阿霉素耐药株 Nalm6/ADM（NAR）的转录组和非定向代谢组进行了检测分析，揭示了脂质代谢对于 ALL 进程的重要性。基于这些结果，本研究旨在探讨脂肪酸代谢在 ALL 进展中的作用，并关注 SLC27A2 基因。通过深入研究，期望找到脂肪酸代谢路径中的关键调控点，以及明确 SLC27A2 基因如何在 ALL 的发生发展中发挥作用，为开发新的治疗策略提供科学依据。

方法 Nalm6 细胞株及其耐药株 NAR 进行转录组和非定向脂质组学分析，揭示 SLC27A2 基因参与 ALL 的脂肪酸代谢的关键作用。通过分析 TARGET 数据库中的转录组测序数据，评估 SLC27A2 表达水平对 ALL 患者的生存和预后的影响。在 ALL 细胞株 Jurkat 和 Nalm6 中敲低 SLC27A2 基因，观察细胞表型以及相关信号通路活性的影响。选择敲低效果最显著的细胞株进行转录组和定量脂质组学分析，以识别关键通路和具体脂质的变化。进行功能实验及回复实验验证，确保研究结果的准确性和可靠性。构建 ALL 小鼠模型，明确 SLC27A2 在 ALL 小鼠体内的生物学作用，旨在为 ALL 的治疗提供新的靶点和策略。

结果 Nalm6 和 NAR 的转录组结果提示差异基因主要集中在代谢相关通路，非定向代谢组学分析结果揭示脂肪酸代谢通路显著富集。蛋白质组学证实 SLC27A2 基因在脂质代谢路径中显著上调。对本中心 50 例 ALL 患者的临床样本进行 mRNA 水平的检测，结果表明与健康人相比，SLC27A2 在 ALL 患者中高表达。TARGET 数据库的分析确认了 SLC27A2 可以作为 ALL 不良预后的分子标志物。

体外研究显示，敲低 SLC27A2 基因能够促进 ALL 细胞的周期阻滞和细胞凋亡，抑制细胞增殖，损伤线粒体结构，减少脂滴数量。SLC27A2 的特异性抑制剂 Lipofermata 产生了类似的效果。转

录组 RNA 测序结果揭示, SLC27A2 的高表达能够激活 PI3K/AKT 信号通路, 促进与 ALL 相关免疫抑制细胞的浸润。相反, SLC27A2 的低表达削弱了上述效应, 减少棕榈酸的转运, 从而减慢了细胞增殖速度。ALL 小鼠体内实验结果显示敲低 SLC27A2 可以减轻 ALL 细胞对骨髓、肝脏和脾脏的浸润从而减轻 ALL 小鼠的疾病进展。

- 结论** 1.多组学分析结果提示 SLC27A2 基因是脂质代谢在 ALL 的发生发展中的关键基因;
2. 临床数据提示 SLC27A2 基因在 ALL 患者中显著高表达且预后不佳。
3.体外实验证明敲低 SLC27A2 基因影响 ALL 细胞周期、凋亡、线粒体损伤、脂滴数量、免疫抑制性分子的浸润和棕榈酸转运, 可能与 PI3K/AKT 通路相关。
4. 体内实验结果显示敲低 SLC27A2 可以减轻 ALL 细胞对骨髓、肝脏和脾脏的浸润从而减轻 ALL 小鼠的疾病进展。

PO-0455

抑制 BRIP1 选择性杀伤 ALDH2 缺失型 急性髓系白血病细胞的合成致死机制研究

胡秀英、王季石
贵州医科大学附属医院

目的 DNA 双链损伤修复相关靶点具有明确的肿瘤治疗潜力, 但迄今为止, 较少有人通过基因筛选来识别急性髓系白血病 (AML) 细胞中的 DNA 双链损伤修复依赖性。我们在前期实验中发现, ALDH2 在大部分初诊 AML 呈现低表达, 其独特的 ALDH2 脆弱性可能使得它们优先依赖 DNA 双链损伤修复通路的 BRIP1, 并且相较于其他正常细胞更具有合成致死效应。因此, 本文探讨阻断 BRIP1 介导的 DNA 双链损伤修复是否可以选择性地消除 ALDH2 缺陷的 AML 细胞, 同时保留大多数人体组织中存在的表达 ALDH2 的正常细胞。

方法 我们通过不同 AML 细胞系来检测低表达 ALDH2 的细胞对 BRIP1 的依赖性及 ALDH2 启动子的甲基化水平。并通过 Real-time PCR、Western blot 检测 BRIP1 和 ALDH2 在 6 个 AML 细胞系及临床样本中的表达, 研究二者之间的反向表达模式, 分析 ALDH2 表达与 DNA 碱基切除修复的相关性。通过小分子靶向抑制剂靶向抑制 ALDH2 和 BRIP1, 构建体内体外模型, 观察不同 AML 细胞株以及原代细胞增殖、凋亡情况。

结果 在低表达 ALDH2 的 AML 细胞组中, 我们发现了 BRIP1 相较其他组呈现一定的高表达。在初诊的 46 例 AML 样本中, 我们通过 ALDH2 表达水平和甲基化程度的不同, 将临床样本分成了高低两组, 与高表达 ALDH2 组相比, ALDH2 低表达组 BRIP1 显著增加($p < 0.01$), BRIP1 抑制后, AML 细胞增殖水平显著减低 ($p < 0.01$)。并 BRIP1 抑制, 以剂量和时间依赖性的方式诱导 U937 和 TPH1 细胞(低表达 ALDH2 的 AML 细胞系)凋亡($p < 0.05$)。另外, 在 ALDH2 高表达 AML 细胞系中, 我们同时抑制 ALDH2 和 BRIP1 的表达, AML 细胞生长显著下调($p < 0.01$)。同样, 我们在使用 AML 原代细胞构建小鼠体内 AML 浸润模型, 也观察到了同样的结果。

结论 ALDH2 缺陷细胞对 BRIP1 的依赖并通过靶向 BRIP1 影响 AML 细胞增殖, 这将为寻找新的分子靶点治疗 AML 提供新的思路。

PO-0456

伴 RUNX1::RUNX1T1 融合的急性髓系白血病（AML）免疫表型特点

岳佩琼、商芳影、马耀坤、覃磊
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 采用流式细胞术分析研究伴 RUNX1::RUNX1T1 融合的急性髓系白血病（AML）的免疫表型特点。

方法 回顾性分析经 MICM（细胞形态学、免疫学、细胞遗传学和分子生物学）诊断的 112 例初诊 AML 流式免疫表型特点，其中病例组为 78 例伴 RUNX1::RUNX1T1 融合的 AML，对照组为 34 例不伴 RUNX1::RUNX1T1 融合的 AML。

结果（1）.病例组和对照组中 CD13、CD33、CD117、MPO 表达无明显统计学差异。（2）.病例组 78 例伴 RUNX1::RUNX1T1 融合的 AML 患者中，34 例表达 CD15（43.59%），23 例表达 CD19（29.48%），49 例表达 CD56（62.82%）；对照组 34 例病例中，1 例表达 CD15(2.94%)，1 例表达 CD19（2.94%），2 例表达 CD56（5.88%）。CD15、CD19 和 CD56 的表达差异在 Fisher 精确检验中有统计学意义。（3）.运用 FAB 分类时，病例组 78 例中有 67 例为 AML-M2 型（85.90%），11 例为其他类型（14.10%），伴 RUNX1::RUNX1T1 融合的 AML 与 FAB 分类 AML-M2 型高度相关。

结论 伴 RUNX1::RUNX1T1 融合的急性髓系白血病（AML）是 AML 伴明确遗传学异常分类中的一种，一般预后较好。明确该疾病的诊断对预后及后期疗效监测都具有重要意义。本研究通过流式细胞检测技术，发现该疾病高表达 CD15、CD19、CD56，尤其是 CD56（62.82%）。同时发现该疾病与 FAB 分类中 AML-M2 型高度相关。对于有 CD15、CD19 和（或）CD56 表达的 AML，且 FAB 分类为 AML-M2 的病例，可以作为预测 RUNX1::RUNX1T1 基因融合的因素。

PO-0457

一例骨髓移植患者的外周血染色体检测结果异常的报道

胡攀、袁爱芳、李鸿瑞
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 一例骨髓移植手术患者移植后外周血染色体核型分析提示异常结果核型的实验室分析

方法 一例成人急性淋巴细胞白血病患者的临床资料，免疫分型，骨髓组织活检。移植术后供受者基因嵌合状态，细胞遗传学特征及分子遗传学特征进行分析。

结果 初检结果为免疫分型提示急性 B 淋巴细胞白血病（普通型 B-ALL 可能），骨髓组织活检结果提示：幼稚细胞弥漫性增生，结合辅片考虑为急性白血病（AL），建议结合流式或加做免疫组化进一步确诊分型。骨髓移植术前的骨髓染色体核型分析结果 46,XY,inv(11)(p15q23)[20]，提示分析 20 个中期相细胞，细胞核型均存在 11 号染色体臂间倒位，同年年底做了骨髓移植手术，移植供者是患中的儿子。骨髓移植前的流式 B-ALL 微小残留病灶动态考虑为免疫表型异常的残留白血病细胞。骨髓移植术后流式 B-ALL 微小残留病灶动态未见免疫表型明显异常的细胞（残留白血病细胞 $<10^{-4}$ ）。移植后两次检测移植后供受者基因嵌合状态的结果为 2023.12.10 和 2024.1.9 送检供者细胞在受者体内的植入状态为完全的供者嵌合状态，嵌合率均为 100%。代表移植成功。骨髓移植术后复查的骨髓染色体核型分析结果 46,XY,inv(11)(p15q23)[20]，提示分析 20 个中期相细胞，细胞核型均存在 11 号染色体臂间倒位。后送检本人和其供者的外周血染色体核型分析双方结果 46,XY,inv(11)(p15.1q23.1)，提示分析 20 个中期相细胞，细胞核型均存在 11 号染色体臂间倒位。

结论 在骨髓移植成功后患者的骨髓染色体核型结果与移植前的核型存在异常结果一致的情况下可以加做外周血染色体核型分析检查来验证染色体异常的原因。

PO-0458

一例伴 t(2;9;22)复杂易位的 CML-CP 白血病患者实验室分析

秦瑶、李鸿瑞、蒋莉
武汉康圣达医学检验有限公司

目的 研究一例伴 t(2;9;22)复杂易位的 CML-CP 白血病患者实验室分析

方法 对一例成年细胞形态学、免疫分型、细胞遗传学及分子遗传学的特征进行分析。

结果 在 CD45/SSC 点图上设门分析，中性粒细胞约占核细胞的 78.5%，比例增高，其阳性表达 CD10、CD11b、CD13、CD15、CD16、CD33、CD56、CD58、CD64。嗜碱性粒细胞约占核细胞的 6.5%比例增高。淋系增殖明显受抑。提示：髓系增殖，以中性粒细胞为主，伴部分细胞分化异常，嗜碱性粒细胞比例增高，符合 CML_x0002_-CP。请结合临床、骨髓形态学、遗传及 BCR::ABL1 融合基因检测明确诊断。染色体核型分析结果为：46,XY,t(2;9;22(p25;q34;q11.2),t(4;22)(q27;q12)[18]/47,idem,+der(22)t(2;9;22)[2] 此患者标本经培养后分析 20 个中期相细胞，细胞核型均存在 ph 染色体，且表现为涉及 2、9 和 22 号染色体的多重断裂产生的易位，存在 4 号和 22 号染色体易位，其中 2 个细胞核可见双 ph 染色体，建议进一步行分子遗传学检测，请结合其它检测结果和临床症状综合判断。BCR-ABL1 P210 型融合基因定量阳性。

结论 伴 t(2;9;22)复杂易位的 CML-CP 白血病是一种的复杂变异易位，综合实验室特征分析，有助于全面评价疾病预后，并为个体化治疗方案提供实验室依据。

PO-0459

一例 46,XY,add(7)(q22),t(15;17)(q24;q21) 易位的 APL 患者实验室分析

邹庆玲、李鸿瑞、蒋莉、郑珊林
武汉康圣达医学检验有限公司

目的 研究一例 46,XY,add(7)(q22),t(15;17)(q24;q21)的 APL 患者实验室分析

方法 对一例 APL 患者免疫分型、细胞遗传学及分子遗传学的特征进行分析。

结果 在 CD45/SSC 点图上设门分析，髓系稍向原始延伸的分布区域可见异常细胞群体，其阳性表达 CD9、CD13、CD33、CD38、CD58、CD64、CD117、CD123、MPO，淋系增殖受抑，提示为急性髓系细胞白血病（AML）。染色体核型分析结果为 46,XY,add(7)(q22),t(15;17)(q24;q21)[20]，可见 7 号染色体长臂附加未知来源的片段，15 号和 17 号染色体易位。荧光原位杂交（FISH）检测出 D7S486 位点拷贝数缺失，阳性率约为 96%，提示可能存在 7q-。43 种融合基因筛查提示检测出 PML::RARA (bcr3) 融合基因阳性，血液肿瘤全转录组测序分析提示 PML/RARA 融合基因阳性。

结论 急性早幼粒细胞白血病(APL)中，患者表现出 t(15;17)(q24;q21)易位。PML::RARA 融合基因是急性早幼粒细胞白血病(APL)的肿瘤特异性分子标志，在 AML 中提示预后良好。

PO-0460

CBFβ::MYH11 and FIP1L1::PDGFRA double fusion in acute myeloid leukemia: a case report

Liqun Yang¹, Cai zhu Wang², Fan Yang², Lina TAO³, Ying YU², Shili CHEN², Qin CHEN², Dan Liao², Shusen LIN³

1. Chengdu Huayin Medical Laboratory Center

2. Guangzhou Huayin Medical Laboratory Center

3. No. 924 Hospital, Joint Logistics Support Force, China People's Liberation Army

Objective A rare case of CBFβ::MYH11 and FIP1-L1::PDGFRA double fusion in acute myeloid leukemia was encountered.

Methods The clinical outcomes and laboratory data of the case were documented and discussed, including bone marrow morphology, fusion gene detection, bone marrow karyotype, fluorescence in situ hybridization, and second-generation sequencing.

Results 72 years old female was presented with gingival swelling, pain in lower limbs, pallor, fatigue for about 2 weeks. Blood routine examination resulted HGB 81g/L, RBC 2.42×10¹²/L, WBC 45.46×10⁹/L, PLT 24×10⁹/L. BMA smear showed hyperplastic lesions with active hematopoiesis containing 20% meloblasts, 25% monoblasts/promonocytes, and 2% eosinophils. Multiparameter flow cytometry(MFC) revealed an abnormal myeloid cell population comprising 61% sampled cells expressing CD34, CD117, HLA-DR, CD13, CD33, partially expressing cMPO, CD38, CD123, and CD15 (dim). Other markers in MFC detection were not expressed, including CD11b, CD14, CD16, CD64, cCD3, CD3, CD7, CD56, CD4, CD8, CD19, cCD79a, CD36, CD61, CD71. BM biopsy findings were consistent with AML with an abnormal karyotype 46,XX, inv(16)(p13q22)[17] / 46,XX[3]; Those findings were consistent with AML with CBFβ::MYH11 fusion. Besides that, the screening of 56 leukemia related fusion genes revealed FIP1L1::PDGFRA in addition to CBFβ::MYH11, which also revealed WT1 overexpression. Only KIT 816 mutation was detected in a panel of 7 common mutations of AML including FLT3,NPM1,KIT,CEBPA,DNMT3A,RUNX1 and TP53. FLT3 mutation found in pan-hematologic tumor gene mutation at a frequency of 1.97%. Based on the above findings, Imatinib treatment was suggested but declined by the patient. The IDA regimen (daunorubicin 8mg/m², day 1-3, cytarabine 100mg/m², day 1-7) was used. The patient developed agranulocytosis and infection. The treatment was adjusted to Decitabine, low-dose cytarabine and granulocyte colony-stimulating factor for 3 courses. The patient's hemogram was recovered with minimal residual disease.

Conclusion CBFβ::MYH11 and FIP1L1::PDGFRA double fusion in AML is rare and has not been reported in the literature. According to the novel WHO classification (5th edition), this case could be classified as myeloid/lymphoid neoplasms with eosinophilia and tyrosine kinase gene fusions (MLN-TK). The classification of various hematologic tumors, including MPN, MDS, MDS/MPN, AML, MPAL, as well as ALL of T cell or B-cell origin and systemic mastocytosis (SM) into MLN-TK, is clinically important in patient's course, which may be dramatically altered by TKI therapy, particularly Imatinib. Thus, screening for MLN-TK related fusion genes is recommended even if a diagnosis of AML has been made.

PO-0461

预见性护理在预防老年白血病合并糖尿病患者 夜间突发低血糖症状的应用

康丽伟

山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 探讨预见性护理在预防老年白血病合并糖尿病患者夜间突发低血糖症状中的应用效果。

方法 选择我院 2023 年 7 月至 2024 年 1 月期间收治的老年白血病合并糖尿病患者 64 例，随机分为对照组和预见性护理组，每组各 32 例。对照组采用常规护理，预见性护理组在常规护理基础上实施预见性护理。比较两组患者在夜间低血糖症状发生率、血糖控制情况、护理满意度等方面的差异。

结果 预见性护理组在夜间低血糖症状发生率方面显著低于对照组；血糖控制情况明显优于对照组；预见性护理组的护理满意度显著高于对照组。

结论 预见性护理在预防老年白血病合并糖尿病患者夜间突发低血糖症状中具有良好的应用效果，能够显著降低夜间低血糖症状发生率，提高血糖控制效果，提升患者满意度，值得临床推广应用。

PO-0462

年轻急性髓系白血病（非 M3）患者的临床特征、 疗效及预后分析

陈桂清

福建医科大学附属协和医院

目的 本文旨在分析福建医科大学附属协和医院年轻急性髓系白血病（Acute myeloid leukemia, AML）（非 M3）患者的临床特征、分子遗传学、细胞遗传学特点及影响初诊诱导化疗疗效的相关因素；探索影响我院 ELN2022 风险分类为预后不良的年轻 AML 患者除细胞及分子遗传学以外的不良预后因素。

方法 收集自 2019 年 01 月 01 日-2023 年 09 月 01 日期间就诊福建医科大学附属协和医院并收住入院的 196 例 <60 岁 AML（非 M3）患者。通过单因素分析、多因素 Logistic 回归分析探讨影响年轻患者初诊诱导化疗疗效的独立危险因素。通过 Kaplan-Meier 法分析 ELN2022 风险分类为预后不良的年轻 AML 患者除细胞及分子遗传学以外的其他不良预后因素。

结果 1.196 例年轻 AML 患者，其中 171 例检出基因突变，检出率为 87.2%，检测出 ≥3 个基因突变位点的有 64 例（32.7%）。最常见的基因突变类型依次为：FLT3-ITD、CEBPA、NPM1。最常见的 11 种基因突变共检出 153 次基因共突变，其中最常见基因共突变组合为 DNMT3A & NPM1（9.8%）、FLT3-ITD & NPM1（9.8%）、FLT3-ITD & DNMT3A（8.5%）。

2.196 例年轻 AML 患者中，移植与否对患者 OS、PFS 的影响存在统计学差异（ $P < 0.05$ ），非移植组中位 OS（月）为 32.00（20.55-43.45），中位 PFS（月）为 20.00（9.31-30.69），移植组中位 OS、PFS 尚未达到。非移植组中不同预后危险度分层间患者 OS、PFS 存在统计学差异（ $P < 0.05$ ）。

3.对年轻预后不良患者进行生存分析，单因素分析发现移植、初诊血红蛋白计数、血流感染是影响患者 OS 的相关因素（ $P < 0.05$ ）。髓外浸润、移植、初诊血红蛋白计数、血流感染是影响患者 PFS 的相关因素（ $P < 0.05$ ）。多因素分析发现未移植（HR=4.325，95%CI 0.087-0.612， $P=0.003$ ）、初诊血红蛋白计数低（HR=1.834，95%CI 0.311-0.954， $P=0.034$ ）是影响 OS 的独立危险因素。未移植（HR=2.466，95%CI 0.171-0.960， $P=0.040$ ）、血流感染（HR=5.092，

95%CI 1.429-18.150, $P=0.012$) 是影响 PFS 的独立危险因素。

结论 1.FLT3-ITD 突变是我院年轻 AML 患者最常见的基因突变类型。

2.RUNX1 突变是影响年轻 AML 患者初诊诱导化疗疗效的独立危险因素。ASXL1 突变是影响年轻 AML 患者深度缓解的独立危险因素。

3.移植能克服细胞遗传学及分子遗传学对年轻 AML 患者预后带来的不良影响。

PO-0463

DHX15 基因在 AML 细胞焦亡中的调控作用及其机制

吴婉婷、王少元
福建医科大学附属协和医院

目的 DHX15 是 DEAH/RHA-box 解旋酶家族的成员, 具有调控 RNA 代谢及核糖体组装等多种生物学功能, 但其在 AML 细胞焦亡中的作用仍未明确, 本研究拟探讨 DHX15 基因在 AML 细胞焦亡中的作用及其可能的分子机制。

方法 CCK-8 实验检测敲低 DHX15、过表达野生型和突变型 DHX15 后, AML 细胞增殖情况; Western Blot 技术检测敲低 DHX15、过表达野生型和突变型 DHX15 后, AML 细胞的 NF- κ B 通路蛋白表达情况; 敲低 DHX15 后, 通过 PI 染色法、LDH 释放实验、ELISA 技术、透射电镜、Western Blot, 流式细胞术、激光共聚焦免疫荧光检测 AML 细胞中 PI 阳性细胞比例、LDH 释放情况、观察 MOLM-13 细胞的超微结构变化、检测焦亡相关蛋白表达情况、检测 IL-1 β 和颗粒酶 B 的释放情况、检测 ROS 水平和 HMGB1 的核易位情况;

结果 敲低 DHX15 减弱 AML 细胞的增殖能力、抑制 AML 细胞的 NF- κ B 通路活性; 过表达野生型和突变型 DHX15 通过激活 p65 活性增强 AML 细胞的增殖能力; 敲低 DHX15 导致 AML 细胞的 PI 阳性细胞比例增加, LDH 释放增多、影响焦亡相关蛋白表达、IL-1 β 及 GZMB 释放增多、ROS 水平增加、HMGB1 发生核易位。透射电镜显示敲低 DHX15 的 MOLM-13 细胞出现细胞焦亡。

结论 1、DHX15 可通过 NF- κ B 信号通路促进 AML 细胞增殖; 2、DHX15 可能通过 ROS-HMGB1-GSDMD 途径和 ROS-Caspase-3-GSDME 途径影响 AML 细胞焦亡; 3、DHX15 在 AML 细胞的增殖、焦亡中起着重要作用。

PO-0464

An Immune Microenvironment Based Gene Signature with Prognostic Significance in Patients with Acute Myeloid Leukemia

Zhixiang Chen, Shaoyuan Wang
Union Clinical Medical Colleges, Fujian Medical University; Union Clinical Medical Colleges, Fujian Medical University

Objective The tumor immune microenvironment (TIME) plays a crucial role in the progress of acute myeloid leukemia (AML). This study aimed to establish a TIME-related gene signature for accurate risk stratification and personalized immunotherapy in AML.

Methods We retrieved the expression profile and complete clinical information of 147 AML samples from The Cancer Genome Atlas (TCGA). The immune scores AML patients were calculated via the ESTIMATE algorithm. The differentially expressed genes (DEGs) were investigated based on the immune scores. We then performed the weighted correlation network analysis (WGCNA), the univariate Cox regression analysis, least absolute shrinkage and

selection operator (LASSO)-Cox regression analysis, and multivariate Cox regression analysis to construct a TIME-based gene signature with specific risk scores for risk stratification and therapy guideline. We finally constructed a dynamic nomogram consisting of the TIME-based gene signature and clinical characteristics for clinical utility.

Results We retrieved the expression profile and complete clinical information of 147 AML samples from The Cancer Genome Atlas (TCGA). The immune scores AML patients were calculated via the ESTIMATE algorithm. The differentially expressed genes (DEGs) were investigated based on the immune scores. We then performed the weighted correlation network analysis (WGCNA), the univariate Cox regression analysis, least absolute shrinkage and selection operator (LASSO)-Cox regression analysis, and multivariate Cox regression analysis to construct a TIME-based gene signature with specific risk scores for risk stratification and therapy guideline. We finally constructed a dynamic nomogram consisting of the TIME-based gene signature and clinical characteristics for clinical utility.

Conclusion The novel TIME relevant 16-gene signature established in our study could optimize the risk classification and guide personalized immunotherapy in AML.

PO-0465

Identification of prognostic significance in Acute Myeloid Leukemia based on senescence-related genes

董毅、翟志敏
安徽医科大学第二附属医院

目的 Explored the correlations between senescence-related genes and AML patients.

方法 The senescence-related genes were obtained from CellAge. Cluster analysis was used to determine the optimal k means. Senescence-related differentiated expressed genes (DEGs) between different clusters were used for further prognostic model construction. Nomogram analysis was performed to assess the significance of the predictability of the prognostic model. Univariate and multivariate COX analysis was constructed to evaluate the prognostic significance of the risk model.

结果 Patients with high-risk score achieved worse overall survival (OS) in training set and testing set. And area under the curve was 0.869 for 1-year, 0.777 for 3-year, and 0.784 for 5-year in training set and 0.867 for 1-year, 0.777 for 3-year, and 0.784 for 5-year in testing set. The risk model was an independent prognostic factor of OS. The higher risk scores acquired the higher level immune cells infiltration. The high-risk group manifested the higher sensitivity to the chemical agents.

结论 The prognostic model associated with senescence-related genes was an independent risk factor for OS in AML patients.

PO-0466

贝林妥欧单抗治疗成人急性 B 淋巴细胞白血病的疗效及安全性分析

狐亚磊¹、李雨晴¹、王雨欣¹、闵凯莉¹、周辉晟¹、高晓宁²
1. 解放军总医院研究生院
2. 解放军总医院第五医学中心血液病医学部

目的 评估在真实世界中贝林妥欧单抗治疗成人复发/难治 (Relapsed/refractory, R/R) 或持续微小

残留病 (Measurable residual disease, MRD) 阳性的急性 B 淋巴细胞白血病 (B-cell acute lymphoblastic leukemia, B-ALL) 患者的疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2021 年 1 月 1 日至 2023 年 12 月 31 日在解放军总医院血液病医学部接受至少 1 疗程贝林妥单抗治疗的连续的 30 例 B-ALL 患者的治疗前基线临床特征, 治疗后的完全缓解率 (Complete remission, CR)、完全缓解伴部分血液学恢复 (CR with partial hematologic recovery, CRh)、完全缓解伴不完全血液学恢复 (CR with incomplete hematologic recovery, CRi)、完全 MRD 缓解率 (未检测到 MRD)、MRD 缓解率 (检测到 MRD 但 $MRD < 0.01\%$)、生存时间 (Overall survival, OS)、无病生存时间 (Disease-free survival, DFS) 以及治疗相关不良反应的发生情况。

结果 4 例 MRD 阴性患者和 1 例未评估疗效患者未进行疗效评估。13 例 R/R B-ALL 患者中, 11 例患者 (84.6%) 达到 CR/CRh/CRi, 10 例患者 (76.9%) 达到 MRD 完全缓解。12 例 MRD 阳性患者中, 9 例患者 (75%) 达到 MRD 缓解, 7 例患者 (58.3%) 达到 MRD 完全缓解。中位随访时间: 8.4 (95%置信区间: 6.3-10.4) 月, R/R 组和 MRD 阳性组患者中位 OS 分别为 15.5 (95%置信区间: 0.65-30.35) 月和未达到, 中位 DFS 未达到。22 例患者 (73.3%) 出现治疗相关不良反应, 其中发热最为常见 ($n=13$)。15 例患者 (50%) 出现 ≥ 3 级不良反应, 其中中性粒细胞减少最为常见 ($n=9$)。6 例患者出现细胞因子释放综合征, 其中 5 例 1 级, 1 例 3 级。没有患者因治疗相关不良反应中断治疗或死亡。

结论 贝林妥单抗治疗 R/R 或持续 MRD+ B-ALL 患者疗效好, 不良反应总体可控。

PO-0467

Effect of sustained measurable residue disease negativity and post-remission treatment selection on the prognosis of acute lymphoblastic leukemia in adults

Jiechen Yu, Jian min Yang
Shanghai Changhai Hospital, Naval Medical University

Objective To explore the effects of monitoring measurable residual disease and post-remission treatment selection on the clinical outcomes of B-cell acute lymphoblastic leukemia (B-ALL) in adults.

Methods Between September 2010 and January 2022, adult patients with B-cell acute lymphoblastic leukemia who received combination chemotherapy, with or without allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT), were included in the retrospective study, which was approved by the Ethics Committee and the observation of Declaration of Helsinki conditions.

Results One hundred and forty-three B-ALL patients achieved complete remission (CR) were included in the study, of whom 94 patients (65.7%) received allo-HSCT in first complete remission (CR1).

Multivariate analysis showed that the most powerful factors affecting OS were transplantation (hazard ratio [HR]=0.540, $p=0.037$) and sustained measurable residue disease(MRD) negativity (HR=0.508, $p=0.037$). The subgroup analysis showed that the prognosis of the allo-HSCT group was better than that of the chemotherapy group, regardless of whether MRD was negative or positive after two courses of consolidation therapy. After consolidation therapy, the prognosis of patients with positive MRD remained significantly better in the allo-HSCT group than in the chemotherapy group. However, no significant difference was observed in the prognosis between the allo-HSCT and chemotherapy groups with negative MRD after consolidation therapy.

Conclusion B-ALL patients who achieve sustained MRD negativity during consolidation therapy have excellent long-term outcomes even without allo-HSCT. Allo-HSCT is associated with a

significant benefit in terms of OS and DFS for patients who were with positive MRD during consolidation therapy.

PO-0468

Clinical Significance of CEBPA bZIP In-frame Mutations in Non-M3 Acute Myeloid Leukemia Patients

许晨韵、钱军
镇江市第一人民医院

目的 The objective of this study was to evaluate CCAAT/enhancer-binding protein α (CEBPA) mutations and its clinical significance in Chinese patients with non-M3 acute myeloid leukemia(AML).

方法 Mutation analysis of CEBPA was conducted utilizing Sanger sequencing and next-generation sequencing (NGS) methodologies.

结果 Among 340 non-M3 AML patients, 27(7.9%) had CEBPA mutations, including 18 bZIPinf CEBPA(5.3%) and 9 non-bZIPinf CEBPA(2.6%). When compared to CEBPAwt patients, younger patients were more inclined to have bZIPinf CEBPA mutations($P = 0.005$). Besides, bZIPinf CEBPA was primarily observed in M2 subtypes of FAB classification($P = 0.015$). Patients with bZIPinf CEBPA had a superior overall survival(OS) and leukemia-free survival(LFS) compared with patients with CEBPAwt($P = 0.048$ and 0.025 , respectively).Whereas patients with non-bZIPinf CEBPA had a similar OS as those with CEBPAwt($P = 0.436$).

结论 In conclusion, our data demonstrated that only bZIPinf CEBPA mutations are correlated with favorable outcome in non-M3 AML.

PO-0469

The effect of TIGIT and PD1 expression on T cell function and prognosis in adult patients with acute myeloid leukemia at diagnosis

Dai-Hong Xie,Kai Sun,Jun Wang,Zong-Yan Shi,Ya-Zhe Wang,Yan Chang,Xiao-Ying Yuan,Yan-Rong Liu,Hao Jiang,Qian Jiang,Xiao-Jun Huang,Ya-Zhen Qin
Peking University People's Hospital

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is a heterogeneous disease characterized by uncontrolled proliferation of immature myeloid leukemia cells in the bone marrow with consequent failure of normal hematopoiesis. Because of varied prognosis, more prognostic markers are needed to improve risk stratification in AML. T cell immunoreceptor with immunoglobulin and ITIM domain (TIGIT) is a recently-identified immune checkpoint molecule expressed on cytotoxic T cells, regulatory T cells, and natural killer (NK) cells. The prognostic significance of TIGIT expression in bone marrow T cells of newly-diagnosed AML patients has not been explored. Therefore, its prognostic significance needs to be clarified.

Methods We collected fresh bone marrow samples from 71 adult non-M3 AML patients at diagnosis and 31 healthy donors (HDs). Samples were tested for the levels of TIGIT+, PD1+, and TIGIT+PD1+ cells in T cell subsets by multiparameter flow cytometry (MFC). 15 newly diagnosed AML patients and six HDs were performed T cell activation in vitro, and intracellular TNF- α and IFN- γ production were tested using MFC.

Results AML patients had a significantly higher frequency of TIGIT+ cells in CD4+T cells at diagnosis but a similar frequency in CD8+T cells compared to HDs ($p = 0.0006$ and $p = 0.77$). What's more, we found a positive correlation between the frequencies of TIGIT+ and PD1+ cells in CD8+T cells (but not in CD4+T cells) with patient age and no such correlation existed in HDs. A high percentage of TIGIT+PD1+ cells in CD8+T cells independently predicted poor relapse-free survival (RFS) ($p = 0.029$). AML patients had a lower level of intracellular TNF- α and INF- γ in TIGIT+ cells compared with their TIGIT- counterparts in both CD4+T and CD8+T cells. Furthermore, TIGIT+PD1+/CD8+T cells of patients exhibited a significantly lower level of intracellular TNF- α compared with that of HDs ($p = 0.024$).

Conclusion TIGIT with different expression patterns in CD4+ and CD8+ T cell subsets is related to lower cytokine production. As a high percentage of TIGIT+PD1+ cells in CD8+T cells at diagnosis predicted poor outcome, TIGIT expression might help improve risk stratification in AML.

PO-0470

ELANE 基因在慢性髓系白血病中的表达及意义

孙琼、陈莉、蒋林、王红祥
武汉市中心医院

目的 用生物信息学的方法筛选慢性髓系白血病患者与正常人的差异表达基因，分析 ELANE 基因在其中的作用，并评价其在预测 CML 患者停药中的价值。

方法 从公共功能基因组数据库 Gene Expression Omnibus 下载 CML 相关数据集(GSE13159、GSE5550、GSE44589)，鉴定差异表达基因 (DEGs)，并对关键基因进行 GO 和 KEGG 分析。蛋白质-蛋白质相互作用网络使用 STRING 数据库导出，并进行可视化。ROC 曲线分析 ELANE 基因网络 (包括 ELANE、CD300A 和 SERPINA1) 的表达，RT-qPCR 和蛋白质免疫印迹检测进一步验证。

结果 GSE13159 数据集 (76 名 CML 患者，66 名健康对照者；骨髓) 鉴定出 1430 个 DEGs，其中 412 个表达上调，1018 个表达下调；GSE5550 数据集 (9 名 CML 患者，8 名健康对照者；骨髓) 鉴定出 468 个 DEGs，其中 107 个表达上调，361 个表达下调；GSE44589 数据集 (99 名达到 MMR 和 90 名未达到 MMR 的 CML 患者；外周血) 鉴定出 953 个 DEGs，其中 734 个表达上调，219 个表达下调。这些基因主要与天然免疫、T 细胞生物学、抗原递呈和自然杀伤细胞功能有关。

ROC 分析 ELANE、CD300A 和 SERPINA1 基因，发现 CML 患者 ELANE 基因和蛋白表达高于健康组，差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)，而 CD300A 和 SERPINA1 基因和蛋白与对照组差异无统计学意义 ($P > 0.05$)。

结论 ELANE 基因在 CML 患者中高表达，有望作为预测 CML 患者是否可停药的潜在生物标志物。

PO-0471

多元化护理干预在急性白血病患者对预防患者感染的效果研究

王珂
郑州大学第一附属医院

目的 探讨在急性白血病患者中应用多元化护理干预方法预防患者感染的应用效果。

方法 选取 2022 年 3 月至 2023 年 3 月，在我院收治的 200 例急性白血病患者作为研究对象。将其随机分为对照组和试验组，接受常规护理服务的 100 名患者作为对照组，在常规护理的基础上采取

多元化护理干预 100 名患者作为试验组。比较两组急性白血病患者感染发生情况和临床护理效果。

结果 与对照组（33%）相比，试验组患者总感染（11%）水平显著降低，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 在临床护理工作中，对急性白血病患者实施多元化护理干预，可有效预防感染，降低患者全身及各组织感染的发生率，促进患者预防感染的意识提升，有效提高生活质量和促进康复。

PO-0472

Post-remission measurable residual disease directs the choice of treatment and improves outcomes for patients with intermediate-risk acute myeloid leukemia in CR1

Lijie Han, Chen He, Mengmeng Zhang, Yafei Li, Zhongxing Jiang
The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

Objective This study retrospectively investigated which cycle measurable residual disease (MRD) was associated with prognosis in patients in first complete remission (CR1) of intermediate-risk acute myeloid leukemia (AML).

Methods Overall, 235 younger patients with intermediate-risk AML were enrolled in our study. Multiparameter flow cytometry evaluated MRD after the 1st, 2nd, and 3rd cycles of chemotherapy (MRD1~3, respectively).

Results No significance was detected after the 1st and 2nd cycles. The 5-year incidence of relapse was higher in the MRD3 positive ($n = 99$) than in the negative group ($n = 136$) (48.7% vs. 13.7%, $P = 0.005$), while 5-year disease-free survival (DFS) and overall survival (OS) were lower in the MRD3-positive group than in the negative group (43.2% vs. 81.0% and 45.4% vs. 84.1%; $P = 0.003$ and 0.005 , respectively). In the MRD3 positive group, allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) led to a lower 5-year relapse, and higher DFS and OS rates than chemotherapy (22.3% vs. 71.5%, 65.9% vs. 23.0%, and 67.1% vs. 23.9%; $P < 0.001$, 0.002 , and 0.022 , respectively); no influence was detected in the MRD-negative group.

Conclusion MRD3 could serve as an indicator of post-remission treatment choice and help improve outcomes for intermediate-risk AML in CR1.

PO-0473

前 IDH 抑制剂时代 IDH 突变患者的真实世界生存情况

陈恩博、许飞、李岩、焦长青、葛健
安徽医科大学第一附属医院血液内科

目的 异柠檬酸脱氢酶 (IDH) 基因突变对急性髓系白血病 (AML) 患者生存的影响尚有争议。IDH 抑制剂尚未在国内上市，我们尝试使用我中心 IDH 突变患者的临床数据描述该类患者的真实世界生存情况。

方法 统计我中心 2017 年 1 月至 2023 年 12 月诊断的所有初治急性髓系白血病患者，收集患者入院时的基本信息及染色体、基因二代测序结果、白血病治疗方案，并收集患者总生存期与复发情况。

结果 本中心在此期间共诊断 484 例初治急性髓系白血病患者，其中 415 例患者无 IDH 突变，25 例患者携带 IDH1 突变，44 例患者携带 IDH2 突变。IDH1、IDH2 突变患者的中位发病年龄分别为 56.7 岁和 57.8 岁，显著高于无 IDH 突变患者 (49.8 岁， $p < 0.001$)。第一次诱导治疗后，无 IDH 突变组、IDH1 突变组和 IDH2 突变组完全缓解率分别为 61.9%、44.0% 和 61.3%。IDH1 突变组的

中位总生存期为 9.9 个月，差于 IDH2 突变组(38.9 个月， $p = 0.04$)和无 IDH 突变组(15.6 个月， $p = 0.087$)。277 例无 IDH 突变、11 例 IDH1 突变和 29 例 IDH2 突变患者接受蒽环类药物联合阿糖胞苷的强化治疗。IDH2 突变组未达到中位生存期，优于无 IDH 突变组(中位生存期 21.5 个月)；IDH1 突变组中位生存期为 7.5 个月，差于无 IDH 突变组($p = 0.07$)和 IDH2 突变组($p = 0.025$)。47 例无 IDH 突变、8 例 IDH1 突变和 8 例 IDH2 突变患者接受阿扎胞苷联合维奈克拉治疗。IDH 突变患者按 ELN-2022 危险度分级为高风险组比例更高(IDH1 突变组 3 例，IDH2 突变组 4 例，无 IDH 突变组 15 例)，但这些患者的中位生存期与无 IDH 突变患者没有统计学差异(IDH1 突变组 13.3 个月，IDH2 突变组 9.6 个月，无 IDH 突变组 12.8 个月)。

结论 IDH1 突变患者的整体生存较无 IDH 突变患者和 IDH2 突变患者差，在接受蒽环类药物联合阿糖胞苷的强化治疗病人中也观察到相似的生存结果。对不能耐受强化治疗的患者，阿扎胞苷联合维奈克拉方案可能使 IDH1 突变患者获得相对更好的预后。

PO-0474

Haploidentical transplants using low-dose ATG/PTCy as graft-versus-host disease prophylaxis may improve survival for patients ≥ 55 with hematologic malignancies

Yannan Jia, Xianmin Song, Jun Yang, Yu Cai, Yin Tong, Huiying Qiu, Chongmei Huang, Kun Zhou, Xinxin Xia, Ying Zhang, Chang Shen, Liping Wan
上海市第一人民医院

Objective To assess whether haplo-HSCT represents a potentially viable alternative for older patients facing challenges in securing accessible matched unrelated/sibling donors (MU/MSDs), particularly when utilizing the low-dose ATG/PTCy strategy for GVHD prophylaxis.

Methods A retrospective analysis was conducted on 127 older patients with hematologic malignancies admitted to Shanghai General Hospital between September 2016 and November 2023. Of these, 40 patients received transplants from matched unrelated/sibling donors (MU/MSD-PBSCT group), while 87 patients received transplants from haploidentical donors (haplo-PBSCT group). Prognostic factors of these two groups were compared using Cox regression models or competing risk models. Univariate and multivariate analyses were performed using Cox proportional hazards models. Statistical analysis was conducted using SPSS 20.0 and R 3.4.0 software.

Results While the incidences of grades II-IV and III-IV acute GVHD were similar between the two groups, the haplo-PBSCT cohort displayed a promising trend toward reduced cumulative incidence of moderate to severe cGVHD compared to MU/MSD-PBSCT (8.19% vs 23.40%, $P=0.067$). While 5-year expected disease-free survival (74.11% vs 59.67%, $P=0.231$) and overall survival (76.30% vs 64.00%, $P=0.482$) rates were comparable, haplo-PBSCT exhibited significantly superior graft-versus-host disease-free, relapse-free survival (GRFS) (68.85% vs 46.61%, $P=0.041$) and lower cumulative incidences of relapse (CIR) (11.16% vs 31.98%, $P=0.010$) compared to MU/MSD-PBSCT.

Conclusion Our findings underscore the potential of haploidentical transplants with low-dose ATG/PTCy to yield improved GRFS and lower CIR, particularly advantageous for older patients with hematologic malignancies. Thus, haploidentical donors, especially when coupled with this specified GVHD prevention strategy, emerge as a viable and appealing graft source for individuals aged 55 and above requiring allo-SCT.

PO-0475

单细胞分析揭示急性 B 淋巴细胞白血病 不同疾病进程中免疫微环境的动态变化

梁晓杰¹、金志灏³、卢伟祥¹、蔡梓红²、骆栢维²、陈秋敏³、邓业玲³、王亮¹、周红升²

1. 首都医科大学附属北京同仁医院血液科

2. 南方医科大学南方医院血液科

3. 广东医科大学第一临床医学院

目的 探究揭示急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 不同病程中恶性细胞及免疫微环境的动态变化。

方法 通过收集 B-ALL 患者的单细胞测序数据展开研究, 包括来自不同健康患者的 4 个骨髓样本和来自 7 个患者的 20 个分别处于初诊、缓解、复发的骨髓样本。首先对数据进行降维聚类 and 细胞注释分类, 区分出恶性 B 细胞并确认了部分高度增殖和迁移的非恶性细胞关键亚群。然后使用拟时序分析、转录因子分析、通路富集分析和代谢活性分析等单细胞分析方法, 从细胞比例、细胞功能、转录调控、代谢特征等多层面探究关键亚群在 B-ALL 不同病程中的动态变化。

结果 通过拟时序分析, 我们将恶性 B 细胞进一步分为 3 个功能状态 (State1-3), 发现其比例在不同病程样本中呈现显著差异, 揭示恶性 B 细胞的异质性变化是影响复发的重要因素。其中 State1 恶性细胞具有较高的干性并在缓解样本中显著减少, 而在复发后显著增多。而 State2 细胞具有较高的细胞周期评分, 其比例和数量在疾病发展中呈现出“先增多, 后减少”的变化。同时, 我们发现 CD8+ T 细胞在各病程中出现动态的功能和代谢特征变化, 与健康、初诊、缓解样本相比, 复发样本的活化 CD8+ T 细胞出现坏死性凋亡通路上调, 且高表达热休克蛋白相关分子 (HSPA1A、HSPA1B、HSP90AA1、HSPD1、HSPH1、HSPA6、HSPB1), 且相应的转录因子活性上调 (HSF1、HSF2、HSF4), 而代谢活性整体降低; 细胞毒性 T 细胞出现 DNA 修复、氧化磷酸化等通路下调和细胞凋亡通路上调; 这些结果均提示复发样本中的 CD8+ T 细胞处于应激状态并出现功能受损、凋亡现象。

结论 本研究分析了 B-ALL 患者恶性 B 细胞的细胞状态变化, 多角度揭示了 B-ALL 微环境中的关键亚群细胞的功能变化。结果提示 CD8+ T 细胞的应激状态、功能受损、坏死凋亡可能是 B-ALL 复发的潜在因素, 为 B-ALL 的免疫治疗提供新的思路。

PO-0476

维奈克拉联合阿扎胞苷治疗新诊断急性 髓系白血病的单中心真实世界研究

吴迪、陈智超、黎纬明

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探究维奈克拉联合阿扎胞苷 (VA) 方案在新诊断急性髓系白血病 (AML) 的真实世界应用情况。

方法 回顾性收集和分析 2019 年 8 月至 2024 年 2 月期间在本院首次接受 VA 方案治疗的 86 例新诊断 AML 患者的临床资料。

结果 ①所应用人群中位年龄 62 岁, 多伴有基础合并症 (65 例, 75.6%), 且绝大多数存在 ≥ 3 级基线血常规异常 (84 例, 97.7%); ②中位随访时间 13.6 个月, 30.2% (26 例) 的患者仅接受诱导治疗后即失访或死亡, 继续治疗的患者中 26.7% (23 例) 进行治疗策略调整, 仅 20.9% (18 例) 的患者持续接受 ≥ 4 个疗程 VA 方案治疗, 12.8% (11 例) 的患者接受造血干细胞移植; ③VA 方案诱导治疗的 ORR 率为 91.5% (65/71), CR 率为 81.7% (58/71), 微小残留病 (MRD) 转阴率

为 67.6% (48/71)；复发率为 26.7% (23 例)；获得 CR 且 MRD 转阴者的中位 OS 和 EFS 显著优于未获得者[中位 OS: 37.1 vs 3.5 个月 ($P < 0.001$)；中位 EFS: 21.2 vs 3.2 个月 ($P < 0.001$)]；④总体耐受性较好，VA 方案持续治疗的 3~4 级血液学毒性以第 1 疗程为著，随疗程增加呈下降趋势 (100.0%、44.4%、38.9%、22.2%)。

结论 VA 方案治疗新诊断 AML 患者能够较快获得高治疗反应率，获得缓解且 MRD 转阴的患者生存获益显著，持续治疗的血液学毒性以第 1 疗程为著。真实世界中仍有相当比例患者未能获益或复发，亟待寻求优化解决方案。

PO-0477

全光谱流式细胞术单管 13 色 AML-MRD 方案的研究

杜雯¹、马斌²、李娟¹、李娟¹、刘伟¹、马耀坤²、郑金娥¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 急性髓系白血病 (AML) 是一种来源于造血干细胞的血液系统恶性疾病。AML 患者运用多参数流式进行 MRD 检测已成为降低白血病复发、提高疗效的关键环节之一。全光谱流式细胞术是一种新型的流式检测技术，可以克服传统式需要荧光补偿的缺点，我们希望利用全光谱流式细胞仪，构建单管 13 色的 AML-MRD 方案对 AML 进行有效检测。

方法 本次研究分别选取 10 例 AML-MRD 阳性及 10 例阴性病例的骨髓标本，分别用全光谱流式细胞仪 Cytek NL-CLC 采用一个单管 13 色 AML-MRD 分析方案 (CD7、HLA-DR、CD11b、CD123、CD15、CD117、CD71、CD34、CD33、CD56、CD38、CD19、CD45) 和传统流式 CantoTM II 两管 6 色分析方案 (CD7、HLA-DR、CD11b、CD15、CD117、CD34、CD33、CD56、CD38、CD19、CD45)。分别对两组进行统计学分析。

结果 Cytek NL-CLC 和 CantoTM II 都能准确识别 AML 的微小残留。两组的细胞群分类均无显著性差异 ($P > 0.05$, $CV < 7.5\%$)；10 例 AML-MRD 阳性患者 (异常细胞比例范围 0.09%-38.46%) 和 10 例 AML-MRD 阴性患者的符合率为 100%。AML-MRD 阳性的细胞比例无统计学差异 ($P > 0.05$)。两组间抗原表达率和表达强度均无统计学差异 ($P > 0.05$)。

结论 本次研究使用 Cytek NL-CLC 全光谱流式仪单管 13 色 panel 可以有效进行 AML-MRD 检测，且检测的灵敏度与传统流式细胞术相当，但全光谱流式分析方法具有分析直观、简便、样本使用较少等优势，值得临床推广和应用。

PO-0478

急性未分化白血病 1 例

李梦瑶、张晓红、李霄雨、郭晓玲

河北医科大学第二医院

目的 急性未分化白血病 (AUL) 属于系列不明急性白血病，为罕见急性白血病类型。现报道 1 例急性未分化白血病病例，以期临床诊疗提供一定的参考。

方法 回顾性分析河北医科大学第二医院收治的 1 例急性未分化白血病伴部分细胞向 B 系分化患者的临床资料。

结果 患者，男性，70 岁，主因“发现血小板减少 1 年，白细胞增高 20 天”于 2023-03-14 入院。查体未见明显阳性体征，查骨髓象：原始细胞 72.5%。POX：偶见阳性；NSE：部分阳性；PAS：阴性。流式细胞学：异常细胞群占有核细胞的 85.09%，弱表达 CD117，少部分共表达 cCD79a 及

CD22, AUL 伴部分细胞向 B 系分化趋势? 融合基因: 阴性。基因突变: SRSF2、RUNX1、TET2、PHF6、IKZF1 突变。染色体: 46, XY[20]。综上诊断: 急性未分化白血病伴部分细胞向 B 系分化。给予 VA+VCR 方案化疗, 治疗期间患者出现血流感染、肺部感染, 于化疗第 12 天出现发热, 精神、饮食差, 暂停化疗, 给予抗感染治疗。后突发意识不清, 不除外脑出血可能, 后自动出院。

结论 AUL 来源于未分化的造血干细胞克隆性增殖或成熟停滞, 对于 AUL 治疗, 目前尚无统一标准, 可应用 AML、ALL 化疗方案, 或者两者联合。该病复发率高, 疗效差, 因此 AUL 治疗达缓解后应尽早行造血干细胞移植, 延长患者生存期。

PO-0479

急性早幼粒细胞白血病并发分化综合征 1 例

李梦瑶、张晓红、李霄雨、郭晓玲
河北医科大学第二医院

目的 提高临床医生对急性早幼粒细胞白血病 (APL) 治疗过程中合并分化综合征的认识。

方法 报道河北医科大学第二医院收治的 1 例 APL 患者, 在诱导治疗期间合并分化综合征 (DS)、肿瘤溶解综合征、急性呼吸窘迫综合征 (ARDS) 的诊断及治疗过程。

结果 患者, 男性, 34 岁, 因“左髋关节疼痛 14d, 瘀斑 12d, 血小板减少 9d”于 2024 年 3 月入院。查骨髓象: 早幼粒细胞 83%; 血片: 早幼粒细胞 36%。诊断为: 急性早幼粒细胞白血病 (中高危), 给予维甲酸 (ATRA) 联合亚砷酸 (ATO) 诱导分化治疗, 给予糖皮质激素防治分化综合征。在治疗第 6d 出现周身疼痛、肉眼血尿, 化疗期间出现白细胞快速下降, 血尿、肾功能急剧恶化、血钾升高, 考虑肿瘤溶解综合征, 给予床旁血滤治疗。于第 8d 出现喘憋、咳血痰, 血气分析示 I 型呼吸衰竭, 胸片示两肺多发渗出、炎性改变。符合 ARDS, 考虑合并 DS。减量 ATRA, 暂停 ATO, 激素加量, 抗感染, 后患者喘憋加重, 指氧下降, 转入重症医学科给予体外肺膜氧合 (ECMO) 高级生命支持。5d 后患者病情好转撤除 ECMO。继续给予 ATRA 联合 ATO 化疗, 期间未再次出现 DS, 14d 后复查, PML-RARA 融合基因: 阳性。患者目前有重症肺炎、肠道感染, 暂停化疗, 先抗感染、间断床旁血滤治疗, 待患者一般情况稳定后继续化疗。

结论 DS 进展快, 早诊断、早治疗可降低患者死亡率, 需要引起临床医师的警惕。

PO-0480

慢性淋巴细胞白血病 Richter 转化 1 例

李梦瑶、张晓红、李霄雨、郭晓玲
河北医科大学第二医院

目的 提高对慢性淋巴细胞白血病 (CLL) 发生 Richter (RS) 转化的认识。

方法 回顾性分析河北医科大学第二医院收治的 1 例慢性淋巴细胞白血病 Richter 转化患者的临床资料。

结果 患者, 女性, 61 岁, 因“发现白细胞增高 6 月”于 2019 年 02 月收入院。体格检查未见异常。查骨髓象: 考虑淋巴增殖性疾病。骨髓病理: 小淋巴细胞弥漫增生 (70%)。免疫组化: CD20+, PAX5+, CD3-, CD5+, CD23+, CyclinD1 少数, LEF1-, SOX11-, CD10-, CD43 少数+。IgHV 突变: 5.6%。诊断为: B 细胞增殖性肿瘤; 慢性淋巴细胞白血病。院外口服泽布替尼治疗 CLL, 定期门诊复查。后患者因“右颌下肿物进行性增大 2 月”再次入院, 骨髓象及病理较前无明显变化。FCM: 有核细胞中, 发现约 41% 的 CD5+、CD10-、CD23dim、CD20+ 的异常小 B 淋巴细胞。FISH: 存在 D13S319、RB1 位点基因缺失、存在 TP53 基因缺失, 无 IGH-CCND1 融合基因。染色

体: 46, XX,add(14)(p10)[8]。右下颌肿物病理诊断: 非霍奇金淋巴瘤, B 细胞源性: 弥漫大 B 细胞淋巴瘤。诊断为: 弥漫大 B 细胞淋巴瘤(慢性淋巴细胞白血病 Richter 转化)。给予 DA-EPOCH-R 方案化疗 6 个疗程。6 个疗程后患者复查全身淋巴结增强 CT 示肿大淋巴结较前缩小。目前随访中。

结论 Richter 综合征临床上较少见,在 CLL/SLL 的治疗及发展过程中都可能会发生 Richter 转化,因此,临床医生需对具有危险因素的患者提高警惕。

PO-0481

伴 t(12;19)易位的儿童急性 B 淋巴细胞白血病一例

王兰兰¹、李鸿瑞¹、蒋莉¹、郑珊林¹、刘建拓¹、贺艳丽²、陈祥俊²

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司
2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 伴 t(12;19)易位的儿童急性 B 淋巴细胞白血病一例

方法 对一例儿童急性 B 淋巴细胞白血病患者的临床资料、骨髓细胞学、免疫分型、细胞遗传学、分子遗传学的特征进行分析。

结果 临床资料如下,男,3岁5个月,咳嗽、发热10天入院,查体示颈部、腹股沟多个淋巴结肿大,最大约1cm*1cm;WBC 10.6×10⁹/L,N 29.4%,L 60.8% ,RBC 2.65×10¹²/L,HB 72g/L,HCT 0.217,RET 1.74%,PLT 111×10⁹/L,提示中度贫血;骨髓细胞学提示淋巴细胞白血病;免疫分型原始细胞分布区域可见异常细胞群体,约占核细胞的77%,其阳性表达HLA-DR、CD19、CD22、CD33、CD34、CD38、CD123、cCD79a、TdT,髓系增殖明显受抑,符合急性B淋巴细胞白血病(早前B-ALL)免疫表型;染色体核型分析结果为46,XY,der(12)t(12;19)(p13;p13),der(12)t(12;19)(q13;q13),der(19)t(12;19)t(12;19)[3]/46,XY[17]、提示20个中期相中3个细胞核型存在19号、12号和另一条12号染色体的多重断裂重排;荧光原位杂交(FISH)提示ZNF384重排阳性;白血病104种融合基因筛查检测出TCF3::ZNF384融合基因阳性。

结论 t(12;19)(p13;p13)易位可致TCF3::ZNF384融合基因阳性,其在儿童急性B淋巴细胞白血病中罕见,与类固醇反应差,预后中等,综合临床和实验室特征分析,有利于全面评价疾病预后,并为个体化治疗方案提供依据。

PO-0482

维奈克拉联合去甲基化药物及低剂量阿糖胞苷治疗复发/难治性急性髓系白血病的疗效及安全性分析

闵凯莉^{1,2}、郑璇¹、苏永锋¹、王军¹、王安¹、王艺志¹、徐磊¹、李阳¹、高晓宁¹

1. 解放军总医院第五医学中心血液病医学部
2. 解放军医学院

目的 评估维奈克拉(ventoclax, VEN)联合去甲基化药物和/或低剂量阿糖胞苷方案治疗复发/难治性(relapsed/refractory, R/R)急性髓系白血病(acute myeloid leukemia, AML)患者的疗效和安全性。

方法 回顾性收集解放军总医院第五医学中心R/R AML患者,曾接受至少1个疗程的VEN联合去甲基化药物(阿扎胞苷/地西他滨)和/或低剂量阿糖胞苷治疗,对患者用药后的客观缓解率、微小残留病灶转阴率、无复发生存时间、总生存时间及不良事件进行有效性及安全性分析。

结果 总计 24 名患者纳入本研究，中位年龄（范围）56（16-74）岁；客观缓解率为 54.2%，微小残留病灶转阴率为 50.0%；中位随访时间为 28.6 个月，中位总生存时间为 11.9 个月，中位无复发生存时间为 27.7 个月，1 年累计总生存率为 48.1%，一年累计无进展生存率为 61.5%；最常见的不良事件为中性粒细胞减少和贫血，占比 87.5%。所有患者均未出现与死亡相关的不良事件。

结论 VEN 联合去甲基化药物及低剂量阿糖胞苷方案在 R/R AML 患者中显示出较好的疗效和安全性，为临床提供了新的可能的治疗选择。

PO-0483

成人新诊断 APL 发生血栓栓塞的危险因素及预后分析

郝李霞、姚一帆、任娟、王蕾、赵丽东、杨林花
山西医科大学第二医院（山西红十字医院）

目的 急性早幼粒细胞白血病（APL）出血常见，血栓栓塞（TE）少见、易被忽视。新诊断 APL 发生 TE 可能导致患者早期死亡（ED），因此寻找发生 TE 的危险因素极为重要。

方法 以 2012 年 5 月至 2023 年 5 月于山西医科大学第二医院就诊的新诊断 APL 患者为研究对象，根据纳入和排除标准确定入组患者，收集患者的临床和实验室资料进行回顾性分析。

结果 306 例患者中 16 例发生血栓栓塞（TE），其中男 11 例，女 5 例，中位年龄 58 岁，12 例为动脉血栓栓塞（9 例为脑梗死、3 例为心肌梗死），1 例为多部位动、静脉血栓，1 例为下肢深静脉血栓。单因素 logistic 回归分析结果显示：年龄、高血压病、吸烟、Fbg、血清碱性磷酸酶（ALP） $>125\text{U/L}$ 、血清 γ -谷氨酰转氨酶（GGT） $>25.6\text{U/L}$ ，血肌酐（SCr） $>62\mu\text{mol/L}$ 与 TE 发生有关（ p 值均 <0.05 ），而多因素 logistic 回归分析显示仅年龄（OR 1.08，95% CI 1.03-1.13， $p=0.001$ ）、吸烟（3.26，1.01-10.49， $p=0.048$ ）、ALP $>125\text{U/L}$ （10.8，2.26-51.46， $p=0.021$ ）和 SCr $>62\mu\text{mol/L}$ （7.09，1.35-37.35， $p=0.003$ ）为新诊断 APL 患者发生 TE 的独立危险因素。进一步分析发现 TE 是新诊断 APL 发生 ED 的独立危险因素。中位随访 6.5 年（范围：0.6~11.8 年），生存分析提示发生 TE 的患者总体生存率低于未发生 TE 的患者，但无明显统计学差异（ $p=0.413$ ）。

结论 提示 TE 为新诊断 APL 的不典型临床表现，APL 伴 TE 患者合并 DIC 概率高、治疗难度大，高危组患者预后差。TE 为 APL 发生 ED 的危险因素，但不影响患者的总体生存率。

PO-0484

PI3K 抑制剂对伴 DNMT3A 突变 AML 细胞的作用及机制探讨

黄桂琴、李登举
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 探究伴 DNMT3A 突变急性髓系白血病 PI3K/AKT 信号通路的激活状态，PI3K 抑制剂对伴 DNMT3A 突变 AML 细胞代谢重编程的调控及下游机制探讨，以及可能的临床治疗策略。

方法 利用 CRISPR/Cas9 技术获得稳定表达的 SKM-1-DNMT3AR882H 细胞株，对 SKM-1 及 SKM-1-DNMT3AR882H 细胞株进行转录组测序，获得差异表达基因；利用药物基因组学数据库 Connectivity Map（<https://clue.io>）筛选可能针对 DNMT3A 突变的小分子药物。对 DNMT3A 突变及野生型 AML 细胞株进行 PI3K/AKT 信号通路关键基因 mRNA 及蛋白水平表达量的比较；PI3K 抑制剂处理构建的 DNMT3A 突变 AML 细胞株，对比观测与野生 AML 细胞株生物学活性的差异；借助于动物模型和原代细胞进行再验证。

结果 在药物基因组学数据库 Connectivity Map (<https://clue.io>) 筛选得到磷脂酰肌醇 3-激酶 (PI3K) 抑制剂是 DNMT3A 突变 AML 的潜在敏感药物。与 DNMT3A 野生型 AML 相比, DNMT3A 突变 AML 的 PI3K/AKT 信号通路关键基因 mRNA 及蛋白水平表达量均更高; 与 DNMT3A 野生型 AML 相比, PI3K 抑制剂对 DNMT3A 突变 AML 细胞更敏感。在去甲基化药物阿杂胞苷的作用下, DNMT3A 突变 AML PI3K/AKT 信号通路关键基因进一步表达上调, DNMT3A 野生型 AML 无明显变化。阿杂胞苷与 PI3K 抑制剂对 DNMT3A 突变 AML 具有协同抗增殖及促凋亡作用。

结论 PI3K 抑制剂对 DNMT3A 突变 AML 具有显著的抗增殖及促凋亡作用, 且与去甲基化药物阿杂胞苷联合时具有协同作用。

PO-0485

SLC22A3 表观沉默在急性髓系白血病治疗和预后中的意义

谷雨、徐子浚、周静东、闻向梅、金晔、袁倩、林江、钱军
镇江市第一人民医院

目的 本研究通过亚硫酸氢盐还原测序 (RRBS), 在急性髓系白血病 (AML) 中筛选出几个发生异常高甲基化的溶质载体 (SLC) 家族基因。其中 SLC22A3 基因编码一种属于 SLC22A 家族的有机阳离子转运蛋白, 该蛋白对药物转运和解毒至关重要。有研究报道 SLC22A3 在多种实体肿瘤中显著下调, 并与肿瘤进展和不良预后有关。然而目前还没有关于 SLC22A3 在 AML 中发挥作用的机制研究。AML 是成人最常见的急性白血病, 长期生存率低, 许多患者在常规临床治疗后仍会复发。因此, 有必要进一步研究其发病机制, 探索其潜在的治疗相关分子靶点。本研究旨在探讨 DNA 甲基化对 SLC22A3 表达的调控机制及其在 AML 预后中的临床意义。

方法 选取 336 例 AML 患者骨髓单个核细胞标本 (其中包括 271 例初发 AML, 66 例经“3+7”化疗诱导后完全缓解 (CR) 患者, 24 例复发患者), 93 例初发 MDS 患者标本, 和 45 例健康供者标本。采用简并亚硫酸氢盐测序 (RRBS) 检测 4 例健康供体和 4 对 MDS-sAML 患者标本中的差异甲基化基因。采用靶向亚硫酸氢盐测序、实时定量甲基化特异性 PCR 和实时定量 PCR 检测 SLC22A3 基因的甲基化态势和表达情况。进一步分析 SLC22A3 甲基化水平在 AML 和 MDS 中的临床意义及预后相关性。TCGA、GEO 和 OHSU (beat AML) 数据库中的 AML 患者数据被用作辅助筛选和验证。另外, 我们应用去甲基化药物地西他滨, 在 6 个白血病细胞系、4 个分离得到的 AML 患者骨髓原代细胞 (P1-M2a, P2-M2b, P3-M4a, P4-M5b) 中研究了 SLC22A 甲基化与表达的相关性。应用小干扰 RNA 在白血病细胞中敲低 SLC22A3 的表达, 分析 SLC22A3 对白血病细胞生物学行为的影响。应用 Beat AML 数据集分析与 SLC22A3 相关的差异表达基因。

结果 基于 TCGA 和 Beat AML 数据库的生信分析发现 SLC22A3 是我们筛选出的 SLCs 中唯一与 AML 预后相关的基因。与对照组和 MDS 患者相比, AML 患者 SLC22A3 甲基化态势显著增高, 同时 SLC22A3 表达水平降低。SLC22A3 高甲基化作为影响 AML 患者预后的独立危险因素, 与 AML 的某些临床特征和更短的生存时间具有相关性。SLC22A3 表达水平在 AML 初发和复发时显著下降, 当处于 CR 时再次升高。去甲基化药物 DAC 能激活白血病细胞系和 AML 骨髓原代细胞中 SLC22A3 的转录并增加 mRNA 表达。SLC22A3 在白血病细胞中表达下调可促进细胞增殖, 抑制细胞凋亡。应用 AML 公共数据库的数据辅助筛选 SLC22A3 发挥抗白血病作用时调控的潜在效应分子。

结论 我们的研究结果表明, SLC22A3 高甲基化和低表达提示 AML 预后不良。SLC22A3 表达可被自身高甲基化沉默, 可能参与 DAC 发挥的抗白血病作用。

PO-0486

CD25 是儿童急性髓系白血病的独立不良预后因子

杜雯¹、余慧¹、陈鸿博¹、周围²、舒思敏²、马耀坤¹、李娟¹、刘伟¹、李小青¹、贺艳丽¹、郑金娥¹、黄土昂¹、胡东¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
2. 武汉康圣达检验所有限公司

目的 小儿急性白血病中，急性髓系白血病（AML）是预后较差的类型。预后因子的研究可帮助我们更好的为小儿 AML 分层，并指导研究和治疗。CD25 是白血病干细胞的生物标记，CD25 膜表面蛋白表达水平在小儿 AML 中的预后意义尚未被探索。

方法 我们使用流式细胞术定量检测了 144 例小儿 AML 患者中 CD25 的膜表面蛋白表达。并进行了 CD25 表达与患者基本特征、实验室检测参数和细胞遗传学特征的相关性分析。最后进行了单变量和多变量生存分析以研究其在预后中的作用。

结果 较高的 CD25 表达与 RUNX1-RUNX1T1、CBFB-MYH11、FUS-ERG 和 FLT3-ITD 状态呈显著正相关，与 PML-RARA、NPM1 突变和 CEBPA 双突变（CEBPADM）状态呈负相关。单变量分析显示 CD25 在预测较短的无复发生存期（RFS, $p < 0.001$ ）和总生存期（OS, $p < 0.001$ ）方面具有显著的预后价值。多变量分析表明，CD25 ($p < 0.001$, HR = 5.966) 和 COG 风险水平 ($p = 0.014$, HR = 1.927) 共同独立预测了较短的 OS，而不受其他预后因素的影响。此外，在 CBF-AML 中，CD25 预测较短的 OS ($p < 0.001$)。

结论 小儿 AML 表现出与 CD25 高表达相关的独特的细胞及分子遗传学特征。CD25 有助于改善小儿 AML 当前的风险分层策略，尤其是在 CBF-AML 亚型中。

PO-0487

Azacitidine combined with interferon- α for preemptive treatment of AML/MDS after allogeneic peripheral blood stem cell transplantation: a prospective phase II study

Yannan Jia, Chongmei Huang, Xianmin Song, Jun Yang, Yu Cai, Yin Tong, Huiying Qiu, Kun Zhou, Xinxin Xia, Ying Zhang, Chang Shen, Liping Wan
Shanghai General Hospital

Objective To evaluate the efficacy and safety of preemptive treatment with azacitidine in combination with interferon- α (IFN- α) in preventing disease progression in AML/MDS patients with MRD positivity post-allo-HSCT.

Methods A prospective phase II clinical study was conducted on 47 patients aged 17 to 62, admitted to Shanghai General Hospital between September 1, 2019, and July 31, 2022. The preemptive intervention commenced immediately upon the emergence of MRD positivity. Azacitidine was administered subcutaneously at a dose of 32 mg/m²/day for 5 days, and IFN- α was administered at 3 million units/m²/day for 21 days from day 8 to day 28 within one cycle. A total of twelve cycles were planned for all patients. Prognostic factors were analyzed using Cox regression models or competing risk models. Univariate and multivariate analyses were performed using Cox proportional hazards models. Statistical analysis was conducted using SPSS 20.0 and R 3.4.0 software.

Results Fourteen patients completed the planned 12 cycles. Following initiation, 72.3% responded positively after the first cycle, peaking at 77.2% by the fifth cycle. Notably, 24 patients maintained sustained responses throughout a median follow-up of 1050 days (range: 866-1234 days). Leukemia-free survival and overall survival probabilities at 3 years were 60.4% and 69.5%,

respectively. Cumulative incidences of relapse and non-relapse mortality were 36.5% and 4.3%, respectively. Multivariate analysis identified that receiving preemptive treatment for fewer than six cycles and the absence of chronic graft-versus-host disease after intervention were significantly associated with poorer clinical outcomes. The combination of azacitidine with IFN- α was well-tolerated with no observed severe myelotoxicity, and the majority of adverse events were reversible and manageable.

Conclusion The use of azacitidine in conjunction with IFN- α as preemptive therapy is a safe and effective treatment to prevent disease progression in AML/MDS patients with MRD positivity post-allo-HSCT.

PO-0488

CD25 是儿童急性髓系白血病中的独立不良预后因子

杜雯¹、余慧¹、陈鸿博¹、周围²、舒思敏²、马耀坤²、李娟¹、刘伟¹、李小青¹、贺艳丽¹、郑金娥¹、黄土昂¹、胡东¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 儿童急性白血病中，急性髓系白血病（AML）是预后较差的类型。预后因子的研究可帮助我们更好的为儿童 AML 分层，并指导研究和治疗。CD25 是白血病干细胞的生物标记，CD25 膜表面蛋白表达水平在儿童 AML 中的预后意义尚未被探索。

方法 我们使用流式细胞术定量检测了 144 例儿童 AML 患者中 CD25 的膜表面蛋白表达。并进行了 CD25 表达与患者基本特征、实验室检测参数和细胞遗传学特征的相关性分析。最后进行了单变量和多变量生存分析以研究其在预后中的作用。

结果 较高的 CD25 表达与 RUNX1-RUNX1T1、CBFB-MYH11、FUS-ERG 和 FLT3-ITD 状态呈显著正相关，与 PML-RARA、NPM1 突变和 CEBPA 双突变（CEBPADM）状态呈负相关。单变量分析显示 CD25 在预测较短的无复发生存期（RFS, $p < 0.001$ ）和总生存期（OS, $p < 0.001$ ）方面具有显著的预后价值。多变量分析表明，CD25 ($p < 0.001$, HR = 5.966)和 COG 风险水平($p = 0.014$, HR = 1.927)共同独立预测了较短的 OS，而不受其他预后因素的影响。此外，在 CBF-AML 中，CD25 预测较短的 OS ($p < 0.001$)。

结论 儿童 AML 表现出与 CD25 高表达相关的独特的细胞及分子遗传学特征。CD25 有助于改善儿童 AML 当前的风险分层策略，尤其是在 CBF-AML 亚型中。

PO-0489

葡萄糖-6-磷酸脱氢酶对儿童急性 pre B 淋巴细胞白血病的预后预测作用及可能机制分析

刘姗

重庆医科大学附属儿童医院

目的 葡萄糖-6-磷酸脱氢酶（G6PD）在儿童急性 pre B 淋巴细胞白血病（pre B-ALL）中的作用及其可能机制，评估 G6PD/6-PGD 比值作为预后指标的潜力。

方法 收集 1200 余例儿童白血病病例资料，比较不同白血病亚型、不同 B-ALL 免疫表型中 G6PD/6-PGD 比值的差异；分析 pre B-ALL 中 G6PD/6-PGD 比值与预后相关指标的相关性。利用 pre B-ALL GSE 数据库，探讨 G6PD 基因参与的功能及信号通路。

结果 与对照组相比, G6PD/6-PGD 比值均值在 B-ALL 患儿中降低(1.57 vs 1.49), 且 B-ALL 中 G6PD mRNA 低表达; 与其它 B-ALL 免疫表型相比, pre B-ALL 患儿中 G6PD/6-PGD 比值略均值降低(1.49 vs 1.48)、G6PD mRNA 低表达, G6PD/6-PGD 比值与骨髓幼稚细胞比例正相关。将 G6PD/6-PGD 比值分为<1.30, 1.30-1.56 及>1.56 三组, 差异分析发现: pre B-ALL 患儿 ETV6/RUNX1(+)比例在三组中差异表达($p=0.005$); ETV6/RUNX1(+)比例与 G6PD/6-PGD 比值负相关 ($r=0.267$)。对 pre B-ALL GSE 数据库进行分析, 与 ETV6/RUNX1(-)组相比, ETV6/RUNX1(+)组中 HBQ1、HBD、受体酪氨酸蛋白磷酸酶 F (PTPRF) 等基因差异表达; GO 富集及蛋白互作分析提示显著差异基因主要参与细胞黏附、NADPH 氧化还原活性等功能。

结论 G6PD 影响 pre B-ALL ETV6/RUNX1(+)细胞黏附及 NADPH 氧化还原功能, G6PD 低活性与 pre B-ALL ETV6/RUNX1(+), 骨髓幼稚细胞低比例正相关, 提示, G6PD 参与 pre B-ALL ETV6/RUNX1(+)发生/发展过程, G6PD/6-PGD 比值可成为 pre B-ALL 预后潜在预测因子。

PO-0490

Adding venetoclax or hypomethylating agents to induction chemotherapy as first-line treatment for adults with acute myeloid leukaemia:a retrospective case-cohort study.

Fangfei Xu,Wei Huang

Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective To determine whether venetoclax or HMAs could increase the response rate of IC in patients with newly diagnosed AML.

Methods Newly diagnosed acute myeloid leukemia patients at Tongji Hospital between 2021 and 2023 were included in this study. By matching cases and controls based on age, gender, baseline bone marrow blast cell proportion, type of AML and the National Comprehensive Cancer Network (NCCN) risk stratification group, we compared the response rate (CR, CR/CRi, ORR, MRD negative) and hematological adverse events in newly diagnosed acute myeloid leukemia treated with IC plus venetoclax or HMAs versus IC alone after one cycle of IC.

Results The addition of venetoclax could improve CR/CRi of IC (83.8% for IC plus venetoclax versus 66.1% for IC alone, $p=0.029$). The addition of venetoclax to IA regimen did not improve CR/CRi of IA regimen (76.9% for IA plus venetoclax versus 76.2% for IA alone, $p=0.986$). The addition of HMAs could not only improve CR/CRi of IC (85.3% for IC plus HMAs versus 65.4% for IC alone, $p=0.002$), but also improve CR/CRi of IA regimen (91.3% for IA plus HMAs versus 70.0% for IA alone, $p=0.034$). The addition of HMAs could improve CR/CRi of patients with Adverse mutations (FLT3, IDH1/2, K/NRAS) after IC. The addition of venetoclax and HMAs both extended the duration of agranulocytosis and thrombocytopenia.

Conclusion Adding HMAs might improve CR/CRi of induction chemotherapy including IA. Adding venetoclax might not improve CR/CRi of IA. A well-designed prospective randomized controlled study is now warranted.

PO-0491

FLT3-ITD 突变在急性髓系白血病中的研究现状及临床进展

钱军、杨倩

镇江市第一人民医院

目的 本文旨在论述 FLT3-ITD 突变与表观遗传学之间的关系, 对 FLT3-ITD 突变在 AML 的机制作

出详细总结论述，对 FLT3-ITD 突变在临床治疗中有指导意义。

方法 对 DNA 甲基化如何导致 FLT3 突变详细总结论述，探究 FLT3 抑制剂和去甲基化药物联用的治疗方案的临床意义。

结果 某些基因的 DNA 甲基化会导致 AML 中 FLT3-ITD 突变的发生。

结论 某些基因的 DNA 甲基化会导致 AML 中 FLT3-ITD 突变的发生，这些基因的抑制剂与 FLT3 抑制剂和去甲基化药物联用后，可以提供新的 FLT3-ITD 突变型 AML 的治疗思路。

PO-0492

慢性淋巴细胞白血病患者治疗前后外周血中 MDSC 和固有免疫 T 细胞含量变化及其与治疗敏感性之间的关系

曾雪娇、曲建华
新疆医科大学第一附属医院

目的 研究慢性淋巴细胞白血病 (CLL) 外周血中髓源行抑制细胞 (MDSC)、固有免疫 T 细胞 ($\gamma\delta T$)、固有免疫 T 细胞 17 ($\gamma\delta T17$)、辅助性 T 细胞 (Th17) 的变化规律，分析它们在 CLL 疾病进展中的作用与临床意义。

方法 方法:收集自 2019 年 10 月至 2024 年 5 月在新疆医科大学第一附属医院血液内科临床收治的 CLL 患者 59 例为研究对象，并同时收集健康志愿者 30 例为对照组。利用流式细胞数检测所有患者外周血中 MDSC、 $\gamma\delta T$ 、 $\gamma\delta T17$ 、Th17 细胞含量变化，并进行统计分析。用酶联免疫吸附法对两组患者的 IL-17、Arg-1、iNOS 的浓度进行检测，同时随访患者治疗前后 MDSC、 $\gamma\delta T$ 、 $\gamma\delta T17$ 、Th17 细胞的变化趋势，分析其与 CLL 患者临床指标，治疗敏感性之间的相关性。

结果 CLL 患者外周血中 $\gamma\delta T$ 、 $\gamma\delta T17$ 、Th17、MDSC 细胞含量、IL-17、Arg-1、iNOS 浓度均显著高于对照组 (均 $P<0.05$)；IFN- γ 显著低于对照组 ($P<0.05$)。随着 IPI 危险度分层提高，外周血 MDSC、 $\gamma\delta T$ 、 $\gamma\delta T17$ 的细胞含量与 Arg-1、iNOS 浓度也逐步上升 (均 $P<0.05$)；Th17 细胞含量变化不显著。高危及极高危组 CLL 患者外周血中 MDSC、 $\gamma\delta T$ 、 $\gamma\delta T17$ 细胞、IL-17、Arg-1、iNOS 浓度变化显著高于中危及低危组 (均 $P<0.05$)；CLL 患者外周血中 MDSC、 $\gamma\delta T$ 、 $\gamma\delta T17$ 细胞变化与外周血常规指标、症状与体征持续时间等临床指标相关 (均 $P<0.05$)；所有患者治疗后外周血中 MDSC、 $\gamma\delta T$ 、 $\gamma\delta T17$ 、Th17 细胞亦均显著下降 (均 $P<0.05$)。CLL 患者外周血中 MDSC 与 $\gamma\delta T17$ 、IL-17 含量之间呈正相关 (均 $P<0.05$)。

结论 CLL 患者外周血中 MDSC、 $\gamma\delta T$ 、 $\gamma\delta T17$ 细胞含量与疾病进程、预后水平、临床病理学特点、治疗疗效相关，它们或可进一步最作为 CLL 疾病潜在的免疫治疗靶点。

PO-0493

IL16 在急性髓细胞白血病发生发展中的作用及机制研究

张恒、徐理华、黄振倩、谭丽
广州医科大学附属第一医院

目的 白介素 16 是一种不隶属于任何白介素家族的多效性细胞因子，可作为 CD4+ T 细胞趋化因子、T 细胞活化调节因子和 HIV 复制抑制因子在获得性免疫缺陷综合征中发挥作用。同时在血液肿瘤性疾病多发性骨髓瘤的相关研究中 IL16 已经被证实具有促进 MM 肿瘤细胞生长、反应肿瘤负荷及预后的重要作用。然而在急性髓系白血病中尚未见相关研究报道，本研究旨在探索 IL16 在 AML 发生发展中的功能及作用机制。

方法 运用 GEPIA2、GEO、UCSC Xena 数据库等进行生物信息分析，体外检测 IL16 在不同

AML 细胞系中的表达及分泌情况, 构建稳定 IL16 敲低 AML 细胞株通过功能实验, 从增殖、凋亡、多重化疗耐药方面评估 IL16 对 AML 发生发展中生物学行为的影响。通过对构建 AML 肿瘤细胞进行转录组测序分析, 明确 IL16 影响 AML 生物行为学功能的具体分子机制。

结果 IL16 基因在 AML 患者中存在高表达且高表达患者预后较差, 同时生物信息分析发现于 IL16 基因表达存在正相关的基因功能主要富集于 T 细胞功能调节、免疫功能调节和细胞因子趋化因子等方面。单细胞转录组分析发现 IL16 基因主要在 AML 患者的恶性 AML 细胞中表达。在体外 IL16 蛋白水平在 NB4 表达较高, 在 HEL 中表达水平较低。在功能实验中 CCK8 增殖实验显示在 THP1 中下调 IL16 表达可以明显抑制增殖。线粒体膜电位实验发现下调 IL16 可以促进化疗诱导的凋亡。CCK8 细胞毒性实验发现在 HL60、THP1 细胞中下调 IL16 蛋白表达可以显著降低细胞对多种化疗药物的 IC50 值。使用化疗分别孵育 HL60、THP1 细胞系的对照组和敲低组检测凋亡通路中相关分子的表达情况, 发现与对照组相比凋亡相关蛋白 CASPASE3 较对照组表达明显升高。使用 Ven 30uM 分别孵育 HL60 细胞系检测凋亡通路中相关分子的表达情况, 发现与对照组相比 6h、12h 全长 PARP 明显被切割。Ven 30uM 分别孵育 THP1 细胞系的对照组和敲低组检测凋亡相关蛋白 CASPASE3 较对照组表达明显升高。蛋白半衰期实验显示下调 IL16 组较对照组相比突变 TP53 半衰期显著降低。

结论 1. IL16 基因在 AML 患者中存在高表达且高表达患者预后较差, 同时主要在 AML 患者的 T 细胞、恶性造血干细胞、恶性祖细胞、恶性粒单核前体细胞中高表达。

2. 在体外 HL60、NB4、HEL、THP1 细胞中 IL16 mRNA 和蛋白水平均存在不同程度的表达。其中在 THP1 中下调 IL16 可以显著抑制增殖。在 HL60 和 THP1 中下调 IL16 可以显著促进化疗药物诱导的细胞凋亡。

3. 在 HL60、THP1 细胞中下调 IL16 可以降低其在不同浓度阿糖胞苷、去甲氧柔红霉素、阿扎胞苷、维耐托克化疗药物作用下的细胞活力和 IC50。在 HL60 和 THP1 中下调 IL16 可以促进突变 TP53 降解促进细胞凋亡从而增强对多种化疗药物的敏感性。

PO-0494

Unveiling the Distinctive Molecular, Clinical, and Prognostic Features of Infant Acute Myeloid Leukemia: an analysis study of pediatric AML datasets from the Children's Oncology Group

Yu Tao¹, LI WEI², YU YOU¹

1. Children's Hospital of Chongqing Medical University

2. Chongqing Population and Family Planning Science and Technology Research Institute

Objective Infant acute myeloid leukemia (AML), particularly in infants under 2 years old, presents unique clinical and biological characteristics, emphasizing the need for age-specific risk assessment and therapeutic approaches.

Methods A retrospective study was conducted to investigate the clinical and biological features of children diagnosed with AML using data from four pediatric clinical trials by The Children's Oncology Group (COG). By comparing cytogenetic and molecular markers as well as treatment outcomes across different age groups, the study aimed to identify age-specific prognostic markers for infant AML, considering the potential for refining the current risk-stratification of infant AML.

Results We identified infant AML patients as a clinical, molecular and prognosis distinct subgroup. The gene fusions (KMT2A::MLLT1 and KAT6A::r) independently and specifically predicted outcomes in infant AML and, when combined with BM (Bone marrow leukemic blast), PB (Peripheral blasts), MRD (Measurable residual disease), contributed to a superior three-tier risk model surpassing AML stratification systems currently employed in clinical trials, as well as

the lncRNA expression and leukemic stem cell (LSC)-based models.

Conclusion In conclusion, infant AML exhibits heterogeneity at clinical, molecular, and prognostic levels. The newly proposed system, which integrates simple clinical and gene-fusion features, holds promise as a valuable tool in informing clinical decision-making and guiding treatment strategies in routine clinical practice.

PO-0495

伴 MYC 基因重排的儿童急性 淋巴细胞白血病的临床特征及预后分析

吕惠、戚本泉、张小燕、高洋洋、王凝、林硕、陈玉梅、竺晓凡、陈晓娟
中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 伴 MYC 重排的儿童急性淋巴细胞白血病（MYC-r ALL）十分罕见，既往报道大多预后不良，本文回顾性分析了 19 例伴 MYC 重排的儿童急性淋巴细胞白血病的临床表现和预后特征。

方法 以 2013 年 9 月至 2022 年 8 月在中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）儿童血液病诊疗中心就诊的 19 例 MYC-r ALL 患儿为研究对象，对其临床特征、治疗方案及预后进行分析。

结果 19 例 MYC-r ALL 患儿，男：女为 13：6，中位年龄 6（1-13）岁，白细胞中位计数为 9.28 （ 2.20 - 806.04 ） $\times 10^9/L$ ；治疗方案非随机选择 ALL 方案（简称 A 方案）或 BNHL 方案（简称 B 方案），A 方案治疗 18 例，B 方案治疗 1 例，共 6 例患者复发并死亡，剩余 13 例患者持续缓解，诱导治疗中 15.8% 患儿（3/19）发生肿瘤溶解综合征（TLS）；19 例患儿完全缓解率（CR）为 94.7%；3 年无事件生存率（EFS）、总生存率（OS）分别为（ 72.0 ± 10.7 ）%、（ 71.4 ± 10.8 ）%；其中 MYC-r B-ALL 患儿 9 例，3 年 EFS、OS 分别为（ 88.9 ± 10.5 ）%、（ 87.5 ± 11.7 ）%，T-ALL 患儿 10 例，3 年 EFS、OS 分别为（ 58.3 ± 16.1 ）%、（ 57.1 ± 16.4 ）%，（ $P > 0.05$ ）；2 例 T-ALL、1 例 B-ALL 患儿进行了造血干细胞移植（HSCT），1 年 EFS、OS 均为（ 66.7 ± 27.2 ）%，未行 HSCT 患儿的 1 年 EFS、OS 分别为（ 86.7 ± 8.8 ）%，（ $P > 0.05$ ）。

结论 儿童 MYC-r ALL 发病率低，预后较差，发生肿瘤溶解综合征风险高，免疫表型对预后无显著影响，但 B 细胞型患儿有更好的预后趋势，HSCT 未显示获益，临床需扩大样本量，亟待开展多中心研究以寻找更优的治疗方案。

PO-0496

Prognostic and therapeutic implications of measurable residual disease during remission induction childhood acute lymphoblastic leukemia: results from the multi-center clinical trial (CCCG-ALL-2015) in China

Weina Zhang¹, Jiaoyang Cai², Xiang Wang², Benshang Li², Hua Jiang¹, Ching-Hon Pui³

1. Department of Hematology/Oncology, Guangzhou Medical University Affiliated Women and Children's Medical Center, Guangzhou, China

2. Department of Hematology/Oncology, Shanghai Children's Medical Center, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Key Laboratory of Pediatric Hematology & Oncology of China Ministry of Health, and National Children's Medical Center (Shanghai), Shanghai, China

3. Departments of Oncology, Global Pediatric Medicine, and Pathology, St. Jude Children's Research Hospital, Memphis, TN

Objective Measurable residual disease (MRD) serves as an important prognostic indicator in pediatric acute lymphoblastic leukemia (ALL). Our study focuses on evaluating the prognostic and

therapeutic significance of MRD during remission induction among patients treated with MRD-directed treatment.

Methods A cohort of 7640 pediatric ALL patients enrolled in the CCCG-ALL-2015 protocol between January 2015 and December 2019 were analyzed. Patients were initially categorized into low-, intermediate-, or high-risk groups based on baseline clinical and genetic features. Final risk classification was determined by MRD levels assessed via flow cytometry on Days 19 and 46 of remission induction. Additional interventions were provided to patients with Day 19 MRD $\geq 1\%$.

Results B-ALL patients achieving negative MRD ($<0.01\%$) on Day 19 or Day 46 had significantly better 5-year event-free survival (EFS) compared to those with MRD between 0.01-0.99%, who in turn had significantly better 5-year EFS than patients with MRD $\geq 1\%$. Among provisional low-risk patients, those with Day 19 MRD $\geq 1\%$ but negative Day 46 MRD were reclassified as intermediate-risk and had comparable 5-year EFS to low-risk patients with Day 19 MRD between 0.3-0.99% and negative Day 46 MRD (82.5% vs. 83.0%) and had better 5-year EFS compared to provisional low-risk patients with Day 19 MRD between 0.01-0.99% and Day 46 MRD between 0.01-0.99% (83.0% vs. 72.6%, $P=0.014$). Similarly, among provisional intermediate-risk patients, those with Day 19 MRD $\geq 1\%$ but negative Day 46 MRD, who received one additional course of early intensification therapy, had better 5-year EFS compared to patients with Day 19 MRD between 0.3-0.99% who attained negative Day 46 MRD (70.7% vs. 59.4%, $P=0.001$) and also better than the two groups with Day 19 MRD between 0.01-0.99% who had positive Day 46 MRD (70.7% vs. 51.2%, $P<0.001$). Toxicities from extra therapy, including asparaginase allergy, pancreatitis, and sepsis, were manageable. However, Day 19 MRD had no prognostic nor therapeutic implications in T-ALL.

Conclusion Day 19 MRD levels play a crucial role in assessing prognosis and guiding therapy in B-ALL patients, suggesting the potential for tailored treatment approaches.

PO-0497

维奈克拉联合克拉屈滨、小剂量阿糖胞苷治疗 复发/难治 Ph 阴性急性 B 淋巴细胞白血病的疗效 及安全性的前瞻性、多中心、2 期临床研究

黄斯漫^{1,2,3,4}、李岩岩^{1,2,3,4}、戴海萍^{1,2,3,4}、周海侠^{1,2,3,4}、徐明珠^{1,2,3,4}、张阳⁵、林国强⁶、孙爱宁^{1,2,3,4}、吴德沛^{1,2,3,4}、薛胜利^{1,2,3,4}

1. 国家血液病临床研究中心
2. 江苏省血液病研究所
3. 苏州大学附属第一医院
4. 苏州大学血液与骨髓移植研究所
5. 苏州沧浪医院
6. 淮安市第二人民医院

目的 评价维奈克拉(venetoclax)、克拉屈滨(cladribine)联合小剂量阿糖胞苷(cytarabine)组成的 CAV 方案治疗复发/难治 Ph 阴性 B 系急性淋巴细胞白血病(R/R B-ALL)患者的疗效和安全性。

方法 纳入 2021 年 2 月至 2024 年 3 月期间国内多中心收治的 20 例 R/R B-ALL 患者。难治性 ALL 定义为诱导治疗结束后未达到完全缓解(complete remission, CR)的患者;复发性 ALL 定义为达到 CR 后外周血或骨髓($>5\%$)或任何髓外部位再次出现原始细胞。CAV 挽救性化疗方案具体为:克拉屈滨 5mg/m²/d, 第 1 至第 5 天,静滴;阿糖胞苷 20mg, q12h, 第 1 至第 10 天, 皮下注射;维奈克拉 100mg 第 1 天, 200mg 第 2 天, 400mg, 第 3 天至第 21 天, 口服。疗效评估参照 2023 年 NCCN 指南, 使用 SPSS 26.0 软件进行统计学分析, 采用 Kaplan-Meier 法进行生存分析。

结果 20 例患者中男性 13 例, 女性 7 例, 中位年龄 42.5(13~66)岁。接受一个疗程的 CAV 方案治疗后, 总体反应率(ORR)为 70%, 其中 5 例(25%)获得 CR, 8 例(40%)获得 CRi, 1 例(5%)获得

MLFS。6例(30%)未缓解。获得治疗反应的患者,流式微小残留病(MFC MRD)阴性率为28.6%(4/14)。6例CAV后未缓解的患者,1例行嵌合抗原受体T细胞治疗(CART)后缓解,2例行挽救性异基因造血干细胞移植(allo-HSCT)后缓解,1例行贝林妥欧单抗治疗后缓解,2例接受对症支持治疗。14例对CAV方案有治疗反应的患者,6例(42.9%)出现复发。本研究中,共9例患者CAV方案治疗后接受allo-HSCT,4例出现移植后复发,其中1例行二次allo-HSCT,1例接受贝林妥欧单抗治疗后缓解,2例接受对症支持治疗。1年OS率和EFS率分别为66.6%和57.2%。中位随访12.9(2~42)月,中位OS及EFS均未达到。20例入组患者接受CAV方案治疗期间,治疗相关的3-4级血液学不良反应为粒细胞减少(29.8%)、血小板减少(14.9%)、贫血(59.4%)。无治疗相关的3-4级非血液学不良反应发生,1-2级非血液学不良反应主要为消化道症状(11.9%)。无CAV方案治疗相关死亡。接受CAV方案治疗后,12例患者处于持续缓解状态。7例患者死亡,其中1例死于脑出血,1例死于脓毒血症,5例死于疾病进展。1例患者失访。

结论 CAV方案对R/R B-ALL患者安全有效,值得临床进一步扩大样本、开展随机对照研究进一步确认。

PO-0498

A real-world analysis of pediatric acute B-lymphocytic leukemia treated with blinatumomab

Xiaolan Li, Beibei Zhao, Yang Wan, Wenbin An, Fang Liu, Lipeng Liu, Shuchun Wang, Benquan Qi, Tianfeng Liu, Xiaoming Liu, Min Ruan, Li Zhang, Yao Zhou, Xiaojuan Chen, Yumei Chen, Ye Guo, Xiaofan Zhu, Wenyu Yang
Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Science & Peking Union Medical College

Objective To explore the safety and efficacy of blinatumomab in the treatment of CD19+ childhood B-cell acute lymphoblastic leukemia.

Methods A retrospective analysis was conducted on the clinical data of B-ALL patients who received blinatumomab treatment at Pediatric Hematology Center from Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital since August 2021 to October 2023. Based on their disease status before blinatumomab, patients were divided into three groups: re-induction for refractory/relapsed ALL (RR, 10/35), minimal residual disease clearance (MC, 20/35), and alternative treatment for chemotherapy intolerance (IC, 5/35).

Results In total, 35 patients were included, 10 in the RR group of 5 males and 5 females aged from 4.8 to 14.0 (10.3 ± 3.1) years old, 20 in the MC group of 14 males and 6 females aged from 0.6 to 15.7 (10.4 ± 4.3) years old, and 5 in the IC group of 1 males and 4 females aged from 1.8 to 16.4 (7.3 ± 5.5) years old. A total of 56 cycles were administered, with one cycle in 24 cases, two cycles in 5 cases, three cycles in 2 cases and four cycles in 4 cases. The median infusion time from the first to the fourth cycle were 14 (range: 1, 30) days, 28 (range: 16, 28) days, 28 (range: 28, 28) days and 28 (range: 20, 28) days, respectively. CRS occurred in 32 cycles (57.1%), with grade 1 in 27 cycles (48.2%), and grade 2 in 5 cycles (9%). ICANS occurred to one patient (grade 4, 1.8%). FCM MRD was negative converted after treatment to four patients with FCM MRD lower than 5% and two patients with 5-20% in the RR group, but MRD reappeared in three patients (50%) after 14~42 days. Four children with FCM MRD higher than 20% did not response to the treatment. All FCM MRD positive cases in MC turned negative and all FCM MRD negative cases in the IC group remained negative after treatment. The median follow-up time of RR group was 321 (range: 99-685) days, and the median survival time for the responsive and unresponsive were 170 days and 46 days, respectively, with a hazard ratio of 5.667 (95% CI 0.6027-53.28); among the responsive group, the event-free survival rate was 33.3%. The median follow-up time for MC and IC patients was 202 (range: 58, 570) days and 213 (range: 73, 275) days, respectively. No patients experienced FCM MRD reappearance, tumor recurrence, or death.

Conclusion Blinatumomab showed a good safety profile and efficacy in the context of R/R ALL, MRD clearance, and chemotherapy intolerance.

PO-0499

探究成人急性髓性白血病并发静脉血栓栓塞的预防护理

陈新红

郑州大学第一附属医院

目的 本研究旨在探讨成人急性髓性白血病（AML）患者并发静脉血栓栓塞（VTE）的预防护理措施，以减少 VTE 发生率，提高患者的生活质量和治疗效果。

方法 本研究选取 2021 年 1 月至 2023 年 12 月在我院确诊为急性髓性白血病的 150 例成人患者作为研究对象。将患者随机分为实验组和对照组，每组 75 例。实验组接受综合预防护理，包括风险评估、药物预防、物理预防和健康教育等措施；对照组则接受常规护理。对比两组患者的 VTE 发生率、护理满意度及生活质量评分。

结果 实验组患者的 VTE 发生率显著低于对照组（ $P<0.05$ ），护理满意度和生活质量评分均显著高于对照组（ $P<0.05$ ）。

结论 综合预防护理措施在预防成人急性髓性白血病并发静脉血栓栓塞方面具有显著效果，有助于提高患者的护理满意度和生活质量。建议临床推广应用此护理模式，以减少 VTE 的发生，提高患者预后。

PO-0500

Wnt/ β -catenin 抑制剂联合维奈托克协同抗急性髓系白血病的作用和机制研究

葛健、潘梦雅

安徽医科大学第一附属医院

目的 维奈托克（venetoclax）是一种 BCL-2 选择性抑制剂，已被证明与低剂量阿糖胞苷或低甲基化药物联合使用可有效诱导无法耐受标准强化诱导化疗的老年患者缓解疾病。但大多数患者对这种联合疗法的反应是短暂的，其原因是患者在治疗过程中出现获得性维奈托克耐药。维奈托克的耐药机制复杂，多项研究表明抗凋亡分子 MCL-1、BCL-xL 的替代性表达增加是维奈托克获得性耐药的关键因素。因此，找到一种新的辅助治疗药物与维奈托克联合治疗将更有效的改善 AML 患者的治疗效果。

方法 在线数据库分析健康人与 AML 患者的 β -catenin 表达。药物浓度递增法构建维奈托克耐药细胞系。采用 RT-qPCR 和 Western blotting 检测正常健康人骨髓血与 AML 患者外周/骨髓血、亲本细胞系（MOLM13-P）和耐药细胞系（MOLM13-R）中 β -catenin 的 mRNA 和蛋白表达水平。siRNA 敲低 MOLM13-R 细胞中 β -catenin 基因表达，流式细胞术检测其维奈托克作用后的细胞凋亡。通过 CCK-8 法检测细胞活力、Western blotting 检测凋亡和抗凋亡相关蛋白、流式细胞术检测细胞凋亡和免疫荧光法检测线粒体膜电位。通过转录组测序（RNA-seq）来探索其两药联合协同抗白血病细胞的作用机制。此外，在光镜下观察药物作用后的细胞形态，并检测乳酸脱氢酶（LDH）的释放量。Western blotting 检测药物联合作用后的 Caspase3 和 GSDME 的蛋白表达。

结果 与正常健康人相比，AML 患者外周/骨髓血的 β -catenin 的 mRNA 和蛋白表达水平异常增加。与 MOLM13 亲本细胞（MOLM13-P）相比，MOLM13 维奈托克耐药细胞（MOLM13-R）的 β -catenin 蛋白表达水平增加。siRNA 敲低 MOLM13-R 细胞中的 β -catenin 表达能够增加细胞对维奈托克的敏感性，诱导细胞凋亡增加。Wnt/ β -catenin 通路抑制剂 C-82 联合维奈托克作用于 AML 细胞具有协同抗白血病细胞的作用。C-82 作用 AML 细胞破坏了 MCL-1 蛋白的稳定性，减少了 MCL-1 蛋白的半衰期以及增加了 MCL-1 蛋白通过蛋白酶体途径的降解。C-82 和维奈托克（VEN）

联合使用抑制了 AML 细胞的 PI3K-AKT-mTOR 信号通路。另外，该药物联合协同触发了 Caspase3-GSDME 依赖的细胞焦亡。

结论 β -catenin 在 AML 患者和维奈托克耐药细胞中表达上调。Wnt/ β -catenin 抑制剂 C-82 和维奈托克 (VEN) 联合使用产生协同抗白血病细胞活性的作用。因此，研究结果表明靶向 Wnt/ β -catenin 信号通路可能是将来与维奈托克联合使用的一种新的治疗 AML 的策略。

PO-0501

通过 G 蛋白偶联受体 (GPCR) 相关基因 分析急性髓系白血病的预后特征和治疗特异性靶点

张小平、陈文兰、陈雪星、李紫平、周浩
华中科技大学同济医学院附属协和医院血液病研究所

目的 G 蛋白偶联受体 (GPCRs) 是膜受体家族中最大的家族，它们作为关键的信号转导者，能够结合多种多样的配体，从而激活或抑制多种下游信号效应器，这些效应器既包括依赖 G 蛋白的，也包括不依赖 G 蛋白的。一些 GPCRs 对细胞的增殖和存活至关重要，并且在癌细胞中可能出现异常表达。AML 是一种遗传异质性疾病，在开发新的抗 AML 疗法的过程中，我们仍然面临着重重困难。我们希望通过本研究明确 GPCRs 在 AML 中的作用，并基于 GPCR 相关基因构建了风险评分模型以评估 AML 患者的预后和疗效。

方法 我们下载的 AML 患者的数据来源于癌症基因组图谱 (TCGA) 和基因表达综合数据库 (GEO) 数据库。GPCR 亚家族的分组基于从网站 (www.guidetopharmacology.org) 下载的国际基础与临床药理学联合会 (IUPHAR) 数据库分类。进行单变量和多变量 Cox 回归分析以及最小绝对收缩和选择操作 (LASSO)，目的是识别差异表达的 GPCR 相关基因和分组患者。进行差异表达和功能富集分析；探索蛋白质-蛋白质相互作用 (PPI) 机制；构建核心基因和 miRNA-靶基因调控网络。通过癌症药物敏感性基因组学 (GDSC) 数据库预测对免疫治疗和常见抗肿瘤药物的敏感性。

结果 从 TCGA-LAML 的 RNA 测序 (RNA-seq) 数据中提取了与 GPCR 相关的基因，并比较了 AML 和正常细胞的表达差异。在单变量 Cox 回归分析之后，观察到 GPCR 相关基因中表达水平具有差异显著的基因 (DEGs)，并且这些基因中大部分在 AML 中过度表达，这表明这些基因可能在 AML 细胞中起着促进肿瘤发生的作用。继而使用 MAFtools 软件包提取了这些差异表达的 GPCR 相关基因的突变信息，发现其突变频率较低。进一步在差异表达的 GPCR 相关基因中进行 LASSO 和多变量 Cox 回归分析，我们得到了具有最佳预后价值的关键基因。通过多变量 Cox 分析计算得到了关键特征基因的系数，继而将基因表达与相应系数关联，我们建立了一个 GPCR 相关的风险评分。根据 GPCR 相关风险评分，将 AML 患者被分为高风险组和低风险组。与低风险组相比，高风险组患者的预后显著较差，总体生存率较低。此外，两组之间对多种化疗药物的敏感性存在显著差异，这表明治疗效果可能存在差异，并需要个性化的治疗策略。为了进一步辅助临床决策，基于 GPCR 相关的风险评分构建了临床预测模型。该模型有效地根据患者风险水平进行分层，并为患者预后提供了预测意见。总生存率 (OS) 的受试者工作特征曲线 (ROC) 下面积 (AUC) 为 0.752，表明该模型具有良好的预测准确性和可靠性。

结论 我们通过使用与 GPCR 相关的关键基因构建了一个高效的 AML 预后预测模型，这一模型有望指导临床医生为 AML 患者定制治疗方案，并改善预后评估。该研究还提示这些关键基因均可能成为 AML 治疗的潜在特异性靶点。

PO-0502

贝林妥欧单抗治疗儿童难治/复发性 B系急性淋巴细胞白血病的临床研究

孙鸣、熊昊、唐素洁、杜宇、王卓、陈智、陶芳、杨李、祁闪闪
华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院

目的 儿童急性淋巴细胞白血病（ALL）是最常见的儿童恶性肿瘤，其中以 B 淋巴细胞型（B-ALL）最多见，约 10% 的 B-ALL 儿童最终死于儿童难治/复发性 B-ALL（R/R B-ALL）。本研究在于探究贝林妥欧单抗治疗儿童 R/R B-ALL 的疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2021 年 9 月至 2024 年 5 月在武汉儿童医院接受贝林妥欧单抗治疗的 23 例 R/R B-ALL 患儿的临床资料。

结果 23 例患者的中位发病年龄为 6.1 岁（范围：0.3-13.4 岁），男孩 15 例。接受贝林妥欧中位年龄为 7.7 岁（范围：0.7-16.3 岁），接受贝林妥欧治疗的中位天数为 14 天（范围：1-28 天），3 例患儿放弃治疗。1 例患儿正在接受贝林妥欧治疗，19 例患儿按序完成贝林妥欧单抗治疗，其中 2 例患儿微笑残留病（MRD）未达阴性水平。22 例患儿的中位随访时间为 303.8 天（范围：2~869 天）。13 例患儿后桥接异基因造血干细胞移植，12 例患儿在桥接移植前 11d（-14d~-9d）接受了全骨髓照射。移植患儿中位随访时间为 474.4 天（范围：73-869 天），包括 2 例 MRD 未达阴性患儿在内，所有患儿无原发病复发存活。

结论 该研究结果表明，使用贝林妥欧单抗治疗儿童 R/R B-ALL 安全有效，后续桥接异基因造血干细胞移植具有可行性，并且治疗效果较为显著。该方案有望成为临床治疗 R/R B-ALL 的重要手段。同时，尚需多中心大样本数据长期随访进一步研究以确定其治疗效果和安全性。

PO-0503

Network pharmacology and validation experiments reveal cryptotanshinone inhibits acute myeloid leukemia progression by activating endoplasmic reticulum stress

Jie Wei, Rong rong Liu
The First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is the most common hematological tumor in adults, and the overall survival of patients has significantly improved with the development of treatments. However, several patients experience relapse and resistance to treatment. Recently, researchers have found natural compounds in traditional Chinese medicine (TCM) cryptotanshinone (CTS) that may have anticancer activity and reverse the resistance of traditional therapy regimens in solid tumor types. However, its anticancer activity in AML remains unclear.

Methods To explore whether CTS has anticancer activity in AML. We primarily employed network pharmacology to explore the association between CTS's ingredients and AML occurrence or therapeutic targets. A series of validation experiments, including CCK8, apoptosis, cell cycle, and reactive oxygen species measurements by flow cytometry, followed this. High-throughput sequencing, bioinformatics analyses, polymerase chain reaction (PCR), and western blotting (WB) were performed on underlying molecular signaling pathways inhibiting KG-1 cells.

Results Preliminary network pharmacology analysis revealed that CTS may be a potential therapeutic regimen for AML. Since CTS and AML have common target genes such as STAT3, SRC, HRAS, AKT1, PIK3R1, MAPK1, EGFR, PTPN11, HSP90AA1, MAPK14, MAPK8, CASP3, ESR1. The enrichment function analysis showed these target genes act as the critical parts in

pathways in cancer, PI3K-Akt signaling pathway, Ras signaling pathway, PD-L1 expression, and PD-1 checkpoint pathway in tumor, acute myeloid leukemia. The validation experiments showed that the cell proliferation curve effectively suppressed the proliferation of KG-1 cells, which depended on both the concentration - and time-dependent in vitro. Furthermore, the number of KG-1 cells in the S stage and apoptosis proportionate to the increase in CTS concentration. We conducted RNA sequencing to investigate the specific mechanisms of CTS in KG-1 cells. The results identified 797 differentially expressed genes. Among these, 745 genes had significant upregulation, while 52 genes had significant downregulation ($P < 0.05$), suggesting that CTS significantly affected the expression of the KG-1 transcriptome. It mainly involves transcription, DNA-templated, endoplasmic reticulum stress, etc. PCR and WB results revealed that AFT6 ($P < 0.05$), XBP1 ($P < 0.05$), and pPERK ($P < 0.05$) in CTS intervention KG-1 cells exhibited a substantial increase compared to the blank control group. Finally, we performed the molecular docking of CTS-ERS. According to ATF6-CTS, the binding energy between the compound and the protein was -7.5 kcal/mol; EIF2AK3-CTS: -7.8 kcal/mol; ERN1-CTS: -10.1 kcal/mol; XBP1-CTS: -5.7 kcal/mol. These suggest that the compound can bind to the protein's active pocket, and the small molecule can enter into the protein's active pocket with a better shape match. CTS may be a significant regulator of ERS.

Conclusion Our research has revealed that CTS is an efficient anticancer for AML by up-regulating ESR activity. These findings are significant as they provide new insights into the potential therapeutic effects of CTS in AML, thereby keeping our audience well-informed about the latest developments in this field.

PO-0504

A telomere-related gene risk model for predicting prognosis and treatment response in acute myeloid leukemia

Liping Wan¹, Huizhong Shi¹, Yusong Huang¹, Zhong Liu², Mingwei Wang², Ling Li³

1. Shanghai Jiao Tong University School of Medicine Affiliated Shanghai General Hospital

2. Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

3. The Third People's Hospital of Chengdu, Affiliated Hospital of Southwest Jiaotong University

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is a prevalent hematological malignancy among adults. Recent studies suggest that the length of telomeres could significantly affect both the risk of developing AML and the overall survival (OS). Despite the limited focus on the prognostic value of telomere-related genes (TRGs) in AML, our study aims at addressing this gap.

Methods We obtained a list of TRGs from TelNet, as well as collecting clinical information and TRGs expression data through the Gene Expression Omnibus (GEO) database. The GSE37642 dataset, sourced from GEO and based on the GPL96 platform, was divided into training and validation sets at a 6:4 ratio. Additionally, the GSE71014 dataset (based on the GPL10558 platform), GSE12417 dataset (based on the GPL96 and GPL570 platforms), and another portion of the GSE37642 dataset (based on the GPL570 platform) were designated as external testing sets.

Results Univariate Cox regression analysis identified 96 TRGs significantly associated with OS. Subsequent Lasso-Cox stepwise regression analysis pinpointed eight TRGs (MCPH1, SLC25A6, STK19, PSAT1, KCTD15, DNMT3B, PSMD5, and TAF2) exhibiting robust predictive potential for patient survival. Both univariate and multivariate survival analyses unveiled TRG risk scores and age as independent prognostic variables. To refine the accuracy of survival prognosis, we developed both a nomogram integrating clinical parameters and a predictive risk score model based on TRGs. In subsequent investigations, associations were emphasized not solely

regarding the TRG risk score and immune infiltration patterns but also concerning the response to immune-checkpoint inhibitor (ICI) therapy.

Conclusion In summary, the establishment of a telomere-associated genetic risk model offers a valuable tool for prognosticating AML outcomes, thereby facilitating informed treatment decisions.

PO-0505

槐耳联合 TKI 对慢性髓性白血病细胞 K562 的作用研究

陈怡琳^{1,2}、黎纬明¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 郑州大学第一附属医院

目的 本次研究中，我们探索槐耳联合伊马替尼、达沙替尼对慢性髓性白血病（CML）细胞（K562）的作用及其可能的作用机制，为提高 CML 治疗反应提供一定的依据。

方法 通过细胞增殖抑制实验、流式细胞术检测槐耳、达沙替尼单药以及联合用药对 K562 的增殖、凋亡、周期的作用

结果 槐耳可显著抑制 K562 的增殖，可增强了 TKI 对 K562 的抑制作用。槐耳和 TKI 联合用药可阻滞细胞周期。槐耳和 TKI 联合用药可诱导 K562 凋亡。

结论 槐耳联合 TKI 可增强 TKI 对 CML 细胞的作用。

PO-0506

不同预后分层的初诊急性早幼粒细胞白血病临床生物学特征研究

程薇、李威、李墨博、窦蕊、于润红、朱尊民

河南省人民医院

目的 探讨不同预后分层初诊急性早幼粒细胞白血病（APL）患者的临床生物学特征，为全面深入认识该疾病及早期积极精准治疗提供依据。

方法 收集 79 例初诊 APL 患者的各项实验室检查结果及临床情况并按照 Sanz 危险分层标准将病例分为低危组（27 例）、中危组（28 例）和高危组（24 例），对各组间临床生物学特征进行分组比较

结果 79 例初发 APL 患者男 37 例，女 42 例，男女比例为 0.80: 1，中位年龄 39（5-73）岁。各组在性别、早期死亡率方面无统计学差异。高危组的中位年龄小于中低危组，其中高危与低危年龄差异有统计学意义。高危组外周血及骨髓早幼粒细胞比例、外周血白细胞明显高于中低危组，而低危组血红蛋白和血小板计数明显高于其他两组。肿瘤细胞 SSC 大，最常见的免疫表型为 CD34-HLA-DR-CD38+CD117+CD13+CD33+CD64+CD123+。最常见的跨系表达抗原为 CD2（21.52%），高危组阳性比例明显高于低中危组。其次为 CD19（10.13%）、CD56（8.86%）。

72 例患者进行了染色体核型分析，其中 6 例（8.33%）为正常核型，66 例（91.67%）均检测到 t((15;17)(q24;q21)核型异常，12 例患者（16.67%）还检测到伴随其他染色体改变，包括移位、缺失、增加等异常，但各分组之间其他异常无统计学差异。

结论 不同预后分层的初诊 APL 患者具有不同的临床生物学特征，因此应对初诊患者精确预后分层，为早期精准治疗提供依据，以期进一步提高 APL 患者特别是高危 APL 患者的预后。

PO-0507

急性未分化型白血病的免疫表型、分子及染色体核型特征分析

程薇、朱尊民、窦蕊、李威、于润红、黄洲风、李墨博
河南省人民医院

目的 本研究旨在分析急性未分化型白血病（AUL）的免疫表型、分子及遗传学特征，为 AUL 的诊断、分型、治疗和预后评估提供新的理论依据。

方法 收集了 5 例 AUL 患者新鲜骨髓或血液标本，分析患者的骨髓细胞形态、免疫分型、染色体核型、融合基因及基因突变。

结果 5 例患者男性 4 例，女性 1 例，中位年龄为 55 岁（32~77 岁）。原幼细胞比例为 68.00%（50.40-94.00%）。免疫表型显示各抗原表达频率为 CD34、CD38、CD33、CD13、CD7 均为 100.00%、TdT、HLA-DR、CD19 为 80.00%、CD117（60.00%）。染色体检查 3 例（60.00%）异常，均为复杂核型（≥3 畸变）。NGS 发现与 5 例 AUL 均检测到至少 1 种基因突变，基因突变中位数 5 个（2-8 个）。最常见的基因突变是 PHF6、ASXL1 及 ABCB1 突变；3 例（60.00%）检测到基因融合事件，其中 2 例为 WT1 融合基因，1 例为 CALM-AF10、WT1 两种融合基因。

结论 AUL 患者以中老年男性多见，初诊时多具有较高的肿瘤负荷，免疫表型具有干细胞特征，无系别特异性标志，遗传学特征主要表现为复杂核型，常见的分子异常主要有 WT1 过表达、PHF6、ASXL1 等基因突变。提示这些患者可能存在较高的疾病风险。本研究的这些共性可能为 AUL 的临床诊断、治疗及预后判断提供新思路。

PO-0508

Genomic Mutation Patterns and Prognostic Value in De Novo and Secondary Acute Myeloid Leukemia: A Multicenter Study from China

Xi Dou, Li Wang
重庆医科大学附属第一医院

Objective Acute myeloid leukemia (AML) can manifest as de novo AML (dn-AML) or secondary AML (s-AML), with s-AML being associated with inferior survival and distinct genomic characteristics. The underlying reasons for this disparity remain to be elucidated.

Methods In this multicenter study, next-generation sequencing (NGS) was employed to investigate the mutational landscape of AML in 721 patients from June 2020 to May 2023.

Results Genetic mutations were observed in 93.34% of the individuals, with complex variations (more than three gene mutations) present in 63.10% of them. TET2, ASXL1, DNMT3A, TP53, and SRSF2 mutations showed a higher prevalence among older individuals, whereas WT1 and KIT mutations were more commonly observed in younger patients. BCOR, BCORL1, ZRSR2, ASXL1, and SRSF2 exhibited higher mutation frequencies in males. Additionally, ASXL1, NRAS, PPM1D, SRSF2, TP53, and U2AF1 mutations were more common in patients with s-AML, which PPM1D was more frequently associated with therapy-related AML (t-AML). Advanced age and hyperleukocytosis independently served as adverse prognostic factors for both types of AML; however, s-AML patients demonstrated a greater number of monogenic adverse prognostic factors compared to dn-AML cases (ASXL1, PPM1D, TP53, and U2AF1 in s-AML vs. FLT3, TP53, and U2AF1 in dn-AML).

Conclusion Age and sex-related gene mutations suggest epigenetic changes may be key in AML pathogenesis. The worse prognosis of s-AML compared to dn-AML could be due to the older age of s-AML patients and more poor-prognosis gene mutations. These findings could

improve AML diagnosis and treatment by identifying potential therapeutic targets and risk stratification biomarkers.

PO-0509

以颅内出血为首发及复发病状儿童急性 早幼粒细胞白血病一例并文献复习

夏忆、周敏
成都市妇女儿童中心医院

目的 探讨一例首发及复发均以颅内出血为主要表现，且融合基因为 NPM-RAR α 的儿童急性早幼粒细胞白血病的诊疗过程及预后。

方法 选择 2020 年 12 月，成都市妇女儿童中心医院儿童血液肿瘤科收治的一例急性早幼粒细胞白血病女性患儿为研究对象。回顾性分析该患儿的症状体征、实验室检查指标、影像学结果以及治疗和转归。以“早幼粒细胞白血病”“NPM-RAR α 融合基因”“颅内出血”“Acute promyelocytic leukemia”“NPM-RAR α fusion gene”“intracranial hemorrhage”等为关键词，检索自 2014-2024 年国内、外相关数据库，并对相关文献进行复习。

结果 女性患儿，起病年龄 3 岁。因“剧烈头痛、呕吐”就诊于当地医院，血常规提示三系异常转至我院继续治疗。骨髓形态学提示异常髓系细胞增殖，考虑髓系白血病，融合基因发现 NPM-RAR α 阳性，故诊断急性早幼粒细胞白血病。患儿病初头颅 CT 提示双侧额叶、小脑蚓部出血。因初诊时白细胞 $>100 \times 10^9/L$ ，故按 APL 高危方案化疗。经过诱导缓解治疗，患儿病情控制，融合基因转阴，随后继续行巩固及维持治疗，期间监测 NPM-RAR α 融合基因。在维持治疗第 2 个循环时，融合基因再次复阳，给予去甲氧柔红霉素联合阿糖胞苷化疗，并行移植准备。2021 年 9 月，患儿骨髓形态学复发，住院过程中突发意识障碍，再次发生颅内出血并发脑疝，最终因呼吸循环衰竭死亡，总生存时间 9 个月。

结论 NPM-RARA 融合基因阳性的儿童急性早幼粒细胞白血病临床罕见，目前治疗方法为 ATRA、ATO 联合髓系化疗方案，有一定疗效，但预后欠佳。出血相关死亡仍是早幼粒细胞白血病治疗过程中面临的挑战。

PO-0510

儿童急性髓系白血病基因突变特征及不同诊断标准下的预后差异

张然然
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 对儿童急性髓系白血病（AML）进行基因突变特征描述，并分别按照 WHO 2016 年及 WHO 2022 年诊断标准区分儿童 AML，为评估两者之间预后差异。

方法 回顾性分析 2017 年 8 月至 2021 年 8 月于中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）就诊的 AML 患儿（非 APL）共 260 例，收集所有患儿初诊时的临床特征及预后信息并在初诊治疗前对所有患儿进行靶向二代测序。分别按照 WHO 2016 年及 2022 年诊断标准进行诊断分类，对两种诊断标准下的 AML 患儿进行预后差异分析。

结果 所有患儿中位随访时间 26（范围 1-68）月，260 例 AML 患儿均在初诊时进行 114 种基因的靶向 NGS 检测，共检测到 91 种基因，有 16 种基因在 5% 及以上的患儿中反复出现：NRAS 28.1%、FLT3 21.2%、KIT 18.5%、CEBPA 13.8%、KRAS 13.1%、WT1 7.3% 等。分别按照 WHO 2016 年及 2022 年诊断标准进行诊断分类，其中变化最大的是儿童 AML-MRC 的诊断变化。

在不两种诊断标准下均可以看到，伴 RUNX1::RUNX1T1、CBFβ::MYH11、CEBPA 突变的患儿 OS 较好，而 AML-MRC 患儿的 OS 较差。在 EFS 的对比中可以看出，WHO 2016 年诊断下伴 RUNX1 及伴 MRC 的患儿预后较差，WHO 2022 年诊断标准下伴有 NUP98 融合基因、伴 MRC 及其他一些少见基因的患儿预后较差。

结论 本研究中发现，儿童 AML 伴 NRAS、FLT3、KIT、CEBPA、KRAS、WT1 基因突变较为常见，与 WHO 2016 年诊断标准相比，WHO 2022 年诊断标准变化最大的是 AML-MRC 的诊断。不同诊断标准下，伴 RUNX1::RUNX1T1、CBFβ::MYH11、CEBPA 突变的患儿均预后较好，而 AML-MRC、伴 RUNX1 突变、NUP98 融合基因的患儿预后则较差。

PO-0511

高三尖杉酯碱提高 VA 方案治疗复发难治 AML-M4/M5 的疗效

余国攀¹、陈意珊^{1,2}、尹昭¹、张钰¹、赵卫华³、翁光祥⁴、杜新⁴、聂大年⁵、郭子文⁸、孙志强⁶、张红宇⁷、史鹏程¹、许娜¹、徐丹¹、江雪杰¹、平宝红¹、刘启发¹

1. 南方医科大学南方医院
2. 广州市第八人民医院
3. 广西医科大学第一附属医院
4. 深圳市第二人民医院
5. 中山大学孙逸仙纪念医院
6. 南方医科大学深圳医院
7. 北京大学深圳医院
8. 中山市人民医院

目的 近期研究报道单核细胞样 AML 对维奈克拉联合阿扎胞苷（VA）方案疗效欠佳。本研究拟探索遗传学模式对 VA 治疗单核细胞样 AML 疗效的影响，以及加入高三尖杉酯碱（HHT）能否提高 VA 的疗效。

方法 回顾性分析华南白血病联盟 321 例复发难治（RR）非 M3-AML 接受 VA 或 VA 联合 HHT（VAH）治疗的疗效以及遗传学模式对疗效的影响。

结果 根据 FAB 分型，AML-M4/M5 患者 139 例，非 M4/M5 有 182 例，VA 治疗 149 例，VAH 治疗 172 例。在接受 VA 治疗患者中，M4/M5 患者的总反应率（ORR）显著低于非 M4/M5（27/57，47.4% vs. 60/92，65.2%， $P=0.032$ ）。在 M4/M5（ORR，74.4% vs. 47.4%， $P=0.001$ ；CRc 率，63.4% vs. 36.8%， $P=0.002$ ；MRD 阴性率，35.4% vs. 15.8%， $P=0.011$ ）和非 M4/M5（CR 率，42.2% vs. 22.8%， $P=0.005$ ，MRD 阴性率，43.3% vs. 15.2%， $P<0.001$ ）患者中，VAH 的疗效均显著优于 VA。M4/M5 患者（M4/M5 vs. 非 M4/M5，中位 OS 未达到 vs. 12.4 月， $P=0.087$ ；EFS，14 vs. 2 月， $P<0.001$ ）和非 M4/M5 患者（M4/M5 vs. 非 M4/M5，中位 OS 未达到 vs. 15 月， $P=0.036$ ；EFS，7.1 vs. 3 月， $P=0.005$ ）接受 VAH 治疗的生存均优于 VA 治疗。遗传学模式分析显示 FLT3、NPM1 突变、MLL 重排在 M4/M5 中高发，ASXL1、SRSF2 突变、AML1/ETO 阳性在非 M4/M5 中多见。FLT3、DNMT3A 突变及 MLL 重排是 VA 疗效的不利因素。相较 VA，在 M4/M5 中，VAH 显著提高 FLT3、RAS、DNMT3A、NPM1 突变患者的疗效；在非 M4/M5 中，VAH 改善 TET2 突变及 AML1/ETO 阳性患者的疗效。

结论 RR-AML-M4/5 对 VA 方案的疗效欠佳，遗传学模式影响可能是疗效欠佳的重要原因。HHT 可能提高 VA 治疗 R/R-AML 的疗效，并克服某些遗传学模式的不利影响。

PO-0512

免疫荧光法定量检测 BCL-2、BCL-xL 及 MCL-1 表达预测 VEN-based 方案治疗 AML 的疗效

聂夏琪、尹昭、姚足容、陈丹丹、余国攀
南方医科大学南方医院

目的 抗凋亡蛋白表达水平能否预测维奈克拉联合（VEN-based）方案治疗 AML 疗效尚不明确。本研究拟分析 BCL-2、BCL-xL 和 MCL-1 表达水平与 VEN-based 方案疗效的关系。

方法 免疫组化+免疫荧光技术（免疫荧光）染色方法定量检测 37 例接受 VEN-based 方案治疗的 AML 患者骨髓活检组织病理的 BCL-2、BCL-xL 和 MCL-1 的表达，分析三种蛋白表达水平与患者缓解率、生存的关系。

结果 Western blotting 方法及多视野观察验证免疫荧光染色法定量检测三种蛋白表达准确性和可重复性高。难治复发（RR）AML 患者（n=21）的三种蛋白表达水平均高于新诊断（ND）AML 患者（n=16），其中 MCL-1 在两组间存在显著差异（P=0.004）。non-CR/CRi 患者（n=15）的三种蛋白表达均高于 CR/CRi 患者（n=22），其中 MCL-1 在两组间表达趋向于有统计学差异（P=0.051）。在 RR-AML 中，BCL-2 高表达者的 CR/CRi 率显著低于低表达者（P=0.030）；MCL-1 高表达者的 CR/CRi 率在 ND-AML（P=0.067）或 RR-AML（P=0.063）中均低于低表达者。≥2 种蛋白高表达者的 CR/CRi 率在 ND-AML 或 RR-AML 中均显著低于≤1 种高表达者。同一患者复发后（n=2）或者未获得 CR/CRi 时（n=1）三种蛋白的表达水平均较新诊断时明显升高，获得 CR/CRi 后（n=1）三种蛋白的表达水平均明显降低。在 ND-AML 中，三种蛋白表达高低对生存影响不明显；在 RR-AML 中，三种蛋白高表达者的生存似乎差于低表达者。

结论 免疫荧光法定量检测患者骨髓 BCL-2、BCL-xL 和 MCL-1 的表达可能可以预测 VEN-based 方案治疗 AML 的疗效。

PO-0513

Venetoclax added to CLAG regimen improves the outcome of patients with relapsed/refractory acute myeloid leukemia

Guopan Yu, Yu Zhang, Zhao Yin, Zurong Yao, Dan Xu, Xuejie Jiang, Xiaqi Nie, Dandan Chen, Hongsheng Zhou, Pengcheng Shi, Hui Liu, Qifa Liu
Nanfang Hospital, Southern Medical University

Objective Aim of this study was to analyze the efficacy and safety of Ven added to CLAG regimen as salvage therapy of RR-AML.

Methods A single center, retrospective, cohort study was performed in the patients with RR-AML, who were salvagedly treated with CLAG with/without Ven.

Results Sixty-nine patients were included, with the median age of 37 (range, 18-65) years. Thirty-one patients underwent the salvage treatment of CLAG with Ven and 38 without. After the salvage treatment, 24(77.4%) patients acquired response, including 22(71.0%) CRc and 15(68.2%) MRD- CRc in the CLAG+Ven group, significantly higher than those in the CLAG group. Subgroup analysis showed that patients with refractory disease acquiring no response after two cycles of induction, or patients with FLT3 mutations seemed to benefit more from CLAG+Ven than CLAG in acquiring CRc. With a median follow-up of 7.5(95% CI 3.5-12) months, patients in the CLAG+Ven group had a trend of survival benefit to compare with the CLAG group. Adverse events including all grade and grade 3/4, also early mortality, occurred at similar frequencies in the CLAG+Ven and CLAG groups.

Conclusion Ven added to CLAG might improve the outcome of the patients with RR-AML, with well toleration, and randomized controlled trials are needed to explored.

PO-0514

急性白血病患者合并血流感染临床特点 及影响患者预后的危险因素分析 摘要

刘蜀蓉

四川大学华西医院

目的 分析急性白血病(AL)患者合并血流感染临床特点及影响患者预后的危险因素。

方法 回顾性分析我院 133 例 AL 合并血流感染患者临床资料, 根据其确诊血流感染后 1 个月生存情况分为生存组(预后良好组)及死亡组(预后不良组)。记录 133 例 AL 合并血流感染患者临床表现、并发感染病灶、血培养病原菌分布等临床特点, 比较预后良好组及预后不良组性别、年龄、疾病类型、确诊前住院时间、确诊前 1 个月内抗生素使用史、粒细胞缺乏症、粒细胞减少持续时间、耐碳青霉烯革兰阴性菌血流感染情况等资料差异, 并使用 Logistic 回归分析评估影响 AL 合并血流感染患者预后不良的独立危险因素

结果 133 例 AL 合并血流感染患者临床表现主要为发热, 并以高热居多(58.65%); 并发感染病灶者 75 例, 以呼吸系统感染为主(68.00%); 血培养共分离出病原菌 134 株, 以革兰阴性菌为主(89.55%), 其次为革兰阳性菌(10.45%), 未发现真菌, 革兰阴性菌以铜绿假单胞菌(25.37%)、鲍曼不动杆菌(17.91%)、大肠埃希氏菌居多(12.69%), 革兰阳性菌以金黄色葡萄球菌为主(5.22%)。确诊血流感染后 1 个月生存 93 例(69.92%), 纳入预后良好组; 死亡 40 例(30.08%), 纳入预后不良组; 两组性别、年龄、疾病类型、粒细胞缺乏症、伴耐碳青霉烯革兰阴性菌血流感染情况比较, 差异无统计学意义($P > 0.05$); 预后不良组确诊前住院时间、确诊前 1 个月内抗生素使用史及粒细胞减少持续时间高于预后良好组($P < 0.05$); 经 Logistic 回归分析, 发现确诊前住院时间 $\geq 30d$ 、确诊前 1 个月内抗生素使用史、粒细胞减少持续时间 $\geq 7d$ 均为影响 AL 合并血流感染患者预后不良的独立危险因素($OR=1.950、1.876、1.346, P < 0.05$)

结论 AL 合并血流感染临床表现以高热为主, 并常伴呼吸系统感染, 病原菌以革兰阴性菌为主, 确诊前住院时间较长、抗生素使用史及粒细胞持续减少者易出现预后不良, 临床应注意防控。

PO-0515

Activation of c-Myc confers resistance to venetoclax via inhibition of the transcription of Bim in t(8;21)-positive acute myeloid leukemia

Zhao Yin¹, Zurong Yao¹, Ya Gao¹, Dandan Chen¹, Xiaqi Nie¹, Yu Zhang¹, Xi Xu¹, Pengcheng Shi¹, Danian Nie², Weihua Zhao³, Guangyang Weng⁴, Ziwen Guo⁵, Xin Du⁴, Dongjun Lin⁶, Zhiqiang Sun⁷, xinquan Liang⁸, Xuejie Jiang¹, Dan Xu¹, Li Xuan¹, Qifa Liu¹, Baohong Ping¹, Guopan Yu¹

1. Nanfang Hospital, Southern Medical University

2. Sun Yat-Sen Memorial Hospital, Sun Yat-Sen University

3. the First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

4. Shenzhen Second People's Hospital

5. Zhongshan City People's Hospital

6. the Seventh Affiliated Hospital of Sun Yat-Sen University

7. Shenzhen Hospital, Southern Medical University

8. the First People Hospital of Chenzhou

Objective Recent studies showed acute myeloid leukemia (AML) patients harboring the t(8;21)(q22;q22) translocation exhibited poor response to VEN and azacitidine (AZA) (VA) combination therapy. Aim of this study was to explore the mechanism of VEN resistance in t(8;21)-positive AML.

Methods Clinical data of t(8;21)-positive AML patients with VEN-based therapy were retrospectively analyzed. In vitro and in vivo experiments were performed to explore the mechanism of VEN resistance and how homoharringtonine (HHT) overcoming the resistance.

Results Our clinical data further confirmed the poor response of VA in the treatment of t(8;21)-positive AML, presenting as the composite CR (CRc) rate of 25.0%(2/8) in the frontline treatment, and 10.0%(1/10) in the salvage therapy. Yet, when HHT was added to VA (VAH), the CRc rate was improved up to 64.3%(9/14) in the salvage therapy. Cell experiments showed that VEN resulted in a dose-dependent increase in c-myc levels, which was not inhibited by AZA, in t(8;21)-positive AML cell lines and primary cells. Pharmacologic inhibition or genetic knockdown of c-Myc enhanced the anti-leukemia effect of VEN, while up-regulation of c-Myc did the opposite. In vitro and in vivo studies demonstrated that HHT significantly enhanced the anti-leukemia effect of VEN via inhibition of c-Myc. Mechanistically, activation of c-Myc might directly suppress the transcription of BH3-only protein Bim in AML cells to confer VEN resistance. Bim knockdown confirmed its major role in driving VEN-inducing apoptosis.

Conclusion Altogether, our study revealed a MYC-mediated mechanism of VEN resistance in t(8;21)-positive AML and a promising strategy of adding HHT to overcome the resistance.

PO-0516

111 例急性 B 淋巴细胞白血病融合基因特征分析

陈钦¹、杨利群²、何秋蓉¹、于莹¹、陈诗丽¹、廖丹¹

1. 华银康医疗集团血液病理综合诊断中心·广州华银医学检验中心

2. 华银康医疗集团血液病理综合诊断西南中心·成都华银医学检验所

目的 回顾分析 111 例急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 融合基因检测结果及临床特征, 以提高对该疾病的认识。

方法 收集整理 2020 年 8 月-2023 年 9 月华银康血液病理综合诊断中心 111 例急性 B 淋巴细胞白血病患者的临床资料, 分析其血常规及融合基因特征。

结果 111 例诊断为 B-ALL 的患者中, 男性 59 例 (53.15%), 女性 52 例 (46.85%), 年龄 2-84

岁，中位年龄 36 岁。HB 变化范围：29g/L~145g/L，中位值 73.5g/L。MCV 变化范围：25fL~115.8fL，中位值 87fL。WBC 变化范围：0.06×10⁹/L~755.40×10⁹/L，中位值 22.2×10⁹/L。PLT 变化范围：2×10⁹/L~407×10⁹/L，中位值 38×10⁹/L。Gran%变化范围：0.00%~89.20%，中位值 11.8%。LYM%变化范围：3.92%~96.60%，中位值 61.55%。Mono%变化范围：0.00%~60.00%，中位值 6.30%。111 例均行白血病相关 56 种融合基因筛查及 WT1 检测，融合基因阳性者 66 例（59.46%），其中 BCR-ABL1 P190 33 例（29.41%）、BCR-ABL P210 17 例（15.13%）、E2A-PBX1 6 例（5.04%）、MLL-AF4 3 例（2.52%）、TEL-AML1 5 例（4.20%）、TEL-ABL1 2 例（1.68%）；另外，10 例 WT1 基因过表达，占 9.24%。

结论 B-ALL 患者外周血细胞计数，除淋巴细胞百分比常升高外，PLT 计数多降低，多数患者有不同程度的贫血。在 B-ALL 患者中，融合基因检出比例较高，其中 BCR-ABL 阳性患者达到 45.05%，以 BCR-ABL P190 为主，BCR-ABL1 阳性的 B-ALL 预后差，酪氨酸激酶抑制剂（TKIs）的引入可改善其预后。融合基因阳性可为患者提供诊断线索、用药指导及预后判断，且进行融合基因 MRD 监测，可用于治疗疗效评估。

PO-0517

儿童急性髓系白血病不同诱导治疗方案的比较

张傲利、宗苏玉、刘立鹏、常丽贤、阮敏、竺晓凡

1.中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所), 实验血液学国家重点实验室, 国家血液系统疾病临床医学研究中心, 细胞生态海河实验室, 天津, 300020; 2.天津医学健康研究院, 天津, 301600

目的 探究不同诱导化疗方案对儿童急性髓系白血病(AML)患者的疗效影响。

方法 收集在 2016 年 1 月 6 日至 2021 年 8 月 20 日期间就诊于我院的 214 例初诊 AML 患儿信息，其中，应用 MAE 方案诱导治疗的患儿 95 例、应用 IAE 方案的患儿 119 例。对不同诱导治疗方案患儿的临床基本特征、不良事件发生率以及疗效进行比较。

结果 MAE 组和 IAE 组男性患儿的比例分别为 49/95（51.6%）和 66/119（55.5%），中位年龄分别是 8（1-16）岁和 8（1-16）岁，差异均无统计学意义。对患儿的疗效进行评估，MAE 和 IAE 方案首次诱导化疗缓解率分别是 90.3%（84/95）和 85.7%（102/119），二者无统计学差异（ $p=0.400$ ）。MAE 方案诱导治疗后 2 名（2.2%）患儿获得 PR、6 名（6.5%）患儿为 NR，在 IAE 方案诱导治疗后 5 名（4.2%）患儿获得 PR、12 名（10.1%）患儿为 NR。相比于 IAE 方案，MAE 方案治疗费用较低（ $p=0.027$ ），黏膜炎发生率较低（30.5% vs. 53.0%， $p=0.001$ ），血小板 $<20 \times 10^9/L$ （ $p=0.003$ ）以及血红蛋白 $<70g/L$ （ $p<0.001$ ）的天数缩短，且血红蛋白绝对值计数更高（ $p<0.001$ ），但患儿住院时间延长（ $p=0.020$ ）、中性粒细胞 $<0.5 \times 10^9/L$ 的天数增加（ $p=0.043$ ）。MAE 和 IAE 方案中各有 17 名（17.9%）和 29 名（24.4%）患儿接受异基因造血干细胞移植治疗（ $p=0.315$ ），早期诱导化疗死亡率分别是 1.1%（1/95）和 3.4%（4/119）（ $p=0.385$ ），差异均无统计学意义。

结论 两种治疗方案的首次诱导化疗缓解率、造血干细胞移植率和早期诱导化疗死亡率无显著差异。但相比于 MAE 方案，IAE 方案黏膜炎发生率较高，且 4 级以上血液学不良事件持续时间较长。

PO-0518

NUP98 融合基因阳性儿童急性髓系白血病的特征及预后

张傲利、宗苏玉、刘立鹏、常丽贤、阮敏、竺晓凡

1. 中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所), 实验血液学国家重点实验室, 国家血液系统疾病临床医学研究中心, 细胞生态海河实验室, 天津, 300020; 2. 天津医学健康研究院, 天津, 301600。

目的 对 NUP98 融合基因阳性的儿童急性髓系白血病 (AML) 患者的临床特征及疗效进行分析。

方法 收集在 2012 年 8 月 6 日到 2023 年 11 月 16 日间就诊于我院的初诊 AML 患儿信息, 其中 NUP98 融合基因阳性的患儿共 14 例。

结果 对 14 例患儿的临床特征进行分析, 男性患儿共 8 例, 女性患儿共 6 例, 年龄在 1-14 岁间, 中位年龄为 10 岁。患儿初诊白细胞计数范围为 $1.23-504.25 \times 10^9/L$ ($19.82 \times 10^9/L$), 其中 6 例 (42.9%) 患儿的白细胞计数大于 $100 \times 10^9/L$, 初诊血红蛋白范围为 $44-134g/L$ ($88g/L$), 初诊血小板计数范围为 $27-313 \times 10^9/L$ ($66.5 \times 10^9/L$)。对患儿的核型分布进行探究, 14 例患儿中 7 (50%) 例为正常核型, 较常见核型异常有 +8 (2 名), t(7;11) (2 名), 其余涉及的异常染色体有 19q+、del(9)、t(2;11)、t(3;4)、t(2;5)。其中, 一半患儿为 NUP98: : NSD1, 具有 NUP98: : KDM5A、NUP98: : HOXD13、NUP98: : HOXA9 的 AML 患儿各 2 例, 仅有 1 例患儿为 NUP98-DDX10。11/14 例 NUP98 融合基因阳性 AML 患儿具有 WT1 表达, 一半患儿具有 FLT3-ITD 融合基因。对 NUP98 融合基因阳性的 AML 患儿, 治疗方面我们中心早期采用典型的“3+7”方案、IAE 或 HAG 方案作为诱导治疗, 后期应用 CLAG、IA+维奈克拉或西达本胺+克拉屈滨+HAG 方案进行诱导化疗。比较我中心早期诱导方案, 近期患儿的首次诱导化疗的缓解率有所提高。14 例 NUP98 融合基因阳性 AML 患儿中 5 例患儿首次诱导未达缓解, 3 例复发, 未达缓解的 5 例患儿中 4 例患儿白细胞计数大于 $100 \times 10^9/L$ 。5 例患儿进行异基因造血干细胞移植, 移植方式均为半相合造血干细胞移植, 除 1 例患儿死亡外, 其余患儿均存活。1 例 NUP98: : HOXA9 阳性患儿通过化疗获得长期生存, 其余患儿仍需进一步随访。

结论 优化诱导治疗方案及异基因造血干细胞移植, 可能使 NUP98 融合基因阳性的儿童急性髓系白血病 (AML) 患者获益。

PO-0519

Blockade of TIGAR Prevents CD8+ T Cell Dysfunction and Elicits Anti-AML Immunity

Qian Sun¹, Jialin Cui², Wenjie Liu¹, Miaomiao Zhao¹, Yiran Fang¹, Pei Xu¹, Cheng Xu³, Ming Hong¹, Sixuan Qian¹

1. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital, Nanjing 210029, Jiangsu Province, China

2. Department of Rehabilitation Medicine, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital, Nanjing 210029, Jiangsu Province, China

3. Department of Pathology, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital, Nanjing 210029, Jiangsu Province, China

Objective Both acute myeloid leukemia (AML) cells and activated proliferating T cells and effector T cells utilize aerobic glycolysis for energy metabolism. TP53-induced glycolysis and apoptosis regulator (TIGAR) inhibits glycolysis and protects AML cells from apoptosis. This study aims to explore whether silencing TIGAR can eliminate AML cells and rejuvenate dysfunctional T cells by reprogramming cellular metabolism.

Methods Data from TCGA and GEO database were used to determine the associations between TIGAR expression and various parameters of AML patients. "CIBERSORT" was utilized to explore the immunological features of TIGAR in AML. TIGAR knockout (KO) mice on the

C57BL/6 background were generated and AML mouse models were established through intravenous injection of C1498 cells. Flow cytometry gauged T cell count and immune markers. ELISA quantified cytokines; CCK8 evaluated cytotoxicity. CFSE flow cytometry assessed proliferation; Annexin V-FITC detected apoptosis. H&E staining revealed leukemic infiltration. Western blotting gauged TIGAR levels; survival was monitored. Thymic/splenic lymphocyte development and T cell proliferation were examined via flow cytometry. ELISA measured serum inflammatory factors.

Results Data from public databases indicated that high TIGAR expression is correlated with poor AML prognosis. TIGAR fostered an immunosuppressive tumor microenvironment (TME) in AML, inversely linked to CD8+ T cell levels. TIGAR depletion enhanced CD8+ T cell counts and raised CD4/CD8 ratio, downregulating CD44 and immune checkpoints CTLA-4, LAG-3, PD-1. TIGAR depletion boosted cytokine secretion (IFN- γ , perforin, granzyme B, TNF- α) by CD8+ T cells and IL-2, TNF- α by CD4+ T cells, improving cytotoxicity against AML cells, proliferation, and reducing apoptosis. TIGAR suppression alone or with 2-deoxy-D-glucose prolonged AML mouse survival, decreased tumor burden, and leukemic infiltration, restoring thymic development and immune balance.

Conclusion High TIGAR expression was associated with poor prognosis and immunosuppressive TME in AML. Blocking the glycolysis-related gene TIGAR prevents CD8+ T cell dysfunction and induces anti-AML immunity. Targeting TIGAR alone or in combination with other glycolysis inhibitors holds promise as a therapeutic strategy against AML.

PO-0520

复方浙贝颗粒基于 MDM2/p53 通路调节 MHC-II 逆转白血病多药耐药机制研究

杨茜茹、李光达、张雅月、张宇、李冬云、齐宇搏、侯丽
北京中医药大学东直门医院

目的 基于 MDM2/p53 通路探讨复方浙贝颗粒通过调节 MHC-II 逆转白血病多药耐药的作用机制。

方法 选取人急性髓系白血病细胞 KG-1a 及 MOLM-13 细胞，采用 CCK-8 法检测细胞增殖能力、Western Blot 法检测 MDM2、p53 蛋白表达水平、流式细胞术检测细胞表面 MHC-II 表达情况。

结果 复方浙贝颗粒对 KG-1a、MOLM-13 细胞均具有增殖抑制作用，且呈浓度及时间依赖性。2.2mg/mL 复方浙贝颗粒干预 KG-1a 细胞 24、48h 时，与未干预组相比 MDM2 蛋白表达量均有所降低，干预 48h 时差异明显 ($P<0.05$)。p53 蛋白表达量较未干预组均有所升高 (均 $P<0.05$)。2.5mg/mL 复方浙贝颗粒干预 MOLM-13 细胞 12、24h 时，MDM2 蛋白表达较未干预组降低，同时随着干预时间的延长 MDM2 蛋白表达量也有下降趋势，干预 24h 时有统计学意义 ($P<0.05$)。p53 蛋白表达量较未干预组均有所升高 (均 $P<0.05$)。KG-1a、MOLM-13 细胞经复方浙贝颗粒干预后，细胞表面 MHC-II 表达水平升高 ($P<0.05$)。

结论 复方浙贝颗粒逆转白血病多药耐药的作用机制可能与通过 MDM2/p53 通路调节白血病细胞表面 MHC-II 表达，干预免疫逃逸有关。

PO-0521

基于“赋能教育模式”对急性髓系白血病化疗患者护理方案的构建及应用

史丽君
成都市第五人民医院

目的 通过调查急性髓系白血病（非 M3 型）化疗患者的心理韧性水平、应对方式水平、生活质量的现状，分析影响三者的因素及相关关系；探讨赋能教育模式对患者心理韧性、应对方式、生活质量中的应用效果。

方法 收集 2023 年 1 月到 2024 年 1 月在我院住院的符合纳排标准的 120 名急性髓系白血病（非 M3 型）化疗的患者资料，以调查问卷形式，了解患者心理韧性、应对方式及生活质量的现状。随机分为干预组和对照组，对照组采用常规护理，干预组在常规化疗的基础上增加三个月的基于赋能教育模式的护理。比较两组患者不同时间的心理韧性、应对方式、生活质量。

结果 患者心理韧性的坚韧、自强、乐观维度与积极应对维度呈正相关；积极应对维度与生活质量的躯体功能、认知功能均呈负相关，与总生活质量呈正相关；干预前两组患者的一般资料、心理韧性水平、应对方式水平、生活质量，差异均无统计学意义($P>0.05$)。干预后，干预组患者心理韧性总分及其各维度得分均较对照组高，差异有统计学意义($P<0.001$)。

结论 急性髓系白血病化疗患者心理韧性及生活质量均处于较低水平。基于“赋能教育模式”能提高患者的心理韧性水平、积极应对水平及生活质量。

PO-0522

RNA-Seq 助力 APL 中 RARA 新融合伴侣的发掘

孙小娇、杨晓潼、徐海霞、孙黎、马浩然
武汉康圣达医学检验所

目的 对一例既往已知融合检测阴性的 APL 患者进行转录组测序，为临床疾病诊断提供依据。

方法 对武汉康圣达医学检验所 2024 年 3 月送检的一例 APL 患者进行血液肿瘤全转录组测序(RNA-Seq)，对检测到的融合基因进行 Sanger 测序验证。

结果 在一例 APL 非 PML::RARA 融合患者中检测到 SQSTM1::RARA 融合基因，并通过 Sanger 测序验证确认存在。

约 70%~90%的 APL 具有特异性的染色体易位 t(15; 17)，是 APL 特有的遗传学标志，t(15; 17) 染色体易位使 17 号染色体上的 RARA 基因发生断裂，与 15 号染色体上的早幼粒细胞白血病 (PML) 基因发生融合，形成 PML::RARA 融合基因。在极少数情况下其他基因伴侣融合包括 PLZF、NPM、NuMA、STAT5b、PRKAR1A、FLP1L1、BCOR、OBFC2A、TBLR1、GTF2I 和 STAT3 等。所有变异型 APL 病例在 RARA 基因内均表现出相似的断裂点，其伴侣基因则存在不同，因而具有不同的分子特征，从而导致临床疗效的不同。

据报道既往无 PML::RARA 的 APL 患者中检测到罕见融合包括 IRF2BP2::RARA、TNRC18::RARA 等，且 RARA 的断裂方式多在 Exon2 之后。SQSTM1::RARA 融合基因暂未检索到血液肿瘤相关报道，推测 SQSTM1 为 RARA 罕见融合伴侣，但其致病机制需要进一步研究。

结论 通过 NGS 开展血液肿瘤全转录组测序(RNA-Seq)，相比已知融合基因筛查范围更全，助力发现新的融合基因，为临床疾病诊断及相关研究和应用提供信息，可广泛应用于临床研究、医学研究和药物研发等领域。

PO-0523

Comparable Efficacy and Safety of Generic and Branded Imatinib for Patients with Chronic Myeloid Leukemia in China

Fang Cheng, Weiming Li
华中科技大学同济医学院附属协和医院

Objective Generics imatinib became an alternative treatment option for chronic myeloid leukemia (CML) patients in China. However, clinicians and patients alike harbor concerns regarding the long-term safety of generic imatinib.

Methods This study aimed to evaluate the blood concentration, effectiveness and safety of generic in 170 CML patients.

Results Among the 170 patients, 73 (42.9%) patients treated with branded imatinib as first-line therapy, while 22 (12.9%) switched to generic imatinib during treatment due to economic considerations. No significant differences in trough concentrations between branded and generic imatinib (1549.9±648.8 ng/mL vs. 1479.0±507.0 ng/mL; P=0.95). During the two-year follow-up, there were no significant differences in molecular response rates (major molecular response: 33.3% vs. 37.0%; deep molecular response: 56.9% vs. 42.9%, P=0.17) between the branded and generic imatinib. Both groups showed similar rates of switching to second-generation TKIs (11.8% vs. 15.1%, P=0.56). Furthermore, there were no significant differences in event-free survival or failure-free survival between branded and generic imatinib. 22 (12.9%) switched to generic imatinib during treatment, 68.2% maintained their level of response, 27.3% improved, and only one patient (4.5%) lost MMR. There were no significant differences in the incidence of various adverse events.

Conclusion Generic imatinib are equally effective and safe compared to branded molecules, both for newly diagnosed patients and those who switch from branded.

PO-0524

分子核型(WGS)在血液肿瘤中的临床应用价值

李小青¹、贺艳丽¹、陈祥俊¹、朱江¹、张敏²、黄士昂¹、郑金娥¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院血液病研究所干细胞中心

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科

目的 染色体异常在血液肿瘤的诊断和预后方面发挥着重要作用。传统的细胞染色体核型分析虽然是金标准筛查方法，但存在需要细胞培养、分辨率低等局限性。染色体微阵列(CMA)和全基因组测序(WGS)两类分子核型分析技术，可以弥补这些不足。WGS 技术因其能够检测细胞基因组几乎所有类型遗传变异的优势，越来越多地应用于临床诊断。本文通过 WGS 筛查血液肿瘤染色体异常的数据，评价其在血液肿瘤中的临床应用价值。

方法 选取 2023 年 9 月至 2024 年 3 月在武汉协和干细胞中心进行血液肿瘤 MICM 综合诊断的骨髓或 FFPE 标本，均行血液肿瘤分子核型分析 (WGS)。从中选取做了细胞染色体核型分析且分子核型分析结果为阳性的骨髓标本 58 例，以及无法做细胞染色体核型分析但分子核型分析结果为阳性的 FFPE 标本 7 例，一共 65 例标本，对比分子核型与细胞核型结果差异。

结果 58 例骨髓标本中，有 25 例 (43.1%) 细胞核型异常，22 例 (37.93%) 细胞核型正常，还有 11 例 (18.97%) 细胞分裂相少，建议复查。这 11 例均为 ALL 病例，WGS 检测结果显示超二倍体、亚二倍体或复杂异常，以及 ALL 相关基因的小缺失、大片段缺失或重复及数目异常等。核型正常的 22 例中，包括 6 例 ALL、6 例 AML、5 例 MDS、3 例 MM 和 2 例 MPN，WGS 结果显示 17 例

为 CNV 变异 (77.27%)，1 例为 CNV+CN-LOH/UPD 变异 (4.55%)，4 例为 CN-LOH/UPD 变异 (18.18%)，主要在 MDS 和 MPN 病例中。核型异常的 25 例中，包括 10 例 ALL、10 例 MDS 和 5 例 AML，WGS 结果大部分与细胞核型一致，或者相互验证，同时能额外提供隐性断裂点位置及受累基因信息，还有检出细胞核型无法的检出的 5Mb 以下的 CNVs 和 CN-LOH/UPD 变异。在 7 例 FFPE 标本中，均诊断为淋巴瘤，送检组织为玻片、切片或蜡块，核型分析依赖分子技术，WGS 结果显示染色体全基因组复杂异常，几乎每条染色体都有受累。

结论 分子核型分析 (WGS) 筛查染色体异常的阳性率明显高于细胞染色体核型分析，同时能额外提供基因组或基因层面的信息。对于细胞培养不成功、细胞分裂相少的骨髓标本，或者不能做细胞培养的 FFPE 标本，以及细胞核型阴性的标本，均应考虑分子核型分析 (WGS) 检测，为血液肿瘤的诊断和预后分层提供更精准、更全面的证据。

PO-0525

WT1 基因表达量在 AML 患者 MRD 监测中的意义

王芳、孙黎

武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 对正常人外周血和骨髓中 WT1 基因表达量进行检测，比较不同类型正常人样本 WT1 基因表达量差异。研究初诊和复发 AML 患者 WT1 基因表达量情况，探讨 WT1 基因表达量作为 MRD 指标在 AML 患者中监测的意义。

方法 分别收集正常人外周血和骨髓样本 28 和 68 例，选取 2019 年送检武汉康圣达医学检验所有限公司确诊为 AML 患者骨髓样本 277 例 (初诊 243 例，复发 34 例)，用海希生物科技有限公司 WT1 基因 mRNA 表达量检测试剂盒进行检测。结果计算方法：WT1 表达水平 (%) = (WT1 拷贝数/ABL1 拷贝数) × 100%。

结果 28 例正常人外周血和 68 例正常人骨髓 WT1 基因表达量分别为 0.0000%-0.0316% 和 0.0111%-0.5542%，中位表达量分别为 0.0051% 和 0.2589%。243 例初诊和 34 例复发 AML 患者 WT1 基因表达量分别为 0.2359%-633.6627% 和 2.5767%-1204.1949%。

结论 在正常人骨髓中，WT1 基因均有表达，在正常人外周血中 5 例 (17.86%) 未检测到 WT1 基因表达，证实正常骨髓样本 WT1 基因表达明显高于外周血，对不同样本类型需建立不同的正常人参考范围，这样能更准确的对 AML 患者 WT1 基因表达水平进行判定。98.35% 初诊 AML 患者 WT1 基因表达高于正常样本，和文献报道的结果一致，其中 51.85% 初诊 AML 患者 WT1 基因表达高于正常样本 100 倍以上。AML 复发患者 WT1 基因表达均明显高于正常人样本，且复发患者 WT1 基因最低表达为 2.5767%，可初步将 WT1 基因表达量作为 AML 患者 MRD 监测指标。

PO-0526

LNA 结合 qPCR 方法用于 KIT 基因 D816V 突变检测

王芳、孙黎

武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 通过改良的 LNA 结合 qPCR 方法，检测 KIT(NM_000222)基因 c.2447A>T(p.D816V)突变，可提高 AML 患者中 KIT 基因 D816V 突变检出率。

方法 选择经一代测序验证确认为 KIT 基因 D816V 突变阳性和阴性的 AML 患者样本，用数字 PCR 确定阳性样本中 KIT 基因 D816V 突变频率。将阳性和阴性样本 DNA 浓度稀释到 50ng/uL，用阴性 DNA 对阳性 DNA 进行稀释，突变频率依次为 2%、0.5%、0.2%、0.05%、0.02% 和 0.01% 共 6 个梯度，震荡混匀，每个梯度，用 LNA 结合 qPCR 方法重复检测 3 次，评估线性相关性 R²，同时对

0.2%、0.05%和 0.02%突变频率梯度，重复检测 20 次，确定检测限。收集 20 例正常人样本和 20 例临床确诊为 AML 且数字 PCR 确认为 KIT 基因 D816V 突变阳性患者，采用 LNA 结合 qPCR 方法进行检测，确定临床特异性和灵敏度。

结果 通过 LNA 结合 qPCR 方法对 KIT 基因 D816V 突变位点进行检测，梯度稀释线性相关性分析，R² 为 0.99%，20 次重复检测在 250ng 基因组背景下含量为 0.05%的 DNA 样本阳性检出率为 100%。20 例正常样本均未检测到 KIT 基因 D816V 突变，20 例 AML 阳性患者，KIT 基因 D816V 突变均为阳性。

结论 通过对梯度稀释和检测限重复检测，确定 LNA-qPCR 检测 KIT 基因 D816V 突变，最低能检出 250ng 基因组背景下突变含量为 0.05%的 DNA 样本，高于常规 AS-PCR 检测方法，且临床特异性和灵敏度均为 100%。本研究建立了一种新型的 KIT 基因 D816V 突变检测方法，具有方便快捷、灵敏度高和特异性好的优点。

PO-0527

核心结合因子阳性急性髓系白血病患者 接受不同化疗方案的预后特征分析

张陆阳、阮敏、易美慧、郭晔、杨文钰、陈晓娟、陈玉梅、张丽、邹尧、竺晓凡
中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 比较 CAMS-2009 方案（简称 09 方案）与 CAMS-2016 方案（简称 16 方案）对核心结合因子（Core Binding Factor, CBF）阳性急性髓系白血病（Acute Myeloid Leukemia, AML）患儿的疗效。

方法 回顾性分析单中心接受 09 方案化疗的 90 例 CBF-AML 患儿与接受 16 方案化疗的 93 例 CBF-AML 患儿的临床资料并进行随访，09 方案患儿随访至 2020 年 12 月 31 日，中位随访时间 66 个月，16 方案患儿随访至 2022 年 11 月 30 日，中位随访时间 41 个月，分析比较两种方案对预后的影响。

结果 1. 两种方案一疗程完全缓解率相似，09 和 16 方案分别为 96.3%、93.7%（ $P=0.492$ ），诱导治疗期间死亡率相似，09 和 16 方案分别为 2.4%、3.4%（ $P=1.000$ ）。2. 无论是 09 方案还是 16 方案，诱导缓解后融合基因下降是否大于等于 3 个 log 值均显著影响患儿 RFS（09 方案 $93.8\pm 6.1\%$ vs $63.5\pm 8.9\%$ ， $P=0.01$ ；16 方案 $92.0\pm 5.4\%$ vs $70.2\pm 7.0\%$ ， $P=0.048$ ）。3. 携带 KIT 基因突变的患儿有较差的预后趋势，但是差异无统计学意义（伴和不伴 KIT 突变患儿 5 年 RFS 分别为 $71.7\pm 7.0\%$ 和 $84.4\pm 6.4\%$ ， $P=0.224$ ），其中 KIT p.D816 突变是患儿独立不良预后因素（5 年 RFS， $P=0.015$ ）。4. 尽管差异无统计学意义，单纯接受化疗的患儿 16 方案较 09 方案改善了 5 年 EFS（ $82.3\pm 4.5\%$ vs $70.1\pm 5.3\%$ ， $P=0.107$ ）、RFS（ $85.7\pm 4.2\%$ vs $75.6\pm 5.1\%$ ， $P=0.126$ ）和 OS（ $88.9\pm 3.75\%$ vs $78.1\pm 4.7\%$ ， $P=0.073$ ）。16 方案显著改善诱导化疗融合基因下降不足 3 个 log 值患儿的 OS（ $89.1\pm 4.6\%$ vs $69.4\pm 8.5\%$ ， $P=0.022$ ）。

结论 1. 09 和 16 方案用于治疗儿童 CBF-AML 均具有良好耐受性和初始疗效。2. 初始诱导化疗分子学缓解深度显著影响患儿预后。3. KIT 突变患儿有较差预后趋势、其中 KIT p.D816 突变是影响预后的独立危险因素。4. 降低治疗强度的 16 方案疗效并没有下降，显著改善首次诱导化疗未达深度治疗分子学缓解患儿的预后。

PO-0528

scRNA-seq 在 CAR-T 细胞治疗白血病/淋巴瘤中的应用

董天慧、程宇、刘建勇、沈万青、陈学生、陈忠
北京海思特医学检验实验室有限公司

目的 scRNA-seq (single-cell RNA-sequencing, scRNA-seq) 具有从混杂的 mRNA 转录本分辨单细胞转录信息的优越性, 可表征复杂免疫亚群, 为优化嵌合抗原受体 (chimeric antigen receptor, CAR) T 细胞治疗策略提供可能。本文对 scRNA-seq 在 CAR-T 细胞治疗白血病/淋巴瘤中的应用进行综述。

方法 通过文献查找, 整理和归纳 scRNA-seq 在 CAR-T 细胞治疗白血病/淋巴瘤中的应用。

结果 CAR-T 在治疗 B 细胞白血病/淋巴瘤方面已获成效。但不良事件限制其广泛应用, 且长期缓解率有待进一步提升。scRNA-seq 可指明方向。

Gregory M Chen 发现抗 CD19 CAR-T 低维持性与 IRF7 调控的慢性干扰素信号有关, 而 TCF7 在 T 细胞维持初始和早期记忆状态中发挥关键调控作用, 并与 CAR-T 长期存续有关。

Paula Rodriguez-Marquez 比较抗 BCMA CARhigh-T 和 CARlow-T, 发现前者表现为预耗竭态, 与 NR4A1 和 MAF 活跃有关; 而抑制自发活化的 BTG2 和拮抗 PD-L1 通路的 SATB1 活性降低。

Yuan Xia 发现多发性骨髓瘤复发患者的肿瘤细胞高表达 HSP90B1 和 HSPA5。抗 BCMA CAR-T 失败的患者 CD8+ Teff 和 Pr-Teff 细胞 COPA-CD74 和 MIF-CD74 配受体对作用减弱, 而 APP-CD74 增强。

一项抗 CD7 CAR-T 治疗复发/难治性急性 T 淋巴细胞白血病/淋巴瘤的研究 (Chen.et al. 2023) 结果表明患者外周血中具有高杀伤功能的 MKI67+ T 细胞和 CD16+ T 细胞比例显著增加, 可能与经治后系统性炎症反应有关。

结论 scRNA-seq 可在靶点筛选, 培养方案优化和预后预测为 CAR-T 细胞治疗提供支持, 为开发更精确的治疗方案奠定了基础。

PO-0529

慢性粒单核细胞白血病中 SRSF2 基因突变分析

晁红颖
常州市第二人民医院

目的 探讨慢性粒单核细胞白血病 (chronic myelomonocytic leukemia, CMML) 患者 SRSF2 基因突变的发生特点以及其与其他基因突变和部分临床参数之间的相关性。

方法 收集在南京医科大学附属常州市第二人民医院确诊的 43 例 CMML 患者的临床资料, 采用二代基因测序技术进行基因检测。

结果 在 43 例患者中, SRSF2 基因突变检出率为 39.5%, 突变率大于 15% 的基因分别是 ASXL1 (48.8%)、TET2(41.9%)、NRAS (30.2%)、RUNX1 (25.6%)、SETBP1 (16.3%), 与 SRSF2 基因突变最常见的共突变基因为 ASXL1、TET2。SRSF2 突变型易发生在年龄较大的患者中, 与野生型相比在性别、外周血白细胞、血红蛋白、血小板、核型、骨髓原始细胞比例的差异均无统计学意义 (P 值均>0.05)。对 6 例 SRSF2mutASXL1mut 患者进行有效随访, 4 例发生白血病转化, 白血病转化率为 66.7% (4/6), 对 10 例 SRSF2wtASXL1wt 患者白血病进行有效随访, 白血病转化率为 10.0% (1/10), 两者之间的差异具有统计学意义。

结论 SRSF2 突变在 CMML 中有较高的发生率, 易发生在老年患者中, 常常与 ASXL1、TET2 突变共存, 伴有 SRSF2mutASXL1mut 双突变的 CMML 有较高的白血病转化率。

PO-0530

The impact of obesity and its related underlying diseases on cytokine release syndrome and the efficacy of CAR-T therapy in treating B-cell malignancies

Mengyi Du, Heng Mei

Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan 430022, China

Objective As CAR-T cell therapy becomes the standard treatment for B-cell malignancies, understanding how obesity and related underlying diseases affect the severity of adverse reactions and treatment outcomes is crucial. Obesity and associated conditions such as diabetes, hypertension, and hyperlipidemia can complicate the administration and efficacy of CAR-T therapy. These conditions may alter the patient's immune response, potentially intensifying adverse effects like cytokine release syndrome (CRS) and neurotoxicity, which are critical factors in the success of CAR-T treatments. Therefore, a comprehensive assessment of each patient's health profile is essential to optimize CAR-T therapy strategies and improve clinical outcomes.

Methods This retrospective study included 115 patients with B-ALL and DLBCL who received CAR-T therapy at Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology Union Hospital, from 2017 to October 2023. Data on BMI, hyperlipidemia, hypertension, diabetes, coronary heart disease, and fatty liver were collected. The outcomes measured included CRS, CRES, treatment efficacy, OS, and PFS. Descriptive statistics were used to summarize patient baseline characteristics and clinical outcomes. Logistic regression models were employed to assess the relationship between covariates and outcomes. All statistical analyses were performed using R software (version 4.2), with a p-value of less than 0.05 considered statistically significant.

Results The median BMI of the 115 patients was 21.91 (interquartile range: 19.265, 24.365), twenty-six patients had hyperlipidemia, 13 had hypertension. Patients with a BMI greater than 24 and/or any obesity-related underlying disease were included in the high-risk group (n=53), while the rest were placed in the low-risk group (n=62). There was no significant difference in treatment efficacy (p=0.75) or prognosis between the groups. Patients in the high-risk group were more likely to experience severe adverse reactions (p=0.01), particularly severe CRS (p=0.03). Notable, hyperlipidemia patients had a significantly higher proportion of severe CRS (OR=3.70, p=0.02). Elevated total cholesterol was moderately correlated with increased IL-6 levels (R=0.637, p<0.001) and weakly with IFN- γ (R=0.337, p<0.001). Overweight patients had a lower proportion of CAR-T cells post-infusion (OR=0.98, CI [0.961-1.0], p=0.048).

Conclusion Obesity or any associated comorbidity are significant predictors of increased CRS severity in patients undergoing CAR-T therapy for B-cell malignancies but does not affect the overall treatment efficacy. Additionally, a notable association was found between hyperlipidemia (especially total cholesterol) and an increased occurrence of high-grade CRS. These findings emphasize the importance of considering patients' metabolic profiles in predicting the severity of CRS and tailoring preventive strategies in CAR-T cell therapy.

PO-0531

Single-cell profiling of IFITM1 up-regulation in Cytokine Release Syndrome After CAR-T-Cell Therapy

Mengyi Du, Heng Mei

Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan 430022, China

Objective Cytokine release syndrome (CRS) is a significant and potentially severe complication of CAR-T cell therapy, particularly prevalent in treatments targeting B-cell acute lymphoblastic

leukemia (B-ALL). The general pathophysiology of CRS involves the activation of T cells, macrophage and other immune cells, leading to the overproduction of inflammatory cytokines. Despite this understanding, the detailed transcriptional responses of bone marrow mononuclear cells (BMMCs) in B-ALL patients undergoing CAR-T therapy at the single-cell level remain poorly defined.

Methods A total of 120,780 IPs and baseline BMMCs were analyzed from 4 patients by unbiased mRNA profiling via single-cell RNA-seq (scRNA-seq) using the 10x Genomics system. Downstream analysis was performed using the Seurat R packages. A 28-patient validation cohort was established for result verification using bulk RNA sequencing and polymerase chain reaction (PCR) detection. To further verify at the cellular level, we knocked down the marker gene obtained in the sequencing analysis in both Nalm6 (Nalm6-KO) and THP1 (THP1-KO) cell lines respectively. CAR-T, Nalm6, and THP1 cells were co-cultured for 2 and 4 days to observe the effect of marker gene expression on the release of IL-6 in the interaction system.

Results Analysis revealed that 44 cytokine-related signaling pathways were significantly modified during the development of severe CRS. Notably, pathways related to interferon (IFN) signaling, including the production and response to IFN- $\alpha/\beta/\gamma$, were prominently altered. The gene IFITM1, involved in these pathways, was identified as a key player through its significant presence in protein-protein interaction networks. In our validation cohort, patients with severe CRS exhibited a marked upregulation of IFITM1 (log₂FC=2.28, adjusted P-value=0.04). Further cellular experiments demonstrated that knocking down IFITM1 in THP1 and Nalm6 cell lines significantly reduced IL-6 secretion (fold change of 0.601 and 0.681, respectively), underscoring its potential role in modulating CRS severity.

Conclusion The findings underscore the significance of transcriptional heterogeneity in BMMCs and IPs in influencing the clinical outcomes of CAR-T therapy. This heterogeneity particularly affects how patients respond to the severity of side effects such as CRS. IFITM1 influences key cytokine signaling pathways that are instrumental in the development of CRS. Our analysis highlighted the differential expression of the IFITM1 gene as an early prediction factor.

PO-0532

Enhanced antileukemia efficacy of costimulatory molecule gene-modified leukemia-derived exosome-targeted dendritic cells

张涤凡

上海交通大学医学院附属新华医院

目的 Leukemia cell-derived exosomes (LEXs) harbor leukemia cell-specific antigens, and LEXs-targeted dendritic cells (DCs) are used for antitumor vaccines. However, LEXs-targeted DCs -based vaccines that are more effective in animal models are needed, as current vaccines have shown limited antitumor immune effects in clinical trials.

方法 We investigated the antileukemia immune responses of costimulatory molecule gene-modified LEXs-targeted DCs. Immunization with DCsLEX8086 markedly activated CD8⁺ T cells in the spleen and lymph nodes while enhancing the CTL response. In animal models, DCsLEX8086 inhibited tumor growth in prophylactic and therapeutic experiments.

结果 Our findings indicated that LEX-8086 enhanced the maturation and antigen-presenting ability of DCs. Immunization with DCsLEX8086 significantly activated CD8⁺ T cells and boosted the CTL response in vitro. More importantly, DCsLEX-8086 effectively suppressed tumor growth and exerted anti-leukemia effects in both prophylactic and therapeutic animal models.

结论 DCsLEX8086 may be used to prepare a new, highly effective DCs-based vaccine for the induction of antileukemia immunity.

PO-0533

慢性粒单核细胞白血病候选分子标记的筛选及鉴定

晁红颖

常州市第二人民医院

目的 对慢性粒单核细胞白血病(CMML)的基因表达进行分析, 筛选并鉴定有临床价值的分子标记。

方法 本从 GEO 数据库下载有关 CMML 疾病的普通转录组数据, 对 CMML 组和对对照组的差异表达基因进行 GO 和 KEGG 富集分析; 利用 WGCNA 包筛选与 CMML 模块最相关的模块基因, 将差异表达基因与 WGCNA 筛选的模块基因取交集, 筛选候选基因, 并对候选基因进行 GO 和 KEGG 富集分析; 通过 string 数据库, 构建候选基因间的蛋白互作网络; 通过机器学习算法筛选关键基因; 采用逻辑回归的方法, 制作 ROC 曲线判断

关键基因的效能; 利用关键基因在不同组间的表达趋势进行验证分析; 收集 CMML 患者样本, 对关键基因进行验证分析。

结果 共筛选出 4 种差异性表达基因, 分别为 ADM, JUN, SDC4 及 FCGR3A 基因; 四个关键基因均与活化的 B 细胞和嗜酸细胞比例呈现强相关性, 其中 FCGR3A 与活化的 B 细胞呈显著正相关, 其余三个基因与其呈显著负相关; FCGR3A 与嗜酸细胞呈显著负相关, 其余三个基因呈显著正相关。我们构建了 miRNA-mRNA-TF 调控网络, 发现 FCGR3A 和 SDC4 基因被 BHLHE40 所调控, 进一步构建了 mRNA 和药物的作用关系图。收集 10 例 CMML 患者外周血样本, 并与 10 例健康志愿者进行对照分析, 发现 ADM, JUN, SDC4 三个基因在 CMML 中高表达, 而 FCGR3A 则低表达。我们对 K562 细胞的 FCGR3A 进行基因敲减, 结果发现, FCGR3A 基因低表达后, β -catenin 及 mTOR 通路磷酸化表达上调、线粒体自噬受抑、细胞因子 GM-CSF 分泌明显增加。

结论 ADM, JUN, SDC4 及 FCGR3A 的基因表达在 CMML 中具有潜在临床意义, FCGR3A 低表达可以影响 β -catenin 和 mTOR 通路, 细胞因子分泌并抑制线粒体自噬。

PO-0534

中国人群白血病患者融合基因类型特点分析

王芳、孙黎

武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 收集并统计本实验室初诊白血病患者 43 种融合基因检测结果, 研究中国人群常见的融合基因类型及分布频率, 并探讨其在临床诊治中的应用价值。

方法 回顾性统计分析 2020 年 1 月至 2023 年 6 月在武汉康圣达医学检验所有限公司检测的 23826 例初诊白血病患者 43 种融合基因筛查结果。

结果 在 23826 例初诊白血病患者中, 36.67% 例患者检出融合基因, 其阳性率呈“长尾效应”分布。其中阳性率最高的为 BCR::ABL1 融合基因, 占比为 8.08%, KMT2A 相关融合基因阳性率为 5.68%, 其次为 PML::RARA, 阳性率为 5.31%, ETV6::RUNX1 比例略低, 阳性率为 4.15%, 另外阳性率较高的融合基因为 RUNX1::RUNX1T1, 占比为 3.93%, 其余融合基因阳性率均低于 1%。23826 例初诊白血病患者, 检测到融合基因阳性率分布情况和 COSMIC 数据库较为一致, 和文献报道的 AML (3135 例) 和 ALL (2479 例) 中检出情况也一致。0.01% (23 例) 患者检测出 2 种融合基因同时阳性, 其中 15 例为 BCR::ABL1 和其它融合基因同时阳性, 主要为 BCR::ABL1 和 CBF β ::MYH11 以及 BCR::ABL1 和 SET::NUP214 同时阳性。

结论 在白血病患者中, 融合基因的检出率呈长尾效应分布, 常见的融合基因是 BCR::ABL1、PML::RARA、ETV6::RUNX1 和 RUNX1::RUNX1T1, 其次是 CBF β ::MYH11 和 TCF3::PBX1, 同

时在 0.01%的初诊白血病患者中存在 2 种融合基因同时阳性的情况。融合基因在白血病患者中的阳性率较高,接近 50%,其分布特征可为疾病的临床诊断和治疗提供有利证据。

PO-0535

骨髓增生异常综合征 PTPN11 基因突变的特征及预后意义

晁红颖

常州市第二人民医院

目的 探讨骨髓增生异常综合征 (MDS) 患者 PTPN11 基因突变的发生情况及其与其他基因突变和部分临床参数之间的相关性。

方法 采用高通量 DNA 测序技术检测常见血液肿瘤基因的突变情况。

结果 在 131 例患者中, PTPN11 基因突变的检出率为 9.16% (12/131), 突变率 >10% 的基因分别是 RUNX1 (24.43%), U2AF1 (20.61%), ASXL1 (19.85%), DNMT3A (15.27%), TP53 (14.58%) 及 TET2 (11.45%)。PTPN11 突变最常见的共存突变基因为 RUNX1 (50%, 6/12)。PTPN11 突变组与野生组患者在性别、外周血白细胞、血红蛋白、血小板水平及 MDS 亚型、染色体核型、骨髓原始细胞计数等方面的差异均无统计学意义 ($P>0.05$)。对 11 例 PTPN11 突变患者进行了有效的随访, 其中 6 例进展为 AML, 白血病转化率 54.55%。在 87 例野生型患者中, 22 例进展为 AML, 转化率为 25.28%。PTPN11 突变组白血病转化率高于野生组, 差异有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 PTPN11 突变在 MDS 中有一定的发生率, 常与 RUNX1 基因突变共存, 伴有该突变的患者具有更高的白血病转化率。

PO-0536

数字 PCR 检测儿童急性淋巴细胞白血病微小残留病的临床研究

林硕、王凝、吕惠、王书春、阮敏、戚本泉、张小燕、陈玉梅、竺晓凡、陈晓娟

中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

目的 通过数字 PCR (dPCR) 技术检测微小残留病 (MRD) 并分析其对儿童急性淋巴细胞白血病 (ALL) 患儿预后的影响。

方法 回顾性队列研究。选取中国医学科学院血液病医院收治的 149 例初诊 ALL 患儿为研究对象。入组患儿同时采用 dPCR 技术与多参数流式细胞术 (MFC) 检测微小残留病 (MRD); 依据化疗开始第 19 天和第 46 天 dPCR 检测结果分别分为 MRD \geq 0.001% 组 (A19 组、A46 组) 和 <0.001% 组 (B19 组、B46 组), MFC 检测结果分别分为 MRD \geq 0.01% 组 (C19 组、C46 组) 和 <0.01% 组 (D19 组、D46 组)。应用 Kaplan-Meier 曲线计算总生存率 (OS) 及无复发生存率 (RFS), 各组生存曲线的单因素分析比较采用 Log-rank 检验。

结果 149 例患儿中 8 例死亡, 死亡率 5.37%, 3 年 OS (95.3 \pm 1.7)%, 中位生存时间 42 (3~59) 个月; 17 例复发, 复发率 11.41%, 3 年 RFS (89.8 \pm 2.6)%, 中位无复发生存时间 40 (3~59) 个月; 生存分析显示 B19 组 3 年 OS 优于 A19 组 [(100 \pm 0.0)% 比 (91.8 \pm 3.9)%], B46 组 3 年 OS 和 3 年 RFS 均优于 A46 组 [(100 \pm 0.0)% 比 (83.3 \pm 7.6)%、(92.0 \pm 2.9)% 比 (78.3 \pm 8.6)%] (均 $P<0.05$)。A19 组与 C19 组、A46 组与 C46 组、B19 组与 D19 组以及 B46 组与 D46 组间 3 年 OS 与 3 年 RFS 差异无统计学意义 ($P>0.05$)。

结论 在 ALL 患儿诱导化疗过程中, dPCR 作为检测 MRD 的有效手段, 第 19 天和第 46 天检测结果均可有效预测患儿预后。

PO-0537

Efficacy and Safety of Flumatinib in Ph-Positive B-Cell Acute Lymphocytic Leukemia Patients with Insensitivity or Intolerance to Dasatinib after Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation: Two Case Reports

Kexin Chen^{1,2}, Shan Zhang¹, Guangcui He¹, Yan Deng¹, Sihan Lai¹, Hai Yi¹

1. Department of Hematology, The General Hospital of Western Theater Command, Sichuan Clinical Research Center for Hematological Disease, Branch of National Clinical Research Center for Hematological Disease;
2. Graduate School of Chengdu Medical College, Chengdu, China

Objective Regarding the treatment of post-allo-HSCT, the purpose of this case report was to assess the safety and efficacy of flumatinib, a selective BCR/ABL inhibitor, targeting Ph-positive B-ALL patients with resistance or intolerance to dasatinib. Patient concerns and Diagnoses: Here, we presented two cases with Ph-positive B-ALL who were treated with flumatinib subsequent to allo-HSCT.

Methods The clinical data of two patients with Ph-positive B-ALL who received flumatinib after allo-HSCT were retrospectively analyzed.

Results The patients were treated with flumatinib subsequent to allo-HSCT and well tolerated for flumatinib with sustain molecular remission.

Conclusion These two cases with Ph-positive B-ALL who were treated with flumatinib subsequent to allo-HSCT, indicating that flumatinib exhibited significant efficacy and safety in patients with Ph-positive B-ALL who underwent allo-HSCT, which deserves additional investigation.

PO-0538

ALKBH5 通过调控 PLK2 在 CML 中的作用及机制研究

陈怡琳、边志磊
郑州大学第一附属医院

目的 本研究旨在探究 m6A 去甲基化转移酶 ALKBH5 在慢性髓系白血病 (CML) 干细胞中的作用及其潜在的分子机制。

方法 通过基因敲除小鼠模型、CML 患者来源的小鼠模型, 以及高通量测序技术。结合分子生物学、细胞生物学和生化实验方法, 本研究对 ALKBH5 在 CML 干细胞中的表达、功能及其调控 PLK2 的作用和机制进行了全面分析。

结果 研究发现 ALKBH5 在 CML 干细胞中高表达, 并且其缺失能显著抑制 CML 细胞的增殖和集落形成能力, 同时在体内模型中抑制 CML 的发生和发展。机制上, ALKBH5 通过 m6A 依赖的方式影响 PLK2 蛋白的稳定性及其表达。

结论 ALKBH5 在 CML 干细胞中高表达, 通过 m6A 依赖机制调控 PLK2 稳定性进而在 CML 中发挥作用。

PO-0539

BM-MSCs 刺激白血病细胞过表达干扰素 诱导蛋白 6 促进 ALL 病程进展的机理研究

潘成云、郑琳、王季石
贵州医科大学附属医院

目的 探讨微环境中的骨髓间充质干细胞（BM-MSCs）刺激急性淋巴细胞白血病（ALL）细胞过表达干扰素诱导蛋白 6（IFI6）对白血病细胞生物学特性的影响及其发挥生物学效应的潜在分子学机制。

方法 转录组测序分析对比白血病 niche（MSCs 与 ALL 细胞共培养 72h）中的 ALL 细胞与单独培养的 ALL 细胞中基因表达谱改变，检测两组 ALL 细胞中 IFI6 表达，慢病毒转染试剂调控 IFI6 表达，分析其对白血病细胞生物学特性的影响及潜在的分子机理。

结果 与单独培养的 ALL 细胞相比，白血病 niche 中的 ALL 细胞呈现差异的基因表达谱，其中 IFI6 的表达水平明显增高（ $P<0.05$ ）。下调 ALL 细胞中的 IFI6 显著减少 Nalm-6/RS4;11 的细胞增殖，削弱 ALL 细胞的迁移与侵袭力，并增加 ALL 细胞对化疗药物长春新碱的敏感性（ $P<0.05$ ）。上调 IFI6 仅对 Nalm-6/RS4;11 细胞迁移、侵袭力产生轻微的影响（ $P>0.05$ ），但显著地促进了 Nalm-6/RS4;11 的细胞增殖（ $P<0.05$ ），并减少 Nalm-6/RS4;11 细胞凋亡（ $P<0.05$ ）。在动物实验中，与空载组 ALL 细胞相比，上调 IFI6 显著地促进小鼠皮下瘤组织的生长和增殖（ $P<0.05$ ）。机制上，上调 IFI6 使细胞间粘附分子 5（ICAM-5）的表达水平明显升高，同时导致白血病细胞对于 MSCs 的粘附力增强（ $P<0.05$ ）。

结论 白血病 niche 环境中的 ALL 细胞呈现差异的基因表达谱，且 IFI6 表达明显增高，后者显著地促进白血病细胞增殖、减少细胞凋亡，其通过上调 ICAM-5 促使白血病细胞粘附力增强可能是导致 ALL 病程进展的潜在分子机制。这可能为挖掘 ALL 病程进展机理、寻找有效的治疗靶标提供新的思路。

PO-0540

Venetoclax 联合阿扎胞苷治疗急性髓系白血病 移植后复发的髓系肉瘤 1 例

宋红转¹、林婷¹、张思焱¹、周秀杰¹、陈飞¹、吴文俊²
1. 海宁市人民医院
2. 浙江大学附属第一医院 血液科

目的 髓系肉瘤是一种髓系幼稚细胞在髓外组织浸润形成的实体性肿瘤。髓系肉瘤发病率低，可以是首发、化疗后复发或移植后复发，目前尚无统一的治疗建议。

方法

一例 30 岁的女患者 2020 年 6 月在当地省人民医院确诊急性髓系白血病（AML-M2）。常见白血病融合基因阴性；染色体：46,XX；预后基因 CEBPA 两个点突变。2020 年 6 月予 DA 方案化疗，诱导化疗后疾病达 CR。再次予 DA 方案 1 次，大剂量阿糖胞苷 2 次巩固。2020 年 11 月 25 日复查骨穿：原始细胞 7.5%；考虑疾病复发。之后予多线化疗，均不佳。2021 年 4 月 7 日复查骨穿：原始细胞占 33%。2021 年 4 月 19 日行挽救性干细胞移植，供者是胞弟 HLA 配型 12/12 相合。移植后多次复查骨髓 CR 状态，完全嵌合状态。2023 年 11 月复诊，骨髓形态及流式未见异常。因肿标 CA125 升高，行胃肠镜：直肠下端占位。2023-11-17 肠镜病理：（直肠活检）髓系肉瘤。2023 年 12 月 5 日 PET-CT：骶前区、子宫直肠陷凹及盆底部见多发软组织密度影，局部与子宫及直肠分

界欠清, FDG 代谢增高, 考虑肿瘤复发, 累及直肠壁。2023 年 12 月至我院就诊, 给予 Venetoclax 联合阿扎胞苷 (VA 方案) 治疗。

结果 VA 方案 2 疗程后评估疾病达 PR, 5 疗程后评估疾病 CR。

结论 VA 方案可能是老年患者或不适合强化疗的髓系肉瘤患者的可选治疗方案之一。

PO-0541

基于二代全转录组测序技术探究 CML 加速期患者骨髓组织中 RNA 的差异表达及功能注释分析

杨幕

贵州省人民医院

目的 通过全转录组测序技术分析慢性粒细胞白血病慢性期与加速期骨髓组织 RNA 的差异表达及功能注释, 揭示 mRNA 与 nc RNA 参与慢性粒细胞白血病疾病进展的潜在机制。

方法 收集 4 例慢性粒细胞白血病慢性期以及 3 例慢性粒细胞白血病加速期患者的骨髓组织, 提取总 RNA 后进行高通量全转录组测序, 建库进行 RNA 测序(RNAsequencing, RNA-seq), 获取表达谱并筛选差异表达基因(DEGs), 对 DEGs 进行 GO 和 KEGG 功能注释分析; 采用全转录组联合分析并利用 Cytoscape 构建 circ RNA/lnc RNA-mi RNA-m RNA 竞争性内源 RNA(ce RNA)网络, 采用 RT-qPCR 验证 ce RNA 关键 mi RNA 表达。

结果 本研究在人骨髓组织中共检测出差异表达 m RNAs 共 169 个, 其中上调 m RNAs 105 个, 下调 m RNAs 64 个。富集条目主要有胶原蛋白结合、细胞外基质受体相互作用、信号转导; 检测出差异表达 lnc RNAs 共 244 个, 包括 77 个上调 lnc RNAs 和 167 个下调 lnc RNAs, 富集条目主要有 GTP 生物合成过程、核酸结合、磷脂生物合成过程等。检测出差异表达 mi RNAs 共 101 个, 包括 48 个上调 mi RNAs 和下调 53 个 mi RNAs, 富集条目主要是蛋白质多泛素化、转移酶活性等。检测出差异表达的 circ RNAs 共 31 个, 其中上调 circ RNAs 22 个, 下调 circ RNAs 9 个, 蛋白质合成、微丝运动活性等。

经 mi RNA 靶向关系联合分析发现 hsa-miR-1343-3p、hsa-miR-370-3p 是 ce RNA 网络关键 mi RNA。利用 RT-q PCR 验证 hsa-miR-1343-3p、hsa-miR-370-3p 表达水平, 其结果与测序结果一致。

结论 本研究通过高通量测序研究发现, 慢性粒细胞白血病加速期与慢性期患者的骨髓组织有各自特征性的 RNA 表达谱, 生物信息学分析筛选出的差异表达的 RNA 分子, 包括 m RNA、lnc RNA、mi RNA 及 circ RNA 可能在慢性粒细胞白血病疾病进展中发挥重要作用; hsa-miR-1343-3p 和 hsa-miR-370-3p 可能是其中的关键 mi RNA 节点。此外, 我们确定了如 ITGB3 等可能与疾病进展相关的差异表达基因。通过建立加速期患者的骨髓 m RNA、lnc RNA、mi RNA 及 circ RNA 差异基因的表达谱, 对其进行 GO 功能注释和 KEGG 通路分析, 并构建其相互作用预测网络图, 为后续关于疾病进展基因学、蛋白学及分子生物学研究提供了理论依据, 并提供潜在的预测疾病进展的候选分子诊断标志物。

PO-0542

Impact of T-cell subsets on CD19 CAR-T efficacy in relapsed/refractory and measurable residual disease-positive B-ALL patients

zhihuan Yang^{1,2}, huijun wang^{1,2}, shuning wei^{1,2}, bingcheng liu^{1,2}, xiaoyuan gong^{1,2}, guangji zhang^{1,2}, yuntao liu^{1,2}, hui wei^{1,2}, yingchang mi^{1,2}, min wang^{1,2,3}, lulu lv⁴, erlie jiang^{1,2}, xiaofan zhu^{1,2}, runxia gu^{1,2,3}, jianxiang wang^{1,2,3}, ying wang^{1,2,3}

1. Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

2. Tianjin Institutes of Health Science, Tianjin, China

3. Tianjin Key Laboratory of Cell Therapy for Blood Diseases, Tianjin, China

4. Juventas Cell Therapy Ltd, Tianjin, China

Objective To analyze the effect of T-cell subsets in CAR-T products on patient prognosis and to explore the effect of patient T-cell subsets on the components of CAR-T products; to explore the effect of the trend of T-cell subset changes after CAR-T cell infusion on the prognosis of patients.

Methods From August 2017 to December 2022, the percentage of T-cell subsets of CAR-T products and T-cell subset data of patients at different time points of CAR-T therapy were assessed in 51 relapsed refractory/measurable residual disease-positive B-ALL patients who received CD19 CAR-T treatment. Evaluating the differences in T-cell subsets data between the different groups, and analyzing the effect of T-cell subsets on patient prognosis.

Results 1. Compared with the relapsed patients, non-relapsed patients had lower CD4/CD8 ratios, higher proportions of CD8⁺T_N cells and CD8⁺T_A cells in the infused CAR-T products. Patients with CD4/CD8 <0.7 and/or CD8⁺T_N cells ≥1.5% in the infused CAR-T cell product may had better PFS. Moreover, there was a strong correlation between the percentage of CD8⁺T_N cells in the patient at the time of apheresis and the percentage of CD8⁺T_N cells in the final CAR-T cell product (rs=0.642, p=0.001)

2. At D28 after CAR-T cell infusion, the absolute counts of CD3⁺ T cells and CD4⁺ T cells in the non-relapsed patients were higher than the relapsed patients. Based on the ROC curve, we found that at D28 after CAR-T cell infusion, the high absolute counts of CD3⁺ T cells (>0.5×10⁹/L) CD4⁺ T cell (>0.15×10⁹/L), and CD8⁺T cells (>0.35×10⁹/L) were associated with a good long-term prognosis

3. Comparison of different T-cell functional subsets revealed that, after CAR-T cell infusion, the percentage of CD8⁺T_{EM} cells in the relapsed patients was higher than the non-relapsed patients, while the absolute counts of CD4⁺T_N cells, CD4⁺T_{EM} cells, CD4⁺T_{CM} cells, CD8⁺T_N cells, and the percentage and absolute counts of CD8⁺T_{CM} cells in the non-relapsed patients were higher than the relapsed patients

4. Through the ROC curve, patients were categorized into high and low value groups based on the percentage and absolute counts of T-cell subsets and functional subsets at different time points. Stable early reconstitution was defined as reaching the high value group in 3 or more of 4 consecutive measurements, and late reconstitution or failure was defined as: 1) reaching the high value group at 2 months and/or 3 months after infusion; 2) reaching the low value group in 3 or more of 4 consecutive measurements. Unstable early reconstitution was defined as having been in the high-value group within 28 days after infusion but not meeting the definitions of stable early reconstruction and late reconstruction or failure. Finally, the multivariate analysis suggested that stably recovered CD8⁺T_N cells were protective factors for long OS in patients. Meanwhile, stably recovered CD8⁺T_{CM} cells were protective factors for long PFS in patients.

Conclusion The characteristics of T cells have an impact on CAR-T efficacy. On the one hand, the content of CD8⁺TN cells at apheresis was correlated with the content of CD8⁺TN cells in CAR-T products, which is an important factor in long-term remission. On the other hand, the early reconstitution of CD8⁺TN cells and CD8⁺TCM cells can be effective predictors of durable remission.

PO-0543

Gpx4 蛋白对慢性粒细胞白血病小鼠模型中 白血病干细胞自我更新能力的影响

聂鼎睿¹、姜中兴¹、刘琳²、黄玉敏¹、孙玲¹

1. 郑州大学第一附属医院

2. 郑州大学第二附属医院

目的 研究 Gpx4 蛋白对慢性粒细胞白血病小鼠模型中白血病干细胞自我更新能力的影响。

方法 本研究通过构建 Scal-tTA/BCR-ABL/GFP 嵌合小鼠模型，利用流式分选技术分选得到小鼠骨髓中 Lin⁻/SCA1⁺/c-KIT⁺细胞 (LSK cells)，并应用慢病毒感染构建敲低谷胱甘肽过氧化物酶 4 (GPX4) 细胞模型，利用连续传代技术检测 LSK 细胞自我更新能力。并利用 student t 检验进行统计学分析，P<0.05 被认作为有统计学意义。

结果 在 Scal-tTA/BCR-ABL/GFP 小鼠 LSK 细胞中敲低 Gpx4 的表达并进行连续传代实验，结果表明下调 Gpx4 对小鼠干细胞自我更新能力有极大的打击。

结论 下调 CML 小鼠 LSKs 中 Gpx4 的表达可限制干细胞的自我更新能力，可说明 GPX4 蛋白对 CML-LSCs 干细胞自我更新及维持有突出作用，靶向 GPX4 可清除 CML-LSCs，从干细胞层面治疗 CML。

PO-0544

基于二代全转录组测序技术探究 CML 进展期患者 骨髓组织中 RNA 的差异表达及功能注释分析

杨慕、郭鹏翔
贵州省人民医院

目的 通过全转录组测序技术分析慢性粒细胞白血病慢性期与加速期骨髓组织 RNA 的差异表达及功能注释，揭示 mRNA 与 nc RNA 参与慢性粒细胞白血病疾病进展的潜在机制。

方法 收集 4 例慢性粒细胞白血病慢性期以及 3 例慢性粒细胞白血病加速期患者的骨髓组织，提取总 RNA 后进行高通量全转录组测序，建库进行 RNA 测序(RNAsequencing, RNA-seq)，获取表达谱并筛选差异表达基因(DEGs)，对 DEGs 进行 GO 和 KEGG 功能注释分析；采用全转录组联合分析并利用 Cytoscape 构建 circ RNA/lnc RNA-mi RNA-m RNA 竞争性内源 RNA(ce RNA)网络，采用 RT-qPCR 验证 ce RNA 关键 mi RNA 表达。

结果 本研究在人骨髓组织中共检测出差异表达 m RNAs 共 169 个，其中上调 m RNAs 105 个，下调 m RNAs 64 个。富集条目主要有胶原蛋白结合、细胞外基质受体相互作用、信号转导；检测出差异表达 lnc RNAs 共 244 个，包括 77 个上调 lnc RNAs 和 167 个下调 lnc RNAs，富集条目主要有 GTP 生物合成过程、核酸结合、磷脂生物合成过程等。检测出差异表达 mi RNAs 共 101 个，包括 48 个上调 mi RNAs 和下调 53 个 mi RNAs，富集条目主要是蛋白质多泛素化、转移酶活性等。检测出差异表达的 circ RNAs 共 31 个，其中上调 circ RNAs 22 个，下调 circ RNAs 9 个，蛋白质合成、微丝运动活性等。经 mi RNA 靶向关系联合分析发现 hsa-miR-1343-3p、hsa-miR-370-3p 是 ce RNA 网络关键 mi RNA。利用 RT-q PCR 验证 hsa-miR-1343-3p、hsa-miR-370-3p 表达水平，其结果与测序结果一致。

结论 本研究通过高通量测序研究发现，慢性粒细胞白血病加速期与慢性期患者的骨髓组织有各自特征性的 RNA 表达谱，生物信息学分析筛选出的差异表达的 RNA 分子，包括 m RNA、lnc RNA、mi RNA 及 circ RNA 可能在慢性粒细胞白血病疾病进展中发挥重要作用；hsa-miR-1343-3p 和

hsa-miR-370-3p 可能是其中的关键 mi RNA 节点。此外，我们确定了如 ITGB3 等可能与疾病进展相关的差异表达基因。通过建立加速期患者的骨髓 m RNA、lnc RNA、mi RNA 及 circ RNA 差异基因的表达谱，对其进行 GO 功能注释和 KEGG 通路分析，并构建其相互作用预测网络图，为后续关于疾病进展基因学、蛋白学及分子生物学研究提供了理论依据，并提供潜在的预测疾病进展的候选分子诊断标志物。

PO-0545

双硫仑抗 Ph+白血病作用的研究

聂鼎睿¹、姜中兴¹、刘琳²、孙玲¹、曹伟杰¹、边志磊¹、黄玉敏¹、曾祥博³、王显峰³

1. 郑州大学第一附属医院

2. 郑州大学第二附属医院

3. 暨南大学血液研究所

目的 目前许多研究证明 DSF 在多种实体肿瘤及血液系统恶性疾病具有抗肿瘤效应。但 DSF 对 Ph+白血病尚不明确。本研究拟明确 DSF 对于 Ph+白血病的效果，明确 DSF 在是否可有效抑制 Ph+白血病细胞的活性。

方法 1.通过 CCK8 细胞活性实验分析 DSF 单药及联合 TKIs 后再 KBM5、TOM-1、Ku-812、K562、K562-R、KBM5-T315I、Sup-B15 等 Ph+白血病细胞系及 5 例 CML 及 3 例 Ph+白血病骨髓单个核细胞抑制作用。Annexin-V-APC/PI 分析 Ph+细胞系及原代细胞的死亡比例。通过克隆形成实验明确 DSF 浓度梯度及联合 TKIs 后对 Ph+白血病细胞株增殖能力的影响。通过对比 DSF 单药及联合 TKIs 对小鼠 32D-cl3、32D-cl3-p210 及正常人骨髓细胞及 Ph+白血病原代细胞的影响，明确 DSF 单药及联合 TKIs 后对正常造血系统的影响。

2.通过尾静脉注射技术构建 K562-GPL 免疫缺陷鼠模型并予以 DMSO、TKI、DSF、DSF 联合 TKI 干预，应用小动物成像技术评估各个药物干预后小鼠肿瘤负荷的变化，记录小鼠死亡时间并进行生存分析。

3.构建 SCL-tTA/BCR-ABL 小鼠模型，并给予 DMSO、TKI、DSF、DSF 联合 TKI 干预，应用流式细胞技术检测各个药物干预后脾脏及骨髓 Gr-APC+/Mac-1+细胞群比例、LSK 细胞比例及 Lt-HSC 细胞比例、H&E 染色观察脾脏及骨髓的组织学变化。

结果 1.DSF 可抑制多种 Ph+白血病细胞系及原代细胞的增殖并促进后者死亡。

2.DSF 对正常人骨髓单个核细胞呈现出低细胞毒性。

3.DSF 联合 TKIs 可协同促进 Ph+白血病细胞系及原代细胞死亡，抑制后者细胞活性。

4.DSF 单药及联合 TKIs 后可减低 K562-GPL 小鼠模型肿瘤负荷及 SCL-tTA/BCR-ABL 小鼠模型及 SCL-tTA/BCR-ABL 小鼠的肿瘤负荷。对 SCL-tTA/BCR-ABL 小鼠模型中 LSK 细胞及白血病干细胞有一定抑制。

结论 (1) DSF 单药及联合 TKIs 可在体外抑制 Ph+白血病细胞系及原代细胞、干细胞的细胞活性并促进细胞死亡，但并不影响正常骨髓细胞。

(2) DSF 单药及联合 TKIs 可降低 K562-GPL 小鼠模型及 SCL-tTA/BCR-ABL 小鼠模型肿瘤负荷，并延长 K562-GPL 小鼠模型生存时间、降低 SCL-tTA/BCR-ABL 小鼠模型中 LSKs 及 LT-HSCs 细胞的比例。

PO-0546

Gilteritinib Versus Salvage Chemotherapy in Mainly Asian Patients With Relapsed/Refractory FLT3-Mutated Acute Myeloid Leukemia: Regional sub-analysis of COMMODORE in China, South-East Asia, and Russia

Benfa Gong¹, Jianxiang Wang¹, Bin Jiang², Jian Li³, Ligen Liu⁴, Xin Du⁵, Hao Jiang⁶, Jianda Hu⁷, Menghe Yuan⁸, Taishi Sakatani⁹, Takeshi Kadokura⁹, Masato Takeuchi⁹, Masanori Kosako⁹, Yaru Deng⁸, Larisa Girshova¹⁰, Jerome Tan¹¹, Sergey Bondarenko¹², Lily Wong Lee Lee¹³, Archrob Khuapinant¹⁴, Elena Martynova¹⁵, Nahla Hasabou¹⁶

1. Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, Tianjin, China

2. Peking University International Hospital, Beijing, China

3. Peking Union Medical College Hospital, Beijing, China

4. Shanghai Tongren Hospital, Shanghai, China

5. Guangdong Provincial People's Hospital, Guangzhou, China

6. Peking University Peoples Hospital, Beijing, China

7. Fujian Medical University Union Hospital, Fuzhou, Fujian, China

8. Astellas China Investment Co, Ltd., Beijing, China

9. Astellas Pharma, Inc., Tokyo, Japan

10. Almazov National Medical Research Centre, St. Petersburg, Russia

11. Ampang Hospital, Selangor, Malaysia

12. State Medical University, St. Petersburg, Russia

13. Queen Elizabeth Hospital, Kota Kinabalu, Sabah, Malaysia

14. Mahidol University, Bangkok, Thailand

15. Krasnoyarsk Regional Clinical Hospital, Krasnoyarsk Krai, Russia

16. Astellas Pharma, Inc., Northbrook, IL, USA

Objective Additional treatment options are needed for patients with refractory/relapsed (RFS) FMS-like tyrosine kinase (FLT3)-mutated (mut+) acute myeloid leukemia (AML). In ADMIRAL, efficacy and safety of gilteritinib versus salvage chemotherapy (SC) for the treatment of R/R FLT3mut+ AML was evaluated, with additional Asian subpopulation analyses. However, randomized, controlled trials of gilteritinib treatment outcomes in predominantly Asian patients with AML are lacking. The phase III COMMODORE trial (NCT03182244) evaluated the efficacy and safety of gilteritinib versus SC in patients with R/R FLT3mut+ AML in China, South-East Asia (SEA) and Russia. Here we present a sub-analysis stratified by region.

Methods In the phase III, open-label COMMODORE study, patients with R/R FLT3mut+ AML from 47 sites in China, SEA (Malaysia, Thailand and Singapore) and Russia were randomized 1:1 to gilteritinib (120 mg/day) or SC (low-dose cytarabine; mitoxantrone, etoposide, and intermediate-dose cytarabine; or fludarabine, high-dose cytarabine, and granulocyte colony-stimulating factor). Adult patients (aged ≥ 18 or per local regulations) with primary AML or AML secondary to myelodysplastic syndrome who were R/R after first-line therapy, were FLT3mut+ in bone marrow or whole blood per central laboratory, and had an Eastern Cooperative Oncology Group performance status ≤ 2 , were eligible. Patients diagnosed with acute promyelocytic leukemia, chronic myelogenous leukemia in blast crisis, AML secondary to prior chemotherapy, or active central nervous system disease were excluded. In an interim analysis (January 15, 2018–June 30, 2020), the primary endpoint of overall survival (OS) and secondary endpoints including event-free survival (EFS) and complete remission (CR) rate were evaluated for the total population and by region.

Results Overall, 234 patients were randomized to gilteritinib (n=116; China: 76 [65.5%]; SEA: 26 [22.4%]; Russia: 14 [12.1%]) or SC (n=118; China: 75 [63.6%]; SEA: 24 [20.3%]; SEA; Russia: 19 [16.1%]). Median age was 53.0, 47.0 and 44.0 years in China, SEA and Russia respectively, with 54.3%, 54.0% and 51.5% of patients being female. All patients from China and SEA were Asian, and in Russia were White. Gilteritinib showed clinically meaningful improvement in median OS versus (vs) SC in all regions (China: 10.0 vs 5.7 months, HR 0.614 [95% CI: 0.385, 0.981]; SEA: 7.8 vs 4.7 months, HR 0.887 [95% CI: 0.427, 1.843]; Russia: 8.8 vs 2.6 months, HR 0.271 [95%

CI: 0.111, 0.662]). Gilteritinib also showed clinically meaningful improvement in median EFS vs SC (China: 2.1 vs 0.8 months; HR 0.645 [95% CI: 0.427, 0.974]; SEA: 2.4 vs <0.1 months; HR 0.415 [95% CI: 0.208, 0.830]; Russia: 6.2 vs 0.6 months; HR 0.221 [95% CI: 0.080, 0.614]). CR rates at data cutoff were numerically higher with gilteritinib than SC in China (15.8% vs 8.0%), SEA (15.4% vs 12.5%) and Russia (21.4% vs 15.8%). In patients receiving ≥ 1 study dose, exposure-adjusted grade ≥ 3 adverse event rates were numerically lower with gilteritinib vs SC for all regions (China: 86.20 vs 261.45 events/patient-year [E/PY]; SEA: 21.44 vs 39.13 E/PY; Russia: 16.85 vs 73.81 E/PY).

Conclusion Gilteritinib improved OS, EFS, and was well-tolerated in a predominantly Asian population with R/R FLT3mut+ AML from China, SEA, and Russia.

PO-0547

靶向 R 通过激活 GRP78-ATF6-CHOP 通路 及 Mitophagy 增强 AML 对 FLT3 抑制剂的敏感性

孙晓凡、杜鹃、曾辉
暨南大学附属第一医院

目的 FLT3 抑制剂使得占比约 1/3 的 FLT3 突变 AML 患者有了全新的治疗，但复发/难治患者仍然存在。R 决定细胞内神经酰胺 (Cer) 和鞘磷脂 (SM) 的比例，Cer 是一种促凋亡鞘脂，响应包括 FLT3 抑制剂在内的各种化疗药物而产生，本研究将开展 FLT3 信号传导通过调节 AML 中 Cer 依赖性死亡来调节 Cer 代谢和细胞死亡的作用和机制研究以增强 AML 对 FLT3 抑制剂的敏感性。

方法 利用公共数据库进行生信分析；Annexin V/PI 染色等检测靶向 R 对 AML 细胞增殖及凋亡的影响；Compusyn 等评估靶向 R 和 FLT3 的协同效应；建立 AML 小鼠模型，给予药物处理后检测生存及浸润情况；靶向脂质组学检测 Cer 及 SM 的变化；透射电镜等检测内质网应激及线粒体自噬的改变；LSM880 激光共聚焦等检测亚细胞器结构上 Cer 的改变。

结果 敲降 R 基因细胞增殖活力受到抑制，R 抑制剂 H 抑制 AML 细胞增殖、促进 AML 细胞凋亡。靶向脂质组学表明 H 处理的 MV4-11(FLT3/ITD)细胞内 Cer 水平上调，Cer 堆积为 H 发挥作用的潜在机制。对 FLT3 抑制剂不敏感的 AML 患者中 R 表达水平上调。在 AML 小鼠模型中，联合用药生存期延长，AML 肿瘤负荷减低。透射电镜验证了 Cer 脂质在细胞内堆积，并伴有内质网应激以及线粒体自噬等，激光共聚焦表明转运至高尔基体上 Cer 减少。

结论 本研究揭示了抑制 R 在 AML 中的治疗作用显著，R 抑制剂影响 Cer 水平对 AML 细胞存在明显杀伤作用，H 和 FLT3 抑制剂联用协同杀伤 AML 细胞，本研究可为临床上联合 FLT3 抑制剂的治疗方案提供新的思路。

PO-0548

A Non-Interventional Cohort Study Investigating the Clonal Evolution of FMS-like Tyrosine Kinase 3 Mutations During Disease Progression in Patients with Acute Myeloid Leukemia: Second Interim Results

Suning Chen¹, Cristina Papayannidis², Irina Amitai³, Pascal Turlure⁴, Ann De Becker⁵, Felix Mensah⁶, Dina Elsouda⁷, Ioanna Vardounioti⁸, Jose Alejandro Palacios- Fabrega⁸, Paresh Vyas⁹, Blanca Boluda Pascual¹⁰

1. The First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, Jiangsu, China
2. IRCCS Azienda Ospedaliero-Universitaria di Bologna, Istituto di Ematologia "Seràgnoli", Bologna, Italy
3. Sheba Medical Center, Tel Aviv University, Tel Aviv, Israel
4. Limoges University Hospital, Limoges, France
5. Universitair Ziekenhuis Brussel, Vrije Universiteit, Brussels, Belgium
6. Indiana Blood and Marrow Transplant, IN, United States
7. Astellas Pharma Inc., Northbrook, IL, United States
8. Astellas Pharma Europe Ltd, Addlestone, United Kingdom
9. University of Oxford, Oxford, United Kingdom
10. Hematology Department, La Fe University Hospital, Valencia, Spain

Objective FMS-like tyrosine kinase 3 (FLT3) mutations found in ~30% of patients with acute myeloid leukemia (AML), impacting prognosis and showing variable detectability throughout the disease course. FLT3 testing can inform therapy decisions, especially with FLT3 inhibitors, but the dynamics and clinical consequences of FLT3 clonal evolution are not fully understood. The primary objective of this real-world study (CLEVO) is to determine the proportion of relapsed/refractory (R/R) AML patients with FLT3 clonal evolution (gain/loss of FLT3 mutations) from diagnosis. We present the second interim analysis results conducted 3 years after study initiation.

Methods The CLEVO study is an ongoing prospective, non-interventional, descriptive study of adults (≥18 years) with AML diagnosed ≤30 days pre-enrolment in Belgium, France, Germany, Israel, Italy, Spain, the UK, and the USA, with a 3-year follow-up. Patients with R/R AML, promyelocytic AML, or central nervous system leukemia were excluded. Patients were treated as per local standard of care, at the treating physician's discretion. FLT3 testing was done locally at diagnosis and disease occurrence (R/R event). Secondary objectives included: patient survival (overall survival [OS], disease-free survival [DFS], event-free survival [EFS]) by FLT3 mutation status at diagnosis, clonal evolution, and AML treatment.

Results At data cut-off (1/9/2023), full analysis set included 589 patients with ≥1 post-enrollment data point. Majority of patients were male (55.0%), and median (min, max) age was 64 (19, 93) years. At baseline, 27.0% (159/589) of patients were FLT3 positive (FLT3+). In total, 43.8% (258/589) of patients had 1st occurrence, while 5.8% (34/589) had 2nd occurrence.

FLT3 testing methods used at baseline (n=589; PCR, 76.6%; other, 22.4%; missing, 1.0%), 1st (n=258; PCR, 42.2%; other, 8.5%; missing, 46.9%) and 2nd (n=34; PCR, 52.9%; other, 2.9%; missing, 41.2%) occurrences.

At 1st occurrence (n=146), 28.8% were FLT3+ and 71.2% were FLT3-. Of these, 17.1% (7/41; missing, n=1) of FLT3+ patients had gained mutations, and 13.5% (14/104) of FLT3- patients had lost mutations from baseline.

Median (95% confidence intervals [CI]) OS was not estimable (NE) in FLT3+ vs 22.3 (17.3; NE) months in FLT3- patients; hazard ratio (HR) (95% CI) was 0.62 (0.46; 0.84). Median DFS was NE in both groups; HR (95% CI) was 0.71 (0.50; 1.0). Median (95% CI) EFS was greater in FLT3+ (8.0 [5.3; 9.8] months) vs FLT3- (5.6 [4.2; 6.3] months) patients; HR (95% CI) was 0.68 (0.51; 0.91). In patients who gained or lost FLT3 mutations in R/R from baseline, median (95% CI) OS was 16.3 (4.7; NE) months and NE (12.5; NE), respectively; median (95% CI) DFS was 4.1 (0.6; NE) and 14.3 (6.6; NE) months, respectively, and median EFS (95% CI) was 7.8 (5.9; NE) and 6.6 (1.6; 9.8) months, respectively.

Conclusion Study findings showed that FLT3 testing was not consistently performed at 1st occurrence of R/R AML. Given that >10% patients have FLT3 clonal evolution at 1st occurrence, and emerging FLT3 inhibitors, further FLT3 testing is needed to optimize treatment of patients with R/R AML. Survival outcomes were better in FLT3+ compared to FLT3- patients, but other confounders should be considered.

PO-0549

NGS 与 Sanger 测序技术在 BCR::ABL1 激酶区 耐药突变检测中的应用比较

王萍萍、孙小娇、徐海霞、孙黎、马浩然
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 NGS 测序技术以其高通量，高灵敏度的重要优势，越来越多的应用到临床诊断。本文通过比较 NGS 与 Sanger 测序技术对 BCR::ABL1 激酶区耐药突变的检测差异，探讨 NGS 技术在 ABL1 耐药突变检测中的应用价值。

方法 选取 2021 年 4 月到 12 月在武汉康圣达医学检验所有限公司检测的 150 例 CML 患者（包含初诊及治疗后监测）的骨髓或外周血样本，进行 BCR::ABL1 激酶区（氨基酸第 242 至 493 位）NGS 和 Sanger 测序检测，探讨 NGS 检测与 Sanger 测序检测的差异性。

结果 在 150 例 CML 患者中，NGS 检测出 BCR::ABL1 激酶区耐药突变的比例为 26%（39 例），高于 Sanger 测序的 24%（36 例）。其中 NGS 检测出 26 例单点突变，而 Sanger 测序检测出 30 例；NGS 检测出 9 例双点突变，Sanger 测序为 5 例；NGS 检测出 2 例三点突变，Sanger 测序为 1 例；此外，NGS 还检测出 1 例四点突变和 1 例五点突变，而 Sanger 测序未检出这两类多点突变。总计，NGS 检测到 59 个突变，Sanger 测序检测到 43 个突变，其中 NGS 多检出的 15 个位点均为低频突变。

结论 NGS 技术在 BCR::ABL1 激酶区耐药突变检测中灵敏度比 Sanger 测序更高，且能检出更多复合突变情况，在 BCR::ABL1 激酶区耐药突变检测中显示更好的应用价值。

PO-0550

二代测序在 FLT3-ITD 多样性位点分析中的探究

聂杨、孙小娇、徐海霞、孙黎、马浩然
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 通过与毛细管电泳结果比较，探讨二代测序技术在急性髓系白血病(AML)中 FLT3-ITD 突变的临床应用价值。

方法 2023 年 6 月至 2023 年 11 月在武汉康圣达医学检验所有限公司送检的 32 例 FLT3-ITD 突变阳性的 AML 患者结果进行回顾性分析。所有样本均同时采用了 HemaSeq 人类 76 基因突变检测试剂盒、HemaSeq 人类 248 基因突变检测试剂盒和 FLT3-ITD 突变分析（毛细管电泳法）进行了检测。

结果 通过比较二代测序和毛细管电泳两种检测技术的结果，发现 32 例样本中有 26 例样本两种技术检测结果一致；5 例样本毛细管电泳技术检测出来的 FLT3-ITD 突变为单突变，而二代测序技术检测出的 FLT3-ITD 突变为多样性位点（≥2 个位点）（突变频率位于 0.1-1%）；1 例样本毛细管电泳技术未检测出突变，而二代测序技术检测出 FLT3-ITD 突变为多样性位点（2 个位点分别为:c.1744_1869

dup(p.K623_V624insTGSSDNEYFYVDFREYEYDLKWEFPRENLEFGKNGMCQMFLQHFFSI GKSLKCTYSPFVAGKVLGSGAFGK), 突变频率 1%; c.1756_1815dup(p.D586_F605dup), 突变频率 0.8%)。

结论 在 FLT3-ITD 突变的检测中, 二代测序技术相较于毛细管电泳技术能检出更多突变类型和低频突变位点, 在 AML 的预后评估和用药指导中有更高的应用价值。

PO-0551

Association between chemotherapy for nonmetastatic breast cancer and risk of secondary hematologic malignancies

Wenjing Lang, Jian Hou

Department of Hematology, Renji Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

Objective Hematologic malignancies, such as leukemia, were serious side-effects of chemotherapy to treat breast cancer. We sought to quantify the risks of developing secondary hematologic malignancies (SHMs) associated with chemotherapy and radiotherapy, respectively, among nonmetastatic breast cancer (BC) survivors.

Methods Using the Surveillance, Epidemiology, and End Results (SEER) 12 database, we estimated the adjusted relative risks (RRs) for developing SHMs associated with chemotherapy and radiotherapy (yes vs no/unknown), respectively, among 2-year survivors of nonmetastatic BC diagnosed at age 20-84 years who diagnosed during 1992-2017. Risks were assessed using multivariable Poisson regression models and adjusted for age, latency, and the log of expected number of SHMs as an offset.

Results Among 432,073 nonmetastatic breast cancer (BC) survivors diagnosed between 1992-2017, 169,050 (39.1%) and 231,148 (53.5%) received chemotherapy and radiotherapy, respectively.

Chemotherapy was significantly associated with an increased risk of SHMs (RR, 1.19 [95% CI, 1.11 to 1.27]), the elevated risk primarily driven by acute lymphocytic leukemia (ALL) and acute non-lymphocytic leukemia (ANLL) (RR, 1.72 95% [95% CI, 1.09 to 2.77] and 2.31 [95% CI, 1.77 to 3.01], respectively). Younger survivors and triple negative BC were at higher SHM risk post-chemotherapy (both P for interaction < 0.05). Similarly, radiotherapy was significantly associated with heightened risks of SHMs (RR, 1.11 [95% CI, 1.04 to 1.08]), which largely related subsequent ALL and chronic myeloid leukemia (RR, 1.76 [95% CI, 1.09 to 2.86] and 1.49 [95% CI, 1.09 to 2.02], respectively). Racial and ethnic disparities were observed for different SHM risk post-radiotherapy, with Non-Hispanic Whites had increased ALL risk (RR 1.97 [95% CI, 1.08 to 3.57]), while Hispanics showed elevated ANLL risk (RR 1.97 [95% CI, 1.25 to 3.10]).

Conclusion In conclusion, non-metastatic BC survivors exhibited an elevated SHM risk post-chemotherapy and radiotherapy. This finding necessitates rigorous post-treatment monitoring and prompts further exploration of treatment specifics to optimize survivor care.

PO-0552

急性髓系白血病 FLT3-ITD 突变研究

聂杨、孙小娇、徐海霞、孙黎、马浩然
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 约 30% 的新发急性髓系白血病(AML)患者携带 FMS 样受体酪氨酸激酶 3(FLT3)基因突变, 其

中大多数为近膜结构域内的内部串联重复(ITD)。有文献报道, FLT3-ITD 有多个突变的常见于 60 岁以上患者。本研究对 FLT3-ITD 突变的不同特征: 如 ITD 插入序列片段长度、克隆突变多样性等在不同患者中的差异性进行统计分析。

方法 对 2023 年 8 月至 2023 年 11 月在武汉康圣达医学检验所有限公司送检的 27 例 AML 患者(6-82 岁)进行 AML 预后 24 种基因突变检测(NGS 法)、髓系血液疾病 74 种基因突变检测(NGS 法)、髓系血液 248 基因突变检测(NGS 法)并进行 FLT3-ITD 突变多样性分析。

结果 在 27 例 AML 样本中:

(1)FLT3-ITD 突变插入碱基长度<100bp 位点样本有 23 例(患者年龄≤60 岁 17 例, 患者年龄>60 岁 6 例)[23 例中突变位点≥2 个的有 8 例(患者年龄≤60 岁 8 例), 突变位点只有 1 个的有 15 例(患者年龄≤60 岁 10 例, 患者年龄>60 岁 5 例)];

(2)FLT3-ITD 突变插入碱基长度≥100bp 样本有 4 例(患者年龄≤60 岁 4 例)[插入突变长度为 100~200bp 之间且只有 1 个位点的样本有 1 例(患者年龄≤60 岁 1 例), 插入突变长度为 100~200bp 之间且突变位点≥2 个的有 2 例(患者年龄≤60 岁 2 例); 插入突变长度大于 200bp 的样本有 1 例(患者年龄≤60 岁 1 例)]。

在上述患者中 FLT3-ITD 突变插入碱基长度均<100bp 的样本占比 85%, 其中, 患者年龄≤60 岁样本占比 63%, 患者年龄>60 岁样本占比 22%; FLT3-ITD 突变插入碱基长度≥100bp 样本占比 15%, 患者年龄≤60 岁样本占比 100%。FLT3-ITD 只有 1 个突变位点的样本占比 57%, 其中, 患者年龄≤60 岁样本占比 71%, 患者年龄>60 岁样本占比 29%; FLT3-ITD 突变位点≥2 个突变位点的样本占比 43%, 所有样本的患者年龄均≤60 岁。

结论 在 AML 患者中, FLT3-ITD 突变较为常见, 且突变位点多样性的样本比例达到 43%, 患者年龄≤60 岁样本占比 100%。FLT3-ITD 突变插入碱基长度主要集中在 100bp 以内, 占比达到 85%; 其中, 患者年龄≤60 岁样本占比 63%, 患者年龄>60 岁样本占比 22%。FLT3-ITD 突变的位点多样性常见于年龄≤60 岁的患者; FLT3-ITD 突变插入碱基长度主要集中在 100bp 以内且年龄多见于≤60 岁的患者。

PO-0553

基于公共数据库的白血病预后基因鉴定与功能分析

董楷

山西医科大学第二医院

目的 本研究目的在于应用生物信息学方法, 分析公共数据库中的基因表达数据, 以识别与 AML 预后相关的潜在基因, 并探究这些基因的生物学功能与临床意义。

方法 研究者通过 TCGA 数据库收集了 151 例 AML 患者的基因表达谱及相应的临床信息, 并利用以上信息进行单因素分析和多因素分析, 利用 GEPIA2 在线工具筛选出 AML 的差异表达基因(DEGs), 随后将 DEGs 与 genecards 网站下载的 AML 相关基因, 以及单因素 cox 回归后得到的预后相关基因一同制作韦恩图, 并取其交集, 进行了富集分析以预测这些基因的生物学功能, 并使用 ESTIMATE 算法评估肿瘤免疫微环境(TME)的浸润水平。然后使用 GEO 数据库进行测试。

结果 GEPIA2 分析揭示了在 AML 患者中表达差异的多个基因, 这些基因主要参与细胞周期调控和 DNA 修复等关键生物学过程。免疫浸润分析表明, 高风险组患者展现出更高的 TME 浸润水平, 这可能与不良预后相关。

结论 本研究成功通过生物信息学分析识别了一批可能作为 AML 预后标志的基因。这些基因的表达模式、生物学功能及其与 TME 的关系为 AML 的分子机制研究和临床治疗提供了新的视角。

PO-0554

CD56+急性髓系白血病合并噬血细胞综合征 1 例并文献复习

付娴婕¹、刘传才¹、吴耀辉²、胡俊斌²

1. 湖北省鄂州市中心医院

2. 华中科技大学同济医学院武汉协和医院

目的 报道 1 例 CD56+AML 合并噬血细胞综合征 (HLH)，供临床医师参考。

方法 报道 2024 年 4 月收治的 1 例 CD56+AML 合并 HLH 成年患者的疾病特征及诊疗经过，并复习相关文献。

结果 患者，27 岁女性，以反复发热 >10 d 为主要临床表现，伴随脾大、多次查血常规示全血细胞进行性下降，血常规机检“单核细胞”比例异常增高。第一次骨髓细胞学发现分类不明细胞（与 AML 白血病细胞典型特征不符）占 85%，化学染色 POX 阳性，PAS 阳性。髓象考虑急性白血病，不排除 AML。常见感染部位及相关病原学检查（病毒、细菌、真菌等），并无确定性结果，经验性抗感染治疗无效，仍未能明确发热原因。第二次骨髓细胞学检查考虑 AMBL，BPDCN 不能完全排除。结合纤维蛋白原低下、铁蛋白及 sCD25 升高等检查结果诊断为 HLH。予以 DEP 方案联合维奈克拉治疗 CD56+AML 及 HLH，治疗后体温恢复正常，HLH 相关指标好转，化疗 2 周后复查骨髓完全缓解，MRD 阴性。

结论 AML 并发 HLH 十分少见，NK 细胞系肿瘤易诱发噬血，CD56 属于 NK 细胞特征性抗原，本例 AML 合并噬血，本文推断，与 CD 56+高表达密切相关。

PO-0555

多参数流式联合微滴式数字 PCR 监测多基因 MRD 预测急性髓系白血病患者复发风险：单中心数据

叶少杰、郭慧梅、徐建梅、苏晰、王琳、赵松颖、王静、薛华

河北大学附属医院

目的 回顾性分析应用多参数流式联合微滴式数字 PCR 监测多基因 MRD 急性髓系白血病患者复发风险及预后。

方法 收集河北大学附属医院自 2018 年 1 月至 2024 年 3 月收治的 103 例应用至少 1 种 MRD 检测方法的新诊断 AML 患者的临床资料，回顾性分析其可检测残留病 (MRD) 阴性率、无复发生存 (RFS) 率、总生存 (OS) 率。比较不同 MRD 检测方法所判定的 MRD 阴性患者与阳性患者间生存差异。

结果 中位随访 13.7(1.7~77.1)个月，98 例患者应用多参数流式 (MFC) 监测 MRD，57 例应用微滴式数字 PCR (ddPCR) 监测基因 MRD，中位监测基因数 1 (1~3) 个，32 例应用实时荧光定量 PCR (RT-qPCR) 监测融合基因 MRD。MFC-MRD 阴性组患者的 RFS 明显长于阳性患者。以 0.001%为阈值的 ddPCR 阴性患者 RFS 与阳性组无明显差异。将阈值降至 0.1%后，ddPCR-MRD <0.1%组患者 RFS 明显长于≥0.1%组。56 例同时监测 MFC-MRD 及 ddPCR-MRD 患者中，2 种检测方法均阴性组患者的中位 RFS 明显长于至少 1 种检测方法阳性组。应用 RT-qPCR 监测融合基因 MRD，阳性组与阴性组间 RFS 无明显差异。

结论 通过 ddPCR 方法监测多基因 MRD 可预测 AML 患者的复发风险及预后。将 MFC 与 ddPCR 联合应用检测 MRD，能够更精确的预测患者的复发风险。

PO-0556

靶向 T 通过激活内质网应激及 R 介导的内质网-线粒体 互作增强 AML 对 Venetoclax 的敏感性

李悦、杜鹃、曾辉
暨南大学附属第一医院

目的 维奈托克 (VEN) 是选择性的 Bcl-2 抑制剂, 用于一线 AML 治疗, 但部分患者反应不佳及复发仍存在。T 是神经酰胺 (Cer) 代谢途径的关键酶, T 使 Cer 的清除抵消了 Cer 的抗肿瘤作用。既往研究表明, T 在 AML 耐药细胞系中高表达, 药物抑制 T 是克服耐药的抗癌新策略。本研究将开展在 AML 中通过调节 Cer 代谢和细胞死亡的作用及机制研究以增强 AML 对 VEN 的敏感性。

方法 利用 Western Blot 检测 T 蛋白表达水平; Annexin V/PI 染色等检测靶向 T 对 AML 细胞增殖及凋亡的影响; Compusyn 等评估 T 的特异性抑制剂 E 和 VEN 的协同效应; 建立 AML 小鼠模型, 给予药物处理后检测生存及浸润情况; 透射电镜检测内质网和线粒体结构改变及互作关系; 激光共聚焦等检测 Cer 含量的改变。

结果 相较于健康供者, T 在 AML 中高表达; E 可明显抑制 AML 细胞的增殖; E 联合 VEN 明显抑制 AML 细胞活力, 且具有协同效果; 两药联用可能通过激活 ERS 影响 MAMs 相关蛋白 R 从而导致 AML 细胞凋亡; 在 AML 小鼠模型中, 两药联用可延长小鼠生存期。

结论 本研究揭示了抑制 T 在 AML 中的治疗作用, 发现 T 的特异性抑制剂 E 和 VEN 联用可增加胞内 Cer 水平; 两药联用在体内和体外均可协同杀伤 AML 细胞, 其可能的机制为引起内质网应激以及线粒体功能障碍。本研究可为临床上联合 VEN 的治疗方案提供新的思路。

PO-0557

基于数据库挖掘 miR-17 家族成员 在 AML 患者预后评估中的联合作用

曹阳、刘月、刘佳宇、顾伟英
常州市第一人民医院

目的 探索 miR-106a 和 miR-20a 在急性髓系白血病 (AML) 患者中的联合分组是否对预后具有意义。

方法 我们从 TCGA 数据库获取 AML 患者的 miRNA 测序和临床数据, 并根据患者接受的治疗和 miR-106a、miR-20a 的水平将其分组。使用 Kaplan-Meier 曲线和 Cox 回归进行临床预后评估。利用 Limma R 包鉴定差异表达基因 (DEGs), 并通过 DAVID 进行 GO 和 KEGG 通路分析。使用 ClusterProfiler R 包和 STRING 数据库构建 GSEA 和 PPI。

结果 在化疗组中, miR-106a 或 miR-20a 高表达的患者表现出较短的总生存期 (OS) 和无事件生存期 (EFS), 高表达这两者的患者预后最差。而在 allo-HSCT 组中, 高表达 miR-106a 或 miR-20a 的患者同样显示出较差的 OS, 尽管 EFS 相似。将患者进一步分组为 miR-106a 或 miR-20a 高表达组和低表达组后, 发现高表达 miR-106a 或 miR-20a 的患者接受异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 的生存期更长, 而低表达组则表现出化疗和 allo-HSCT 方案之间生存期和无事件生存期无明显差异。多变量分析证实 miR-106a/miR-20a 联合分组与 AML 的临床结果独立相关。此外, 生物信息学分析揭示了 miR-106a 和 miR-20a 在调节多种生物过程和信号通路中的潜在机制, 为深入理解其在 AML 中的作用提供了重要线索。

结论 miR-106a 和 miR-20a 联合分组可能成为 AML 患者风险分层和临床决策的有用指标。进一步研究将有助于揭示这两者在 AML 中的作用机制, 以及它们在临床实践中的潜在应用价值。

PO-0558

PACMA31, a covalent and irreversible enzyme inhibitors, for the treatment of Acute myeloid leukemia.

Li Lin,敬宇 张
河北医科大学第二医院

Objective To assess the antitumor mechanism of PDI inhibitor PACMA31 against AML cells in vitro.

Methods Human primary AML cells were tested for PDI gene mRNA expression by q-RT-PCR. The anti-proliferative activity of PACMA31 was evaluated by CCK8 assay. CD11b was used to detect the differentiation level of AML cells. Annexin V-PE/7-AAD was employed to detect apoptosis. TMRE dye was used to detect the mitochondrial membrane potential(MMP). The levels of intracellular Ca²⁺ was assessed by Fluo-4 staining. The levels of oxidative stress were determined by H₂DCF-DA and C11 BODIPY 581/591 fluorescent probe. The mechanisms by which PACMA31 suppressed AML cells was verified by RNAseq and western blot.

Results PDI gene was expressed in primary leukemia cells, especially ERP5 and ERP57. PACMA31 suppressed proliferation, promoted differentiation, aggravated oxidative stress and promoted apoptosis in AML cells. RNAseq indicated that PACMA31 inhibited AML cell proliferation by regulating the UPR. Interestingly, western blot results showed that PACMA31 exhibited proliferation suppression through the PERK/eIF2a/CHOP pathway.

Conclusion Collectively, selective inhibition of PDI activity induced apoptosis and differentiation of AML cells by triggering UPR through the activation of PERK/eIF2a. PDI inhibitor might be a potential antitumor drug candidate to treat AML.

PO-0559

Early Detection of Molecular Residual Disease and Risk Stratification for Children with Acute Myeloid Leukemia via Circulating Tumor DNA

Lipeng Liu, Min Ruan, Xiaofan Zhu
Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

Objective Patient-tailored minimal residual disease (MRD) monitoring based on circulating tumor DNA (ctDNA) sequencing of leukemia-specific mutations enables early detection of relapse for pre-emptive treatment, but its utilization in pediatric acute myeloid leukemia (AML) is scarce. Thus, we aim to examine the role of ctDNA as a prognostic biomarker in monitoring response to the treatment of pediatric AML.

Methods A prospective longitudinal study with 50 children with AML was launched, and sequential bone marrow (BM) and matched plasma samples were collected. The concordance of mutations by next-generation sequencing (NGS)-based BM-DNA and ctDNA was evaluated. Additionally, progression-free survival (PFS) and overall survival (OS) were estimated.

Results In 195 sample pairs from 50 patients, the concordance of leukemia-specific mutations between ctDNA and BM-DNA was 92.8%. Patients with undetectable ctDNA were linked to improved OS and PFS versus detectable ctDNA in the last sampling (both $p < 0.001$). Patients who cleared their ctDNA post three cycles of treatment had similar PFS compared with persistently negative ctDNA ($p = 0.728$). Additionally, patients with >3 log reduction but without clearance in ctDNA were associated with an improved PFS as patients with ctDNA clearance ($p = 0.564$).

Conclusion Thus, ctDNA-based MRD monitoring appears to be a promising option to complement the overall assessment of pediatric AML patients, wherein patients with continuous ctDNA negativity have the option for treatment de-escalation in subsequent therapy. Importantly, patients with >3 log reduction but without clearance in ctDNA may not necessitate an aggressive treatment plan due to improved survival, but this needs further study to delineate.

PO-0560

Case Report: Different Response to Methylprednisolone and Dexamethasone in a Case of Primary Acute Mast Cell Leukemia

Zhiping Guo

Peking University First Hospital Taiyuan Branch (Taiyuan Central Hospital of Shanxi Medical University)

Objective This study presents a case of acute primary MCL in a patient with uncommon genetic mutations, showcasing notably divergent responses to dexamethasone and methylprednisolone.

Methods A 74-year-old Chinese female patient was admitted to our hospital with persistent fever, dyspnea, severe fatigue, and bone pain. Additionally, C-findings, including splenomegaly and cytopenia, were observed. The diagnosis of acute MCL was established through meticulous analysis of marrow aspirate morphology, chemical staining, flow cytometry, and marrow biopsy. The atypical mast cells were negative for CD2 and CD25. Next-generation sequencing revealed heterozygous mutations in TP53 c.559+1G>T, NRAS p.Gly12Asp, and DNMT3A c.1123-19_1123-1del19, while KIT mutations were absent.

Results The patient received initial treatment involving corticosteroids and dasatinib-based regimens, with a partial response achieved following dexamethasone administration; however, the response was limited. Rapid improvement occurred upon administration of methylprednisolone, but her condition deteriorated again after dexamethasone reintroduction. A subsequent cycle of methylprednisolone led to renewed improvement. The patient survived for 3 months following the initial manifestation of MCL.

Conclusion In this instance, although MCL exhibited similar clinical symptoms and morphological characteristics, its genetic profiles were notably distinctive. Methylprednisolone seemed to appear a more favourable response and outcome compared to dexamethasone in the context of MCL.

PO-0561

Response to Combination of Venetoclax and Gilteritinib in Four Patients with Relapsed/Refractory Acute Myeloid Leukemia/myelodysplastic neoplasms without FLT3 Mutations

Zhiping Guo

Peking University First Hospital Taiyuan Branch (Taiyuan Central Hospital of Shanxi Medical University), Taiyuan 030009, China

Objective To assess the effectiveness of gilteritinib and venetoclax for relapsed/refractory (R/R) acute myeloid leukemia (AML) or myelodysplastic neoplasms (MDS) patients with wild-type FLT3.

Methods Four adult patients with R/R AML/MDS and wild-type FLT3 were included in the study. Before initiating treatment, we conducted RNA-based next-generation sequencing (NGS) analyses, all patients had no FLT3 mutation. Patients received a combination therapy of venetoclax and gilteritinib in 28-day cycles until disease progression. Bone marrow (BM) evaluations were performed on day 28. For patients with a high percentage of peripheral blasts before therapy, we monitored blast levels in peripheral blood (PB) twice weekly.

Results Following one cycle of venetoclax-gilteritinib therapy, a patient diagnosed with R/R AML with other defined genetic alterations achieved minimal residual disease (MRD)-positive complete remission (CR) with incomplete hematologic recovery (CRI). Another patient diagnosed with R/R MDS with increased blasts (MDS-IB)2 achieved marrow CR (mCR) after one cycle, but cytopenias persisted throughout two cycles. A patient with R/R myelodysplasia-related AML did not respond (NR) after two cycles of therapy, but the blast percentage in BM and PB decreased by 50%. NR and disease progression were observed in a patient diagnosed with R/R AML with an in-frame bZIP mutated CEBPA after one cycle, but the increased white blood cell (WBC) counts declined after treatment initiation, lasting two weeks. Three of the patients showed some clinical improvement.

Conclusion Combining gilteritinib with venetoclax may offer potential therapeutic benefits, including improving general condition and decreasing tumor burden, for R/R AML/MDS patients with wild-type FLT3.

PO-0562

靶向 S100A8: S100A9 基因有效 抑制 DNMT3A 突变 AML 细胞活性

蔡晓亚、黄桂琴、李登举
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 探究靶向 S100A8: S100A9 基因对 DNA 甲基转移酶 3A (DNMT3A) 突变急性髓系白血病 (AML) 细胞生物学活性的影响以及相关分子机制。

方法 用慢病毒过表达技术及无限稀释法构建了 DNMT3A-R882H 位点突变的急性髓系白血病单克隆细胞系; 使用 Western Blot 和 RT-qPCR 检测验证 DNMT3A 基因 mRNA 和蛋白表达; 通过 RNA-seq, 一代测序技术分析组间差异, 利用生物信息学技术分析差异基因富集通路和相关性, 特异性抑制剂干预筛选出来的特定靶点; 使用流式 Annexin V/PI 双染色法、CCK8 增殖法、细胞粘附实验、Transwell 法检测 S100A8: S100A9 抑制剂对 DNMT3A 突变 AML 细胞的作用; ELISA 检测突变组与对照组细胞粘附因子表达情况。

结果 使用一代测序验证 DNMT3A-R882H 位点突变 (CGC→CAC), RT-qPCR 和 Western Blot 检测显示突变组 DNMT3A-R882H 表达显著升高; RNA-seq 进行差异基因表达分析, 与 DNMT3A-WT 组相比, DNMT3A-MUT 组有 442 种基因被显著上调, 535 种基因被显著下调, Reactome 通路富集结果显示 S100A8: S100A9 复合体多次出现; 在线数据库及 RT-qPCR 结果显示, 与健康志愿者相比 AML 患者 S100A8 和 S100A9 基因的表达升高, 与野生型 AML 细胞系相比 DNMT3A 突变 AML 细胞系中 S100A8 和 S100A9 基因的表达也升高; 经典化疗药物阿糖胞苷处理后 S100A8 和 S100A9 基因上调且与药物浓度正相关; 突变组与对照组细胞在完全培养和饥饿培养的情况下无明显增殖凋亡差异, 但当使用 S100A8: S100A9 特异性抑制剂帕奎莫德后, 与对照组相比, DNMT3A 突变 AML 细胞的增殖能力下降, 细胞迁移数下降, 细胞黏附率下降且与浓度成正比; Elisa 结果显示, 使用帕奎莫德后突变组细胞关键粘附分子, 包括 ICAM-1、ICAM-3、MCP1 和 MMP2 的表达下调。

结论 S100A8 和 S100A9 异常高表达很可能参与了 DNMT3A 突变 AML 细胞的异常增殖、迁移粘

附以及化疗抵抗。单独或联合靶向 S100A8 和 S100A9 有望成为治疗 DNMT3A 突变 AML 潜在的新策略。

PO-0563

ICC 诊断标准下维奈克拉联合去甲基化药物与传统化疗方案治疗急性髓系白血病伴骨髓增生异常相关改变患者的疗效比较

万超玲、薛胜利、刘芳彤、黄元宏、曹涵钰、戴海萍、吴德沛
国家血液系统疾病临床医学研究中心，江苏省血液研究所，苏州大学附属第一医院血液科

目的 观察急性髓系白血病伴骨髓增生异常相关改变（AML-MR）亚型患者接受不同诱导治疗方案的疗效差异。

方法 回顾性收集 2017 年 1 月到 2023 年 6 月在苏州大学附属第一医院新诊断的 AML-MR 患者的临床资料。AML-MR 的诊断标准参照 2022 年 AML 国际共识分类标准（ICC），疗效标准参照 2017 年 ELN 指南。仅纳接受维奈克拉联合去甲基化药物（VEN+HMA）、7+3 方案（蒽环类+标准剂量阿糖胞苷）、预激方案治疗的患者。比较患者接受不同诱导治疗后的治疗反应和生存。分类变量采用卡方或 Fisher 精确检验，采用 Kaplan-Meier 法进行生存分析，采用二元 Logistic 回归模型和 Cox 回归模型分析影响疗效和生存的相关因素。

结果 共纳入 264 例 AML-MR 患者，中位年龄 48（18~64）岁，男性 154（58.3%）例，女性 110（41.7%）例。接受 VEN+HMA 方案、7+3 方案和预激方案治疗的患者分别有 70 例、118 例和 76 例。VEN+HMA 组患者的首次诱导总体反应率（ORR=CR+CRi+MLFS）为 74%，显著高于 7+3 方案组（74% vs 45%， $P<0.001$ ）和预激方案组（74% vs 54%， $P=0.011$ ）。首次诱导后获得治疗反应的患者中，VEN+HMA 组患者的可测量残留病灶（MRD）阴性缓解率为 40%，显著高于 7+3 方案组（40% vs 19%， $P=0.001$ ）和预激方案组（40% vs 21%， $P=0.013$ ）。147 例患者接受了异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）。AML-MR 患者接受 allo-HSCT 后，总体生存（OS）和无事件生存（EFS）明显优于未接受 allo-HSCT 的患者（中位 OS：未达到 vs 16.6 个月， $P<0.001$ ；中位 EFS：16.7 vs 4.3 个月， $P<0.001$ ）。在未接受 allo-HSCT 的 117 例患者中，VEN+HMA、7+3 组和预激三组分别有 20 例、31 例、29 例患者继续接受原方案巩固治疗。三组患者的中位随访时间分别为 13（12~15）个月、22（19~26）个月、36（32~40）个月，OS 无显著差异，但接受 VEN+HMA 巩固治疗组患者的中位 EFS 长于 7+3 组（未达到 vs 6.6 个月， $P=0.049$ ）和预激组（未达到 vs 3.9 个月， $P=0.031$ ）。多因素分析结果显示，VEN+HMA 是较高 ORR（ $OR=3.532$ ， $P<0.001$ ）和较好 EFS（ $HR=0.398$ ， $P<0.001$ ）的独立有利因素。

结论 年轻成人新诊断 AML-MR 患者，对不同诱导方案敏感性存在差异。本研究结果显示，VEN+HMA 方案的诱导缓解率和 EFS 优于传统化疗，可作为年轻成人新诊断 AML-MR 患者一线诱导治疗方案。

PO-0564

携带 TLR2 共刺激信号的第三代 CAR-T 细胞治疗中枢神经系统白血病/淋巴瘤的安全性及疗效分析

何柏林¹、林韧¹、许娜¹、宣丽¹、李鹏²、周红升¹、刘启发¹
1. 南方医科大学南方医院
2. 中国科学院广州生物医药与健康研究院

目的 靶向 CD19 的嵌合抗原受体（CAR）T 细胞疗法在难治或复发（R/R）B 细胞恶性肿瘤患者中

显示出良好的疗效，但由于担心 CAR-T 治疗相关的神经毒性，有关中枢神经系统（CNS）受累患者的临床数据非常有限。我们的既往研究表明，含有 CD28 和 TLR2 共刺激结构域的新型第三代 CD19-CAR-T 细胞在急性 B 淋巴细胞白血病合并髓外浸润的患者中显示出良好疗效和安全性。因此，本研究旨在评估该新型第三代 CAR-T 细胞治疗中枢神经系统受累患者的疗效与安全性。

方法 本研究共入组了 21 例伴有中枢神经系统受累的 R/R B 细胞恶性肿瘤患者，包括 11 例 B-ALL 和 10 例 B-NHL 患者。通过单采方法收集患者的外周淋巴细胞在体外激活后用含有 CD28 和 TLR2 共刺激域的 CD19-CAR 慢病毒进行转导（CD19-CAR-T2），并且在体外扩增到 14 天后收集冻存。患者在接受 CAR T 细胞回输前接受含有环磷酰胺和氟达拉滨的清淋方案进行预处理，然后进行单次的 CAR T 细胞治疗（ 1×10^6 或 2×10^6 个 CAR T 细胞每公斤体重）。最后我们对 CAR T 细胞治疗后患者的安全性、有效性和细胞药代动力学进行评估。该临床试验已在 www.clinicaltrials.gov (NCT04605666) 上注册。

结果 这项研究共纳入了 21 名 R/R B 细胞恶性肿瘤患者，包括 11 名 B-ALL 患者和 10 名 B-NHL 患者，总体反应率（ORR）为 71%（15/21），其中 B-ALL 患者为 73%（8/11），B-NHL 患者为 70%（7/10）。67% 的 B-ALL 患者（7/11）在骨髓和中枢神经系统均获得完全缓解；40% 的 B-NHL 患者（4/10）获得完全缓解，30% 的患者（3/10）获得部分缓解。中位随访时间为 20.4 个月，中位持续反应时间（DOR）为 11.1 个月（95% CI, 2.9-24.4 个月）。12 个月的无疾病进展（PFS）和总体生存（OS）率分别为 41.5% 和 61.2%。20 名患者（95%）出现细胞因子释放综合征（CRS），3 名患者（14%）出现 3 级 CRS。9 名患者（42.8%）出现了免疫细胞相关神经系统综合征（ICANS），6 名患者（28.6%）出现了 3-4 级 ICANS。所有 CRS 和 ICANS 都通过治疗后得到控制。此外，在脑脊液（CSF）中发现了扩增的 CAR-T 细胞，CSF 中 CAR-T 细胞的扩增峰值与患者的治疗反应密切相关。

结论 携带 TLR2 共刺激信号的第三代 CAR T 细胞对中枢神经系统受累的复发/难治性 B 细胞恶性肿瘤展示出较高的反应率、可控的安全性和持久的缓解。

PO-0565

基于 2022 年 ELN 急性髓系白血病诊治指南的更新： 不同诱导及巩固方案对 60 岁以下成人急性髓系 白血病患者生存和预后影响分析

汪小钰、郑昌成

中国科学技术大学附属第一医院（安徽省立医院）

目的 探究基于 2022 年 ELN 急性髓系白血病（Acute myeloid leukemia, AML）诊治指南的更新，不同剂量伊达比星（Idarubicin, IDA）诱导方案及不同巩固化疗方案对 60 岁以下成人 AML 患者的临床疗效。

方法 2015 年至 2019 年，239 例使用 IDA 联合阿糖胞苷（Cytarabine, Ara-C）方案（IA 3+7）诱导治疗的患者纳入诱导研究（分为 IDA 8mg/m² 组 93 例，IDA 10-12mg/m² 组 146 例）；后补充收集 2019 年至 2020 年 AML 患者的数据。共 183 例经 IA 方案首次诱导治疗后达到完全缓解的患者纳入巩固研究：①基于标准剂量 Ara-c 的多药序贯化疗组（Standard-dose cytarabine based multiagent sequential chemotherapy, SDMSC）（127 例，至少两周期，每周期顺序：IA，高三尖杉酯碱+Ara-c，米托蒽醌+Ara-c，多柔比星+Ara-c）；②大剂量 Ara-c 组（High-dose cytarabine, HDAC）（56 例，Ara-c 2-3g/m² q12h×3d）。

结果 诱导研究中，IDA 8mg/m² 组 3 年总生存（Overall Survival, OS）率 34.6% 低于 IDA 10-12mg/m² 组 46.6%（ $p=0.038$ ）；基于 2022 ELN 预后分层，预后中等组的患者 IDA 8mg/m² 组 3 年 OS 率明显低于 IDA 10-12mg/m² 组（ $p=0.025$ ）。巩固研究中，HDAC 组的 3 年 OS 率及无事件生存（Event-free Survival, EFS）率分别为 69.2% 和 60.7%，高于 SDMSC 组的 50.8% 和 42.1%

($p=0.025$, $p=0.019$)。基于 2022 ELN 预后分层, 预后中等组的患者 HDAC 组 3 年 OS 率 72.5%, 高于 SDMSC 组的 49.1% ($p=0.028$)。

结论 基于 2022 ELN 预后分层, 使用 IDA 10-12 mg·m⁻²·d⁻¹×3d 为基础的 IA (3+7) 方案诱导治疗能获得更好的完全缓解以及长期生存; 达到完全缓解的患者, 使用 HDAC 方案巩固治疗比使用 SDMSC 方案能够获得更好的长期生存。上述生存获益, 对于预后中等的患者更为明显。

PO-0566

92 例儿童急性髓系白血病预后因素分析

高吉照、王文鹏、潘俞凤、密鑫、辛聪
徐州医科大学附属医院

目的 探讨儿童急性髓系白血病 (AML) 预后的影响因素。

方法 收集 2015 年 12 月至 2022 年 12 月徐州医科大学附属医院儿科收治符合入组条件的初发 92 例急性髓系白血病患者, 分为存活组及死亡组, 分析两组性别、年龄、外周血象、血生化、凝血功能、体液免疫和细胞免疫。随访时间: 至 2023 年 6 月 1 日或死亡日期。

结果 92 例患儿死亡 30 例, 死亡率 32.61%, 17 例死于感染, 其中细菌感染 9 例, 以肺炎克雷伯杆菌、鲍曼不动杆菌、大肠埃希菌、铜绿假单胞菌为主, 真菌感染 5 例, 新型冠状病毒感染 3 例; 1 例死于急性移植物抗宿主病 (aGVHD), 1 例死于 cGVHD; 9 例死于复发, 其中 7 例 allo-HSCT 后复发死亡 (3 例伴脑膜白血病), 2 例复发再诱导不缓解后死亡; 2 例死于颅内出血, 1 例血小板减少 ($3\times 10^9/L$), 1 例死于 DIC。死亡组 WBC、LDH、SF、骨髓原始+幼稚细胞和 MRD 阳性率均高于存活组 ($100.97\pm 125.04\times 10^9/L$ vs $40.27\pm 53.22\times 10^9/L$; $3334.80\pm 5199.20U/L$ vs $1250.65\pm 1220.72U/L$; $848.65\pm 587.54ng/mL$ vs $458.15\pm 288.10ng/mL$; $72.27\pm 17.16\%$ vs $63.11\pm 20.48\%$ 和 87.50% vs 34.78%), 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$); 死亡组 CHE、CD3 低于存活组 ($32.9\pm 12.08umol/L$ vs $35.19\pm 13.80umol/L$; $60.81\pm 19.05\%$ vs $67.98\pm 17.34\%$), 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$); 两组性别、年龄、Hb、Plt、其它血生化成分、凝血功能、体液免疫、CD4、CD8、CD4/CD8、CD19、CD16+56 均无差别 ($P > 0.05$)。经二分类 Logistic 回归分析, 死亡组 SF 及 MRD 阳性率均高于存活组 [OR(95%CI): 1.002 和 4.324], 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 WBC、LDH、CHE、SF、MRD、CD3 及骨髓原始+幼稚细胞影响儿童 AML 预后; SF 及 MRD 是儿童 AML 预后的独立影响因素。

PO-0567

急性淋巴细胞白血病儿童的分子生物学特点及预后分析

高吉照
徐州医科大学附属医院

目的 分析急性淋巴细胞白血病 (ALL) 患儿的分子生物学特点, 探讨其对预后的影响。

方法 收集 2017 年 1 月至 2021 年 2 月徐州医科大学附属医院新发 104 例 ALL 患儿的临床资料, FCM 法检测免疫分型和微小残留病 (MRD), RT-PCR/FISH 法检测融合基因, NGS 检测突变基因, R 显带染色体核型分析, 样本量达到统计学要求的分为正常组和异常组, 比较两组临床资料。随访时间截止至 2023 年 5 月 1 日或死亡时间。

结果 男性 64 例, 女性 40 例; 初诊中位年龄 5 岁 (3 月~14 岁); B-ALL 95 例, T-ALL 9 例; 死亡 13 例, 复发 16 例。40 例检测出 9 种融合基因, TEL-AML1 19 例, BCR-ABL1 8 例, MLLr 6 例, E2A-PBX1 2 例, SIL-TAL1、KMT2Dr、CRLF2r、PAX5r、DUXr 各 1 例。行突变基因检测的 96

例患儿中，65例检测到33种突变基因，KRAS 16例，NRAS 15例，FLT3 8例，IKZF1 7例，TP53和PAX5各6例，NOTCH1、KMT2D和CREBBP各5例；KRAS、NRAS突变在B-ALL中较常见，NOTCH1、FBWX7突变在T-ALL中较常见。MLLr组初诊年龄小于融合基因阴性组，BCR-ABL1阳性组初诊年龄大于无融合基因组；MLLr和BCR-ABL1初诊WBC均高于融合基因阴性组，NOTCH1突变和IKZF1突变初诊WBC均高于无该基因突变组；LDH BCR-ABL1组高于融合基因阴性组，NOTCH1突变组高于无NOTCH1突变组；NOTCH1突变组B-ALL远少于无NOTCH1突变组；异常核型在BCR-ABL1组和IKZF1突变组更常见。MLLr组的3年OS率和EFS率均低于融合基因阴性组，BCR-ABL1阳性组的3年OS率低于融合基因阴性组。IKZF1突变组的3年EFS率低于无IKZF1突变组；巩固治疗后TEL-AML1不转阴复发率高。以上结果差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 1. BCR-ABL1的儿童ALL初诊时年龄大，WBC、LDH高和异常染色体核型多见；

2. MLLr者初诊时年龄大，WBC高；

3. NOTCH1突变者初诊时WBC高，在B-ALL者检出率低；

4. IKZF1突变者异常染色体核型多见；

5. MLLr是OS和EFS的不良预后因素；

6. BCR-ABL1是OS的不良预后因素；

7. IKZF1是EFS的不良预后因素；

8. 巩固治疗后TEL-AML1不转阴者复发率高。

PO-0568

基因突变、染色体核型和融合基因 对儿童急性髓系白血病预后的影响

高吉照、王文鹏、潘俞夙、辛聪
徐州医科大学附属医院

目的 回顾性分析基因突变、染色体核型改变及融合基因对儿童急性髓系白血病（AML）预后的影响。

方法 统计2015年12月至2022年12月我院92例新发AML患儿突变基因（二代测序），染色体核型（R显带），融合基因（RT-PCR/FISH），保留样本量符合统计学要求的分为正常组和异常组，比较两组总生存率（OS）和无事件生存率（EFS）。随访时间：至2023年6月1日或死亡日期。

结果 92例患儿中位随访时间37（1-87）个月，OS为（74.4±4.9）%，EFS为（58.4±5.4）%。死亡30例，17例死于感染，其中细菌感染9例，以肺炎克雷伯杆菌、鲍曼不动杆菌、大肠埃希菌、铜绿假单胞菌为主，真菌感染5例，新型冠状病毒感染3例；1例死于aGVHD，1例死于cGVHD；9例死于复发，其中7例allo-HSCT后复发死亡（3例伴脑膜白血病），2例复发再诱导不缓解后死亡；2例死于颅内出血，1例血小板减少，1例死于DIC。单因素分析C-KIT突变组（16例）、FLT3突变组（14例）及TLS-ERG组（4例）OS均低于对应的正常组，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；C-KIT突变组EFS低于无突变组，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；CEBPA（7例）、NRAS（11例）、KRAS（4例）、PTPN11（6例）、AML1-ETO（21例）、CBFβ-MYH11（10例）、MLL重排（8例）、染色体核型异常（47例）OS和EFS与正常组无差别，FLT3和TLS-ERG EFS与正常组无差别，差异均无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。多因素分析C-KIT突变组OS及EFS均低于正常组[HR值，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 C-KIT、FLT3突变和TLS-ERG是儿童AML OS的不良影响因素，C-KIT突变是EFS的不良影响因素；C-KIT突变是儿童AML OS和EFS的独立不良预后因素。

PO-0569

儿童急性 B 淋巴细胞白血病预后因素分析

高吉照、韩德祥
徐州医科大学附属医院

目的 探讨儿童急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 预后的影响因素。

方法 选取徐州医科大学 2019 年 7 月-2021 年 7 月行诱导化疗治疗的 108 例 B-ALL 患儿,符合入组条件的 89 例,统计患儿年龄、性别、体重指数 (BMI)、危险度 (低、中和高危)、白细胞计数 (WBC)、FAB 分型、免疫球蛋白 (IgG、IgA、IgM)、补体 C3、补体 C4、 $\alpha 1$ 酸性糖蛋白 (AAG) 和 MRD。随访时间:至 2023 年 3 月 30 日或死亡日期为随访终点。分为死亡患儿组和存活组,比较死亡组和存活组上述统计资料,ROC 曲线评估预测儿童 B-ALL 预后的效能。

结果 中位随访时间为 32 个月 (20-44 个月),89 例患儿死亡 18 例 (20.22%)。死亡组 IgM、补体 C3 低于存活组,高危率、治疗结束后 MRD 阳性率均高于存活组,差异均有统计学意义 ($P < 0.05$);死亡组性别、年龄、BMI、WBC、IgG、IgA、AAG、补体 C4、FAB 分型、治疗过程中 MRD 阳性率与存活组无差别,差异均无统计学意义 ($P > 0.05$)。经二元 Logistic 回归分析,死亡组高危率、治疗结束后 MRD 阳性率高于存活组,补体 C3、IgM 低于存活组,差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。经 ROC 曲线分析,IgM、补体 C3、危险度、治疗结束后 MRD 阳性率及四者联合预测 B-ALL 患儿死亡的灵敏度分别为 77.78%、77.78%、72.22%、72.22%和 94.44%,特异度分别为 83.10%、80.28%、78.87%、74.65%和 92.96%,IgM、补体 C3、危险度和治疗结束后 MRD 阳性联合预测儿童 B-ALL 死亡的价值高于单一因素,四者联合曲线下面积 (AUC) 高于单一因素 AUC (0.924 vs 0.818、0.803、0.750 和 0.733),差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 IgM、补体 C3、危险度和治疗结束后 MRD 是儿童 B-ALL 死亡的影响因素,也是独立影响因素;IgM、补体 C3、危险度和治疗结束后 MRD 预测儿童 B-ALL 均有很高的灵敏度和特异度,而四者联合则有更高的价值。

PO-0570

D19 MRD 与儿童 B-ALL 预后关系 及分子生物学/细胞遗传学对 D19 MRD 的影响

高吉照
徐州医科大学附属医院

目的 探讨 (D19 MRD 对儿童急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 预后的影响;探讨分子生物学/细胞遗传学对儿童 B-ALL D19 MRD 的影响。

方法 统计 2016 年 4 月至 2020 年 4 月徐州医科大学附属医院初诊符合入组条件的 88 例 B-ALL 患儿诱导治疗 D19 MRD ,OS、EFS、染色体核型、融合基因和突变基因,以 MRD $\geq 0.01\%$ 为阳性,分为阳性组和阴性组,比较两组 3 年 OS、EFS 和分子生物学/细胞遗传学特点。

结果 88 例患儿 3 年 OS 和 EFS 分别为 92.0% 和 86.4%,MRD 阳性组 OS 及 EFS 率均低于阴性组,差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。32 例 (36.4%) 患儿检出 8 种 37 个融合基因,TEL-AML1 14 例,BCR-ABL1 8 例,E2A-PBX1 7 例,MLLr 5 例,DUX4-IGH、CDKN2-PPP2R2C、ERG-LINC01423 各 1 例。MRD 阳性组中 BCR-ABL1、E2A-PBX1 和 MLLr 检出率均高于阴性组,TEL-AML1 检出率低于阴性组,差异均有统计学意义 ($P < 0.05$);48 例 (54.5%) 患儿检出 41 种 91 个突变基因,KRAS 14 例,NRAS 12 例,FLT3 和 WT1 均 6 例,IKZF1 5 例,差异均无统计学意义 ($P > 0.05$),余突变基因均 < 5 例;18 例 (20.5%) 患儿检出异常染色体核型,9 例无核分裂相,

正常和异常核型在两组 MRD 无区别, 差异无统计学意义 ($P>0.05$)。经二分类 Logistic 回归分析, MRD 阳性组 BCR-ABL1、E2A-PBX1 检出率均高于阴性组, 差异有统计学意义 ($P<0.05$)。
结论 D19 MRD 阳性是 OS 和 EFS 的不良预后因素; E2A-PBX1、BCR-ABL1、MLLr 对诱导化疗 D19 MRD 有不良影响, TEL-AML1 对诱导化疗 D19 MRD 有良好影响; E2A-PBX1 和 BCR-ABL1 是影响 D19 MRD 的独立不良因素。

PO-0571

个体化健康教育在急性白血病护理中的有效应用分析

惠晓培

郑州大学第一附属医院

目的 研究个体化健康教育在急性白血病护理中的有效应用

方法 本次研究中, 选择到我院中住院治疗的急性白血病患者作为样本, 对 2021 年全年中患者筛选后纳入样本 85 例, 在对患者随机分组并分别制定护理方案的基础上, 本次研究的方式选择为小组间对比的模式

结果 在为观察组中患者制定个体化健康教育的同时, 小组间开展对比的过程中发现, 不同小组中的患者心理状态评分、相关知识掌握情况对比的结果差异显著 ($P<0.05$), 具有统计学意义

结论 在患有急性白血病的患者到院接受治疗后, 护理人员可以通过选择个体化健康教育的方式, 可以有效的避免患者产生各种不良的心理状态, 同时提升患者对于急性白血病相关知识的了解程度及患者满意度, 因此值得在临床中进行推广。

PO-0572

低剂量维奈克拉联合 CHG 预激方案 治疗不适合强烈化疗 AML 和高危 MDS 的近期疗效研究

杨玉泽^{1,2}、周梅^{1,2}、许亚茹^{1,2}、徐文艳^{1,2}、孙洁³、朱园园³、李源⁴、郭振兴^{1,2}

1. 清华大学医学院

2. 清华大学第一附属医院

3. 浙江大学医学院附属第一医院

4. 北京市石景山医院

目的 探讨低剂量维奈克拉联合 CHG 预激方案治疗不适合强烈化疗 AML 和高危 MDS 的近期疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2022 年 7 月至 2023 年 8 月入住清华大学第一附属医院血液肿瘤科和合作单位 (共 3 家) 的 AML 和高危 MDS 患者 14 例。所有患者均采用低剂量维奈克拉联合 CHG 预激方案诱导治疗, 观察入组患者的早期诱导 (1 个疗程) 疗效和不良反应。

结果 14 例患者中男性 10 例, 女性 4 例, 中位年龄 69.5 (46-83) 岁, 1 个疗程完全缓解率为 9/14, 总有效率为 11/14。在细胞遗传学和分子生物学分类不良预后的 10 例中, 完全缓解率为 5/10, 总有效率 7/10。在 TP53 突变的 7 例患者中, 完全缓解率为 3/7, 总有效率 5/7。复杂核型患者共有 6 例, 完全缓解率为 2/6, 总有效率 4/6, 而非复杂核型 8 例, 完全缓解率和总有效率均为 7/8, 两组比较完全缓解率差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)。患者对药物不良反应能够耐受, 无早期治疗相关死亡。

结论 低剂量维奈克拉联合 CHG 预激方案可作为不适合强烈化疗的 AML 和高危 MDS 患者的有效治疗方案, 安全性良好, 值得临床推广和应用。

PO-0573

IM 药物代谢转运相关基因 SNP 与 CML 患者严重血液学不良反应相关

周汶静、王念、林立、巫丽娟、叶远馨
四川大学华西医院

目的 寻找 IM 治疗 CML 患者发生 SHAEs 的危险因素，评价 IM 药物代谢与转运途径基因 SNP 与 SHAEs 发生风险之间的相关性。

方法 纳入 172 例中国汉族新诊断 CML-CP 且使用 IM 进行治疗的患者，分为 SHAEs 组和非 SHAEs 组，采集患者 EDTA 抗凝外周血，随访 18 个月收集纳入对象的人口学特征及实验室检查结果。采用 SNaPshot 对纳入对象对 11 个 SNPs 位点进行分型，分析其与 SHAEs 的相关性。

结果 SHAEs 组具有更高的 WBC 及 ESO% (P 值分别为 0.032、0.047) 和更低的 Hb、HCT (P 为别为 0.007, 0.006)。ABCB1 基因 rs1045642 的等位基因频率和基因型分布在 SHAEs 组及非 SHAEs 间的差异具有统计学意义 (P 值分别为 0.005、0.011)。rs1045642 突变等位基因 A 携带者 SHAEs 的发生风险增高 (OR=2.09, 95%CI=1.24,3.55, P=0.005)。NR1I2 基因 rs3814055 基因型在 SHAEs 组和非 SHAEs 组的分布有统计学差异 (P=0.048)。ABCB1 基因 rs1045642 的加性遗传模型与隐性遗传模型，以及 NR1I2 基因 rs3814055 的隐形遗传模型都与 SHAEs 发生风险增高相关 (OR 值分别为 2.14、3.2、5.54, P 值均<0.05)。ABCB1 基因的 rs1045642 位点与 rs1128503 位点间呈紧密连锁不平衡，这两个位点间组成的单倍型[AA]与 SHAEs 相关，[AA]单倍型患者的 SHAEs 发生风险增高 (OR=1.94, 95%CI=1.04,3.60, P=0.035)。

结论 CML-CP 患者诊断时的 ABC、ESO%、Hb 及 HCT 与 SHAEs 发生相关。IM 药物代谢与转运途径 ABCB1 基因 rs1045642 及 NR1I2 基因 rs3814055 与 IM 治疗 CML 患者 SHAEs 相关。ABCB1 的 rs1045642 与 rs3814055 位点组成的单倍型[AA]与 SHAEs 发生风险增高相关。rs1045642 位点与 rs3814055 位点可能是潜在的预测 SHAEs 发生风险的分子标志物。

PO-0574

抑制溶酶体离子通道 CLN7 诱导髓系白血病细胞凋亡

郭苗苗
中国科学技术大学附属第一医院

目的 溶酶体特别是溶酶体膜上的离子通道在细胞增殖、凋亡和化疗耐药中起着重要作用，表明溶酶体离子通道是治疗白血病的潜在靶点。本研究我们探究了在髓系白血病中溶酶体离子通道 CLN7 的生物学特点及其机制。

方法 1、K562 和 OCI-AML3 细胞中基因敲低 CLN7 后，检测细胞增殖和凋亡的变化。2、检测溶酶体形态的变化。3、检测自噬相关蛋白的表达。4、NOD-SCID 小鼠皮下成瘤实验检测 CLN7 基因敲低的人白血病细胞 OCI-AML3 的肿瘤形成能力。

结果 1、与正常人的外周血单个核细胞相比，髓系白血病细胞中 CLN7 表达增加。2、在 K562 和 OCI-AML3 细胞中基因敲低 CLN7 后，细胞增殖被抑制，细胞凋亡水平增加；将基因敲低 CLN7 与化疗药物柔红霉素联合时，可以进一步抑制细胞增殖和诱导细胞凋亡。3、抑制 CLN7 的表达使白血病细胞中溶酶体体积增加，cathepsin B 表达上调，提示溶酶体功能增强。4、基因敲低 CLN7 后，白血病细胞中 mTOR 信号通路被抑制，自噬水平增加。5、小鼠皮下成瘤实验表明 CLN7 基因敲低的人白血病细胞 OCI-AML3 的肿瘤形成能力明显被抑制。

结论 本研究发现抑制 CLN7 引起髓系白血病细胞增殖抑制，凋亡增加，溶酶体形态和功能改变以及诱导自噬相关的细胞死亡。CLN7 可能是髓系白血病治疗的潜在靶点。

PO-0575

IDH1/2 突变的急性髓系白血病患者临床特征及预后

杨琬芳

山西中医药大学

目的 异柠檬酸脱氢酶-1(IDH1)和 IDH2 突变导致组蛋白异常超甲基化表型和 DNA 修饰, 最终影响细胞分化, 本研究分析 IDH1/2 突变单独突变及伴随其他突变 AML 患者的临床特征和预后。

方法 对 181 例新诊断的急性髓系白血病患者进行回顾性分析。根据 IDH1/2 基因突变情况将患者分为 IDH1mut、IDH2mut 和 IDHwt 患者三组。回顾性比较三组患者的临床特点、基因突变谱及预后。

结果 在 181 例新诊断的 AML 患者中, IDH1 突变 14 例(7.7%), IDH2 突变 21 例(11.6%)。与 IDHwt 患者相比, IDH 突变患者平均年龄较大($P=0.004$), 血小板计数较高($P=0.002$), WT1 mRNA 表达较高($P=0.030$), 白细胞计数较低($P=0.001$)。IDH2 突变的患者在初诊时更容易被感染($P=0.005$)。与 IDHwt 患者相比, IDH2 突变患者的 OS 较短($HR=1.844$, $95\%CI:1.008 \sim 3.792$, $P=0.047$), 而 IDH1 患者的 OS 相似($P=0.153$)。其中 13/14 例(92.9%)的 IDH1 突变患者有平均 1.86 个附加突变, 分别是 DNMT3A(28.6%)、ASXL1(21.4%)、PHF6(21.4%)、NPM1(14.3%)和 U2AF1(14.3%); 其中 DNMT3A、PHF6 和 U2AF1 的突变与 IDH1 突变呈正相关(28.6% vs 9.6%, $P=0.014$; 21.4% vs 2.1%, $P<0.001$; 14.3% vs 2.1%, $P=0.012$)。此外, 18/21(85.7%)的 IDH2 突变患者有平均 2.38 个额外突变, 主要为 NPM1(57.1%)、ASXL1(23.8%)、DNMT3A(23.8%)和 SRSF2(19.0%), 与 IDHwt 患者相比, NPM1、ASXL1 和 SRSF2 共突变的 IDH2 患者的 DFS 和 OS 较短($P<0.05$), DNMT3A 共突变的 IDH1 患者的 DFS 和 OS 较短($P=0.013$; $P=0.003$)。

结论 AML 患者 IDH1/2 突变具有独特的临床特征和基因共突变谱。将 IDH1/2 突变整合到风险谱中可以预测预后, 并可能成为原发性 AML 患者的治疗靶点。

PO-0576

NSUN2-FOSB reciprocity enhances leukemogenesis by regulating ribosome biogenesis and mitochondrial dysfunction in acute myeloid leukemia

Shenmeng Gao, Bin Zhou, Yigang Yuan, Jingying Zhou

The First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University

Objective RNA NOP2/Sun RNA methyltransferase family member 2 (NSUN2) catalyzes methyl-5-cytosine (m⁵C) modification of multiple RNAs and regulates various cellular processes. However, the underlying cellular/ molecular mechanisms in leukemogenesis have remained elusive.

Methods Lin⁻ cells from Nsun2^{fl/fl} inducible knockout mice were transduced with MSCV-GFP-IRES-MA9 or AE9a to construct leukemic mice model and TAM was injected to deplete Nsun2 expression. Methylated RNA immunoprecipitation sequencing and RNA sequencing were performed to explore the potential target of NSUN2. Bisulfite sequencing was used to confirm the m⁵C modified sites. Methylated RNA immunoprecipitation was used to measure the relative enrichment of m⁵C modification.

Results Here, we found that NSUN2 expression was higher in bone marrow (BM) mononuclear cells from acute myeloid leukemia (AML) patients at diagnosis than normal controls (NCs). NSUN2 knockdown reduced colony, suppressed proliferation, and induced apoptosis by inhibiting ribosome biogenesis and reducing mitochondrial function in AML cells. In addition, conditional depletion of Nsun2 reduced the frequency and suppressed the self-renewal of leukemia stem cell (LSC), as well as extended the overall survival (OS) in the MLL-AF9 (MA9)-transformed murine

AML model in vivo. However, Nsun2 depletion was dispensable for normal hematopoiesis and did not affect normal ribosome biogenesis and mitochondrial function in vivo. Mechanistically, NSUN2 enhanced FosB proto-oncogene (FOSB) mRNA stability by accumulating m⁵C modification at 3656 of FOSB 3'-untranslated region (UTR). Meanwhile, FOSB triggered NSUN2 expressions via direct binding to the NSUN2 promoter.

Conclusion Collectively, our results demonstrate that the NSUN2-FOSB positive regulatory loop facilitates leukemogenesis and LSC stemness by regulating ribosome biogenesis and mitochondrial function. Interrupting NSUN2-FOSB reciprocal signal provides a potential therapeutic target for AML patients but spares normal hematological cells.

PO-0577

Selinexor synergistically promotes the antileukemia activity of venetoclax in acute myeloid leukemia by inhibiting glycolytic function and downregulating the expression of DNA replication genes

Changcheng Zheng, Jiqian Jiang

Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of USTC, Division of Life Sciences and Medicine, University of Science and Technology of China, Hefei, China

Objective The BCL-2 inhibitor venetoclax has been widely used in the treatment of acute myeloid leukemia (AML); however, AML patients treated with venetoclax gradually develop resistance. The exportin-1 (XPO1) inhibitor selinexor can synergistically promote the antileukemia activity of venetoclax, but the mechanism remains unclear.

Methods Annexin V/7-aminoactinomycin D assays were used to examine the effects of a combination of venetoclax and selinexor (VEN+SEL) on AML cell lines and primary AML cells. RNA sequencing and oxygen consumption rate (OCR) and extracellular acidification rate (ECAR) determinations by a Seahorse XF analyzer were employed to investigate the molecular mechanism of the toxicity of the VEN+SEL combination to AML cells.

Results Apoptosis of the AML cells treated with the VEN+SEL combination was significantly different from that of each single agent in vitro (KG-1A: 250 nM and THP-1: 950 nM). In addition, as determined by the IC₅₀ constructed from different concentrations of compounds, VEN+SEL had a strong synergistic effect on the apoptosis of AML cells, while treatment with the single agent venetoclax showed a moderate effect and selinexor alone had little effect. The VEN+SEL combination at a concentration of 500 nM significantly enhanced the apoptosis of primary AML cells compared with single-agent treatment in newly diagnosed and R/R AML samples. The ECAR results demonstrated that the VEN+SEL combination significantly inhibited glycolytic function in KG-1A and THP-1 cells, as evidenced by decreased glycolysis and glycolytic capacity compared with their single treatment regimens. RNA sequencing demonstrated that there were multiple differences in gene expression between the four sets of samples. The differential gene volcano map showed that there were 2537 significantly differentially expressed genes in the VEN+SEL set compared with the single VEN set, suggesting that selinexor plays an auxiliary role in enhancing the proapoptotic effect of venetoclax during AML treatment.

Conclusion This study indicated that selinexor can synergistically enhance the antileukemia activity of venetoclax in AML cells in vitro by inhibiting glycolytic function and downregulating DNA replication-related genes. Based on our experimental data, combining selinexor with venetoclax is an appropriate advanced treatment option for AML patients.

PO-0578

伴罕见 BCR::ABL1 融合基因的 CML 患者的临床和实验室特征

聂彦博、刘丽颖、王嫣、侯悦、安同翠、赵楚婷、李雪、蔺亚妮
天津见康华美医学诊断技术有限公司

目的 本研究旨在回顾性分析并探讨 43 例携带罕见 BCR::ABL1 融合转录本（除外 e1a2 和 e19a2）的 CML 患者的临床与实验室特征。

方法 收集见康华美诊断中心 2015 年 10 月至 2024 年 2 月核型分析存在 t(9;22) (q34;q11)，而 qPCR 检测 e13a2, e14a2, e1a2, e19a2 均为阴性的患者样本，总计 43 例[38 例 CML-慢性期(CP), 5 例 CML-急变期(BP)]。将患者 RNA 样本进行多重 PCR 扩增并进行一代测序来确定 BCR::ABL1 转录本亚型。7 例 CML 患者进行高通量测序 (NGS)检测。同时，对患者的临床资料及实验室结果进行回顾性分析。

结果 43 例 CML 患者中，融合转录本包含 10 例 e13a3、10 例 e14a3、8 例 e8a2、3 例 e6a2、1 例 e23a2 及 11 例未分型。43 例 CML 患者中，男：女为 32：11，中位年龄 54（23-84）岁，主要集中在 20-59 岁（31/43，72.1%）；中位 WBC 为 89（2.00-284）×10⁹/L，PLT 329（58-3136）×10⁹/L，HGB 101（29-170）g/L。在遗传学分析中，19.0%(4/21) CML-CP 患者存在变异易位 t(X;9;22)。7 例 CML 患者（5 例 CML-CP；2 例 CML-BP）NGS 结果显示，2 例 CML-BP 患者均发生 IDH1 突变；2 例 CML-CP 患者检测到 NT5C2, SETD2 和 STAG2 突变。

结论（1）CML 患者中，罕见 BCR::ABL1 融合转录本主要为 e13a3、e14a3 和 e8a2。

（2）CML 中携带罕见 BCR::ABL1 融合转录本者以男性为主，且主要分布在 20-59 岁。

（3）罕见 BCR::ABL1 融合转录本的患者中，CML-CP 多存在变异易位，CML-BP 患者多发生致病性突变。

PO-0579

吉瑞替尼联合化疗治疗新诊断的 FLT3 突变急性髓系白血病及不同化疗方案的疗效比较

李雪瑶、童秀珍、苏畅、郑冬、周振海、许多荣、李京霞、何甘霖、李晓哲、邝丽芬、陈美兰、谷景立、黄蓓晖、王荷花、刘俊茹、邹外一、李娟
中山大学附属第一医院

目的 回顾性分析吉瑞替尼联合化疗治疗新诊断的 FLT3 突变急性髓系白血病及不同化疗方案的疗效。

方法 回顾性分析 2014-2024 年期间在中山大学附属第一医院收治的 108 例确诊的伴 FLT3 突变 AML 患者临床资料，分析其中使用吉瑞替尼联合化疗治疗的 13 例新诊断患者的疗效及安全性。比较不同诱导化疗方案的疗效，探索影响该类型 AML 患者的生存因素。

结果 1、使用吉瑞替尼联合化疗（IA 方案 11 例、VA 方案 2 例）诱导治疗后 CR 率达 76.9%（10/13），CR 或 CR 伴血细胞计数不完全恢复（CRi）率达 92.3%（12/13），PCR 法检测 FLT3-ITD 基因清除率达 72.7%（8/11）。序贯异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）者共 7 例（7/13，53.8%）。吉瑞替尼联合 IA 方案与 IA 方案诱导化疗的骨髓抑制时间无统计学差异。2、回顾性分析 2014-2024 年间于我院确诊伴 FLT3 突变 AML 的临床资料，显示白细胞计数高，常伴有 NPM1、DNMT3A 突变，复杂染色体核型少。初次诱导化疗后 CR/CRi 率达 65.7%（71/108），序贯 allo-HSCT 的比例达 46.2%（49/106）。吉瑞替尼联合 IA 方案的 CR/CRi 率显著高于 IA 方案（90.9% vs 50%，P=0.027），流式 MRD 转阴率为 63.6%。地西他滨（DAC）联合 IA 方案，与 IA 方案相比，加用 DAC 提高了患者 CR/CRi（67.3% vs 50%，P=0.139），但数据无统计学差异。3、108 例患者中 46.2%的移植患者 1 年 OS 率、2 年 OS 率、3 年 OS 率分别为 87.8%、66.7%、

50%，而不移植患者 1 年 OS 率、2 年 OS 率、3 年 OS 率分别为 38.5%、13.5%、8.3%。allo-HSCT 且更快达到流式 MRD 阴性的患者无进展生存时间可明显延长。

结论 与 IA 方案相比，吉瑞替尼联合化疗可显著提高新诊断 FLT3 突变 AML 患者的诱导缓解率，且未增加化疗毒副作用，使用地西他滨联合 IA 方案可能会提高此类患者的 CR/CRi 率。

PO-0580

儿童亚二倍体核型前体 B 细胞急性淋巴细胞白血病的临床特征及预后分析

郑湧智¹、翁开枝²、温红³、庄树铨¹、吴兴国⁴

1. 福建省血液病研究所，福建省血液病学重点实验室，福建医科大学附属协和医院
2. 福建医科大学附属漳州市医院
3. 厦门大学附属第一医院
4. 福建省南平市第一医院

目的 探讨儿童亚二倍体核型前体 B 细胞急性淋巴细胞白血病（BCP-ALL）的临床特征及预后。

方法 回顾性分析 2011 年 4 月至 2020 年 12 月福建省 5 家医院收治的 1287 例初诊 BCP-ALL 患儿的临床资料。根据染色体核型，分为伴亚二倍体核型 BCP-ALL 与不伴亚二倍体核型 BCP-ALL 组，对比两组患儿的临床特征、早期治疗反应 [诱导中及诱导后的微小残留病（MRD）] 及远期疗效 [总生存率（OS）及无事件生存率（EFS）]，并进一步探讨伴亚二倍体核型 BCP-ALL 的预后影响因素。

结果 1287 例 B-ALL 患儿中，28 例（2.2%）为亚二倍体核型。伴亚二倍体核型 BCP-ALL 组初诊白细胞计数 $\geq 50 \times 10^9/L$ 的患者比例显著高于不伴亚二倍体核型 BCP-ALL 组（ $P=0.004$ ），而两组之间性别比例、初诊年龄分组、早期治疗反应差异均无统计学意义（ $P>0.05$ ）。伴亚二倍体核型 BCP-ALL 组 5 年 EFS 及 OS 率分别为 75.0%（95%CI 66.8%-[a1] [郑湧智 2] 83.2%）、77.8%（95%CI 69.8%-85.8%），均低于不伴有亚二倍体核型 BCP-ALL 组 [79.6%（95%CI 78.4%-80.8%）、86.4%（95%CI 85.4%-87.5%）]，但差异均无统计学意义（均 $P>0.05$ ）。进一步按危险度分层亚组分析结果显示，伴亚二倍体核型 BCP-ALL 组 5 年 EFS 及 OS 率均显著低于低危（LR）组 [LR 组 EFS: 91.4%（95%CI 88.4%-93.6%）， $P<0.001$ ；OS: 94.7%（95%CI 92.1%-96.4%）， $P<0.001$]；与除外亚二倍体核型的中危（IR）组 BCP-ALL 患儿相近 [IR 组 EFS: 79.4%（95%CI 74.9%-83.2%）， $P=0.343$ ；OS: 87.3%（95%CI 83.6%-90.2%）， $P=0.111$]；均高于高危（HR）组，但差异无统计学意义 [HR 组 EFS: 58.7%（95%CI 52.6%-64.8%）， $P=0.178$ ；OS: 69.9%（95%CI 63.5%-75.4%）， $P=0.417$]。单因素分析结果显示，性别、年龄、白细胞计数及诱导治疗中对 OS 及 EFS 均无显著的影响；染色体数目 <40 是更低 OS 的危险因素（ $P=0.026$ ），但对 EFS 无显著影响；诱导治疗后 MRD $\geq 0.01\%$ 为更低 OS 及 EFS 的危险因素（ P 分别为 0.002、0.001）。

结论 儿童亚二倍体核型 BCP-ALL 预后中等，诱导治疗后 MRD $\geq 0.01\%$ 可能为不良预后的危险因素。

PO-0581

儿童急性淋巴细胞白血病的治疗失败相关因素分析 ——福建省多中心真实世界数据分析

郑湧智¹、温红²、翁开枝³、庄树铨⁴、吴兴国⁵

1. 福建省血液病研究所, 福建省血液病学重点实验室, 福建医科大学附属协和医院
2. 厦门大学附属第一医院
3. 福建医科大学附属漳州市医院
4. 福建医科大学附属泉州第一医院
5. 福建省南平市第一医院

目的 分析真实世界中儿童急性淋巴细胞白血病 (ALL) 的治疗失败相关因素。

方法 回顾性分析 2011 年 4 月至 2020 年 12 月福建省 5 家医院收治的 1414 例初诊 ALL 患儿的临床资料。治疗失败定义为复发、非复发相关死亡和第二肿瘤。

结果 随访中位时间 49.7 (0.1-136.9) 个月, 共有 269 例 (19.0%) 治疗失败, 其中 140 例 (52.0%) 为复发, 129 例 (48.0%) 为非复发死亡, 0 例第二肿瘤。COX 单因素及多因素分析结果显示, 初诊白细胞计数 $\geq 50 \times 10^9/L$ 、T-ALL、BCR-ABL1、KMT2A 基因重排、早期治疗反应不佳是导致治疗失败的独立危险因素 (均 $HR < 1.000$, $P < 0.05$)。140 例复发 ALL 患儿的 5 年 OS 仅为 23.8%, 其中极早期复发 (复发时间在诊断 18 个月内) 预后更差。129 例非复发死亡患儿中, 包括 71 例 (26.4%) 治疗相关死亡, 56 例 (20.8%) 因放弃治疗死亡, 2 例 (0.7%) 疾病进展死亡; 其中治疗相关死亡与化疗强度显著相关, 而放弃治疗主要与经济因素相关。

结论 我省儿童 ALL 的治疗失败率仍较高, 复发为治疗失败最主要原因, 而治疗相关死亡、经济因素放弃导致死亡则是无复发死亡的主要原因。

PO-0582

伴 IKZF1 缺失性突变儿童急性淋巴细胞白血病中 在两种治疗策略中的预后分析

郑湧智¹、翁开枝²、郭碧赞³、庄树铨⁴、吴兴国⁵

1. 福建省血液病研究所, 福建省血液病学重点实验室, 福建医科大学附属协和医院
2. 漳州市医院
3. 厦门大学附属第一医院
4. 泉州第一医院
5. 南平市第一医院

目的 在不同的研究中, IKZF1 缺失性突变 (IKZF1del) 对儿童 B 细胞前体急性淋巴细胞白血病 (BCP-ALL) 的预后意义并不一致。因此, 儿童 IKZF1del BCP-ALL 的两种治疗策略, 即基于 IKZF1del 的高危分层或 MRD 指导方案, 仍然是一个有争议的问题。本研究对 IKZF1del 儿童 BCP-ALL 在两种治疗策略中的预后意义及疗效进行分析、探讨。

方法 回顾性分析 2015 年 12 月到 2021 年 12 月福建省 4 所医院具有可靠 MLPA 检测结果的 804 例儿童 BCP-ALL 患者的临床资料。根据治疗策略分为两组: 在中国儿童白血病组 (CCLG)-ALL 2008 组中, 将 IKZF1 状态纳入风险分配, 所有 IKZF1del 患者均接受 CCLG-ALL2008 高危组方案治疗; 而在中国癌症儿童组 (CCCG)-ALL 2015 组中, IKZF1del 未纳入风险分配, 患者接受 MRD 指导的风险评估方案。

结果 在 804 例 BCP-ALL 患者中, 有 86 例 (86/804, 10.7%) 患者发现 IKZF1del; 而在 46 例 BCR-ABL1 阳性 BCP-ALL 中, 有 30 例 (30/46, 65.2%) 患者发现 IKZF1del。对所有患者进行单

因素分析,结果显示,IKZF1del 是预后不良的危险因素,但在调整了年龄、诊断时的 WBC、治疗组和 MRD 状态后,IKZF1del 并非预后不良的独立危险因素。在 CCLG-ALL 2008 队列中,与 IKZF1wt 组相比,IKZF1del 组的 5 年 OS 和 EFS 显著较低,5 年 CIR 显著较高;而在 CCLG-ALL 2015 队列中,与 IKZF1wt 组相比,IKZF1del 组的 5 年 OS 和 EFS 较低,5 年 CIR 较高,但差异无统计学意义。接受高强度化疗(CCLG-ALL 2008 高危方案)的 IKZF1del 患者的 5 年 OS 和 EFS 显著低于接受 MRD 指导方案(CCCG-ALL 2015 方案)的患者。此外,与接受 CCG-ALL 2015 MRD 指导方案治疗的患者相比,接受 CCLG-ALL 2008 高风险方案的患者发生严重不良事件(SAE)的频率更高,尤其是与感染相关的 SAE。

结论 IKZF1del 的预后效果可能因不同方案而异。与高强度化疗相比,MRD 指导方案可能是 IKZF1del 儿童 BCP-ALL 患者更有效的治疗策略。

PO-0583

Blockade of PD-1 and TIM-3 ameliorates CD8+ T cell exhaustion in a mouse model of chronic myeloid leukemia

Ting Jin, Fei Gao, Li Wang
The Central Hospital of Wuhan

Objective The immune system plays pivotal roles in controlling chronic myeloid leukemia (CML). CD8+ T cell exhaustion results in reduced effectiveness of T cell-mediated immunity, thereby contributing to disease progression. This study intends to figure out whether the combined blockade of inhibitory molecules TIM-3/PD-1 can affect CD8+ T cell exhaustion in CML.

Methods A CML mouse model was established via transplantation of bone marrow cells transduced with BCR-ABL-expressing retrovirus vectors. PD-1/TIM-3 signaling were blocked using corresponding molecular antibodies. Flow cytometry analysis was conducted to detect cell surface molecules and intracellular cytokines. ELISA was employed for measuring cytokine concentrations in the culture medium.

Results TIM-3 and PD-1 were coexpressed on exhausted CD8+ T cells from CML mice. Combined blockade of PD-1/TIM3 synergistically delayed CML progression in mice. Ex vivo experiments showed that their co-blockade promoted the proliferation and cytokine secretion of CD8+ T cells isolated from CML mice.

Conclusion Blocking TIM-3 and PD-1 improves exhausted CD8+ T cell function in CML.

PO-0584

急性早幼粒细胞白血病细胞形态分类体系 及其与实验室检查和 FLT3-ITD 突变的相关性分析

何婉婷¹、陈佳琦³、任雨悦²、刘红星³、王巍²

1. 哈尔滨医科大学附属第一医院

2. 哈尔滨医科大学附属第二医院

3. 河北燕达陆道培医院

目的 建立一套用于表征急性早幼粒细胞白血病(APL)患者细胞形态特点的分类体系,并分析不同 APL 细胞形态特点与常规检验指标和基因变异的相关性。

方法 根据 APL 白血病细胞的形态特征,建立一套 14 类的分类系统,用以表征患者个体间和个体内的细胞形态异质性。将该分类体系用于 40 例 APL 患者的形态学分析,并将分类结果与患者的常

规检验指标和基因变异特点进行统计学分析，以分析不同 APL 细胞形态特征与常规检验指标和基因变异的相关性。

结果 FLT3-ITD 突变阳性的 APL 病例组中，核形规则、粗颗粒且不见 Auer 小体（1 类）的细胞显著少于 FLT3 突变阴性病例组（ $P=0.03$ ）。核形规则组相比于核形不规则组 APTT 明显较长（ $P=0.04$ ）；细颗粒组相比于粗颗粒组 APTT 明显较长（ $P<0.01$ ）、骨髓白血病细胞比例相对更低（ $P=0.03$ ）；Auer 小体阴性组的外周血白细胞计数（ $P<0.01$ ）、D-二聚体（ $P=0.03$ ）、乳酸脱氢酶（ $P=0.04$ ）和骨髓白血病细胞比例（ $P=0.03$ ）均显著高于 Auer 小体增多组。

结论 本研究新建立的形态学分类体系可客观表征不同类型的 APL 白血病细胞，帮助更好地评估 APL 白血病细胞的个体内和个体间异质性，有助于进一步用于精确分析 APL 的形态表型与生物学特性的相关性。

PO-0585

源于基因突变检测选择 Azacitidine+ Venetoclax +Chidamide 成功诱导缓解 2 例老年 AML

陈美薇、应晓杨
大连大学附属中山医院

目的 观察去甲基化药物 Azacitidine 联合 BCL2 抑制剂 Venetoclax、HDAC 抑制剂 Chidamide 诱导缓解老年急性髓系白血病（AML）的疗效。

方法 回顾分析 2023 年 6 月至 8 月期间，根据 AML 相关基因突变检测结果，采用 Azacitidine+ Venetoclax +Chidamide 方案诱导缓解 >70 岁急性髓系白血病的临床疗效。

结果 78 岁男性、70 岁女性，临床符合急性髓系白血病（AML），均为初治。男性 AML 相关基因突变检测结果示：I 类变异：SRSF2 变异，变异结果：Exon1 c.284>Tp.95L，突变丰度：36.1（1440.0X）；ASXL1 变异，变异结果：Exon13 c.1934dupGp.G646Wfs*12，突变丰度：26.1（1694.0X）；TET2 变异，变异结果：Exon11 c.5471delinsTAP.G182Vfs*22，突变丰度：42.2（1609.0X）；STAG2 变异，变异结果：Exon25c.2621-2622insCGATATAp.Y874*fs*1，突变丰度：63.9（1692.0X）；RUNX 变异，变异结果：C.484A>Gp.R162G，突变丰度：34.3（1592.0X）。女性 AML 相关基因突变检测结果示：I 类变异：NPM1 变异，变异结果：Exon11c.863-864insCTTGp.W288cfs12，突变丰度：4.3（1322.0X）；TET2 变异，变异结果：Exon3 c.2096T>Ap.L699X，突变丰度：6.4（2014.0X）；EZH2 变异，变异结果：Exon20c.227-228insAAGGCACCGAAGTATGTCGpG743Efs*20，突变丰度：1.1（1078.0X）；根据基因突变检测结果及文献检索，予去甲基化药物 Azacitidine 联合 BCL2 抑制剂 Venetoclax、HDAC 抑制剂 Chidamide 方案诱导缓解治疗，均出现 III-IV 度血细胞减少，粒细胞恢复时间平均为 6 天，未合并严重的感染，1 疗程后 2 例患者复查血常规、骨髓形态学提示完全缓解（CR），MRD-AML 均小于 0.01%。截至目前 MRD 持续阴性，维持化疗中。

结论 对于 AML 基因突变检测是诊疗过程中必不可少的，它可以区分危险分层，同时能够检测出 AML 相关的治疗靶点，可根据检测结果，给予针对性的靶向治疗药物。Azacitidine+ Venetoclax +Chidamide 三药联合方案诱导缓解老年 AML 患者具有缓解率高，不良反应可耐受的优点，是有效的治疗方法。

PO-0586

减低剂量酪氨酸激酶抑制剂对 CML 患者分子缓解的影响

李燕、邝璞、朱焕玲、潘峻、董天、林婷、杨云帆
四川大学华西医院

目的 酪氨酸激酶抑制剂 (TKI) 极大的改善了慢性髓性白血病 (CML) 患者的预后。但由于 TKI 相关的不良反应、经济负担、合并症或尝试停药等原因, 在临床实践中减低 TKI 的剂量是很常见的。本研究旨在探讨采用低剂量 TKI 治疗 CML 的可行性。

方法 本研究回顾性纳入在真实世界中因各种原因接受减低 TKI 剂量治疗至少 3 个月的慢性期 CML 患者, 其中 TKI 包括伊马替尼、达沙替尼、尼罗替尼、氟马替尼。对这些患者定期进行分子监测, 并记录减量后不良反应的变化情况。

结果 本研究共纳入 144 名因各种原因减低 TKI 剂量的 CML 患者。绝大部分 (65.3%) 患者是因不良反应而减低 TKI 剂量的。在 TKI 减量时, 144 例患者中有 136 例达到主要分子缓解 (MMR) 或更高, 132 例达到 MR4 及以上。在中位随访 16 个月后, 所有患者均未失去 MMR; 共有 10 例患者失去 MR4, 估算的 1 年和 2 年累积 MR4 率分别为 96.5% (95% CI: 90.8-98.7) 和 90.5% (95% CI: 81.3-95.3)。从 TKI 减量到失去 MR4 的中位时间为 15 个月。减低剂量前 MR4 维持时间较长 (≥ 34 个月) 的患者累积 MR4 率更高 ($p=0.02$)。61.3% 的患者减少剂量后 TKI 相关不良反应的级别有所改善。

结论 在 CML 患者中减低 TKI 剂量可以减轻 TKI 引起的不良反应, 同时可以有效地维持深层分子反应。

PO-0587

CD38 单抗联合化疗治疗复发/难治性 ph+急性 B 淋巴细胞白血病一例

张霞、谢新生、王芳、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 探讨 CD38 单抗联合化疗治疗复发/难治性 ph+急性 B 淋巴细胞白血病的临床观察。

方法 回顾郑州大学第一附属医院 CD38 单抗联合化疗治疗复发/难治性高危急性 B 淋巴细胞白血病患者临床资料, 为临床上复发/难治性患者的治疗探索新的治疗方案。

结果 ph+急性 B 淋巴细胞白血病患者, 异基因造血干细胞移植 3 月后疾病首次复发, 应用贝林妥欧单抗后骨髓缓解, 但靶点 CD19 转阴, 2 月后疾病再次复发, 给予供者淋巴细胞输注疾病再次缓解, 2 月后再次复发, 骨髓流式细胞学提示 CD19、CD22 阴性, CD38 阳性, 故予以 CD38 单抗联合 VDCP 方案化疗后, 复查骨穿提示骨髓再次缓解。

结论 本患者异基因造血干细胞移植后, 多次复发, 为复发/难治性高危急性 B 淋巴细胞白血病, 应用贝林妥欧单抗治疗后 CD19 转阴, CD22 阴性, 且无 CAR-T 靶点可以选择, 流式细胞学提示 CD38 阳性, 而 CD38 单抗被批准用于多发性骨髓瘤的治疗, 国内外文献有用于急性髓系白血病治疗的个案报道, 本患者中予以 CD38 单抗联合化疗后骨髓缓解, 为患者桥接二次移植提供了良好的基础。

PO-0588

IDH1-R132Q mutation inhibits ferroptosis in T-cell acute lymphoblastic leukemia by up-regulating HSPA5 and stabilizing GPX4

Yonghua Liu

Sixth Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University

Objective Increasing evidence indicates that mutations in the isocitrate dehydrogenase (IDH1) gene contribute to the transformation and progression of hematopoietic malignancies. However, the underlying mechanisms are not yet fully understood. Here, we explored the link between IDH1-R132Q and resistance to ferroptosis in T-cell acute lymphoblastic leukemia (T-ALL).

Methods Ferroptosis-related biomarkers were examined in vitro and in vivo to confirm the effects of R132Q mutation in IDH1 on ferroptosis. RNA-seq and enrichment analyses were implemented and combined with corresponding gain- and loss-function experiments, and the underlying mechanisms by which the mutated IDH1 affects the ferroptosis process were preliminarily illustrated.

Results IDH1-R132Q significantly inhibited ferroptosis in T-ALL, both in vitro and in vivo. Differentially expressed genes (DEGs) were enriched in lipid, steroid, and cholesterol metabolic processes, and the cGMP-PKG signaling pathway. In addition, we found that heat shock protein 5 (HSPA5) is a mediator of IDH1-R132Q, which regulates ferroptosis. Mechanistically, overexpression of IDH1-R132Q promoted HSPA5 expression by activating Smad2/3, and the upregulated HSPA5 contributed to the stabilization of glutathione peroxidase-4 (GPX4), a critical inhibitor of ferroptosis.

Conclusion Inhibitory effects of IDH1-R132Q on ferroptosis in T-ALL were achieved by promoting HSPA5 expression and stabilizing GPX4.

PO-0589

乳酸化修饰的 MCL-1 通过液-液相分离调节急性髓系白血病细胞凋亡的机制研究

孙涛、李颖、叶静静、纪春岩

山东大学齐鲁医院

目的 诱导细胞凋亡是急性髓系白血病 (AML) 临床治疗的主要方式。凋亡不敏感 AML 细胞的存在常导致耐药发生。MCL-1 作为抑制 AML 细胞凋亡的重要分子, 其作用机制仍待完善。本研究拟探究 MCL-1 蛋白在 AML 凋亡及耐药中的新作用机制。

方法 利用蛋白质液-液相分离体外及体内研究体系, 代谢组学, 分子生物学手段, AML 小鼠异种移植模型等方法进行探究。

结果 本研究首次发现 AML 细胞凋亡早期胞浆内 MCL-1 发生液-液相分离, 并证实 MCL-1 的相分离颗粒可自线粒体脱落, 丧失其抗凋亡作用, 从而介导 AML 细胞凋亡。而促凋亡因子 BAX 与 MCL-1 的线粒体外膜结合可抑制 MCL-1 的液-液相分离, 并阻滞其发生线粒体脱落。进一步地, 我们发现 AML 细胞凋亡早期细胞代谢改变, MCL-1 发生乳酸化修饰并介导了其液-液相分离。在此基础上, 我们阐明了 MCL-1 相分离的分子机制, 找寻到 MCL-1 N 端 7 个带正电荷的氨基酸为发生 MCL-1 相分离的关键调控位点。最后, 我们通过筛选 MCL-1 相分离抑制剂, 并通过体外实验研究证实了该抑制剂可逆转 AML 细胞耐药。

结论 本研究系统描绘了 AML 细胞凋亡初期 MCL-1 的功能，发现 MCL-1 的去乳酸化可通过抑制其液-液相分离介导 AML 细胞的耐药，为复发/难治 AML 的治疗提供了新的思路。

PO-0590

T 淋巴母细胞淋巴瘤自体造血干细胞移植后 继发双特征性染色体 AML 1 例并遗传学分析

傅媛媛¹、晏蓉²、丁兀兀¹、徐锋¹、杨福冬¹、周婕¹

1. 德阳市人民医院

2. 四川华西康圣达医学检验有限公司

目的 加强对 T 淋巴母细胞淋巴瘤 (T-LBL) 治疗后出现两个特征性染色体异常的治疗相关急性髓系白血病 (t-AML) 的认识。

方法 报道 T-LBL 自体造血干细胞移植后出现 t-AML-M5 型 1 例，并通过多种检测方法对其遗传学异常进行分析。

结果 患者最初经组织病理活检确诊为 T-LBL，伴有骨髓受累，经规律化疗后行自体造血干细胞移植，移植前骨髓及淋巴结评估均为 CR，但染色体核型分析发现 t(9;11)(p21;q23)。在移植后 5 月经骨髓涂片、流式确诊为 AML-M5 型，染色体检查：46,XY,der(10)t(3;10)(q21;q26)[2]/46,XY[18]。融合基因 EVI1 阳性，并 KRAS 错义突变。患者一般情况急剧恶化死亡。去世后经复核染色体核型分析发现同时存在 t(9;11)(p21;q23)，FISH 检查示 MLL 重排阳性，PCR 检测 MLL-AF9 融合基因阳性。

结论 治疗相关 AML 出现双特异性染色体异常临床少见，需结合多种实验室方法进行诊断。此类患者疾病进展快，预后差，个体化的诱导缓解后行异基因造血干细胞移植可能获益。

PO-0591

氟马替尼联合地西他滨、维奈克拉诱导 治疗慢性髓系白血病急髓变 1 例

郑方、刘春梅、周敬春、王菊、赵雪梅、侯畅

贵阳市第二人民医院贵阳脑科医院

目的 对于慢性髓系白血病急髓变诱导治疗目前是 TKIi (酪氨酸激酶抑制剂) 联合化疗，对于老年男性不能耐受，本病例观察及探讨无化疗方案在老年患者的疗效及安全性

方法 患者男性，77 岁，因诊断慢性髓性白血病 3 年，不规律服用“氟马替尼”，发现白细胞增高于 2024.01.03 日入我科住院，血常规提示白细胞 $40.4 \times 10^9/L$ ，血红蛋白 106g/L，血小板 $1751 \times 10^9/L$ ，骨髓形态学显示原始细胞 26%，细胞免疫分型提示 CD34⁺,CD117⁺,HLA-DR,CD38⁺,CD7⁺,CD33 阳性细胞占 14.83%，染色体核型提示 46,XY,t(9;22)(q34.1;q11.2)[20]，ABL 激酶突变阴性，BCR/ABL1 P210[IS]定量为 45.2603%。诊断慢性髓系白血病急髓变，给予氟马替尼 0.6qd,d1-28，维奈克拉 (100mg,d3;200mg,d4;400mg,d5-11)，地西他滨 25mg,q8h,d5,6,7，观察患者体温、血细胞变化及肝肾功能、心功能、感染情况，粒细胞计数小于 $0.5 \times 10^9/L$ 停用氟马替尼，给予粒细胞集落生长因子支持治疗

结果 于 2024.01.25 日停用氟马替尼，治疗第 24 天复查骨髓形态学提示骨髓增生减低，原始细胞 0.5%，粒细胞缺乏时间 35 天，血小板最低降至 $12 \times 10^9/L$ ，输注 3 个治疗量血小板，未发生严重的肺部感染，无肝肾功能损害，患者血常规恢复后给予口服氟马替尼 0.6qd 联合阿扎胞苷 100mg，

皮下注射，每 28 天一次共 2 次，截止 2024 年 5 月 20 日，复查血常规正常，骨髓形态学提示骨髓增生减低，原始细胞 0.5%，BCR/ABL1[IIS] P210 3.0068%，考虑无白血病状态

结论 针对本例老年慢性髓系白血病急髓变患者采用氟马替尼联合维奈克拉、地西他滨无化疗治疗有效，安全性可耐受，未发生严重的不良事件，或许可做为老年患者慢粒急变的诱导方案之一。

PO-0592

基于生物信息学数据分析 CXCL14 在 AML 中的表达及其临床意义

程薇

贵州医科大学附属医院

目的 探讨 AML 细胞中趋化因子 (C-X-C) 基序配体 1 (CXCL14) 基因表达的影响及其临床意义。

方法 从 TCGA 数据库中获取 AML 相关 RNAseq 数据，比较 CXCL14 基因的表达差异，分析 CXCL14 表达与患者临床病理参数的相关性及预后价值，用 Kaplan-Meier 法进行生存分析，用 R 语言进行 GO、KEGG 富集分析。选用 2023 年 2 月至 2023 年 8 月贵州医科大学附属医院 AML 患者及正常骨髓样本各 30 例，以及 AML 细胞株 HL-60 和 Kasumi-1，用免疫印迹法检测 AML 骨髓样本和细胞株中 CXCL14 蛋白的表达，qPCR 法检测 AML 骨髓样本和细胞株中 CXCL14 miRNA 的表达。

结果 TCGA 数据显示 AML 骨髓样本和细胞系中 CXCL14 miRNA 表达水平均显著低于癌旁组织 (均 $P < 0.01$)；AML 中 CXCL14 miRNA 表达与患者多种病理参数呈负相关 (均 $P < 0.05$)，CXCL14 低表达时生存率显著降低 ($P < 0.05$)。实验检测显示，AML 骨髓标本中 CXCL14 蛋白的表达水平明显低于正常骨髓组织 ($P < 0.01$)。GO、KEGG 富集分析显示，CXCL14 富集到病毒蛋白与细胞因子和细胞因子受体的相互作用、细胞因子和其受体相互作用和趋化因子等信号通路。

结论 CXCL14 基因在 AML 中低表达，患者生存率随表达水平的降低而降低，其与患者多种病理参数相关。

PO-0593

老年初诊 AML 患者接受 CAG 联合维奈克拉诱导 治疗的疗效和耐受性：一项单中心经验

孙梅¹、谢晓艳¹、何斌¹、王潇¹、张军¹、孙幸¹、吴蔚¹、主鸿鹄^{1,2}

1. 江苏省苏北人民医院

2. 首都医科大学附属朝阳医院

目的 本研究旨在回顾性分析接受 CAG 方案联合维奈克拉方案治疗的 >60 岁初诊 AML 患者，探讨该联合方案对诱导缓解老年初诊 AML 的有效性和安全性。

方法 2023 年 2 月至 2024 年 2 月期间，连续纳入接受 CAG + VEN 方案治疗的 8 例新诊断 AML 患者。中位年龄 69 岁 (60~76 岁)。治疗方案：维奈克拉：口服 400mg 第 1 天至第 7 天，若诱导治疗期间合并真菌感染或有预防真菌感染指征，需使用抗真菌药物治疗 (如伏立康唑)，需将维奈克拉剂量调整为 100mg/天；阿克拉霉素：静脉滴注，20mg，第 1 天至第 4 天；阿糖胞苷：皮下注射，20mg/m²，q12h，第 1 天至第 7 天；CSF：5ug/kg/d，第 0 至第 7 天。如果 WBC 升高大于 $20 \times 10^9/L$ 需要暂停 G-CSF 直至下降到 $10 \times 10^9/L$ 以下再恢复应用。

结果 8 例患者均可评估疗效。总有效率 (ORR=CR+PR) 为 100%，其中一疗程 CR 率为 87.5%，PR

率为 12.5%。MRD 阴性率 50%。平均达 CR 时间 17.4 天（15~20 天）。中位随访时间 10 个月（3~15 个月）；至末次随访，8 例(100%)患者存活，1 例(12.5%)疾病复发。

最常见的毒性是骨髓抑制和感染，其中最常见感染部位是肺部。

结论 研究结果表明，CAG 联合维奈克拉诱导治疗老年初诊 AML，一疗程缓解率高，且耐受性良好。但因为样本量小，为了证实这些结果，有必要对更多的患者进行更长时间的随访。

PO-0594

慢性淋巴细胞白血病合并慢性粒细胞白血病 及多系统实体肿瘤 1 例

周刚¹、孙洪波¹、杨利群²

1. 深圳市龙华区人民医院

2. 广州华银医学检验中心

目的 回顾性分析慢性粒细胞白血病与慢性淋巴细胞白血病同时存在，且合并多系统实体恶性肿瘤的病例 1 例，探讨疾病发生发展可能存在的机制。

方法 对 1 例 BCR-ABL 阳性慢性淋巴细胞白血病合并多系统实体肿瘤的临床资料和实验室检查进行分析并文献复习。

结果 中年男性，47 岁，既往患膀胱低级别尿路上皮癌及左下肺粘液腺癌，无 HIV 感染及其它免疫缺陷病史。因白细胞增多就诊，1 年中白细胞缓慢上升，由 $17 \times 10^9/L$ 逐渐上升至 $45 \times 10^9/L$ 。外周血和骨髓的形态兼具慢淋和慢粒二者的特点，流式符合慢性淋巴细胞白血病。骨髓染色体核型分析示：46,XY,t(9;22)(q34;q11.2)；BCR-ABL 融合基因 P210 型：阳性。FISH 检测：CEP12 阳性。RNA-Seq：BCR-ABL1 及 TRAJ12-TRAC 阳性。IGHV 突变：检测到 IGHV 重排为双克隆，其中 IGHV3-23 突变比例 >2%，IGHV7-34-1 突变比例 <2%。BCR 重排：检测到 IgVH 重排：FR1-JH、FR2-JH 阳性，IgK 重排：Vk-Jk、Vk-Kde+INTR-Kde 阳性。分选淋巴细胞 BCR-ABL P210 定量：阴性。

结论 慢性粒细胞白血病与慢性淋巴细胞白血病同时存在极为少见，合并其它系统实体恶性肿瘤更为罕见，可能为膀胱癌或肺癌继发白血病，也可能存在共同信号通路，目前发生机制尚不明确，值得进一步探索。

PO-0595

M6A RNA MODIFICATION INITIATED BY METTL3 PROMOTES FOXO3 EXPRESSION TO INDUCE ANTHRACYCLINE RESISTANCE IN ACUTE MYELOID LEUKEMIA CELLS

Xiawei Zhang^{1,2}, Jingjing Yang^{1,2}, Liping Dou¹, Chunji Gao¹

1. Department of Hematology, the Fifth Medical Center of Chinese PLA General Hospital

2. Medical School of Chinese PLA

Objective Refractory/relapsed acute myeloid leukemia (R/R AML) is often insensitive to conventional chemotherapy, with poor prognosis and short survival. Anthracyclines are the cornerstone of the treatment for hematological malignancies, especially acute myeloid leukemia (AML). The survival of R/R AML patients is seriously affected by anthracycline resistance, and the mechanism is still unclear. To study the probable mechanism and find effective targets to

overcome anthracycline resistance and improve the survival of R/R AML patients.

Methods In the study, we analyzed the correlation between FOXO3 and the prognosis of AML patients using data from TCGA and GSE6891 database. Western Blot and RT-qPCR were used to detect the expression levels of FOXO3. Flow cytometry and CCK8 were used to detect changes in cell apoptosis and proliferation ability in vitro. The expression of m6A-modified FOXO3 RNA was detected by MeRIP-seq and MeRIP-qPCR. The adriamycin-resistant cells with METTL3 knockdown were treated with actinomycin-D at different time points, and the changes in mRNA expression levels of PHF19 were measured by RT-qPCR.

Results The patients were divided into FOXO3_{low} and FOXO3_{high} groups based on the expression level of FOXO3 to perform the survival analysis. Kaplan–Meier analysis revealed that patients with high FOXO3 levels suffered from worse overall survival (OS) outcomes than those in FOXO3_{low} group (data from TCGA). High expression of FOXO3 in AML patients with adverse cytogenetic features (Adverse vs. Intermediate: $P < 0.05$, data from GSE6891). Western blot and RT-qPCR showed significantly higher expression of FOXO3 in adriamycin-resistant cells (HL60/ADR and K562/ADR) compared to sensitive cells (HL60 and K562). Further, RT-qPCR indicated significantly higher FOXO3 expression in R/R AML patients compared to newly diagnosed and complete remission AML patients. In vitro, we over-expressed FOXO3 in K562/ADR cells, and treated oe-FOXO3 cells and oe-control cells with adriamycin. The results showed oe-FOXO3 cells exhibited faster proliferation, decreased apoptosis, and a lower proportion of cells in the G1 phase, compared to the oe-control cells. MeRIP-seq suggested increased m6A modification of FOXO3 in drug-resistant cells (HL-60 vs. HL-60/ADR). MeRIP-qPCR indicated significantly higher expression of m6A-modified FOXO3 mRNA in HL60/ADR and K562/ADR, compared to HL60 and K562. METTL3 is an essential methyltransferase. We hypothesized that METTL3 may regulate the m6A modification of FOXO3 in anthracycline-resistant AML cells. The correlation analysis showed a positive correlation between the expression of FOXO3 and METTL3 ($P=0.0011$, data from GSE6891). Further, we knocked down METTL3 in HL60/ADR and K562/ADR, and found that the expression of FOXO3 in the shMETTL3 group was significantly lower than that in the shcontrol group. The stability of FOXO3 mRNA was also reduced in the shMETTL3 group compared with the shcontrol group.

Conclusion METTL3 may promote FOXO3 expression through METTL3-mediated m6A modification, and FOXO3 could promote proliferation and inhibit apoptosis in adriamycin-resistant cells. This provides the basis for further investigation into the mechanism by which FOXO3 plays a role in anthracycline resistance of AML.

PO-0596

个体化健康教育在急性白血病护理中的应用效果 及对护理满意度的影响

任蒙蒙

郑州大学第一附属医院

目的 分析个体化健康教育在急性白血病护理中的应用效果及对护理满意度的影响。

方法 选择 2023 年 1 月至 2023 年 12 月间我院收治的急性白血病患者 70 例作为本次研究的对象，根据患者治疗时间将患者分为对照组（35 例，常规护理：全面监测急性白血病患者生命体征的变化情况，做好基础的健康教育管理，主要让患者明确相关的注意事项，并积极地展开各项护理配合，保障患者的护理安全。）与观察组（35 例，个体化健康教育护理：护理评估：在实施个体化健康教育之前，针对急性白血病患者的基础信息以及受教育程度等各项内容做好全面的了解，为患者制定个体化健康教育方案。疾病教育：结合患者的认知能力，采用通俗易懂的语言讲解急性白血病护理的相关知识，强化患者的正确认知；心理教育：针对患者的心理情绪展开有效的疏导，保障患者树立积极向上的情绪，积极地展开各项护理配合；治疗教育：针对急性白血病治疗过程中的重点事

项做好讲解，提升患者的护理依从性。），比较护理应用效果及护理满意度。

结果 观察组急性白血病整体护理质量评分优于对照组；观察组护理满意度为 94.52% 高于对照组 89.10%，差异有统计学意义， $P < 0.05$ 。

结论 个体化健康教育的急性白血病患者护理中的应用效果较为理想，有利于提升整体的护理质量，提高患者的护理满意度，在今后护理过程中值得推广。

PO-0597

白血病化疗用预防性护理联合情绪疗法在自我效能、感染发生率应用效果评价

邢伟

郑州大学第一附属医院

目的 分析白血病化疗用预防性护理联合情绪疗法在自我效能、感染发生率应用效果。

方法 2022-1~2022-12 白血病化疗 68 例，由于临床护理方案不同而分组，参照组（开展预防性护理模式 $n=34$ 例）；干预组（预防性护理模式联合情绪疗法 $n=34$ 例）；分析不同方案的临床护理效果。

结果 护理前，两组自我效能与生活质量互比，无差异性 $P > 0.05$ 。护理后，干预组自我效能与生活质量高于参照组， $P < 0.05$ 。干预组感染发生率 2.94% 低于参照组 17.64%， $P < 0.05$ 。

结论 预防性护理联合情绪疗法可改善白血病化疗患者自我效能，更可减低感染发生率，临床应用价值高，值得大力推广。

PO-0598

基于蛋白质及磷酸化蛋白质组学的 CML 患者 TKI 疗效预测标志物筛选及机制初探

叶远馨、周汶静、王念、彭亮、周燕虹

四川大学华西医院

目的 慢性髓系白血病（CML）是一种常见的骨髓增殖性肿瘤，自第一代酪氨酸激酶抑制剂（TKI）伊马替尼（IM）诞生以来，CML 患者的生存期极大提升，但同时也出现了耐药突变、药物不耐受等诸多问题，无治疗缓解（TFR）成为新的研究方向，然而 CML 的预后因素尚缺乏定论，亦缺乏相关预测标志物。因此本通过蛋白质组学筛选 CML 预后相关标志物，通过 ELISA 及实时荧光 PCR 进行验证，并对其机制进行相关探讨。

方法 以治疗 3、6、12 个月时的分子生物学反应为标准将患者分为疗效达标组（A 组）和疗效不佳组（B 组），利用蛋白质组学和磷酸化蛋白质组学技术，结合 GO 分析和 KEGG 通路分，筛选出可能与 CML 预后差异相关的蛋白质，用酶联免疫吸附试验（ELISA）对差异表达蛋白质进行定量检测，验证差异性，并用实时荧光定量 PCR（RT-qPCR）检测差异蛋白基因转录水平。之后对筛选出的 VASP 蛋白构建过表达质粒，转染 CML 细胞株 K562，并给与伊马替尼共培养，分为 NC, NC+IM, VASP, VASP+IM 五组，用 CCK8 检测细胞增殖，流式细胞检测细胞凋亡，对 VASP 与 CML 预后机制进行初步探讨。

结果 利用蛋白质组学及磷酸化蛋白质组学技术，筛选出多个差异表达蛋白及磷酸化肽段联合分析筛选出 34 个差异表达磷酸化肽段，其中表达上调的有 8 个，下调的有 26 个。结合 GO 分析和 KEGG 通路分析对差异蛋白进行表征，筛选出显著富集且可能参与癌症预后相关通路的 6 个差异表

达蛋白质，分别是：VASP、IGFBP3、ITLN1、PA2G4、MYH9 和 FN1，其中表达上调的蛋白 ITLN1，下调的蛋白 VASP 和 MYH9，磷酸化程度上调的蛋白 FN1 和 IGFBP3，磷酸化程度下调的蛋白 PA2G4。利用 ELISA 对 A、B 两组患者的 6 种蛋白质表达水平定量检测发现，IGFBP3 和 ITLN1 及 VASP 的表达具有显著差异性，并通过 RT-qPCR 验证了 ITLN1、FN1 和 PA2G4 及 VASP 在转录水平的表达差异性。CCK8 实验提示，72 小时后，VASP+IM 组细胞增殖活力最低为 23%，低于 VASP 单独作用 101% 及 IM 单独作用 35%。流式细胞提示，VASP+IM 总体凋亡率最高为 2.4%，高于 VASP 单独作用凋亡率 0.7% 及 IM 单独作用凋亡率 1.5%。

结论 VASP、ITLN1、IGFBP3、FN1、PA2G4 可能与 TKIs 疗效相关，是潜在的 CML 预后标志。其中，VASP 过表达可能与 IM 药效相互作用，提升疗效。

PO-0599

VAH 三药联合方案治疗急性髓系白血病的近期疗效和安全性的多中心回顾性分析

米瑞华¹、陈琳¹、王琳¹、杨海平²、赵红勉³、吴隼⁴、马轶轩¹、刘佳¹、魏旭东¹

1. 河南省肿瘤医院

2. 河南科技大学第一附属医院

3. 河南大学淮河医院

4. 新乡医学院第一附属医院

目的 探讨维奈克拉（Ven）+阿扎胞苷（AZA）+高三尖杉酯碱（HHT）（“VAH”方案）三药联合方案在急性髓系白血病（AML）患者中的近期疗效和安全性。

方法 回顾性分析郑州大学附属肿瘤医院、河南科技大学第一附属医院、河南大学淮河医院、新乡医学院第一附属医院自 2021 年 7 月至 2023 年 10 月收治的接受 VAH 方案（Ven 100 mg 第 1 天，200 mg 第 2 天，400 mg 第 3~28 天，口服，根据药物相互作用进行剂量调整；AZA 75 mg/m²，第 1~7 天；HHT 1mg/m² d1-7）治疗的 45 例（男 20 例，女 45 例，中位年龄 52（14~69）岁）初治及难治/复发性 AML 患者，分析该方案治疗的总反应率、安全性并复习相关文献。

结果 初治患者 23 例，VAH 方案治疗的第 15 天，总反应率（ORR）（CR+CRi）为 65.2%（12/23），第 1 周期结束时第 29 天的 ORR（CR+CRi）为 82.6%（19/23），中位粒缺期持续时间为 12.6（1~36 天）；难治/复发患者 22 例，VAH 方案治疗的第 15 天，ORR（CR+CRi）为 68.2%（14/22），第 1 周期结束第 29 天的 ORR（CR+CRi）为 86.4%（19/22），中位粒缺期持续时间为 14.4（0~28 天）。整体耐受性良好，最常见的不良反应是骨髓抑制和感染，但均在可控的范围内，没有因治疗不良反应导致死亡的发生。

结论 VAH 方案在初治及难治/复发性 AML 患者中均有较高的缓解率，且耐受性良好，可作为初治中高危及难治/复发 AML 患者值得推荐的诱导缓解方案。

PO-0600

Safety and efficacy of low-dose venetoclax plus voriconazole in patients with acute myeloid leukemia unfit for intensive chemotherapy

zhangbiao long,Xinyao Liu,Min Ruan,Zhenqi Huang,Jian Ge,Jichun Yang
The first affiliated hospital of Anhui medical university

Objective To evaluate the efficacy and safety of low-dose venetoclax-azacitidine plus aCYP3A4

inhibitor for unfit AML patients without previous treatment.

Methods We conducted a monocentric retrospective cohort study to evaluate the efficacy and safety of low-dose venetoclax-azacitidine plus a strong CYP3A4 inhibitor (voriconazole) for unfit acute myeloid leukemia (AML) patients without previous treatment. 54 patients with a median age of 67 years were identified. 30 patients received a standard dose of venetoclax plus azacitidine (cohort 1), whereas another 24 patients received low-dose venetoclax plus voriconazole plus azacitidine (cohort 2).

Results The composite complete remission (complete remission or complete remission with incomplete hematologic recovery; CR/CRi) rate was 76.7% (23/30) in cohort 1 and 87.5% (21/24) in cohort 2 ($P=0.483$). At a median follow-up of 16 months, the median progression-free survival was 12 months in cohort 1 and 18 months in cohort 2 ($P=0.241$), with a hazard ratio of 1.56. The median overall survival was 14 months in cohort 1 and 19 months in cohort 2 ($P=0.453$), with a hazard ratio of 1.34. Key adverse events included hematological disorders and infections. Grade 3 or higher infections occurred in 36.7% of the patients in cohort 1 and 20.8% of those in cohort 2.

Conclusion In conclusion, this study demonstrated the safety and effectiveness of the combination of low-dose venetoclax and voriconazole in unfit AML.

PO-0601

急性髓系白血病患者 FAB 分型、年龄、性别与季节因素相关性分析

万星煜、陶廷露、张静、刘水清、张曦

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院血液病医学中心

目的 分析 AML 患者 FAB 分型、年龄、性别与季节因素的相关性，探讨重庆地区 AML 患者发病的性别、年龄特点以及 FAB 分型、季节分布特征。

方法 选取在 2013 年 1 月 1 日至 2023 年 12 月 31 日于新桥医院诊断的 2798 例初诊 AML 及 220 例复发 AML 患者作为研究对象。本次研究对象的纳入标准为：①经骨髓穿刺细胞学确诊为 AML；②可准确判别 FAB 分型。排除标准为：①临床信息不全者；②合并其它恶性肿瘤者；③发病前曾有电离辐射暴露史者。此外，根据确诊日期，将患者区分为不同发病季节：春季（3-5 月），夏季（6-8 月），秋季（9-11 月）及冬季（12-2 月）。根据患者年龄，将患者区分为不同年龄段：未成年（<18 岁），青年（18-30 岁），壮年（31-45 岁），中年（46-65 岁），老年（>65 岁）。应用 SPSS 25.0 分析急性髓系白血病患者 FAB 分型、年龄、性别与季节因素间的相关性。

结果 （1）在初诊患者中，秋季患者 FAB 分型为 M6 型比例显著增高（ $\chi^2=4.317$, $P=0.038$ ）；女性患者在春季初诊的比例显著增高（ $\chi^2=4.456$, $P=0.035$ ）；女性患者 FAB 分型为 M1 型的比例显著增高（ $\chi^2=4.718$, $P=0.030$ ）；未成年患者 FAB 分型为 M1 型的比例显著降低（ $\chi^2=4.090$, $P=0.043$ ），为 M3 型的比例显著增高（ $\chi^2=19.744$, $P=0.000$ ）；青年患者 FAB 分型为 M3 型的比例显著增高（ $\chi^2=15.522$, $P=0.000$ ）；壮年患者 FAB 分型为 M3 型（ $\chi^2=11.957$, $P=0.001$ ）和 M6 型（ $\chi^2=7.884$, $P=0.005$ ）的比例显著增高；老年患者 FAB 分型为 M3 型的比例显著降低（ $\chi^2=52.395$, $P=0.000$ ），为 M1 型（ $\chi^2=8.553$, $P=0.003$ ）、M4 型（ $\chi^2=5.435$, $P=0.020$ ）、M7 型（ $\chi^2=4.754$, $P=0.029$ ）的比例显著增高。（2）在复发患者中，夏季复发患者 FAB 分型为 M5 型的比例显著降低（ $\chi^2=4.434$, $P=0.035$ ）；老年患者 FAB 分型为 M2 型的比例显著增高（ $\chi^2=5.994$, $P=0.014$ ）。

结论 重庆单中心十年来收治 AML 患者的数据表明，AML 的 FAB 分型、年龄、性别和季节因素之间存在一定的相关性，体现了重庆及周边地区 AML 患者的人口学特点。

PO-0602

在慢性髓性白血病慢性期患者中达到主要分子反应后的伊马替尼减量研究。

李宗儒¹、张小帅¹、赵祎婧¹、卢临萍^{2,3}、郭永^{2,3}、Robert Peter Gale⁴、秦亚榛¹、江倩^{1,5}

1. 北京大学人民医院 北京大学血液病研究所 国家血液系统疾病临床医学研究中心

2. 清华大学生物医学工程系

3. 北京新羿生物科技有限公司

4. 伦敦帝国学院免疫和炎症部血液学中心

5. 北京大学人民医院青岛医院血液中心

目的 酪氨酸激酶抑制剂减量是慢性髓性白血病（CML）治疗中维持疗效和减轻不良反应的有效策略。本研究的目的是探索在慢性髓性白血病慢性期（CP-CML）人群中，达到主要分子反应（MMR）后降低伊马替尼剂量的有效性及其影响因素。

方法 本研究回顾性评估了经一线伊马替尼标准剂量（每日 400 毫克）治疗后达到 MMR 的连续受试者的数据。使用 landmark 分析和倾向性评分匹配分析比较了标准剂量组和减量组的治疗结局，使用 COX 回归模型寻找与减量后疗效维持相关的影响因素。

结果 本研究纳入了 716 例受试者，486 例受试者继续标准剂量伊马替尼治疗，而 230 例受试者随后接受了减量治疗。其中，411 例（57%）为男性，中位年龄为 41 岁（四分位数范围[IQR]，30-52 岁）。减量组的受试者年龄较大（ $P < 0.001$ ），初诊白细胞计数较低（ $P < 0.001$ ），使用伊马替尼治疗至达到 MMR 的间隔时间更短（ $P < 0.001$ ）以及随访时间更长（ $P < 0.001$ ）。与标准剂量治疗的受试者相比，伊马替尼减量对后续达到深度分子学反应（BCR::ABL1 转录本降低 4-和 4.5-log，即 MR4 和 MR4.5）或维持 MMR 没有显著影响。然而，在达到 MR4 或 MR4.5 的受试者中，减量组的 MR4（ $P=0.002$ ）和 MR4.5（ $P=0.04$ ）的维持时间显著缩短。在减量组中的多因素分析显示，减量时未能达到 MR4.5（由数字滴液聚合酶链反应（ddPCR）检测的 BCR::ABL1 水平确定）与更短的 MMR 维持时间（风险比[HR]=10.3[1.3,82.9]； $P=0.03$ ）、MR4 维持时间（HR=6.8[2.6,18.0]； $P<0.001$ ）和 MR4.5 维持时间（HR=4.6[1.4,15.1]； $P=0.01$ ）显著相关。另外，减量前 MMR 持续时间 <23 个月与更短的 MMR 维持时间相关（HR=5.8[1.0,33.5]； $P=0.048$ ）；服药至达到 MR4 时间 \geq 个月（HR=2.6[1.1,6.0]； $P=0.02$ ）、减量前 MR4 维持时间 <7 个月（HR=2.5[1.1,5.8]； $P=0.03$ ）与更短的 MR4 维持时间相关。

结论 达到 MMR 后降低伊马替尼剂量并不影响 CP-CML 患者获得更深分子学反应或 MMR 的维持，但会影响 MR4 和 MR4.5 的维持。ddPCR 可帮助识别受益于减量治疗的人群。

PO-0603

PWWP2B 通过 UHRF1-BTG2 轴促进 AML1-ETO 阳性 AML 发生发展

陈瑶、范会涛

哈尔滨医科大学附属第一医院

目的 急性髓系白血病（AML）患者生存率低、易复发，常伴表观遗传异常，去甲基化药物虽可改善患者生存，但易耐药，生存率和缓解率不高，因此，亟需新型表观遗传药物改善 AML 患者生存。

方法 公共数据库分析 H3K36me3 阅读器 PWWP2B 在 AML1-ETO 阳性 AML 患者中的表达及生存；构建 Teton shRNA 诱导敲低、CRISPR/Cas9 敲除、CRISPRi 敲低、CRISPRa 激活及 PWWP2B 质粒过表达回补细胞；转录组测序探究 PWWP2B 对 AML1-ETO 阳性 AML 的促癌机制；细胞增殖、克隆形成、细胞周期、凋亡、分化和小鼠异种移植瘤实验体外和体内验证基因功能。

结果 PWWP2B 在 AML1-ETO 阳性 AML 患者显著高表达, 且提示生存预后差。敲低或敲除 PWWP2B 抑制 AML1-ETO 阳性 AML 细胞在体外和体内增殖, 增强 AML 细胞对传统化疗药的敏感性; 激活 PWWP2B 表达促进 AML 细胞生长。H3K36me3 书写器 SED2 的抑制剂 EZM0414 显著抑制 AML 细胞生长, 诱导凋亡, 且与 PWWP2B 敲低起协同抑癌作用。转录组测序分析差异表达基因显著富集在 DNA 甲基化相关通路。PWWP2B 敲低抑制 DNA 甲基化和组蛋白修饰关键调节蛋白 UHRF1 表达。PWWP2B 敲低、EZM0414 处理或 UHRF1 敲低及敲除均能促进抑癌基因 BTG2 表达, 并抑制 AML 细胞增殖。GEO 分析 BTG2 在 AML 患者中显著低表达, BTG2 敲低促进 AML 细胞增殖。PWWP2B 敲低或 UHRF1 敲除细胞中同时敲低 BTG2, 细胞增殖能力恢复。

结论 PWWP2B 通过 UHRF1 抑制 BTG2 发挥促癌作用, 本研究为治疗 AML1-ETO 阳性 AML 提供新的治疗靶点和策略。

PO-0604

奥雷巴替尼联合化疗治疗伴高危遗传学改变并发生 T315I 突变的 Ph 阳性急性淋巴细胞白血病 3 例并文献复习

吴修进、余霞、姜薇、王冬梅、史丽君、潘亚宁、姜甜甜、王依景、毛娟、魏立
成都市第五人民医院

目的 探讨伴有高危遗传学改变并发生 T315I 突变的 Ph 阳性急性淋巴细胞白血病的治疗。

方法 回顾分析我科 3 例伴高危遗传学改变的 Ph 阳性急性淋巴细胞白血病患者在发生 T315I 突变前后的临床资料, 并对其治疗相关内容进行了文献复习。

结果 3 例患者起病时除存在 Ph1 体染色体及 BCR-ABL 阳性外, 均存在高危遗传学改变, 采用二代 TKI 联合化疗治疗后可迅速达到 CR, 但 MRD 转阴困难, 且较快复发; 复发时 3 例均检出 T315I 突变, 例 2 同时存在 E255V 突变。复发后 3 例均联用奥雷巴替尼及化疗, 1 疗程均达到形态学 CR、MRD 转阴、BCR-ABL 融合基因同步转阴。例 1 因经济原因最后放弃治疗, 例 2 桥接异基因造血干细胞移植治疗, 例 3 病程中出现中枢神经系统白血病, 经联合化疗并多次鞘内化疗后控制, 随后接受异基因造血干细胞移植治疗。

结论 伴高危遗传学改变的 Ph 阳性急性淋巴细胞白血病发生 T315I 突变时接受奥雷巴替尼治疗能快速达到分子生物学缓解; 奥雷巴替尼是否可以一线使用值得进一步探讨。

PO-0605

分析溶酶体基因对急性髓系白血病预后和免疫微环境影响

李建植、李娟
中山大学附属第一医院

目的 本研究运用生物信息学方法, 通过筛选到的溶酶体相关的基因 (Lysosome-related genes, LRGs), 建立一个可以预测急性髓系白血病患者预后模型, 以及利用该预后模型区分高低危患者, 并分析这些 AML 患者免疫微环境差异的内在机制。

方法 ①下载并整理 TCGA 的 AML 患者骨髓样本的表达谱数据, 从 GTEx 下载正常人外周血样本表达谱数据作为正常对照组, 选择 GSE12417 白血病样本作为外部验证组。从 Genecards 数据库中提取溶酶体相关基因, 作为研究的目的基因。②筛选出差异基因, 挑选其中的溶酶体相关基因, 通过 Cox、Lasso 回归的方法, 最后挑选出目的基因用于构建风险预后模型。③依据预后模型将每组患者分成高、低危组, 通过绘制生存曲线、风险曲线及 ROC 曲线, 验证该预后模型可信程度。④比较预后模型与各个临床指标对于患者预后的影响, 并绘制列线图。⑤将两组的差异基因进行功能

富集分析。对高低危组患者运用 ESTIMATE、CIBERSORT 进行免疫浸润分析及比较免疫检查点表达差异，分析不同分组之间的免疫微环境差异。

结果 ①共获 300 个溶酶体相关基因，获得有差异的溶酶体相关基因共 78 个。②进行 Cox-Lasso 回归分析后，构建了一个由 4 个 LRGs 标记的风险评分预后模型。③结果发现高风险患者往往表现出更差的预后。并构建了一个包括多种临床特征的列线图④对差异基因进行基因功能富集分析显示富集在免疫通路。研究结果进一步发现高风险的 AML 患者表现出更程度的免疫浸润。

结论 本研究结果将有助于进一步了解溶酶体基因在 AML 预后和发病机制中的作用，并为其精确预防和治疗提供新颖可靠的生物标志物。这些发现揭示了溶酶体相关基因的模式成功预测患者生存率，表明溶酶体基因在 AML 进展中发挥关键作用。

PO-0606

维奈克拉联合去甲基化药物治疗急性髓系白血病的疗效及安全性分析

热则耶·米吉提、童秀珍、周振海、苏畅、王荷花、刘俊茹、李娟、郑冬
中山大学附属第一医院

目的 本研究旨在分析维奈克拉联合去甲基化药物治疗急性髓系白血病（非 M3）患者的疗效及安全性。

方法 本研究为回顾性研究，研究对象为 2019 年 1 月至 2023 年 12 月于中山大学附属第一医院接受 VEN/CAG 联合 HMAs 方案治疗的 68 例 AML 患者，分析两组患者在缓解率、生存率以及血液学不良反应上的差异。

结果 1.VEN 联合组与 CAG 联合组 cCR 率、MRD 阴性率和 ORR 差异无显著性（80% vs 50%， $P=0.35$ ；70% vs 20%， $P=0.07$ ；90% vs 50%， $P=0.14$ ），但 VEN 联合方案 4 级贫血（45.8% vs 75%， $P=0.075$ ）和 4 级血小板减少（66.7% vs 100%， $P=0.004$ ）发生率较低。巩固治疗期间 VEN 组粒缺持续时间、粒缺性发热及 4 级血小板减少均较 CAG 组少见（ $P=0.004$ 、 $P=0.005$ 、 $P=0.005$ ）。2.VEN 方案用于初治 AML 患者，其 cCR 率（80%、45.5%和 30.8%， $P=0.080$ ）、MRD 阴性率（70%、27.3%和 15.4%， $P=0.005$ ）和 ORR（90%、54.5%和 38.4%， $P=0.051$ ）均优于二线治疗或复发/难治 AML。3.生存分析显示，1 疗程 VEN 后获得 MRD 阴性、cCR、序贯异基因造血干细胞移植的患者 1 年 OS 率明显较高（100% vs 52.6%， $P=0.039$ ；80% vs 49.23%， $P=0.0313$ ；88.8% vs 27.7%， $P=0.0056$ ）；单因素分析显示后二者是生存保护因素。

结论 1.VEN+HMAs 方案与 CAG+HMAs 方案疗效相当，但前者血液学不良反应更少，尤其是巩固治疗期。2.VEN+HMAs 用于一线治疗缓解率更高。3.1 疗程 VEN 治疗后获得 cCR 和序贯异基因造血干细胞移植是生存的保护因素。

PO-0607

儿童前体 B 细胞急性淋巴细胞白血病化疗后合并抗 DPPX 抗体相关脑炎 1 例

郑湧智、郑浩
福建医科大学附属协和医院

目的 探讨儿童前体 B 细胞急性淋巴细胞白血病（BCP-ALL）化疗后合并抗 DPPX 抗体相关脑炎的临床特征及预后。

方法 回顾性分析 1 例 BCP-ALL 化疗后合并抗 DPPX 抗体相关脑炎患儿的临床资料，并复习相关文献。

结果 病史：患儿，女，7 岁，2024 年 2 月 11 日以“确诊白血病 1 月余，反应迟钝、头痛 1 天”为主诉入院。入院前 1 个月余确诊：BCP-ALL（DUX4::IGH 基因融合），予 CCCG-ALL 2020 方案化疗，2024 年 1 月 7 日开始地塞米松减瘤，1 月 11 日开始 PVDL 诱导缓解化疗，期间予腰穿鞘注 2 次，脑脊液常规、生化无异常，脑脊液 MRD 阴性，脑脊液细胞学检查：未检出幼稚细胞。诱导第 19 天骨髓常规提示：红系增生明显，原幼琳占 0.5%；微小残留病（MRD）：0.26%。2024 年 2 月 4 日（诱导第 29 天）开始 CAT 方案化疗（因培门冬酶失活，PVDL 期间未予第 2 次培门冬酶化疗，故在 CAT 方案第 2、6 天加用欧文菌左旋门冬酰胺酶 2 次化疗）。入院前 1 天（CAT 方案第 6 天）出现反应迟钝，对答仍切题，但反应慢，伴有头痛、呕吐，辅助检查：颅+肺部 CT：1.左侧额部颅骨内板下梭形低密度影，增宽的脑沟？硬膜下积液？网膜肿？；2.双侧额顶骨内缘多发结节状低密度灶，考虑蛛网膜颗粒压迹；3.轻度脑萎缩；4.肺部未见明显异常；5.扫及肝脏增大。血常规：WBC $1.51 \times 10^9/L$ ，Hb91.0g/L，PLT $227 \times 10^9/L$ ；CRP 正常；凝血四项：纤维蛋白原 1.65g/L，纤维蛋白单体 16.91ug/ml（升高），FDP 及 D 二聚体均正常，3P 阴性；血生化全套：无异常；眼科会诊示双眼视乳头未见明显异常。脑脊液常规、生化：无异常；脑脊液浓缩找幼稚细胞未检出；脑脊液 MRD 阴性；自身免疫性脑炎抗体筛查（脑脊液）：抗 DPPX 抗体 IgG 阳性 1:1。自身免疫性脑炎抗体筛查（血液）：抗 DPPX 抗体 IgG 阳性 1:32。视频脑电图：异常儿童脑电图：背景波幅明显减低，枕区 α 节律优势不明显，发作间期放电：睡眠期左侧额区可见少量低中幅尖波、尖慢复合波发放。诊治经过：入院后患儿诊治经过：入院后考虑门冬酰胺酶相关颅内静脉窦血栓可能；继续低分子肝素钠抗凝，予咪达唑仑镇静，甘露醇脱水；随后患儿出现认识功能障碍、睡眠障碍，胡言乱语，幻觉，定向力明显下降，四肢肌力明显下降；排除静脉都血栓后停低分子肝素钠，脑脊液及血抗 DPPX 抗体 IgG 阳性结果回报后，考虑合并抗 DPPX 抗体相关脑炎，予静脉免疫球蛋白冲击处理，改咪达唑仑为地西洋口服，患儿认知功能逐渐改善，睡眠节律逐渐恢复，肌力恢复。2 个月后复查脑脊液及血液抗 DPPX 抗体 IgG 阴性，颅脑 MR：左额叶轻度脑萎缩，较前无明显变化；脑电图：正常脑电图。

结论 儿童 BCP-ALL 化疗后合并抗 DPPX 抗体相关脑炎罕见，临床表现缺乏特异性，容易误诊；早期诊断，免疫球蛋白治疗及对症治疗可能有效，总体预后良好。

PO-0608

Venetoclax 增强 NK 细胞抗急性髓系白血病活性及其作用机制研究

郑昌成、汪焱

中国科学技术大学附属第一医院（安徽省立医院）

目的 探究 BCL-2 小分子抑制剂 Venetoclax 对 NK 细胞免疫功能的直接调控作用，并评估其联合 NK 细胞过继转输治疗急性髓系白血病（AML）的潜在效果，为 AML 免疫治疗提供新的临床策略。

方法 采用流式细胞术观察 Venetoclax 预处理对 NK 细胞表型的影响；建立多种异种移植模型进行 NK 细胞过继转输治疗，通过流式细胞术和体内生物发光成像检测肿瘤负荷验证其疗效；采用免疫荧光和细胞亲和力分析仪检测 NK 细胞与 AML 细胞间免疫突触形成能力；采用单细胞转录组测序和能量代谢分析仪检测 Venetoclax 对于 NK 细胞能量代谢的影响。

结果 相对于对照组，Venetoclax 预处理可以显著增强多种来源 NK 细胞体外杀伤 AML 细胞的活性以及体内 AML 细胞的清除能力，并且这种效应可能不依赖于 BCL-2 这一经典靶点。机制上，Venetoclax 能够活化 NK 细胞中 NF- κ B 信号通路并增强线粒体代谢，这提高了 NK 细胞与 AML 细胞的亲和力，并促进了免疫突触形成，从而显著增强 NK 细胞的杀伤效能。单细胞转录组分析发现一特定 NK 细胞亚群，即 CD161^{low}CD218b⁺ NK 细胞，对 Venetoclax 表现出高度敏感性。

结论 BCL-2 小分子抑制剂 Venetoclax 除了经典直接诱导白血病细胞的凋亡之外，还能促进 NK 细

胞中 NF- κ B 信号激活和线粒体代谢,从而增强 NK 细胞与 AML 细胞间亲合力和免疫突触形成,这一作用显著增强了 NK 细胞的抗 AML 效应,为 AML 患者的临床治疗提供新的方向。

PO-0609

急性髓系白血病基因突变特点及其对预后的影响

周迪、杨永公、欧阳建、陈兵
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 随着基因检测技术的发展,分子生物学改变在 AML 的诊断、危险分层及治疗中发挥越来越重要的作用。本研究利用二代测序技术探索本中心初诊 AML 患者基因突变的特点及其对预后的影响。

方法 收集 2017 年 1 月至 2022 年 7 月我中心 107 名初治 AML 患者的临床资料,COX 比例风险模型用于风险因素分析,R 语言软件版本 4.2.1 被用于数据分析和绘图创建。

结果 本研究共入组 107 名初治 AML 患者,男性占比 52.3%,中位年龄 57 岁(13-77 岁),按照 2022 ELN 指南,低危组占 26.2%,中危组占 38.3%,高危组占 35.5%。根据二代测序结果,突变频率大于 10%的基因有 NRAS、NPM1、FLT3-ITD、DNMT3A、CEBPA、IDH1、PTPN11 及 IDH2。按照基因功能分类,年轻患者中信号转导及转录因子基因突变更常见,而在老年患者中表观遗传学修饰基因突变更常见;在低中危组患者中信号转导通路基因突变最为常见,而存在剪接体、细胞周期及 DNA 损伤修复基因突变的患者全部属于高危组。单因素 COX 回归分析示年龄、白细胞计数、是否接受异基因造血干细胞移植、TP53、SF3B1、CBL 基因突变是影响预后的危险因素;多因素 COX 回归分析示是否接受移植、TP53 及 KRAS 突变为影响预后的独立危险因素。

结论 本中心回顾性分析发现不同年龄组及危险分层中基因突变种类具有显著差异;TP53、SF3B1、CBL 及 KRAS 基因突变也与预后相关。

PO-0610

护理干预对成人白血病鞘内注射治疗穿刺疼痛的应用效果。

彭娟
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨护理干预对成人白血病鞘内注射治疗穿刺疼痛的应用效果。

方法 在医院成人血液肿瘤科诊治的白血病患者中选取 90 例作研究对象,并随机分组:对照组(n=45)应用常规护理,研究组(n=45)则加用护理干预,就两组患者穿刺期间疼痛程度、治疗依从性进行统计学分析。

结果 在医院成人血液肿瘤科诊治的白血病患者中选取 90 例作研究对象,并随机分组:对照组(n=45)应用常规护理,研究组(n=45)则加用护理干预,就两组患者穿刺期间疼痛程度、治疗依从性进行统计学分析。

结论 护理干预可以减轻成人白血病鞘内注射治疗穿刺疼痛。

PO-0611

MLL 基因重排急性髓系白血病转录组学特点

周迪、杨永公、欧阳建、陈兵
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 MLL 基因重排 AML 多发于年轻人群，预后不良，尚缺乏有效的治疗靶点。本研究利用转录组测序及大数据分析探索与正常核型 AML 相比其差异表达的基因、转录因子及分子通路，期望为该类难治白血病提供新的治疗思路。

方法 收集核型正常及 MLL 重排的初诊 AML 患者骨髓液各 5 例，利用 RNA Sequencing 技术检测样本转录组表达，以 AnimalTFDB 数据库中信息为参考，鉴定差异表达的转录因子，应用 clusterProfiler 超几何分布算法分析差异基因富集的 GO 功能、KEGG 及 Reactome 通路。

结果 核型正常与 MLL 重排 AML 中显著差异表达的基因前五位分别为 C3orf14、CHCHD10、CT45A10、FBXO27 及 IL2RA；显著差异表达的转录因子前五位分别为 AR、BACH1、CEBPA、ESR2 及 GLIS3。GO 功能富集细胞组分为细胞膜锚定成分，分子功能为钙依赖性磷脂结合，生物过程包含多种磷酸核苷代谢，最终聚焦于 ATP 代谢及氧化磷酸化。差异基因 KEGG 功能富集分析示显著变化的通路有产热、氧化磷酸化、内质网蛋白质加工。Reactome 功能富集结果示显著变化的通路有 TCA 循环及线粒体呼吸电子传递链、线粒体蛋白翻译。

结论 通过比较核型正常及 MLL 重排 AML 转录组学特点，两组信号通路差异聚焦于线粒体内 ATP 代谢及氧化磷酸化，提示线粒体及其功能发挥在 MLL 重排 AML 中起到关键作用，进一步探索相关分子机制将为该类白血病靶向治疗提供更多理论支持。

PO-0612

可溶性 CD40 配体通过长链非编码 RNA01234 影响 HL-60 细胞的生物学功能

封忠昕
贵州医科大学附属医院

目的 探讨可溶性 CD40 配体通过长链非编码 RNA01234 对 HL-60 细胞生物学功能的影响及其机制。

方法 体外构建长链非编码 RNA01234 过表达和干扰重组质粒，转染 HL-60 细胞后定量 PCR 检测转染效率。将 HL-60 细胞分为空白对照（Control）组、阴性对照（NC）组、长链非编码 RNA01234 过表达组、长链非编码 RNA01234 干扰组、空载+可溶性 CD40 配体（NC+可溶性 CD40 配体）组、长链非编码 RNA01234 过表达+可溶性 CD40 配体组和长链非编码 RNA01234 干扰+可溶性 CD40 配体组。定量 PCR 检测长链非编码 RNA01234 的表达，MTT 检测细胞增殖能力，流式检测细胞周期和细胞凋亡情况，定量 PCR 和 Western blot 检测 Bax、p21、Bcl-2、p-PI3K-l、p-Akt、p-mTOR mRNA 和蛋白表达水平。

结果 与 Control 和 NC 组相比，长链非编码 RNA01234 组细胞增殖能力显著升高（ $P<0.01$ ），细胞凋亡率显著降低（ $P<0.01$ ），细胞生长显著促进（ $P<0.01$ ），Bcl-2、p-PI3K-l、p-Akt、p-mTOR mRNA 和蛋白表达水平显著升高（ $P<0.01$ ），Bax、p21 mRNA 和蛋白表达显著降低（ $P<0.01$ ）；Si 长链非编码 RNA01234 组趋势相反。可溶性 CD40 配体干预后，细胞增殖能力显著降低（ $P<0.01$ ），细胞凋亡率显著升高（ $P<0.01$ ），Bax、p21 的 mRNA 和蛋白表达显著升高（ $P<0.01$ ），Bcl-2、p-PI3K-l、p-Akt、p-mTOR 的 mRNA 和蛋白水平显著降低（ $P<0.01$ ）。

结论 可溶性 CD40 配体通过长链非编码 RNA01234 抑制 HL-60 细胞的生长和增殖，促进 HL-60 细胞凋亡，其机制可能与可溶性 CD40 配体介导长链非编码 RNA01234 调控 PI3K/Akt 信号通路有关。

PO-0613

儿童样方案可以减少成人急性淋巴细胞白血病的中枢复发

梁海梅、周红升
南方医科大学南方医院

目的 儿童样方案极大延长了成人急性淋巴细胞白血病(ALL)的生存。本研究探讨儿童样方案能否减少成人 ALL 的中枢复发, 分析成人 ALL 中枢复发的影响因素。

方法 回顾性分析南方医科大学南方医院血液科 2006 年 1 月至 2021 年 12 月诊断的 ALL 患者 1005 人的临床资料, 将患者分为成人方案队列和儿童样方案队列。

结果 两组队列基线特点等差异无统计学意义(表 1), 儿童样方案队列中移植比例较高且有统计学意义。成人方案队列 67 名(11.92%)患者中枢复发; 儿童样方案队列 29 名(7.71%)患者中枢复发, 显著低于成人方案队列($P=0.037$) (图 1)。在移植人群中, 成人方案队列 26 名患者(9.32%)中枢复发; 儿童样方案队列 11 名患者(4.74%)中枢复发, 显著低于成人方案队列($P=0.047$)。多因素分析发现发病时高白细胞($P<0.001$)、高 LDH ($P<0.001$) 是中枢复发的高危因素, 儿童样方案($P=0.036$)、移植($P=0.002$)可以减少中枢复发(表 2)。

结论 儿童样方案显著减少成人 ALL 中枢复发。发病时高白细胞、高 LDH 是中枢复发的高危因素, 采用儿童样方案、移植可以减少中枢复发。

PO-0614

CEBPA 基因突变特征及对 AML 预后的影响

邬成业、李玉龙、董晓燕、张琳、商保军、朱尊民
河南省人民医院

目的 分析急性髓系白血病(AML)患者 CEBPA 基因突变的分子特征及其临床特点和预后意义。

方法 收集 2018 年 12 月至 2023 年 12 月在我院有二代基因测序数据的 162 例伴 CEBPA 基因突变的 AML 患者临床资料, 回顾性分析 CEBPA 基因突变特征与临床和实验室参数之间的关系及对无事件生存(EFS)和总生存(OS)期的影响。

结果 结果 162 例伴 CEBPA 突变的 AML 患者中, 有 101 例(62.4%)涉及 bZIP 区域突变, 其中框内插入/缺失突变 66 例(双突变 61 例, 单突变 5 例), bZIP 区域终止或错义突变 35 例。bZIP 区域框内插入/缺失突变与其他类型突变患者相比, 患者年龄更小($P=0.012$), 初诊时外周血白细胞数量更低($P=0.023$), 而血红蛋白量、血小板数量、骨髓原始细胞比例、融合基因的表达均无明显差异。框内插入/缺失突变亚组患者 GATA2 基因突变率明显升高($P=0.018$)。单因素分析中, 只有涉及 bZIP 区域框内插入/缺失突变患者具有更长的无事件生存期和总生存期($P=0.011$, $P=0.003$)。

结论 CEBPA bZIP 区域框内插入/缺失突变与其他类型的突变相比具有独特的生物学特性和临床预后。无论等位基因状态如何, CEBPA bZIP 区域框内插入/缺失突变都定义了独特的亚组, 该亚组以较年轻的年龄和特定的 GATA2 共突变为特征, CEBPA bZIP 区域框内插入/缺失突变可作为 AML 患者个体化治疗的一个分层依据, 有待进一步的分子机制研究。

PO-0615

急性早幼粒细胞白血病继发骨髓纤维化 1 例

叶少杰、柳嘉、王静、郭慧梅、赵松颖、薛华
河北大学附属医院

目的 加强对急性早幼粒细胞白血病继发骨髓纤维化的诊断及治疗的认识。

方法 回顾性分析 2023 年 10 月河北大学附属医院收治的 1 例急性早幼粒细胞白血病继发骨髓纤维化患者的临床资料、诊治过程及预后转归，并复习相关文献。

结果 患者全血细胞减少起病，外周血可见早幼粒细胞，完善骨穿示干抽，活检示 MF-3 级，无肝脾大，MPN 相关基因阴性，诊断急性早幼粒细胞白血病继发骨髓纤维化，通过针对急性早幼粒细胞白血病的有效治疗后，骨髓纤维化程度随着急性早幼粒细胞白血病的缓解降至 1 级，期间基因转阴后出现原始细胞比例升高，免疫组化示幼稚细胞标记表达率极低，随着后续治疗，原始细胞比例降至正常。

结论 急性早幼粒细胞白血病可继发性骨髓纤维化，随着原发病的治愈而缓解。

PO-0616

血清 γ -谷氨酰转肽酶/白蛋白比值（GAR）： 急性髓系白血病预后评估的新视角

宋敏^{1,2}、孙晓嫚^{2,3}、王鹏宇^{1,2}、朱尊民^{1,2}、时杰^{1,2}

1. 郑州大学人民医院

2. 河南省人民医院

3. 河南大学人民医院

目的 血清 γ -谷氨酰转肽酶与白蛋白比值（GAR）是一种新颖的反映肿瘤患者营养和炎症状态的生物标志物。本研究旨在探讨 GAR 在初诊非 M3 急性髓系白血病（AML）患者中的预后作用，并评估其作为预后生物标志物的潜力。

方法 回顾性分析了 2019 年 2 月至 2023 年 5 月在郑州大学人民医院血液科接受系统治疗的 162 例初诊 AML 患者。所有患者在确诊时进行了血清 γ -谷氨酰转肽酶（GGT）和白蛋白（Alb）水平测定。根据 GAR 的四分位数，患者分为高比值组（ ≥ 0.74 ）和低比值组（ < 0.74 ）。利用 Kaplan-Meier 方法分析生存曲线，并通过多因素 Cox 比例风险模型评估 GAR 对总生存期（OS）和无进展生存期（PFS）的影响。

结果 高 GAR 组与初诊 AML 患者的不良预后显著相关。高 GAR 组的中位 OS 为 425 天（ $P < 0.0026$ ），中位 PFS 为 352.5 天（ $P < 0.0032$ ），均明显短于低 GAR 组。多因素 Cox 分析显示，GAR 是 OS 和 PFS 的独立预后因素，其风险比（HR）分别为 4.12（95% CI 1.3~13.06， $P=0.016$ ）和 4.16（95% CI 1.33~12.99， $P=0.014$ ）。在调整了年龄、ALT、AST、CRP、染色体核型、2022ELN 分型、移植与否和治疗方式后，GAR 对 OS 和 PFS 的影响仍然显著。

结论 本研究首次提出 GAR 作为 AML 患者预后评估的生物标志物，为 AML 的预后评估提供了新的视角。高 GAR 值提示预后不良，可能为初诊 AML 患者的临床治疗策略提供额外的预后信息。

PO-0617

慢性髓性白血病患者不同危险分层系统 对预后预警效能的分析比较

刘嘉榆、郝思国

上海交通大学医学院附属新华医院

目的 在初诊的慢性髓性白血病（chronic myeloid leukemia, CML）患者群体中，探究各种基线预后评分对酪氨酸激酶抑制剂（tyrosine kinase inhibitors, TKIs）治疗效果及患者生存时间预测的准确性和有效性。

方法 对上海交通大学医学院附属新华医院在 2013 年 1 月至 2023 年 7 月期间确诊的 52 名初诊慢性髓性白血病（CML）患者进行回顾性研究，在治疗开始前，使用 Sokal 评分、Hasford 评分、EUTOS 评分、EUTO 长期生存评分(EUTOS long-term survival score, ELTS)及伊马替尼治疗失败（imatinib therapy failure, IMTF）评分对患者进行危险分层，随后这些患者均接受了一线伊马替尼治疗。分别比较各危险分层下患者治疗后的细胞遗传学、分子学缓解和生存与五种积分系统的符合率。

结果 在 52 例患者中，Sokal 评分能较好地预测 CML 患者的完全细胞学反应的累积发生率（ $p=0.036$ ），ELTS 评分系统能较好地预测 CML 患者完全细胞学反应（ $p=0.006$ ）、分子学反应 4 的累积发生率（ $p=0.009$ ）和总生存率（ $p=0.037$ ），IMTF 预测模型能较好地预测 CML 患者的完全细胞学反应（ $p=0.036$ ）、主要分子学反应（ $p=0.032$ ）、分子学反应 4 的累积发生率（ $p=0.007$ ）和总生存率（ $p=0.004$ ），而 Hasford 评分、EUTOS 评分系统对这些疗效均未见显著的预测价值（均 $p>0.05$ ）。

结论 ELTS 评分和 IMTF 预测模型对于一线伊马替尼治疗的初诊 CML 患者有较好的预后预警效能。

PO-0618

Inhibition of CD38 enzymatic activity enhances CAR-T cell immunotherapeutic functions through CD38/cADPR/Ca²⁺ axis and CD38/NAD⁺/SIRT1 signal

Yue Huang, He Huang

The First Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine

Objective The impressive efficacy of CAR-T therapy for treating acute lymphoblastic leukemia, non-Hodgkin lymphoma, and multiple myeloma leads to FDA marketing approval of CAR-T products. Nonetheless, less than 50% of patients achieve sustainable disease control and others experience inadequate T cell potency to eradicate solid tumor cells. T cell exhaustion hinders the efficacy of CAR-T cells driven by excessive CAR signaling due to a high antigen burden or by constant signaling resulting from the CAR receptor aggregation in an antigen-independent manner. Omics-based analyses of in vitro exhausted T cell models and patient-derived tumor-infiltrating lymphocytes (TILs) have identified a series of genes that regulate T cell exhaustion. Genome-wide CRISPR-Cas9 knockout and knockin screening have also demonstrated potential targets to regulate CAR-T cells' durability and long-term cytotoxic function.

Methods We pretreated CAR-T cells with small molecule CD38 inhibitors for 72h after CAR-T cell sorting. Flow cytometry was performed to detect cell phenotypes including cell differentiation (CD62L, CD45RO), cell activation (CD25, CD69), and cell exhaustion (PD-1, LAG-3, TIM-3). Luciferase-based cytotoxicity assay was employed to evaluate the cytolytic ability of CAR-T. We established the B-ALL NSG mice model with the inoculation of 1×10^6 luciferase/GFP/Nalm6

cells by tail vein injection followed by intravenous injection of 1×10^6 mCherry/CAR-T cells 5 days later. Leukemia progression was measured weekly by bioluminescence imaging.

Results First, we re-analyzed our recently published scATAC-seq data from two patient-derived CAR-T cells at the expansion peak stage and the later declining stage. CD38 is highly expressed together with other widely defined key factors including TOX, CTL4, BATF, and IRF4 in exhausted CD8+ cells, and is positively correlated with exhaustion score.

Then we treated CD19-41BB ζ , CD19-28 ζ , and HA-28 ζ CAR-T cells with small molecule CD38 inhibitors. All three inhibitors enable CAR-T cells to maintain the naïve state (Tn) and central memory state (Tcm). CD38 inhibitors also endowed CAR-T cells with lower expression of activation markers CD25 and CD69, and inhibitory receptors PD-1, TIM-3, and LAG-3. When facing an exhaustion-inducing condition (low E:T ratio at 1:10 and multiple rounds of tumor challenge), CD38-inhibited CAR-T cells demonstrated significantly marked enhancement in cytotoxicity.

In a model wherein NSG mice were inoculated with Nalm6-GFP leukemic cells and 5 days later infused with CD38-inhibited CD19-41BB ζ CAR-T cells, we observed enhanced tumor control and prolonged survival. The superiorly expanded CAR-T cells were endowed with fewer exhaustion characteristics, representing diminished co-expression of multiple inhibitory receptor markers. Finally, we found that the CD38 inhibitor could encounter CAR-T cell exhaustion and improve therapeutic efficacy via CD38-cADPR-Ca²⁺ signaling downregulation and CD38-NAD-SIRT1 axis activation.

Conclusion We present evidence that CD38 may serve as a potential molecular target for regulating CAR-T cell exhaustion. CD38 inhibition encounters CART cell exhaustion and significantly boosts the efficacy of CAR-T cells against hematological malignancies in vitro and in vivo, which constitutes a promising option for CAR-T function enhancement.

PO-0619

DCAG 方案联合脐血微移植治疗初诊老年急性髓系白血病

洪鸣、刘文洁、孙倩、钱思轩
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 探讨 DCAG 方案（地西他滨、阿柔比星、阿糖胞苷、粒细胞集落刺激因子（G-CSF））联合非血缘脐血微移植治疗初诊老年急性髓系白血病（AML）的疗效及安全性。

方法 前瞻性分析 2019-5 至 2023-5 在南京医科大学第一附属医院血液科接受 DCAG 方案联合非血缘脐血微移植（微移植组）及 DCAG 方案治疗（化疗组）的初诊老年 AML 患者（60 岁）的疗效、治疗前后 T 细胞及 NK 细胞功能及不良反应。具体方案：微移植组患者诱导及巩固化疗均采用 DCAG 联合脐血微移植，化疗结束 24~72h 输注非血缘脐血一份，相合程度 0~6/10，脐血有核细胞计数 $(2.0 \pm 25\%) \times 10^7/\text{kg}$ 受者体重；化疗组采用 DCAG 诱导治疗 1~2 疗程，CR 患者巩固治疗 4~6 疗程。（ChiCTR1900024089）

结果 微移植组及化疗组各纳入 54 例患者，两组患者中位年龄、ELN 危险度分层无显著性差异。微移植组一疗程 CR 率明显优于化疗组（81.5% vs 63%， $P < 0.0001$ ）。流式细胞术、质谱流式检测微移植组治疗后 T 细胞及 NK 细胞功能较前增强。微移植组患者在脐血输注后 2 至 4 周检测到应用实时荧光 PCR 方法检测供受者微量嵌合（0.004%~0.038%）。微移植组 3 例患者发生脐血输注时的过敏反应，经处理后均好转。微移植组感染率低于化疗组。

结论 DCAG 方案联合非血缘脐血微移植治疗初诊老年急性髓系白血病安全有效。

PO-0620

1 例达沙替尼治疗 Y253H 阳性慢性粒细胞性白血病致体液储留的护理体会

姚培芬

中国人民解放军联勤保障部队第九八〇医院

目的 探讨国产达沙替尼治疗 Y253H 阳性慢性粒细胞性白血病出现体液储留的相关护理。方法 达沙替尼治疗慢性粒细胞白血病期间会出现胸腔积液、心包积液等不良反应，通过有效的治疗，实施正确的饮食护理、用药管理，个性化的心理护理。结果 该病人半月后复查胸部 CT 及心脏超声，胸水及心包积液消失；再次口服达沙替尼治疗未再出现胸水及心包积液症状。随访至今病人病情平稳。结论 达沙替尼治疗慢性细胞性白血病期间，应密切观察病情，如发生严重水钠潴留情况应及时处理，调整治疗，制定个性化护理方案，保证临床用药安全性。

方法 1 例患者，女性，59 岁，主因间断腹胀 2 月，加重 1 月入院。缘于入院前 2 月患者无明显原因出现腹胀，未引起患者注意，之后腹胀症状加重就诊于我院，经过治疗 3 个月，6 个月，12 个月及 18 个月效果比较

结果 该病人半月后复查胸部 CT 及心脏超声，胸水及心包积液消失；再次口服达沙替尼治疗未再出现胸水及心包积液症状。随访至今病人病情平稳

结论 慢性粒细胞性白血病（CML）是一种源于造血干细胞的恶性克隆性疾病，可形成特征性的费城染色体（ph）和 BCR-ABL 融合蛋白，后者可通过持续激活的酪氨酸激酶活化下游多条信号转导通路，促进白血病细胞的增殖和凋亡耐受，从而导致 CML 的发生和发展 [9]。对于存在 F317L/L、V299L、T315A 突变，且对于有水钠潴留、胸腔积液、肺动脉高压、胸科病史、免疫病史、出血事件、心脏疾病病史的病人，选择尼罗替尼更容易获得临床疗效。此慢粒病人，依据用药指南，起初选用尼洛替尼 0.4g 2/日 口服，出现 Y253H 耐药基因阳性时，更换为达沙替尼 100mg/日 口服，后获得完全血液学缓解。

达沙替尼治疗过程中的主要不良反应主要分为 2 类：血液学及非血液学不良反应。血液学不良反应主要表现为贫血、白细胞尤其是中性粒细胞（ANCA）减少以及血小板减少 [10]。非血液学的表现胸腔积液、心包积液、肺动脉高压、腹泻、肌肉酸痛、生化代谢异常、外阴溃疡等。该病人主要表现为体液潴留。慢粒慢性期的病人体液潴留的发生率为 15.3%，加速期为 24%，急变期为 21.6%。慢粒慢性期的病人胸腔积液的发生率为 15.3%，加速期为 20%，急变期为 21.6%。慢粒慢性期的病人充血性心衰的发生率为 1.7%，急变期为 2.7%。体液潴留的处理原则：患者治疗过程中出现呼吸困难或干咳应当进行胸部 X 线的检查；常规处理方法支持治疗，包括利尿剂和短期的激素治疗；重度的胸腔积液可能需要接受胸腔穿刺或吸氧；年龄大于 65 的患者出现体液潴留或呼吸困难时，应当对其进行严密的观察；我们这例慢粒病人，给予停药及利尿对症处理后胸腔积液消失。针对此类病例护理要点包括：预防感染、呼吸道的护理、发生胸腔积液及心包积液的护理、提供针对性个性化的心理护理、做好用药指导及出院宣教。

PO-0621

mRNA-Laden Lipid-Nanoparticles-Enabled CAR-T Cells Engineering for the eradication of leukemic cells

Zhaozhao Chen^{1,2}, Yu Hu^{1,2}, Heng Mei^{1,2}

1. Institute of Hematology, Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

2. Hubei Clinical Medical Center of Cell Therapy for Neoplastic Disease

Objective With the continuous approval and commercialization of chimeric antigen receptor T cell (CAR-T) products worldwide, CAR-T therapy has emerged as a promising approach for treating malignant tumors. However, these viral-vectors-based CAR-T cells are of close-to-prohibitive manufacturing costs, and the risks of insertional mutagenesis and secondary tumor formation. Messenger RNA (mRNA) delivery through lipid nanoparticles (LNPs) presents a novel strategy to engineer CAR-T cells, potentially reducing production costs and improving treatment-related safety, while maintaining anti-tumor activity. In this study, we developed an innovative approach for engineering CD19 CAR-T cells using mRNA-LNPs, and the anti-leukemic cells effects of CAR-T cells were validated in both in vitro and in vivo settings.

Methods We optimized the LNP-based transfection protocol to efficiently deliver mRNA encoding CAR constructs into T cells, resulting in robust expression of the CAR molecules on the cell surface. The engineered CAR-T cells were then evaluated for their ability to eradicate tumor cells in vitro and in vivo. We evaluated cytokine secretion and cytotoxic activity through co-culture with target cells (Raji cells) in vitro. Furthermore, we introduced mRNA-LNP engineered CAR-T cells into NOD-scid-IL2R γ null (NSG) mice engrafted with Raji-luc cells, and dynamically monitored changes in tumor burden using in vivo bioluminescence imaging.

Results Our results demonstrate that mRNA-LNPs efficiently transfect T cells, leading to high expression levels of CAR molecules. Moreover, CAR-T cells engineered using mRNA-LNPs exhibit potent cytotoxicity against tumor cells in vitro, as evidenced by increased tumor cell killing compared to traditional CAR-T cells. Furthermore, in a xenograft mouse model of Raji cells, administration of mRNA-LNP-enabled CAR-T cells resulted in significant tumor regression and prolonged survival of treated animals.

Conclusion This study highlights the potential of mRNA-LNP transfection for CAR-T cell therapy in eradicating tumor cells. The innovative approach described here offers a promising strategy for improving the clinical outcomes of CAR-T cell therapy and advancing the field of cancer immunotherapy.

PO-0622

接受含有维奈克拉方案治疗失败的急性髓系白血病患者 临床特征——一项单中心的回顾研究

李霄雨、湛颖、张晓蕾、聂子元、任金海、郭晓玲
河北医科大学第二医院

目的 通过回顾急性髓系白血病 (AML) 患者应用含有维奈克拉诱导治疗或挽救治疗失败的患者临床特征, 旨在寻找 AML 患者接受 VA 方案疗效评估的有效预测指标。

方法 回顾我中心 2021 年 3 月至 2023 年 2 月期间接受 VA 方案治疗的 169 例初诊及复发/难治的 AML 患者的临床资料, 对应用 1 疗程包含维奈克拉方案治疗后治疗失败 (未到 CR/CRi 的患者) 和治疗缓解 (CR/CRi) 的 AML 患者的临床特征进行单因素分析。

结果 169 例 AML 患者中, 1 疗程应用包含维奈克拉方案方案诱导/挽救治疗后失败率 23.07%, 缓

解率为 76.93%，治疗有效患者的中位 OS 为 24 个月，失败患者中位 OS 为 8 个月；93 例初诊 AML 患者 1 疗程诱导治疗有效率为 84.95%，失败率 15.05%；76 例 R/R AML 患者应用包含维奈克拉方案进行挽救治疗，1 疗程治疗缓解率为 50.99%，失败率 49.01%；对所有患者临床资料进行单因素分析，结果证实，患者年龄、性别、初诊时白细胞计数、危险度分层、ECOG 评分、基因突变个数、是否伴有融合基因等均不影响维奈克拉方案诱导/挽救治疗疗效；而对于非继发 AML、不伴有复杂核型、以及伴有 DNMT3A 及 NPM1 突变的 AML 患者，1 疗程应用包含维奈克拉方案治疗失败率更低，缓解率更高，具有统计学意义。

结论 对于非继发 AML、不伴有复杂核型、以及伴有 DNMT3A 及 NPM1 的 AML 患者应用包含维奈克拉方案诱导/挽救治疗 1 疗程治疗失败率更低，缓解率更高，该研究为 AML 患者应用维奈克拉治疗提供了有效的疗效预测指标。

PO-0623

BCAT1 介导支链氨基酸代谢重编程促进 儿童 AML 化疗抵抗的机制和功能研究

雷奕辰、刘爱国

华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 难治和复发是儿童急性髓系白血病化疗治疗失败的主要问题，严重影响患儿长期生存质量。肿瘤细胞通过代谢重编程增加对化疗细胞毒性的适应性以生存。本研究旨在揭示 BCAT1 驱动肿瘤细胞代谢重编程促进儿童 AML 复发的重要作用及分子机制并论证靶向 BCAT1 优化标准化疗的可行性和有效性。

方法 本课题从儿童白血病实际临床问题出发，利用公开数据及本院数据明确 BCAT1 对 AML 患儿的临床意义以及骨髓微环境的细胞定位，并利用白血病小鼠骨髓移植模型、细胞株为研究对象，运用非靶代谢组、转录组、表观组测序、Seahorse、同位素示踪等技术揭示 BCAT1 介导 AML 代谢重编程诱导耐药的分子机制。

结果 公共数据及本院患儿转录组数据显示 BCAT1 表达水平在复发/难治 AML 患儿中表达增高，并且初诊时表达越高，预后越差。BCAT1 高表达组的患儿甲基化水平较高。在单细胞水平上 BCAT1 特定表达在 HSC、progenitor-like 样细胞上且复发时表达水平进一步增高且 LSC 呈现支链氨基酸代谢偏好性。抑制 LSC BCAT1 表达可提高白血病小鼠模型生存率及细胞的耐药性。这一适应过程涉及 BCAT1 介导支链氨基酸代谢增加从而增加细胞甲基化水平增加其耐药性。在高表达 BCAT1 的复发患者来源的异种移植小鼠模型（PDX）中，证实了化疗联合去甲基化药物可延长小鼠的生存时间。

结论 BCAT1 是复发 AML 患儿的潜在重要代谢靶点。BCAT1 表达上调对儿童白血病化疗效果不佳，复发风险增加有重要的提示作用。联合 BCAT1 靶向治疗可增敏化疗；化疗期间饮食限制支链氨基酸摄入对化疗有增益作用，该研究为儿童复发难治 AML 临床转化探索性研究提供新的思路。

PO-0624

氟马替尼治疗伴 ABL1 激酶 P-Loop 区 G250E 突变的慢性髓性白血病 2 例并文献复习

宋斌、陈雁、张霞、常娟
十堰市太和医院（湖北医药学院附属医院）

目的 探索氟马替尼治疗伴 ABL1 激酶 P-Loop 区 G250E 突变的慢性髓性白血病慢性期（CML-CP）患者的疗效及不良反应。

方法 回顾性分析作者医院 2 例氟马替尼治疗伴 ABL1 激酶 P-Loop 区 G250E 突变的 CML-CP 患者临床资料，并复习相关文献。

结果 一例 CML-CP 患者伊马替尼（400mg/d）一线治疗 6 个月后达最佳反应，但伊马替尼治疗 12 月后治疗失败并检测出 ABL1 激酶 P-Loop 区发生 G250E 突变，转换为氟马替尼（600mg/d）治疗 12 月后达 MMR，患者在氟马替尼治疗期间不良反应为呕吐，为 1 级且持续时间短，未出现因不良反应导致的药物剂量减少和停药。另一例 CML-CP 患者伊马替尼（400mg/d）一线治疗 6 个月后因不耐受转化为达沙替尼（100mg/d），达沙替尼治疗 12 月后治疗失败并检测出 ABL1 激酶 P-Loop 区发生 G250E 突变，转换为氟马替尼（600mg/d）治疗 6 个月后达 MMR，患者在氟马替尼治疗期间不良反应为下肢疼痛，为 1 级且持续时间短，未出现因不良反应导致的药物剂量减少和停药。

结论 氟马替尼可克服由 ABL1 激酶 P-Loop 区 G250E 突变所导致的耐药性，且安全性良好，但由于目前研究的病例数有限，需积极积累病例进行疗效的观察，并进行总结以指导临床用药。

PO-0625

Efficacy and safety of maintenance therapy with azacitidine for AML and MDS

Wensi Qian¹, Yanhui Xie¹, Lihua Sun², Li Yang³, Jiexian Ma¹, Min Wu¹, Pingping Chen¹, Zilan Huang¹, Wulipan Fulati¹, Mingyue Chen¹, Lin Shen¹

1. Huadong Hospital Affiliated to Fudan University

2. Qingpu Branch of Zhongshan Hospital Affiliated to Fudan University

3. Tongren Hospital Affiliated to Shanghai Jiao Tong University

Objective The purpose of this study is to evaluate the efficacy and safety of maintenance therapy with azacitidine in patients with AML and MDS who have achieved remission with first-line therapy.

Methods The study included 21 patients who started Azacitidine maintenance therapy from July 1, 2020, to July 31, 2023, who were patients with AML (non-acute promyelocytic leukemia) and MDS who had achieved remission with first-line therapy. We collected clinical data from the patients and observed their efficacy and adverse effects after maintenance therapy. The Kaplan-Meier method was used to analyze patients' survival and calculate their overall survival time and progression-free survival.

Results The median age of the 21 patients was 64.5 (35-80) years. There were 17 patients with AML and 4 patients with MDS. 13 patients completed 6 cycles of azacitidine maintenance therapy, 2 (15.38%) patients were positive for MRD, and 11 (84.62%) patients were negative for MRD. 7 patients completed 12 cycles of azacitidine maintenance therapy and 7 (100%) patients were negative for MRD. Follow-up was until October 1, 2023, with a median follow-up time of 26.67 months, a median PFS of 21.7 months, and a 1-year PFS rate of 72.50%, the median OS was not reached, and the 1-year OS rate was 94.12%. Maintenance of pretreatment bone marrow MRD

status did not affect patients' PFS and OS. In terms of safety, 85.71% (18/21) of patients had adverse events of varying severity. The most common hematologic adverse events were neutropenia (61.11%), anemia (22.22%), and thrombocytopenia (11.11%), respectively. A total of 4 patients (22.22%) experienced grade 3-4 neutropenia.

Conclusion Maintenance therapy with azacitidine in patients with AML and MDS who are in remission with first-line therapy reduces the rate of relapse, improves patient survival, and has a tolerable safety profile.

PO-0626

真实世界中维奈克拉联合方案 治疗 unfit-急性髓系白血病的回顾性分析

岳婷、秦雪梅、袁成录、郭冬梅
山东大学齐鲁医院（青岛）

目的 探索真实世界中维奈克拉联合方案治疗不适合强化疗方案的初治及复发难治急性髓系白血病（unfit-AML）的疗效、预后及安全性。

方法 回顾性分析山东大学齐鲁医院（青岛）2021年10月-2023年1月维奈克拉联合方案治疗的40例 unfit-AML 患者的临床资料，分析疗效、安全性等因素。

结果 29例初治者中位年龄65岁（39-86岁）。维奈克拉联合方案以联合阿扎胞苷为主，占82.8%（22/29例）。平均使用疗程数3.33疗程，CR+CRi: 79.1%（1疗程后CR+CRi 75%），1疗程后MRD转阴率29.2%。11例复发难治者中位年龄59岁（40-74岁），维奈克拉联合阿扎胞苷占72.7%（8/11例）。CR+CRi: 36.4%，MRD转阴率0.09%。CR和MRD阴转率均随着疗程增加逐渐增加。获得CR和MRD阴性患者PFS更有优势。中位随访10个月，中位OS 12个月，中位PFS 7个月，中位缓解持续时间6.0个月。其中10例 unfit-AML 患者诱导治疗CR后策略性调整治疗方案，复发率明显低于CR后未调整方案者（ $p < 0.0001$ ，未调整治疗方案者中位复发疗程数4个疗程）。≥3级不良反应主要为骨髓抑制、粒缺伴发热及肺部感染。

结论 真实世界中维奈克拉联合方案一线治疗 unfit-AML 安全有效，疗效受缓解深度影响，策略性治疗方案的调整，可给患者带来长期生存获益。

PO-0627

NUP98 融合蛋白在髓系肿瘤中的临床特征和分子机制探索

向昕蓉、吴侯、赵磊
四川大学华西医院

目的 成人急性髓系白血病（AML）中不乏出现涉及核蛋白98（NUP98）的融合蛋白，并与不良预后有关。相较于儿童AML，由于缺乏对成人AML中NUP98融合依赖这类病人的全面的分子机制和临床特征的深入了解，因此无法开发出合理的靶向疗法。

方法 临床研究部分回顾性纳入1809例就诊于华西医院血液科的AML和MDS以及粒细胞肉瘤患者作为研究对象。38例携带NUP98融合基因的

分子机制部分建立了多个可调节NUP98-HOXA9表达的AML细胞模型，除了常规生物技术手段外，结合NUP98融合蛋白的转录组测序和CHIP-seq，免疫共沉淀，共聚焦细胞亚定位，转基因小鼠等方法进行全面探索。

结果 1809例患者中检测到38例NUP98融合蛋白阳性患者，共鉴定出10个NUP98融合的伴侣蛋白，其中成人AML中以NUP98-HOXA9融合最为常见。FAB分型多为M2型和M4型，常协同

FLT3-ITD, WT1 和 DNMT3A 突变且预后极差。

分子机制部分多个可调的 NUP98-HOXA9 的 AML 细胞模型都表现出分化阻滞表型, 通过整合 RNA-seq 和 CHIP-seq, 我们确定了 NUP98-HOXA9 融合蛋白的核心直接转录靶点。其中, PBX3 在 NUP98-HOXA9 转基因小鼠和人 AML 样本中高表达。PBX3 的缺失显著恢复 NUP98-HOXA9 融合驱动的分化阻滞。

结论 以上发现表明 NUP98-HOXA9 融合蛋白可作为转录因子结合于 PBX3 基因的启动子区域, 启动 PBX3 基因的异常转录, 继而造成 AML 细胞分化阻滞。确定 PBX3 是 NUP98-HOXA9 融合蛋白的一关键直接靶点, 对 NUP98-HOXA9 阳性的 AM 患者考虑选择 PBX3 作为临床治疗靶点的可能性。

PO-0628

多参数流式细胞术动态监测老年急性髓系白血病微小残留病灶的临床预后分析研究

孙悦、钟华

上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 探讨多参数流式细胞术动态监测老年急性髓系白血病 (AML) 患者微小残留病灶 (MRD) 对患者临床预后的预测意义。

方法 选取 2020 年 9 月至 2023 年 12 月上海交通大学医学院附属仁济医院血液科收治的 47 例老年急性髓系白血病患者 (≥ 60 岁) 临床资料, 患者均予低强化治疗方案, 依据每次随访时 MRD 变化趋势不同分为 MRD 由阳性转阴性组、MRD 由阴性复转阳性组、MRD 持续阳性组。比较三组患者的总生存期 (OS)、无病生存期 (DFS) 数据差异。

结果 生存分析结果表明, MRD 由阳性转阴性患者 OS 和 DFS 较 MRD 由阴性复转阳性组显著延长, MRD 由阴性复转阳性患者 OS 和 DFS 较 MRD 持续阳性组显著延长, 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 不同 MRD 变化的老年 AML 患者的预后显著不同, 监测治疗后 MRD 的动态变化对准确指导治疗更有帮助。

PO-0629

HO-1 通过糖酵解代谢途径影响急性髓系白血病的耐药机制研究

成冰清

贵州医科大学附属医院

目的 急性髓系白血病 (AML) 是一种由髓系原始或幼稚粒细胞在骨髓等组织中异常增生所引起的恶性造血干细胞疾病, 其中成人急性白血病中发病率最高; 阿糖胞苷 (Cytarabine, Ara-C) 联合蒽环类药物依旧是初诊 AML (非 M3 亚型) 患者诱导缓解的主要治疗手段。但是该方案只能让约 30-40% 的患者得到最终缓解, 大部分 AML 患者会出现复发难治等现象。在 AML 中, 有氧糖酵解水平异常增高是导致肿瘤产生耐药的一个重要原因, 并且糖酵解水平的增加可以作为 AML 预后不良的一个临床诊断标志, 能量代谢能够通过多种机制诱导 AML 细胞耐药, 但其发生机制目前尚未明确。AML 疾病的复发和难治是广大医务工作者面临的巨大挑战。复发难治的本质是耐药, 研究耐药的分子机制并进行针对性干预是逆转耐药和突破该瓶颈的关键。

方法 我们通过临床样本的转录组分析、生化免疫检测、糖酵解产物分析等检测患者的 HO-1、SOX2、PD-L1 的基因及蛋白表达, 研究 HO-1 表达在 AML 临床样本中与 SOX2、PD-L1、耐药存活以及糖

酵解代谢之间的关系；使用慢病毒转染构建 HO-1 沉默/过表达的 AML 细胞株，对比未转染，转入空载和调控 HO-1 的细胞株内 PD-L1 和 SOX2 在基因和蛋白水平变化以及糖酵解代谢水平的变化；检测调控 HO-1 后多种 AML 细胞株中 PD-L1 及 SOX2 表达调控相关因子以及代谢通路的 mRNA 表达水平，蛋白表达水平以及通路关键蛋白磷酸化水平的变化，验证 HO-1 调控 SOX2 以及 SOX2 调控 PD-L1 的代谢通路以及具体分子机制。

结果 HO-1 高表达的 AML 患者不仅会对化疗耐药，且其细胞内糖酵解水平会显著上调；转录组分析、生化免疫检测、糖酵解产物分析实验揭示了 HO-1 通过影响 SOX2 的表达来调控 AML 细胞的糖酵解。2.体外实验证实，调控 HO-1 会影响细胞 SOX2, PD-L1 的水平，敲减或者超表达 SOX2 后，原位杂交检测结果表明 PD-L1 的 mRNA 表达水平出现对应的下降或者上升。免疫荧光检测结果表明敲减或者超表达 SOX2 后，PD-L1 的蛋白表达水平也出现对应的下降或者上升。敲减 PD-L1 的表达后，糖酵解相关的关键酶 PGK1、PKM2、LDHA 蛋白表达水平显著下降。

结论 ①HO-1 调控 PD-L1 影响 AML 细胞的能量代谢从而最终影响其耐药存活；②AML 细胞中 HO-1 很可能通过 SOX2 调控 PD-L1 的表达来调节糖酵解水平。在后续研究中，我们将继续研究 HO-1 表达调控与 PD-L1，能量代谢以及耐药存活之间的关系并探讨其具体分子机制。从新的角度进一步阐明 AML 耐药的发生机制，为克服 AML 耐药这一临床难题提供新思路。

PO-0630

Integrative single-cell Analysis of Longitudinal t(8;21) AML Reveals Heterogeneous Immune Cell Infiltration and Prognostic Signatures

Xueping Li¹, Lu Jiang²

1. 中山大学肿瘤防治中心

2. 上海交通大学医学院附属瑞金医院，上海血液学研究所

Objective Immunotherapies targeting T cells in solid cancers are revolutionizing clinical treatment. However, the benefit of novel immunotherapies for acute myeloid leukemia (AML) is extremely limited. We characterized the immune microenvironment of t(8;21) AML patients to address heterogeneity and determine how immune cell infiltration status influences prognosis.

Methods Via multi-omics studies of primary and longitudinal t(8;21) AML samples, we characterized heterogeneous immune cell infiltration in the tumor microenvironment and immune checkpoint gene expression.

Results We detected enrichment of CD8+ T cells and overexpression of HAVCR2 and TIGIT in the CD34+CD117dim%-High group; these features are known to be associated with immune exhaustion. Further data integration analysis of single-cell dynamics revealed that a subset of T cells (cluster_2) evolved and expanded markedly in the drug-resistant stage after relapse. External cohort analysis confirmed that the cluster_2 T-cell signature could be utilized to stratify patients according to the overall survival outcome.

Conclusion In conclusion, we revealed a distinct T-cell signature via scRNA-seq and reported its correlation with disease progression and drug resistance. Our research provides a novel system for classifying patients based on their immune microenvironment.

PO-0631

ETV6::RUNX1 探针筛查 532 例儿童急性 B 淋巴细胞白血病中 21 号染色体内部扩增(iAMP21) 的遗传学特征分析

邓胜、程振、李永玲、黄晓丽、程建超、孙媛
北京海思特医学检验实验室有限公司

目的 本研究旨在了解儿童急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 中 21 号染色体内部扩增 (iAMP21) 发生率及遗传学特征。

方法 回顾性分析自 2023 年 1 月至 2023 年 12 月确诊 B-ALL 患儿资料, 采用 ETV6::RUNX1 探针荧光原位杂交法 (FISH) 检测患儿初诊时的骨髓液 iAMP21 是否阳性。iAMP21 阴阳性根据荧光信号是否独立完整和结合中期 FISH 或染色体核型来判断, 不仅仅根据 RUNX1 基因拷贝数 ≥ 5 来判断。

结果 本组病例中 ETV6::RUNX1 基因融合阳性 79 例, 阳性率为 14.8% (79/532); 间期细胞中 FISH 发现 RUNX1 基因 3~6 拷贝数的获得性异常的阳性率为 29.5% (157/532), 其中 2 例为 RUNX1 基因 6 个拷贝数, 12 例患者为 5 个拷贝数, 143 例为 3~4 拷贝数。根据 RUNX1 独立荧光信号和结合中期分裂相判断, RUNX1 基因拷贝数 ≥ 5 病例中 11 例 (11/14) 可以明确 21 号染色体为五体或存在 i(21)(q10), 判断 iAMP21 扩增为阴性; 3 例 RUNX1 基因异常扩增信号成簇排列, 综合判定 iAMP21 扩增阳性, 阳性率为 0.6% (3/532)。

结论 在诊断 iAMP21 时, 应综合考虑 RUNX1 基因拷贝数、独立荧光信号以及中期 FISH 或染色体核型等多个指标, 以获得更准确的诊断结果。

PO-0632

Large-Scale Screens Identify a 19-Gene mitochondrial Score for Improved Risk Assessment in Adults and Children Acute Myeloid Leukemia

Yijing Zhao
Peking University People's Hospital

Objective AML exhibits substantial molecular and genetic heterogeneity. Therefore, identifying key biological processes and related gene involved in the pathogenesis, as well as contributing to therapeutic resistance, is imperative for enhancing clinical outcomes. However, the assessment of mitochondrial function in AML has gradually acknowledged but not been widely emphasized. Hence, prioritizing the identification of mitochondrial-related biomarkers is crucial to enhance existing stratification methodologies and guide decisions on risk-adapted therapies.

Methods We systematically integrated and analyzed data from nine online AML RNA-seq databases, screening the Human.MitoCarta3.0 mitochondrial gene database to identify AML-specific mitochondrial genes. A prognostic mitochondrial score was developed using Lasso and COX regression analysis in a training cohort of 618 subjects and validated in another eight publicly available independent cohorts (n=1,718).

Results A 19-mitochondrial function gene AML score (mitoscore) was further generated and exhibited high prognostic power in 2,336 AML patients including adults and children. Mitoscore was an independent survival prognosis biomarker (p<0.001). The mitoscore effectively distinguishes several genetic abnormalities and significantly improves the European LeukemiaNet classification. Patients with a high mitoscore demonstrated a notably poor response to induction chemotherapy and related refractory AML(p<0.001). In the favorable risk gene variant and

cytogenetic abnormality group, mitoscore was significantly lower compared to patients without those variants. Conversely, in the adverse group, mitoscore was significantly higher compared to patients without those variants.

Conclusion Our findings underscore the utility of the mitoscore as a powerful tool for refined risk stratification and the selection of patients most likely to benefit from chemotherapy.

PO-0633

Metabolic Pathways and Chemotherapy Resistance in AML: Insights into ECHDC3 as a Potential Biomarker and Therapeutic Target

Yijing Zhao¹, Hanfei Guo², Liting Niu¹, Na Wu¹, Qian Jiang¹

1. Peking University People's Hospital

2. The First Hospital of Jilin University

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is characterized by high relapse rates, high mortality, and dismal survival rates. Our prior investigation identified the prognostic significance of ECHDC3 in AML, but the underlying molecular pathways remain elusive. The intricate interplay of genetic abnormalities, metabolic pathways, and protein dysfunctions underscores the complexity contributing to its poor prognosis. Unraveling this complexity holds the key to understanding the role of ECHDC3 in AML chemotherapy resistance and may unveil potential targets for therapeutic intervention and disease prevention.

Methods Enoyl-CoA hydratase domain containing 3 (ECHDC3) were knockdown by SiRNA and were subjected to RNA-sequencing, CHIP, and metabolomic assessments, while cell culture media underwent metabolomic assessments to evaluate changes in the bone marrow microenvironment. Mass spectrometry (MS) analysis was conducted on bone marrow (BM) leukemia stem cells (CD34+) from patients at relapse and those newly diagnosed. Additionally, untargeted metabolomic sequencing was performed on bone marrow supernatants from this patient cohort, and a combined proteomic-metabolomic analysis was conducted on sequencing results from paired samples.

Results The knockdown of ECHDC3 significantly reduced mitochondrial membrane potential ($p < 0.0001$), upregulated mitochondrial genome genes MT-CO2 ($p = 0.0081$), and enhanced MnSOD activity ($p = 0.0003$). Significant differences were observed in choline metabolism in cancer ($p = 0.00628$), linoleic acid metabolism ($p = 0.01595$), and alpha-linolenic acid metabolism ($p = 0.025$) between chemotherapy-sensitive and drug-resistant patients. Furthermore, correlation analysis of protein and metabolomics data suggested that choline metabolism and glycerophospholipid metabolism may play pivotal roles in the development of chemotherapy resistance in AML.

Conclusion This study provides insights into the metabolic characteristics of ECHDC3 in AML and investigates associated genes, proteins, and metabolic processes at a molecular level. The multi-omics approach enhances our understanding of the mechanisms underlying chemotherapy resistance in AML, offering potential avenues for the discovery of novel therapeutic strategies.

PO-0634

慢性髓性白血病患者停用酪氨酸激酶抑制剂后停药综合征和心理问题的研究

原梦瑶^{1,2,3}、李宗儒^{1,2,3}、张小帅^{1,2,3}、江倩^{1,2,3}

1. 北京大学人民医院

2. 北京大学血液病研究所

3. 国家血液系统疾病临床医学研究中心

目的 探讨慢性髓性白血病慢性期（CP-CML）患者停用酪氨酸激酶抑制剂（TKI）后停药综合征和心理问题的发生及其相关因素。

方法 回顾性收集 2006 年 1 月至 2024 年 1 月初诊 CP-CML 停用 TKI 患者的临床资料。

结果 共收集 119 例，女性 77 例（64.7%），中位诊断年龄 39（IQR 27~51）岁，中位停药年龄 49（IQR 33~61）岁，中位 TKI 持续时间 93（IQR 67~126）月。36 例（30.3%）在停药中位 38（IQR 30~71）天发生停药综合征，其中 32 例（88.9%）发生 1~2 级肌肉骨骼或关节疼痛，中位持续时间 6（IQR 3~12）月。42 例（35.3%）因担心或出现 BCR::ABL1 水平波动而发生心理问题。多因素分析显示，停药年龄 >45 岁（OR = 4.7, 95%CI 1.7~13.0, P = 0.003）、停药前 TKI 持续时间 >114 个月（OR = 3.2, 95%CI 1.3~7.9, P = 0.012）与停药综合征的发生显著相关；停药年龄 ≤35 岁（OR = 3.3, 95%CI 1.4~7.5, P = 0.005）是停药后发生心理问题的独立影响因素。停药后中位随访 21（IQR 8~39）月，36 例（30.3%）在中位 3（IQR 4~8）月丧失主要分子学反应（MMR）。3 年无治疗缓解率（TFR）64%（95%CI 55%~75%）。考虑临床变量和停药综合征（有或无），多因素分析显示，DMR 持续时间 ≥56 个月（HR = 0.2, 95%CI 0.1~0.4, P < 0.001）与较高的 TFR 率显著相关。

结论 停药年龄越大、TKI 服用时间越长，越易发生停药综合征；停药年龄越小，停药后越易发生心理问题。停药综合征与 TFR 无显著相关性。

PO-0635

Ninjurin2 在急性 T 淋巴白血病中的表达及对白血病干细胞自我更新维持作用机制研究

陈红霞、吕敬龙、杨毅、邓天霞、王明霞、关淑文、侯著丹、罗文芳、张文龙、刘洋君
重庆大学附属三峡医院

目的 探讨 Ninj2（Ninjurin2）在急性 T 淋巴白血病干细胞自我更新中的作用机制研究。

方法 通过分析 GEO 在线芯片明确 Ninj2 在 T-ALL（急性 T 淋巴细胞白血病）病人的表达情况，qRT-PCR 及 Western-Blot 明确 Ninj2 在 T-ALL 原代细胞及细胞株（CCRF-CEM、Jurkat 及 Molt4）中的表达情况。采用慢病毒干扰技术敲降 T-ALL 原代细胞及细胞株中 Ninj2 基因的表达后，分别使用 CCK-8 法、流式细胞学检测凋亡及集落形成试验检测对 T-ALL 原代细胞及细胞株增殖、凋亡及集落形成能力影响，同时采用 Western-Blot 检测对 ERK 及 AKT 磷酸化蛋白水平的影响，通过构建 T-ALL 小鼠模型观察小鼠生存时间。

结果 GEO 在线芯片显示 Ninj2 在 T-ALL 组较正常组骨髓细胞中表达显著升高；qRT-PCR 及 Western-Blot 结果显示，Ninj2 基因和蛋白水平在 T-ALL 原代细胞及细胞株中蛋白表达水平较人外周血单核细胞显著增高；慢病毒干扰 Ninj2 基因表达能显著抑制 T-ALL 原代细胞及细胞株增殖及集落形成能力同时促进凋亡抑制 ERK 及 AKT 磷酸化水平；构建 T-ALL 小鼠模型，慢病毒干扰 Ninj2 基因表达能显著延长白血病小鼠生存时间、降低骨髓肿瘤负荷及骨髓单个核细胞中 ERK、AKT 磷

酸化水平。

结论 在 T-ALL 中, Ninj2 通过促进 ERK、AKT 磷酸化信号通路的活化进而导致 T-ALL 的恶性增殖及白血病干细胞功能维持。

PO-0636

1 例慢性粒细胞白血病急髓变伴 t (7;8)(q32;q13) 病例分享

王显凤、邵萌、方志平、朱颖、陈春英、梁超、温继微、李昕权
北京迪安医学检验实验室有限公司, 迪安诊断血液事业部

目的 报告 1 例慢性粒细胞白血病急髓变伴 t (7;8)(q32;q13) 并实验室诊断。

方法 报道 1 例 57 岁慢性粒细胞白血病急髓变男性患者, 利用细胞形态学、流式细胞免疫学、染色体核型分析及分子生物学等方法综合诊断。

结果 骨髓细胞形态学提示幼稚单核细胞占有核细胞 20%, 外周血片见 27% 幼稚单核细胞; 骨髓组织学提示幼稚阶段细胞略多见, 免疫组化: CD34 (约 3-5%+), CD117(9.7) (约 3-5%+), CD61 (巨核细胞+); 骨髓流式细胞学显示异常细胞占有核细胞的 18.08%, 表达 CD33、CD34、CD56, 部分细胞表达 CD13、CD38、CD117, 为异常髓系原始细胞; 粒细胞在 CD16-CD13、CD11b-CD13 点图上表现为发育模式异常; 嗜碱性粒细胞占有核细胞的 3.7%, 比例明显增高; 骨髓染色体核型分析发现 t(7;8); 骨髓 BCR::ABL1 融合基因 ABL1 激酶区未检测到 T3151、P-Loop 和 A-loop 突变, BCR::ABL1(p210) 融合基因定量检测 BCR::ABL1/ABLp210 阳性。荧光原位杂交探针检测发现 BCR::ABL1: nuc ish(ABLx2, ABL dimx1, BCRx2, BCR dimx1)(ABL con BCRx2)[42/400]/ (ABLx2, ABL dimx1, BCRx3, BCR dimx1)(ABL con BCRx3)[200/400]/(ABLx2, BCRx4)(ABL con BCRx2)[54/400] 为 BCR/ABL 基因位点融合阳性。

结论 慢性粒细胞白血病转急性髓系细胞白血病较多见, 急髓变伴 t (7;8)(q32;q13) 少见, 需要进一步探索其治疗方案和预后。

PO-0637

骨髓嵌合度检测对急性白血病患者复发及生存的预测价值

黄丽芳¹、李春峰²、孟凡凯¹、陈丽婷¹、姜利军¹、张义成¹

1. 华中科技大学同济医学院附属同济医院

2. 华中科技大学同济医学院第二临床学院

目的 本研究旨在探讨骨髓总体嵌合度 (BM) 和分选 T 细胞嵌合度的变化在预测急性白血病患者移植后复发及生存中的作用。

方法 回顾性分析本中心 2018 年 1 月 1 日至 2023 年 9 月 1 日在华中科技大学同济医学院附属同济医院接受异基因造血干细胞移植的 AML 189 例和 ALL 116 例患者, 共 305 名。通过 STR-PCR 的方法, 多次检测患者骨髓总体嵌合度和分选 T 细胞嵌合度水平, 结合患者骨髓细胞学、流式免疫分型及分子标记, 分析有嵌合度的变化对患者复发预测及生存的影响。

结果 189 例 AML 患者中, 有 19 例患者, 移植后首次嵌合度水平低于 95%, 与嵌合度正常的患者, 两者复发率无显著相关性 ($P > 0.2$)。AML 患者中, 有 20 例出现嵌合度降低, 8 例分选 T 细胞嵌合度比骨髓总体嵌合度先降低, 12 例骨髓总体嵌合度比分选 T 细胞嵌合度先降低, 分析发现骨髓总体嵌合度先降低的患者, 其复发率和生存率均明显低于分选 T 细胞嵌合率降低的患者 ($P < 0.01$)。116 例 ALL 患者中, 15 例出现嵌合度下降, 6 例分选 T 细胞比骨髓总体嵌合度先降, 9 例骨髓总体嵌合度比分选 T 细胞先降, 骨髓总体嵌合度和分选 T 细胞的嵌合度的变化与患者的复发率和生存率无显著差异 ($P > 0.05$)。

结论 骨髓嵌合度下降是预测 AML 复发的有效指标，而 T 细胞嵌合率下降常常较为滞后。ALL 患者的复发预测还需进一步研究。综合嵌合分析与流式免疫分型，早期监测和预防性治疗可能提高患者的生存质量和生存时间。

PO-0638

急性髓系白血病中不良预后风险因素预测

黄娅丽

贵州医科大学附属医院

目的 探究急性髓系白血病中的不良预后风险因素，为诊断治疗急性髓系白血病的新靶点提供理论依据，同时根据基因表达情况对急性髓系白血病病人进行危险分层。

方法 从在 TCGA 数据中下载 132 例急性髓系白血病病人的基因表达以及临床生存数据，整理基因表达数据后利用 R 语言中的 survival、survminer 和 plyr 包进行单因素回归分析获得与生存相关的基因，再用 R 语言中的 lpaper 和 glmnet 包进行 LASSO 回归分析建立风险模型，R 语言中的 survival、survminer 和 plyr 包进行多因素回归分析获得关键基因。R 语言 survival 包绘制 ROC 生存曲线。

结果 单因素回归分析获得 81 个与疾病生存期相关的基因，LASSO 回归分析建立风险模型中最佳 lambda=0.02，有 26 个重要基因，多因素回归分析获得 5 个关键预后不良的基因，分别是 SOCS1、TREM2、GZMH、GZMB、ANKRD55，这 5 个关键基因的 HR 分别是 1.37、1.13、1.20、1.08 和 1.61 ($p < 0.05$)。这 5 个基因的 1 年、3 年、5 年生存期的 AUC 分别是 0.77、0.76、0.90。

结论 SOCS1、TREM2、GZMH、GZMB、ANKRD55 的 HR 均大于 1，可能是急性髓系白血病的不良预后风险因素，可根据这 5 个基因的表达情况对急性髓系白血病进行风险分层。

PO-0639

不同 SF3B1 突变类型对血液恶性肿瘤患者的预后分析

金慧敏、吴雨洁、朱雨、洪鸣、沈文怡、何广胜、李建勇、范磊、缪祎、夏奕、乔纯
南京医科大学第一附属医院 江苏省人民医院

目的 探讨携带不同 SF3B1 突变类型在骨髓增生异常综合征 (MDS)、急性髓系白血病 (AML) 以及慢性淋巴细胞白血病 (CLL) 患者中的预后意义。

方法 回顾性分析 2014 年 10 月至 2022 年 12 月我院诊断的 1691 例血液恶性肿瘤患者临床资料，包括 402 例 MDS、758 例 AML 和 531 例 CLL，通过 Kaplan-Meier 曲线及 Cox 回归模型对其进行生存预后分析。

结果 SF3B1 突变在 MDS 中发生率最高 (70/402, 17.4%)，其次是 CLL (45/531, 8.5%)，而在 AML 中 SF3B1 突变率较低 (23/758, 3.0%)。SF3B1 K700E 突变作为 SF3B1 的热点突变之一，在 MDS 和 CLL 中是突变发生率最高的突变类型 (MDS: 41/70, 58.6%; CLL: 18/45, 40.0%)。在 AML 患者中，SF3B1 K700E 突变发生率 (7/23, 30.4%) 仅次于 SF3B1 K666N 突变 (9/23, 39.1%)，而在 MDS 和 CLL 患者中，SF3B1 K666N 突变发生率明显低于 SF3B1 K700E (MDS: 1/70, 1.4%; CLL: 2/45, 4.4%)。单因素生存分析显示，在 MDS 中，SF3B1 K700E 突变型患者 OS 和 PFS 均优于 SF3B1 野生型患者和 SF3B1 K666T 突变型患者 ($P < 0.05$)；在 AML 中，SF3B1 K700E 突变型患者 OS 和 PFS 均差于 SF3B1 野生型患者 ($P < 0.01$)；在 CLL 中，SF3B1 I704F 突变型患者 OS 差于 SF3B1 野生型患者 ($P < 0.001$)，SF3B1 K700E 突变型患者 TTFT 差于 SF3B1 野生型患者 ($P = 0.025$)。多因素生存分析显示，在 MDS 中，SF3B1 K700E 突变是 OS 独立保护因素 ($P = 0.004$)，SRSF2、TP53 突变以及骨髓原始细胞数增

多 ($\geq 5\%$) 是 OS 独立不良危险因素 ($P < 0.05$)，而年龄 (> 60 岁) 是 PFS 独立不良危险因素 ($P = 0.021$)；在 AML 中，年龄 (> 60 岁)、男性患者、血红蛋白 ($< 100\text{g/L}$)、高危核型、ASXL1 以及 TET2 突变是 OS 和 PFS 独立不良危险因素 ($P < 0.05$)；在 CLL 中，年龄 (> 65 岁)、 $\beta 2$ 微球蛋白 ($\geq 3.5\text{mg/L}$)、Binet B/C 期以及 SF3B1 K700E 突变是 TTFT 独立不良危险因素 ($P < 0.05$)。

结论 相比于野生型患者，携带 SF3B1 K700E 突变型 MDS 患者 OS 和 PFS 均延长，携带 SF3B1 K700E 突变型 AML 患者 OS 和 PFS 均缩短，携带 SF3B1 K700E 突变型 CLL 患者 TTFT 缩短，携带 SF3B1 I704F 突变型 CLL 患者 OS 缩短，说明不同 SF3B1 突变类型在三种疾病中显示出不同的预后意义，提示 SF3B1 突变类型对不同疾病的靶向治疗具有潜在作用。

PO-0640

一线治疗策略对骨髓增生异常 相关急性髓系白血病患者预后的影响

何冬花¹、金钿²、孟心宜¹、陈昊光¹、林锦涛¹、何静松¹、蔡真¹

1. 浙江大学医学院附属第一医院

2. 宁波大学附属李惠利医院

目的 世界卫生组织第 5 版分类将急性髓系白血病伴骨髓增生异常相关改变(AML-MRC)一词更新为骨髓增生异常相关急性髓系白血病 (AML-MR)，并提供了新的诊断标准。新定义的 AML-MR 患者的临床结果尚不清楚。我们旨在探究一线治疗策略对 AML-MR 患者预后的影响。

方法 我们收集了 142 例新诊断 AML-MR 患者的数据，并根据不同的一线治疗方案分为三组:低强度化疗(LIC)组、强化化疗(IC)组和维奈克拉加去甲基化药物(VEN/HMA)组。比较三组患者完全缓解率及生存差异。

结果 VEN/HMA 组的完全缓解率显著高于 LIC 及 IC 组(VEN/HMA vs LIC, 72.7% vs 42.1%, $p = 0.010$; VEN/HMA vs IC, 72.7% vs 54.3%, $p = 0.049$)。LIC 组的无事件生存期(EFS)显著低于 IC 队列(中位 2.5 vs 4.8 个月, $p = 0.037$)及 VEN/HMA 组(中位 2.5 vs 6.4 个月, $p = 0.006$)。LIC 组的总生存期(OS)显著低于 IC 组(中位 11.9 个月 vs 19.4 个月, $p = 0.009$)。IC 组和 VEN/HMA 组 EFS 和 OS 无显著差异。

结论 我们的研究表明，在 AML-MR 患者中，与 LIC 相比，VEN/HMA 及 IC 一线治疗可改善预后。

PO-0641

二硒桥联介孔硅纳米材料通过 p38 MAPK 信号通路 增强柔红霉素对 AML 细胞的杀伤作用

李冬贝^{1,2}、程诚^{1,2}、崔玉^{1,2}、常璐阳^{1,2}、魏旭东^{1,2}

1. 河南省肿瘤医院

2. 郑州大学附属肿瘤医院

目的 急性髓系白血病 (AML) 是血液系统常见的恶性肿瘤，化疗是其一线治疗手段但面临耐药等挑战。我们围绕一线化疗药物柔红霉素 (DNR) 的耐药特点构筑了可响应肿瘤微环境中活性氧刺激发生骨架降解的二硒桥联介孔硅纳米材料 (SeSe-MSN-PEI)，搭载 DNR 药物。通过细胞水平和动物水平研究观察其增强柔红霉素抗 AML 作用并探讨机制。

方法 以耐药株 Kasumi-1、敏感株 MV4-11、原代细胞为研究对象，1.CCK8 法检测药物对细胞的

增殖抑制作用；2. AnnexinV-FITC 单染法流式检测药物对细胞的诱导凋亡作用；3. Western blot 检测凋亡相关分子表达变化；4. mRNA sequencing 探索纳米材料增敏 DNR 的分子机制并验证；5. 分别利用 Kasumi-1-luc 和 AML 原代细胞在免疫缺陷鼠 NTG 中建立 AML 动物模型，体内观察纳米材料载 DNR 组的抗 AML 白血病作用。

结果 SeSe-MSN-PEI 负载 DNR 组较 DNR 单药组，1. 显著增强 DNR 对 AML 细胞的增殖抑制作用和诱导凋亡作用；2. 转录组测序分析发现差异基因富集在 MAPK 通路和凋亡通路，WB 结果显示 Cleaved Caspase3、PARP 蛋白表达上调，Bcl-2 蛋白表达下调，p-p38 表达上调，p-ERK，p-JNK 表达下调；3. 两种动物模型中均观察到，纳米材料负载 DNR 组较 DNR 单药组小鼠肿瘤负荷明显降低，生存期明显延长。

结论 SeSe-MSN-PEI 能够显著增强 DNR 对耐药 AML 细胞的杀伤作用，可能的机制是通过激活 p38 MAPK 信号通路抑制 Bcl-2 的表达，促进细胞凋亡。

PO-0642

741 例华南地区儿童急性髓细胞白血病分子分型的特征及其疗效分析--华南儿童 AML 协作组临床研究

郑湧智¹、李健¹、麦惠容⁴、杨丽华⁵、何映宜⁶、郑敏翠⁷、温红⁸、徐宏贵⁹、贺湘玲¹⁰、李春富³、冯晓勤²

1. 福建医科大学附属协和医院
2. 南方医科大学南方医院
3. 南方（儿童）春富血液病研究院
4. 深圳市儿童医院
5. 南方医科大学珠江医院
6. 广州市妇女儿童医学中心
7. 湖南省儿童医院
8. 厦门大学附属第一医院
9. 中山大学孙逸仙纪念医院
10. 湖南省人民医院

目的 探讨接受华南儿童 AML 协作组 C-HUANAN-AML 15 方案的儿童 AML 队列的分子分型特征以及对预后的影响。

方法 华南儿童 AML 协作组 10 个中心 2015 年 1 月至 2023 年 12 月收治初诊 AML 儿童 741 例。所有患儿均接受 C-HUANAN-AML15 方案化疗，并按临床危险度分层治疗（见附件），剔除在诱导 1 疗程后无事件情况下放弃或转院治疗 49 例患儿，692 例患儿纳入生存分析。按诱导方案不同，FLAG-IDA 诱导组为 A 组，DAE 诱导组为 B 组。不同危险度（低/中/高危）分组的患儿在 A 组分别为 120/298/137，在 B 组为 27/59/31，差异无统计学意义（ $P=0.813$ ）。分析两种不同方案的诱导缓解治疗完全缓解（CR）率、总体生存率（OS）、无事件生存率（EFS）、累积复发率（CIR）和累积治疗相关死亡率（CIDTRM），以及对不同分子分型预后的影响。

结果 总体 CR 率为 92.7%，A 组和 B 组的 CR 率差异无统计学意义（92.6% vs. 93.7%， $P=0.661$ ）。总体 5 年 EFS、OS 和 CIR 分别为：69.7%、76.4%和 20.7%。A 组的 5 年 EFS 及 OS 均显著高于 B 组（EFS: 72.4% vs. 57.5%， $P=0.0050$ ；OS: 78.6% vs. 61.5%， $P=0.0005$ ），这可能是由于两组的 CIR 相当（19.5% vs. 27.5%， $P=0.0730$ ），但 A 组的 CIDTRM 显著低于 B 组（6.9% vs. 19.9%， $P=0.0007$ ）。常见分子分型的比例如下：RUNX1-RUNX1T1（25.51%）、KMT2A 重排（16.87%）、CBFB-MYH11（6.34%）、ASXL1 突变（16.4%）、C-KIT 突变（12.96%）、FLT3-ITD 突变（12.15%）、CEBPA 突变（4.32%）、NPM1 突变（2.16%）。COX 回归分析显示 RUNX1-RUNX1T1、CBFB-MYH11、C-KIT 突变（可能因其绝大部分伴随 RUNX1-RUNX1T1 或 CBFB-MYH11）为预后良好的影响因素，FLT3-ITD 为预后不良的危险因素。总体不 HR/IR/LR 的 5 年 EFS、OS 及 CIR 均有显著差异，但 CIDTRM 差异无统计学意义。中危组 CR1 行 HSCT 的 EFS 显著高于行巩固化疗组，但 OS 差异无统计学意义，高危组 CR1 行 HSCT

的 EFS、OS 均显著高于行巩固化疗组。CR1 行 HSCT 可使伴非 MLLT3 的 KMT2A 重排、C-KIT 突变患儿的 EFS 显著提高，但 OS 没有显著提高，可使得 FLT3-ITD 患儿的 EFS 及 OS 均显著提高。

结论 儿童 AML 的分子分型仍是影响预后的主要因素，但在华南儿童 AML 队列中某些在成人 AML 中不良预后分子分型并不显著降低生存率，显示了儿童 AML 的异质性，对某些亚型是否需 CR1 行 HSCT 仍需进一步探讨。

PO-0643

儿童急性巨核细胞白血病的临床特征及预后分析 --华南儿童 AML 协作组临床研究

陈以乔¹、冯晓勤²、李春富³、郑敏翠⁴、麦惠容⁵、杨丽华⁶、何映谊⁷、徐宏贵⁹、贺湘玲⁸、温红¹⁰、郑湧智¹

1. 福建医科大学附属协和医院
2. 南方医科大学南方医院
3. 南方春富（儿童）血液病研究院
4. 湖南省儿童医院
5. 深圳市儿童医院
6. 南方医科大学珠江医院
7. 广州市妇女儿童医学中心
8. 湖南省人民医院
9. 中山大学孙逸仙纪念医院
10. 厦门大学附属第一医院

目的 急性巨核细胞白血病（AMKL）在临床较为罕见，文献报道的样本量一般多较小，对于 AMKL 是否为儿童非急性早幼粒细胞白血病（APL）的急性髓细胞白血病（AML）预后不良亚型，目前仍有争议。因此，通过大样本量的临床队列探讨儿童 AMKL 的临床特征及预后具有重要的临床意义。

方法 回顾性分析华南儿童 AML 协作组 10 家单位在 2015 年 1 月至 2023 年 12 月期间收治的儿童 AML（非 APL）的临床资料。纳入标准：新诊断 AML，年龄≤14 岁，签署知情同意书。排除标准：唐氏综合征、继发性 AML、未按华南儿童 AML-15 方案化疗。AMKL 的诊断依据细胞形态学+流式细胞免疫分型（和/或电镜检查）诊断。按是否为 AMKL，分为 AMKL 组和非 AMKL 组，对比两组的临床特征及预后（未接受 2 疗程诱导化疗即放弃或转院的患儿，不纳入预后分析），并进一步分析 AMKL 组是否在第一次完全缓解（CR1）接受造血干细胞移植（HSCT）对预后的影响。

结果 符合 741 例 AML 儿童符合纳入标准，其中 54 例（7.3%）诊断为 AMKL。对比 AMKL 和非 AMKL 的临床特征，结果显示，AMKL 组诊断中位年龄显著更低 [23（10-96）个月 vs. 72（4-179）个月， $P=0.000$]，女性比例显著更高（61.11% vs. 40.76%， $P=0.004$ ），白细胞计数（WBC）中位值显著更低 [11.5（2.2-282.19） $\times 10^9/L$ vs. 25.3（0.1-464）个月， $P=0.001$]， $WBC \geq 50 \times 10^9/L$ 的患儿比例显著更低（5.56% vs. 29.84%， $P=0.000$ ），均不伴随预后良好分子生物学改变（包括 RUNX1-RUNX1T1、CBFB-MYH11，以及 CEBPA 双突变及 NPM1 突变）（附件表 1）。两疗程诱导化疗后完全缓解率显著低于非 AMKL 组 [83.7%（41/49） vs. 93.5%（601/643）， $P=0.011$]。随访中位时间 33.5（1-103.4）个月，2 例治疗相关死亡，3 例诱导不缓解白血病进展死亡，16 例复发，其余 28 例无事件生存。AMKL 组的 5 年无事件生存率及总体生存率均显著低于非 AMKL 组 [EFS: 57.0 \pm 7.1% vs. 70.2 \pm 1.9%， $P=0.0304$ ；OS: 62.7 \pm 7.0% vs. 76.8 \pm 1.8%， $P=0.0166$]。在化疗达 CR1 后，接受 HSCT 患儿的 5 年 EFS 和 OS 均高于接受巩固化疗的患儿，但差异无统计学意义 [EFS: 71.1 \pm 9.6% vs. 52.4 \pm 10.9%， $P=0.1960$ ；OS: 75.6 \pm 9.5% vs. 61.5 \pm 10.7%， $P=0.3448$]。

结论 儿童 AMKL 以女性患儿较多见，发病年龄较小，初诊 WBC 一般较低，多不伴有预后良好的分子生物学改变，总体预后差于非 AMKL，HSCT 能否改善其预后仍有待进一步研究。

PO-0644

ST2 与急性移植物抗宿主病的研究进展

吴涛、刘洋、刘文慧

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 对 ST2 与急性移植物抗宿主病的研究进展进行综述。

方法 本文通过查阅相关文献并进行整理总结,从 ST2 的生物学表达及特点、IL-33 的生物学表达及特点、IL-33/ST2 信号转导通路、ST2 在 aGVHD 中作为生物标志物的研究进展、ST2 与其他指标联合效应的研究进展等方面对 ST2 与急性移植物抗宿主病的研究进展进行详细阐述。

结果 ST2 可作为生物标志物预测 aGVHD 患者治疗的耐药性及预后, aGVHD 患者治疗后 ST2 水平不降低与其不良预后相关。对 ST2 本身的抑制有望改善 aGVHD 进展, ST2 相关的试验研究仍不断进行, ST2 在疾病治疗过程中所扮演的更多角色值得期待。

结论 单一的生物标志物灵敏度及特异性难免有限,后期可进一步行多中心、大量本的研究,或者加入更多更先进的诊断/预后工具,以增强其诊断/预后能力,更精确地指导临床医生对 aGVHD 患者进行干预治疗。

PO-0645

PI3K δ 过度活化综合征治疗进展

吴涛、刘文慧

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 探究 PI3K δ 过度活化综合征治疗进展。

方法 本文查阅相关文献并进行整理汇总,从抗菌药物预防、免疫球蛋白替代治疗、免疫抑制、造血干细胞移植、mTOR 抑制剂、PI3K δ 抑制剂、总结及展望等七个方面对 PI3K δ 过度活化综合征及其治疗进展进行详细阐述。

结果 西罗莫司可以是一种非常有效的治疗淋巴增生性疾病的药物;特异性 PI3K δ 抑制剂治疗在解决淋巴细胞增殖方面似乎非常有吸引力,但尚处于试验阶段;HSCT 仍是目前有可能实现根治疾病的唯一方法,但需警惕 HSCT 严重的并发症和较高的死亡率。

结论 针对 PI3K 信号通路研究仍是临床治疗 PI3K δ 过度活化综合征的突破方向,我们期待靶向治疗和针对不同基因突变 APDS 患者精准治疗能够早日成为一种新的治疗方案。

PO-0646

FLT3 mediates the crosstalk between NOTCH and WNT/ β -catenin signaling in AML

Dan Li, Tongjuan Li, Jue Wang, Zhen Shang

Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective Residual leukemia stem cells (LSCs) have been considered as the main source of recurrence of acute myeloid leukemia (AML) in recent years. Signal transduction pathways such as Wnt/ β -catenin, Notch and Hedgehog had been identified as important signaling pathways for maintaining AML LSCs self-renewal, thus been considered as potential therapeutic targets.

Methods To investigate the possible roles of Notch and Wnt signaling in AML, we analyzed public datasets from GEO and verified the results by q-PCR with AML cell lines and samples obtained from primary patients. We next explored the role of FMS-like tyrosine kinase 3 (FLT3) in the crosstalk of Notch and Wnt signaling by genetic or pharmacological intervention of FLT3, using CRISPR/Cas9 system and tyrosine kinase inhibitor (TKI) Midostaurin respectively. Effects of NOTCH1 overexpression was assessed by proliferation, apoptosis and colony formation unit (CFU) assay.

Results From public datasets we unearthed a negative correlation between Notch and Wnt pathways. Q-PCR results from AML cell lines and primary patient samples further verified the crosstalk. Besides, Genetic or pharmacological intervention of FLT3 led to corresponding changes in representative genes of Notch and Wnt signaling pathways, suggesting that FLT3 played an important role in this crosstalk. Moreover, breaking the antagonistic but balanced relationship between Wnt and Notch signaling by overexpressing NOTCH1 was found to inhibit proliferation and induce apoptosis of FLT3/ITD+ AML cells.

Conclusion In conclusion, Wnt and Notch signaling was negatively correlated in AML, with FLT3 serve as a bridge. Interrupting the crosstalk between Wnt and Notch signaling pathways may be potential ways to treat AML and eliminate LSCs.

PO-0647

基于二代测序技术分析急性髓系白血病患者 基因突变分布特征及预后影响

李芸芸、吴涛、张安安、刘晓琴
联勤保障部队第 940 医院

目的 应用二代测序技术 (NGS) 分析急性髓系白血病患者遗传分子学特征及预后相关因素。

方法 回顾性分析 2018 年 01 月至 2022 年 12 月我院收治的初诊非急性早幼粒细胞白血病 (APL) AML 患者的临床资料, 应用 Kaplan- Meier 生存分析法及 COX 多因素回归分析影响 OS 的危险因素。

结果 共纳入 147 例患者, 男女比例 1.04:1, 中位初诊年龄为 44 (18~87) 岁。147 例患者均进行了二代测序, 突变频率在 10% 以上的突变基因依次为: FLT3-ITD、NPM1、CEBPA、WT1、TET2、ASXL1、NRAS、DNMT3A、KIT。其中 TET2 (7.00% vs 42.40%, P=0.0006)、ASXL1 (7.00% vs 30.30%, P=0.001)、DNMT3A (7.00% vs 24.20%, P=0.010)、TP53 (6.10% vs 21.20%, P=0.016) 等基因在 ≥60 岁组中更容易检出, 差异具有统计学意义。单因素分析显示: 年龄分组、预后危险分层、基因突变个数以及是否含有 CEBPA、TET2、DNMT3A、TP53 等基因突变是影响患者总生存时间 (OS) 的危险因素。多因素分析显示: 年龄、CEBPA 突变、TP53 突变是影响 AML 患者 OS 的独立危险因素。

结论 初诊 AML 患者预后由多种因素影响, 不同年龄组的 AML 患者基因突变发生频率有差异, 老年患者基因变异率高, 更容易检出预后不良基因。

PO-0648

骨髓活检在急性白血病患者移植后复发中的诊断价值

何苗
联勤保障部队第 940 医院

目的 探讨骨髓活检在评估急性白血病患者移植后复发中的作用价值。

方法 报道 2 例异基因造血干细胞移植后复发的急性淋巴细胞白血病患者，通过常规方案化疗，骨髓缓解之后行异基因造血干细胞移植，观察移植后的治疗效果。

结果 2 例患者移植后出现不明原因的发热、骨痛，骨髓涂片及流式细胞学检查均未找到明确复发证据，在骨髓活检组织中发现大量原始幼稚细胞，明确患者复发。

结论 有些患者移植后出现骨髓纤维化和骨髓抑制，导致骨髓涂片和流式细胞学检查的漏诊，因此骨髓活检在评估此类患者的复发中具有不可替代的作用，提示临床应该加强对治疗后及移植后白血病患者骨髓活检检查的重视。

PO-0649

CD56、CD64 双表达急性髓系白血病的临床特征及预后分析

宋斌、常娟、陈雁、张露璐
十堰市太和医院（湖北医药学院附属医院）

目的 探讨 CD56、CD64 双表达急性髓系白血病(AML)的临床特征、免疫学表型、基因学、染色体核型特征及预后。

方法 对 2020 年 4 月-2024 年 4 月在我科就诊的非 M3 型 AML 患者进行了细胞形态学、免疫学表型、染色体核型分析及基因学的检查。对诊断为急性髓系白血病伴有 CD56+ CD64+ 的 28 例患者，分析了临床特征、染色体核型分析、基因学、初次诱导缓解率及对其预后进行了评判，并与 (CD56- CD64-)AML 进行了比较。

结果 28 例 AML (CD56+ CD64+) 多分布于 M2、M4 及 M5。22 例 AML (CD56+ CD64+)伴有肝、脾、淋巴结肿大，与 32 例 AML (CD56- CD64-)相比，初诊 AML (CD56+ CD64+)具有更高的白细胞；AML (CD56+ CD64+)中有 20 例出现了异常染色体核型；AML (CD56+ CD64+)出现预后不良基因的比例明显高于 AML (CD56- CD64-)。两组初次诱导缓解率分别为 35.7%、75%，两组存在明显差别。且与 AML (CD56- CD64-)相比较，AML (CD56+ CD64+)缓解时间及生存期短，两组具有统计学差异。

结论 AML (CD56+ CD64+) 多伴有肝、脾、淋巴结肿大、初诊时具有较高的白细胞，出现预后不良相关基因及异常染色体核型较为常见，初次诱导缓解率低，生物学侵袭性强，预后差，提示 CD56、CD64 的表达对早期判断 AML 患者的预后具有重要意义，建议对 CD56、CD64 双表达 AML 患者进行个体化治疗。

PO-0650

维奈克拉联合小剂量皮下地西他滨治疗复发难治 AML 一例

常璐阳
河南省肿瘤医院

目的 探讨维奈克拉联合小剂量地西他滨皮下注射对多周期化疗后短期复发的急性髓系白血病 (AML) 的诱导治疗疗效，以及序贯单倍体异基因造血干细胞移植后的长期生存影响。

方法 回顾性分析郑州大学附属肿瘤医院 2020 年 1 月收治的 1 例应用维奈克拉联合小剂量皮下地西他滨治疗的经 17 周期化疗后短期复发 AML 患者的临床资料。

结果 患者为 42 岁男性，经实验室相关检查、流式细胞术、基因检测等确诊为 AML 伴 CEBPA 突变。外院 17 周期化疗后短期复发，CLAG-IDA (克拉曲滨、阿糖胞苷、去甲氧柔红霉素、G-CSF) 方案挽救治疗失败，后入我院给予维奈克拉联合小剂量皮下注射地西他滨再诱导，一个周期后达完全缓解 (CR)；继续应用原方案巩固三个周期，期间骨髓为完全缓解状态。后与其子配型行单倍

体异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT)，至截稿前无进展生存达 18 个月。

结论 维奈克拉联合小剂量皮下地西他滨治疗后序贯异基因造血干细胞移植对于多周期化疗后短期复发的 AML 疗效显著且不良反应小，可成为治疗复发难治性 AML 的一种新选择。

PO-0651

Tigit：它会成为下一个像 PD-1 一样的明星治疗靶点吗？

刘洋

联勤保障部队第 940 医院

目的 探讨 TIGIT 在血液恶性肿瘤诊疗中的相关机制及潜在价值。

方法 收集 TIGIT 在血液恶性肿瘤方面应用现状及研究进展等文献信息，归纳总结。

结果 TIGIT 在血液恶性肿瘤诊疗中通过与其他免疫检查点的联合，参与免疫相关治疗，介导异基因造血干细胞移植和肿瘤微环境改变等方式发挥作用。

结论 TIGIT 在血液恶性肿瘤诊疗中发挥不可忽视的作用，为存在复发难治的血液恶性肿瘤，抗 PD-1，抗 CTLA-4 治疗耐受患者提供了另一个具有潜在价值的治疗靶点。

PO-0652

异基因造血干细胞移植治疗 CSF3R 基因突变 急性髓系白血病 M2 型一例并文献复习

刘洋

联勤保障部队第 940 医院

目的 探讨一例 CSF3R 基因突变急性髓系白血病 M2 型患者的诊疗经过，并且进行相关文献复习。

方法 选择 2022 年 3 月联勤保障部队第九四〇医院收治的 1 例 CSF3R 基因突变急性髓系白血病 M2 型患者为研究对象。收集患者的临床病例资料，检验、检查结果，治疗经过进行梳理。收集 CSF3R 基因在急性髓系白血病研究进展，异基因造血干细胞移植在相关疾病应用现状等相关文献信息，总结并复习。

结果 本例患者入院后明确诊断急性髓系白血病 M2 型，在经过 IA 诱导化疗后，采用改良 BuCy 预处理方案并行骨髓联合外周血造血干细胞移植术（子女父，8/12 相合，O+供 O+），6 个月后复查患者 AML1-ETO/ABL1 定量均为 0，WT1/ABL1% 定量为 0.04% 和 0.31%。嵌合体提示完全嵌合。CMV-DNA，EBV-DNA 定量为 0。综合评估原发病稳定。

结论 本例患者入院后明确诊断急性髓系白血病 M2 型，在经过 IA 诱导化疗后，采用改良 BuCy 预处理方案并行骨髓联合外周血造血干细胞移植术（子女父，8/12 相合，O+供 O+），6 个月后复查患者 AML1-ETO/ABL1 定量均为 0，WT1/ABL1% 定量为 0.04% 和 0.31%。嵌合体提示完全嵌合。CMV-DNA，EBV-DNA 定量为 0。综合评估原发病稳定。

PO-0653

MLL 部分串联重复 (MLL-PTD) 在急性淋巴细胞白血病中的特征及预后分析

李亚飞、李涛、张舒
郑州大学第一附属医院

目的 探讨 MLL 部分串联重复 (MLL-PTD) 阳性儿童急性淋巴细胞白血病(ALL)的临床特征及预后因素。

方法 回顾性分析 2022 年 11 月至 2024 年 01 月郑州大学第一附属医院收治的 327 例初诊 ALL 患儿的临床资料。比较 MLL-PTD (+) 与 MLL-PTD (-) 组患儿的临床特征及疗效, 采用 COX 回归模型分析影响 MLL-PTD ALL 预后的因素。

结果 在所有纳入的 ALL 患儿中, 年龄<1 岁患儿占有入组 ALL 的比例为 4.6%, MLL-PTD (+) 检出率为 4.6%(15/327); 在<1 岁、≥1 岁且≤14 岁年龄组中, MLL-PTD (+) 检出率分别为 33.3%(5/15)和 2.8%(9/312), 差异有统计学意义(P=0.000)。在<1 岁组中, MLL-PTD (+) 患儿染色体复杂核型检出率为 80% (4/5), ≥1 岁且≤14 岁年龄组中, MLL-PTD (+) 患儿染色体复杂核型检出率为 33.3% (3/9) (P<0.01); 在 MLL-PTD (-) 患儿中, 在<1 岁与≥1 岁且≤14 岁年龄组在染色体异常核型检出率上无统计学差异。与 MLL-PTD (-) 组相比, MLL-PTD (+) 组初诊年龄<1 岁、白细胞数(WBC)≥50×10⁹/L、合并中枢神经系统白血病(CNSL)及睾丸白血病(TL)的患者比例更高, 而诱导治疗后 d 33 或 d 46 微小残留病(MRD)<0.01%的患者比例更低(P<0.05)。MLL-PTD (+) 组预期 5 年无事件生存(EFS)率及总体生存(OS)率均显著低于 MLL-PTD (-) 组(EFS:46.8%vs 74.0%; OS:54.3%vs 79.9%, P<0.05)。COX 分析结果显示, 初诊年龄<1 岁、诱导治疗后 d 33 或 d 46 MRD≥0.01%为 MLL-PTD (+) ALL 更差 OS 及 EFS 的独立危险因素(P<0.05)。

结论 MLL-PTD (+) ALL 患儿初诊年龄<1 岁、高 WBC 数、合并 CNSL 和 TL 更常见, 且早期治疗反应较差, 预后不良; 初诊年龄<1 岁、诱导治疗后 MRD 阳性可能为预后不良的危险因素。

PO-0654

新型 METTL3 抑制剂联合维奈克拉协同 杀伤急性髓系白血病细胞

焦长青、葛健
安徽医科大学第一附属医院

目的 肿瘤表观调控是目前自然科学的研究热点, 其中 RNA 甲基化修饰中重要的“Writer”METTL3 已经被证实是一种治疗急性髓系白血病 (AML) 的可能靶点, 目前 METTL3 抑制剂已经进入临床一期试验。我们拟筛选出中药单体库中可能的 METTL3 抑制剂, 并观察其杀伤 AML 细胞的能力及其与维奈克拉 (Venetoclax) 联合抗肿瘤作用效果。

方法 通过分子对接虚拟筛选出中药单体库中可能的 METTL3 靶点抑制剂, 并通过 CTG 法检测细胞活力、Western blotting 检测凋亡、抗凋亡相关蛋白及相关目的蛋白等生物学功能实验进一步筛选出可能的 METTL3 抑制剂。通过细胞热漂移测定 (CETSA) 实验、药物亲和反应靶向稳定性 (DARTS) 实验、RNA dotplot 等实验进一步验证筛选出 METTL3 抑制剂。最后, 通过与维奈克拉联合作用于 AML 细胞系 (MOLM13、THP-1), 观察其抗肿瘤效果。

结果 基于 METTL3 结构, 通过分子对接和虚拟筛选出中药单体库中两种可能 METTL3 抑制剂 (异甘草素和虫草素)。通过抗增殖实验和 Western blotting 等实验明确异甘草素为可能的 METTL3 抑

制剂。进一步通过 CETSA、DARTs 和 RNA dotplot 实验证明异甘草素是一种 METTL3 抑制剂，同时发现异甘草素能够联合维奈克拉协同杀伤 AML 细胞。

结论 异甘草素是一种可能的 METTL3 抑制剂，能够杀伤 AML 细胞，并且能够与维奈克拉协同抑制白血病细胞活性。

PO-0655

High expression of GPX1 serves as an unfavorable prognostic biomarker in acute myeloid leukemia

Yangjing Zhao^{1,2}, Yue You², Yan Pan³, Ye Hua⁴, Chao Song⁴, Jun Qian¹

1. Department of Hematology
2. School of Medicine, Jiangsu University
3. Lianshui County People's Hospital
4. Affiliated Hospital of Jiangsu University

Objective Objectives: Glutathione peroxidases (GPXs, GPX1-8) belong to the major antioxidant enzyme family and participate in several critical biological functions, including detoxification of hydroperoxides and carcinogenesis. GPXs function differently among different cancer types, there is yet rare consensus on the expression and biological function of GPXs, especially the most critical member GPX1, in acute myeloid leukemia (AML) patients. Here, we investigate the expression, biological function, and clinical significance of GPXs, especially GPX1, in AML.

Methods Transcriptome data from the Cancer Genome Atlas (TCGA) and Gene Expression Omnibus (GEO) datasets of AML patients and healthy controls were systemically analyzed by bioinformatics methods to obtain the expression patterns of GPXs in AML. GPXs expression among 34 AML cell lines were further analyzed in the Cancer Cell Line Encyclopedia (CCLE) database. In addition, GPX1 mRNA expression was validated by real-time quantitative PCR in bone marrow specimens from 25 newly diagnosed AML patients, 7 healthy controls, and 10 AML patients at complete remission time. We further identified the correlations between the mRNA expression of GPXs, especially GPX1, with the clinic-pathological characteristics and prognosis in TCGA AML patients. All patients were divided into two groups (GPX1^{high} and GPX1^{low}) according to the median level of GPXs expression levels. Differential analysis of genome-wide gene expression was utilized to explore the biological function and molecular characteristics of GPX1 in AML.

Results AML patients had moderate expression of GPX4 and GPX7, while minor expression of other GPX family members (GPX2/3/8). The extremely low expression levels of GPX5 and GPX6 were not detectable in AML patients. As a critical member of GPX family, antioxidant enzyme GPX1 had the most significantly increased expression in AML patients compared with normal controls. We also performed transcriptional analysis of another AML cohort of 26 patients from the Gene Expression Omnibus (GEO) dataset (GSE9476) and validated a similar gene expression pattern of GPXs. Consistent with the results in AML patients, GPX1 had significantly higher expression in AML cell lines than other GPX family members (GPX2-8).

Similarly, an independent cohort from affiliated hospitals confirmed that GPX1 mRNA expression was markedly up-regulated in newly diagnosed AML compared with controls and AML patients achieved complete remission. AML patients with lower GPX1 expression in bone marrow samples are more sensitive to chemotherapy and can achieve better remission and prognosis. High GPX1 expression was markedly correlated with higher white blood cells, higher frequency of inv(16) and FAB-M5 subtype. Notably, Kaplan-Meier curves showed that only GPX1 overexpression was associated with shorter overall survival and disease-free survival among AML patients in two independent cohorts. Patients with high GPX1 expression who received hematopoietic stem cell transplantation had markedly longer survival time than patients without HSCT.

Additionally, a total of 183 differentially expressed genes and 14 dysregulated microRNAs were identified to be correlated with GPX1 expression in AML patients from TCGA ($|\log_2FC| > 1$ and $FDR < 0.05$). Among them, we found that 138 positively-correlated genes and 45 negatively-correlated genes were significantly associated with GPX1 expression. These differential genes were significantly enriched in three immune response processes, suggesting a potential role for GPX1 in the immune process of AML. GPX1 expression was positively correlated with that of MYOF, CRIP and LILRB4 (a novel immunosuppressive receptor), which were also negatively correlated with overall survival of AML patients. Considering the negative correlations between GPX1 expressions with miR-100-5p and miR-181c-5p, they may also act as unfavorable outcome predictors for AML and are predicted to directly target GPX1.

Conclusion Among all GPX family members, high expression of GPX1 in bone marrow is most likely to be a potential unfavorable biomarker for therapy monitoring and prognosis of AML patients.

PO-0656

急性髓系白血病患者化疗后血小板减少的 rhTPO 的疗效分析及恢复预测模型构建

焦长青、崔建玲、葛健
安徽医科大学第一附属医院

目的 急性髓系白血病（AML）是一种恶性的血液系统肿瘤。多数患者接受的清髓化疗会进一步抑制骨髓原始细胞，导致血小板减少症。重组人血小板生成素（rhTPO）在国内广泛地用于促进化疗后的血小板恢复，本文基于本院的真实临床诊疗数据，进一步探讨 rhTPO 治疗 AML 化疗后血小板减少的临床效益和安全性。此外，基于患者的临床数据，建立预测 AML 患者化疗后血小板恢复速度的列线图模型，以指导临床提前用药。

方法 （1）为探究 rhTPO 的临床效益及安全性，回顾 2016 年至 2022 年 5 月在我院首次接受诱导化疗的 347 例 AML 患者（排除 M3），根据是否接受 rhTPO 治疗分为实验组和对照组，统计并分析 2 组患者在诱导化疗后血小板计数的恢复水平、恢复速度和血小板输注量。为评估 rhTPO 对化疗的影响和生存的影响，统计诱导化疗缓解率和患者的生存情况及 OS、PFS 时间。为评估 rhTPO 的安全性，统计不良反应发生率。

（2）为建立预测 AML 患者化疗后血小板恢复速度的列线图模型，收集上述患者的性别、年龄、疾病分型、ECOG 评分、卡氏评分、治疗方案、化疗前初始血小板水平和其他血常规指标等临床信息进行统计学分析。将患者低血小板恢复速度作为结局变量，以患者的临床信息作为自变量，构建多因素回归模型。先采用单因素 Logistics 回归筛选变量， $P < 0.1$ 进入多因素；将筛选的变量纳入多因素 Logistics 回归模型。后续对模型的区分布、校准度和临床应用效益进行了检验。

结果 （1）与对照组相比，使用 rhTPO 的实验组血小板恢复水平更高（ $99.0 \times 10^9/L$ vs. $50.0 \times 10^9/L$ ），差异具有统计学意义（ $P < 0.001$ ）。实验组与对照组在血小板输注量、化疗缓解率、总生存期、无进展生存期和不良反应发生率等方面无显著性差异。

（2）多因素 Logistics 回归结果显示，rhTPO 的使用、Hb、MPV、初始血小板水平和 ASXL1 基因突变是影响血小板恢复速度的独立风险因素。建立的列线图模型在训练集和验证集的 AUC 分别为 0.789（95%CI: 0.723-0.846）和 0.759（95%CI: 0.67-0.848）；Hosmer-Lemeshow 拟合优度检验结果分别为 $P = 0.978$ 和 $P = 0.144$ 。

结论 rhTPO 对治疗 AML 患者化疗后的血小板恢复有较好的疗效和安全性，基于上述影响因素可建立列线图预测模型预测血小板恢复速度。

PO-0657

Potential value of immunogenic cell death related-genes in refining European LeukemiaNet guidelines classification and predicting the immune infiltration landscape in acute myeloid leukemia

Changqing Jiao, Jian Ge
the first affiliated hospital of Anhui Medical University

Objective Immunogenic cell death(ICD), a form of regulated cell death that elicits an immune response, has a key role in many tumors, but its prognostic role in patients with acute myeloid leukemia (AML) is unclear. In addition, risk stratification of cytogenetics based AML is imprecise. This study aims at constructing a novel immunogenic cell death-related signature to refine European LeukemiaNet(ELN) guidelines classification and predict the immune landscape.

Methods The data of AML patients were extracted from four databases, totally 1,574 patients. Univariate, and least absolute shrinkage and selection operator(LASSO) Cox regression analyses were performed to build a ICD related signature(ICDRS). The promising prognostic value of ICDRS was demonstrated by the Kaplan-Meier analysis and ROC curves. Then risk stratification of patients was reclassified in combination with ELN risk stratification and ICDRS for AML patients and K-M analysis was completed. Moreover, the ICDRS were analyzed for functional enrichment of different expression genes(DEG), immune characteristics, somatic mutation, and drug sensitivity. We further validated the expression of ICDRS in AML bone marrow microenvironment by single cell RNA(scRNA) analysis. Finally, the gene function of CASP1 was validated in AML by a series of lab experiments.

Results A novel ICDRS was developed to predict the prognosis of AML patients and validated in different cohorts. Risk model was used independently and superiorly as a prognostic indicator for the AML patients and improved ELN risk stratification system. Functional enrichment of DEGs in different ICD risk groups indicated immune characteristics. There were significant differences between different risk groups in terms of immune landscape, somatic mutation and drug sensitivity. ScRNA analysis showed that the expression of ICDRS in malignant cells was higher in other cell types in AML bone marrow microenvironment. Lately, experimental validation suggested that CASP1 affected the proliferation and apoptosis of AML cells.

Conclusion Our findings indicated that ICDRS played a critical role in AML, which can refine the risk stratification of AML and predict the immune landscape, and may provide a reference for clinical individualized treatment.

PO-0658

双表观多靶点方案治疗高危 T-ALL 的疗效及安全性研究

郑博月、李慧
四川省医学科学院·四川省人民医院

目的 探讨改良双表观多靶点方案的疗效与安全性。

方法 纳入 2023 年 4 月至 2024 年 5 月四川省人民医院血液科收治的 T-ALL 患者共 4 例，均予以改良双表观多靶点方案治疗。通过电子病历系统收集患者的基线资料，经本方案治疗 1-2 疗程后对治疗反应进行评估，观察患者治疗反应；通过复诊、电话询问及病案查询等方式进行随访，根据随访结果评估远期生存状况。

结果 入组 4 例患者，均为男性，中位年龄为 40.5 岁（25.3,57.3），骨髓免疫分型提示 Pro-T1 例，

Pre-T1 例, ETP-ALL1 例, MPAL (T/My) 1 例, 1 例患者合并染色体核型异常, 3 例患者合并基因突变, 1 例患者合并纵膈包块, 3 例患者合并淋巴结肿大, 4 例患者均无中枢神经系统受累。3 例患者经本方案治疗 1 个疗程后达到 CR/CRi, 1 例患者在第 2 疗程后获得 CR, 2 例患者在 2 个疗程后获得深度缓解, MRD 转阴, 2 例 CR 后行造血干细胞移植, 目前处于持续缓解状态, 动态于门诊随访。治疗过程中, 3 例患者出现 5 级以下血液学不良反应, 治疗结束后逐渐恢复; 2 例患者出现 3/4 级肺部感染, 使用抗生素干预后症状好转; 2 例患者出现转氨酶升高 1/2 级, 对症予以保肝治疗后恢复, 1 例患者出现瘙痒症 2 级, 对症处理后缓解。所有患者均未出现肿瘤溶解综合征, 均未因不良反应停药, 均未发生治疗相关的死亡。

结论 双表观多靶点方案能使初诊及复发难治性 T-ALL 患者迅速达到深度缓解, 迅速走向移植, 且耐受性良好, 不良反应可控, 可作为高危 T-ALL 患者的优选治疗方案。

PO-0659

Adverse events (AEs) of immunotherapy versus conventional chemotherapy in the treatment of relapsed or refractory Precursor B-Cell Acute Lymphoblastic Leukemia: a systematic review and meta-analysis

Jiyi Fu¹, Boyue Zheng¹, Jiafei Wu¹, Jun Wang³, Hui Li²

1. Sichuan Provincial People's Hospital

2. Department of Hematology, Sichuan Provincial People's Hospital, University of Electronic Science and Technology of China, Chengdu, China

3. Department of Hematology, Chengdu Second People's Hospital, Chengdu, China

Objective To systematically review the adverse events (AEs) of immunotherapy versus conventional chemotherapy in the treatment of relapsed or refractory B-Cell Acute Lymphoblastic Leukemia.

Methods The PubMed, Embase and Web of Science databases were searched to collect phase III randomized trials (RCTs) related to the objectives of the study from January 2014 to March 31, 2024. After two investigators independently screened the literatures, extracted the data and evaluated the risk of bias of the included studies, a meta-analysis was then performed using RevMan 5.4 software.

Results A total of 4 RCTs were finally included, including 1094 patients and two immunotherapies. Meta-analysis showed that compared with chemotherapy, immunotherapy can not reduce the total adverse events, and there is no significant difference between them (risk ratio (RR) 1.08, 95% confidence interval (CI) 0.93 to 1.25). In hematological adverse events, immunotherapy can reduce the occurrence of ≥ 3 grade hematological toxicity, such as leukopenia, neutropenia, anemia and thrombocytopenia, with RR of 0.72 (95% CI 0.57 to 0.90, $p < 0.01$). Among the non-hematological adverse events, we mainly describe infection and other non-hematological toxicity. With regard to infection, the risk of infection of immunotherapy is higher than that of traditional chemotherapy (RR 0.6, 95% CI 0.52 to 0.69). However, due to the limited data provided by four studies, we are unable to obtain detailed data such as infection types, infection frequency and infection duration. As for other kinds of non-hematological toxicity, it shows that immunotherapy can indeed reduce the incidence of corresponding adverse events in gastrointestinal system, but increase the risk of immune system disorder, with RR of 0.69 (95% CI 0.50 to 0.97, $p=0.03$) and 5.11 (95% CI 1.89 to 13.80, $p=0.001$) respectively.

Conclusion Current evidence shows that immunotherapy may reduce ≥ 3 grade hematological adverse events and non-hematological adverse events related to gastrointestinal system in R/R B-ALL, but it may increase the risk of infection and adverse events related to immune system

disorder. Limited by the quantity and quality of included studies, the above conclusions need to be verified by more high quality studies.

PO-0660

PD1 联合阿扎胞苷及维奈克拉 用于高危 MDS 及 AML 患者疗效显著

赵苗苗、张敏

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探索 PD1 联合阿扎胞苷及维奈克拉 (PD1+Aza+Ven, TAV 方案) 在高危 MDS 及 AML 患者中的有效性和安全性。

方法 回顾性分析华中科技大学协和医院血液病研究所 2020-2023 年 12 月接受程序性细胞死亡蛋白 1 (PD-1) 抑制剂 (替雷利珠单抗 200mg,d1) 联合 BCL-2 抑制剂维奈克拉(400mg,d1-14)及去甲基化药物阿扎胞苷(75mg/m²/d,d1-7)三联(PD1+Aza+Ven)组合用药的急性髓系白血病及高危 MDS 共 20 例患者的临床疗效, 分析此三联用药的安全性、完全缓解率、总体反应率 (ORR) 及总体生存率 (OS)。

结果 20 例初治中高危 MDS 及 R/R AML 患者接受了治疗, 中位年龄 54 (47~87) 岁, 男性 13 例 (65.0%), 女性 7 例 (35.0%), 中位随访时间 4.8 (1.4~26.3) 个月。其中初治患者 9 例 (45.0%), R/R 患者 5 例 (25.0%), 缓解后维持治疗患者 6 例 (30.0%)。初治组和 R/R 组中位治疗疗程均为 1 (1~6) 个。9 例初治高危组 AML (9 例) 或 MDS-EB2 患者 (1 例), 经第 1 疗程 PD1+Ven+Aza 治疗后, 7 例 (77.8%) 达 CR/CRi, 1 例 (11.1%) 达部分缓解 (PR), 1 例 (11.1%) 未缓解, 总体 ORR 为 88.9%。5 例 R/R 患者在既往未缓解状态下接受 PD1+Ven+Aza 三联方案, 4 例患者第 2 疗程方案接受 PD1+Ven+Aza 治疗, 1 例第 3 疗程接受 PD1+Ven+Aza 治疗。结果提示 2 例 (40%) 达完全缓解, 2 例部分缓解 (40%), 1 例未缓解, 总体 ORR 为 80%。不适合强化疗及移植的高危 MDS 及 AML 患者共 6 例 (其中 5 例为 AML, 1 例为 MDS-EB-2), 在 CR 后维持治疗时选择了此方案, 患者达完全缓解后, 于第 2 疗程或之后的疗程开始接受 PD1+Ven+Aza 维持治疗, 其中位疗程为 4 (2-5) 个, 4 例 (66.7%) 患者长期生存超过 24 个月, 其中 3 例患者 (50%) 存活至今, 生存时间超过 36 个月, 另外 1 例因心梗死亡。其他 2 例患者死亡, 其中 1 例患者维持 9 月后因继发骨髓衰竭后死亡, 1 例患者维持 4 月余因复发死亡。

结论 PD1+Ven+Aza 作为高危 MDS 或 AML 诱导及缓解后治疗总体耐受性好, 在初治患者中诱导缓解率高, 在难治高危 MDS 及 AML 患者中总体反应率较高。在不适合强化疗及移植的患者维持治疗中也显示了良好的疗效, 长期生存率较高。

PO-0661

一例急性淋巴细胞白血病患者行异基因 造血干细胞移植不明原因反复发热的护理

赵梦妍

中国医学科学院血液病医院

目的 总结了一例急性淋巴细胞白血病患者行异基因造血干细胞移植不明原因反复发热的护理体会, 为临床造血干细胞移植护理提供经验。

方法 本案例中该患者行 CART 治疗后复发, 后行强直入我科, 自入院到出院由于不明原因反复发热, 该患者不定时周身疼痛不适及发热, 不排除肿瘤热及癌痛的可能, 对于造血干细胞移植该类患者, 应做好高热状态下的护理, 采用对症退热及抗炎的治疗, 严密观察病情变化, 加强医护沟通, 防止病情加重及诱发感染。该患者入仓时自理能力评分 85 分, 自理能力较差, 予以患者家属陪床, 向家属宣教规范手卫生及无菌操作, 减少机会性感染, 由于患者凝血功能异常, 压疮评分 16 分, 为预防压疮、维持皮肤保护功能, 保持床单位的清洁干燥并予以患者气垫床应用, 防止患者皮肤摩擦破损, 保持患者的舒适度, 每班查看患者的皮肤情况。输注血制品时注意血型转换, 避免发生溶血反应。该患者持续发热, 1 月 18 日 (-8d) 患者体温最高 37.9 度, 1 月 27 日 (+1d) 患者体温 39.3℃, 2 月 1 日 (+6d) 患者体温 39.4℃, 2 月 2 日 (+7d) 患者血培养结果回报: 阴性, NGS 结果显示庚肝病毒, 予以氨曲南、依拉环素、头孢他啶阿维巴坦抗炎治疗。1 月 20 日 (-6d) 患者诉腹痛, 警惕胰腺炎及肠梗阻的风险, 予患者禁食、加用乌司他丁、奥曲肽抑制胰酶分泌、予以灌肠通便、胃肠减压, 采用疼痛评分 7 分结合患者症状, 为患者提供个体化的疼痛护理方案缓解腹痛。结合发热护理, 心功能不全护理, 重度贫血护理, 加强营养管理, 感染护理, 低蛋白血症的护理, 活动无耐力的护理, 预防低氧血症及急性胰腺炎发生的护理, 预防压疮的护理, 重视患者的心理护理。

结果 本例患者入仓+23d 后发热峰值, 频率均较前下降, 转入普通病房继续治疗。

结论 行异基因造血干细胞移植的患者少有反复发热的症状, 当临床出现该症状, 应加强基础护理, 重视患者的症状护理, 制定预防感染, 避免压疮的护理方案, 加强患者的心理护理, 进一步提升患者的生命质量。

PO-0662

YTHDC1 is a therapeutic target for B-cell acute lymphoblastic leukemia by attenuating DNA damage response through the KMT2C-H3K4me1/me3 epigenetic axis

Xinxin Li, Minhua Zheng, Shoubao Ma, Zhiqiang Yin, Yanan Liang, Xianchun Yan, Hua Han
医学研究院

Objective Objective: B-cell acute lymphoblastic leukemia (B-ALL) is an aggressive malignancy characterized by the aberrant accumulation of immature and dysfunctional B cells in bone marrow (BM). Although chemotherapy and other therapies have been widely applied, some patients such as relapsed and refractory (R/R) B-ALL exhibit limited response. YTHDC1 is a nuclear reader of N6-methyladenosine (m⁶A) RNA modification, which has been implicated in different malignancies including leukemia. The objective of our research is to explore the function and regulation mechanism of YTHDC1 in the progression of human B-ALL.

Methods Methods: RNA-seq, Flow cytometry, MeRIP seq, RIP-qPCR and so on.

Results In the current study, we show that YTHDC1 is highly expressed in B-ALL. YTHDC1 knockdown attenuated B-ALL cell proliferation and cell cycle progression in vitro, and prolonged survival of mice in the human B-ALL xenograft model in vivo. Mechanically, YTHDC1 knockdown significantly increased the accumulation of endogenous and chemotherapeutic agents-induced DNA damages in B-ALL cells. Furthermore, we identified that YTHDC1 binds to and stabilizes m⁶A-modified KMT2C mRNA. KMT2C is a key enzyme catalyzing histone H3K4 methylation required for DNA damage response (DDR), implying that YTHDC1 inhibitors might improve chemotherapy by attenuating DDR via reducing KMT2C. Indeed, with molecular docking and biochemical experiments, we identified EPZ-5676 as a YTHDC1 inhibitor, and combination of EPZ-5676 with Cytarabine (Ara-c) significantly improved the efficacy of chemotherapy in B-ALL mouse models using YTHDC1^{high} primary and lined B-ALL cells.

Conclusion YTHDC1 is required for DNA damage response by upregulating m⁶A-modified KMT2C, thereby leading to increased histone H3K4 methylation, and targeted inhibition of YTHDC1 is a potentially new therapeutic strategy against B-ALL, especially YTHDC1^{high} B-ALL.

PO-0663

新发现的融合基因 PTPRC-CYRIB 在 T-ALL 中致耐药机制研究

李昕迪、尹乐、王志华、盛岳、程钊、彭宏凌
中南大学湘雅二医院

目的 研究新的融合基因 PTPRC-CYRIB 在 T-ALL 中的致耐药机制。

方法 我们在一例原发耐药的 T-ALL 病人的骨髓中通过二代测序发现了新的融合基因 PTPRC-CYRIB 并用一代测序验证其存在；采用分子克隆技术构建过表达 PTPRC-CYRIB 基因质粒；通过慢病毒转染构建稳定过表达 PTPRC-CYRIB 的 T-ALL 细胞系。以 PTPRC-CYRIB 基因过表达的 T-ALL 细胞系作为过表达组（OE 组），转入空载体的 T-ALL 细胞系为对照组（NC 组），采用 PCR 和 Western blot 鉴定转染细胞的 PTPRC-CYRIB 基因表达情况，记录两组细胞的生长曲线，采用集落形成实验检测细胞克隆形成能力，使用 Vincristine、Idarubicin、Cyclophosphamide、Prednisone 四种传统化疗药物干预后进行 CCK8 实验，检测过表达 PTPRC-CYRIB 基因组与对照组相比是否耐药。

结果 成功构建稳定过表达 PTPRC-CYRIB 的 T-ALL 细胞系，与 NC 组相比，PCR 与 WB 结果显示 OE 组细胞 PTPRC-CYRIB 基因过表达，生长曲线显示 OE 组细胞增殖速度明显增加，克隆形成实验显示 OE 组克隆形成能力明显增强，经药物干预后，CCK8 结果显示 Vincristine、Idarubicin、Cyclophosphamide、Prednisone 四种药物对 OE 组细胞增殖能力抑制作用显著低于 NC 组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 在 T-ALL 中过表达融合基因 PTPRC-CYRIB 可能导致耐药的发生。

PO-0664

91 种炎症蛋白与急性髓系白血病全基因组测序的关联分析

安慧慧、吴涛、李芸芸
联勤保障部队第 940 医院

目的 在以前的队列研究中炎症蛋白与急性髓系白血病（AML）的关系已经被观察到。然而，目前尚不清楚哪种循环炎症蛋白可以影响 AML 的发生风险。

方法 我们使用 91 个循环炎症蛋白的 GWAS 汇总结果进行了孟德尔随机化（MR）分析，以评估它们对 AML 的因果影响。AML 的遗传变异数据来自 FinnGen 联盟结果。采用逆方差加权（IVW）方法作为主要分析方法，MR-Egger、Weighted median 方法进一步强化了最终结果。此外，还进行了敏感性分析来评估其稳健性和可靠性。

结果 我们的研究发现 8 种循环炎症蛋白与 AML 的发生有因果效应（ $p < 0.05$ ）。其中 ARTN、IL-2RB、SIRT2 和 STAMPB 水平升高与 AML 发生风险降低相关：[（OR：0.4583，95%CI：0.2190-0.9591）；（OR：0.2347，95%CI：0.0941-0.5853）；（OR：0.3104，95%CI：0.1380-0.6982）；（OR：0.2890，95%CI：0.1049-0.7961）]。相反 CD6、CXCL5、IL-15RA 和 MMP-10 水平升高与 AML 发生风险升高相关：[（OR：3.2693，95%CI：1.2853-8.3159）；（OR：1.6946，95%CI：1.0134-2.8336）；（OR：1.5729，95%CI：1.0500-2.3448）；（OR：1.8820，95%CI：1.0614-3.3371）]。

结论 我们的研究使用 MR 分析技术为明确循环炎症蛋白与 AML 之间的关系提供了新的见解。

PO-0665

骨髓增生异常综合征演变为伴 Ph+急性髓系白血病 1 例并文献复习

高铭敏、吴涛、刘文慧
联勤保障部队第 940 医院

目的 探讨 MDS 演变为伴 Ph+AML 的因素及预后。

方法 选择 2022 年 3 月我科收治的 1 例 59 岁男性初诊为 MDS 患者为研究对象。采用回顾性分析方法，对患者演变为伴 Ph+AML 的临床表现与诊治过程进行分析。

结果 ①病史采集：患者因“乏力 2 月”，初诊为急性髓系白血病入院。②入院后完善相关检查（BCL-ABL1 阳性）诊断为 AML-M5。给予 IA 方案诱导缓解化疗 2 疗程，第 2 疗程开始联合甲磺酸伊马替尼。给予 HA 方案治疗 1 疗程，治疗过程中病情持续不缓解。并检出 E255K/V 基因阳性。治疗期间患者出现消化道出血、凝血功能障碍、菌血症、多脏器衰竭合并肺泡出血，经抢救无效死亡。

结论 TKI 类药物可作为 Ph+AML 一线方案及挽救治疗方案来获得疾病缓解，若通过 TKI 联合化疗使疾病缓解后，如条件允许尽早进行异基因造血干细胞移植，是目前比较认可的一种治疗手段。Ph+AML 在临床上极为少见，属于预后不良组，有效的治疗尚不明确，因此对于此类特殊亚型的 AML 还需在前瞻性、大样本临床研究中进一步明确。

PO-0666

维奈克拉联合 CACAG 方案治疗难治/复发急性髓系白血病的前瞻性单臂研究与历史对照 CDCAG 方案的对比研究

刘青阳、窦立萍
中国人民解放军总医院第五医学中心

目的 难治/复发急性髓系白血病（R/R AML）往往对传统细胞毒性治疗不敏感，预后差、生存期短，目前并没有标准的 R/R AML 再诱导治疗方案，追求高缓解率且耐受性好的治疗方案是当前 R/R AML 患者治疗的重难点。本文旨在评估双表观调控药物联合 CAG（阿糖胞苷、阿柔比星、G-CSF）和 B 细胞淋巴瘤因子 2（BCL-2）抑制剂维奈克拉组成 CACAG+维奈克拉方案与历史对照 CDCAG 方案治疗难治/复发急性髓系白血病的疗效与安全性的差异。

方法 经过标准诱导化疗方案治疗 1 个疗程骨髓原始细胞>20%或 2 个疗程骨髓原始细胞>20%的初治病例或外周血重新出现白血病细胞或骨髓原始细胞≥5%的 AML 患者入组本研究。（1）基本特征：收集两组患者临床资料，包括患者基线数据、生存结局（无进展生存期、总生存期）。（2）研究方案：CACAG+维奈克拉组为阿扎胞苷（75 mg/m², d 1-7）、阿糖胞苷（75-100 mg/m², q12h, d 1-5）、阿柔比星（20 mg, d 1、3 和 5）、西达本胺（30 mg, d 1、4、8 和 11）、维奈克拉（100 mg d 1, 200 mg d 2, 400 mg d 3-14, 与唑类药物联用，减为 100 mg/d）、G-CSF（300μg/d, 直至中性粒细胞恢复）的治疗方案；CDCAG 组采用地西他滨（20 mg/m², d 1-7）、阿糖胞苷（50mg/m², 如 WBC≥20×10⁹/L, d 1-7、如 WBC <20×10⁹/L, d 3-7）、阿柔比星（10mg/m², d3-7）、西达本胺（30mg, 2/周, d1-14）、G-CSF（300μg/d, 直至白细胞 > 20 × 10⁹/L）。（3）疗效观察指标：分析两组 R/R AML 患者的疗效，研究终点为 1 疗程后总体反应率（ORR）。

结果 1.CACAG+维奈克拉 1 疗程后 19 例达到 CR/CRi（70.4%），12 例达到 MRD-CR（63.2%），ORR 为 74.1%。难治组为 14 例，CR/CRi 10 例（5 例 MRD-CR）；复发组 13 例，CR/CRi 9 例（7 例 MRD-CR）。难治和复发组患者的 ORR 分别为 78.6%和 69.2%。

2. CACAG+维奈克拉 CR 率为 70.4%，CDCAG 的 CR 率为 40.9%，差异有统计学意义（ $P=0.036$ ）；CACAG+维奈克拉的 MRD 阴性率为 63.2%高于 CDCAG 组的 22.2%（ $P=0.110$ ）。
3. CACAG+维奈克拉和 CDCAG 治疗 R/R AML 不良反应可控，两组患者均发生了 3/4 级骨髓抑制，两组方案的非血液学不良反应比较，统计学未见明显差异（ $P>0.05$ ）。

结论 与历史对照 CDCAG 方案相比，CACAG+维奈克拉方案治疗 R/R AML 患者可获得较高的完全缓解率及微小残留病变清除率，并且明显改善患者的生存。

PO-0667

Overexpression and clinical significance of PBX3 in acute myeloid leukemia

Yangjing Zhao^{1,2}, Yue You², Jiaxin Xu², Hui Zhang³, Jun Qian¹, Jingdong Zhou¹

1. Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

2. School of Medicine, Jiangsu University

3. Affiliated Hospital of Jiangsu University

Objective Objectives: The transcription factor Pre-B-cell leukemia homologous box 3 (PBX3) has been extensively studied for its role in the regulation of early mammalian development and locomotor system. Over the past few decades, PBX3 has been identified to be involved in some solid tumors, such as colon cancer and hepatocellular carcinoma. However, the aberrant expression of PBX3 in acute myeloid leukemia (AML) patients and its clinical significance remain unclear. This study aims to investigate the expression levels and potential clinical significance of PBX3 in bone marrow samples from AML, and to evaluate the clinical values of PBX3 as a promising prognostic biomarker for AML.

Methods The RNAseq and clinical data of PBX3 were obtained from The Cancer Genome Atlas (TCGA) database and then analyzed in 33 different types of malignancies. The aberrant expression of PBX3 was further validated by the Gene Expression Omnibus (GEO) dataset GSE9476. The correlations among the expression levels of PBX3, the clinical parameters and prognosis of AML patients were further analyzed. The differentially expressed genes in the whole transcriptome were analyzed to identify the molecular network in AML which caused by PBX3 expression abnormalities.

Results The mRNA expression levels of PBX3 were upregulated in 12 malignancies, and the altitudes increased most significantly in AML than any other cancer types, which was also confirmed in GSE9476 dataset. High PBX3 expression is more frequent occurred in FAB-M5 patients and less frequent in FAB-M3 patients. In addition, PBX3 expression was associated with patient chromosomal karyotype ($P<0.001$). Higher PBX3 expression was predominantly observed in patients with the 11q23 karyotype, and lower PBX3 expression mainly occurred in patients with normal, t(15;17), t(8;21), inv(16), and complex karyotypes. High PBX3 expression was significantly associated with FLT3, NPM1, and DNMT3A mutation. Importantly, patients with high PBX3 expression showed shorter overall survival and disease-free survival than patients with low PBX3 expression. PBX3 expression was positively correlated with multiple homeobox genes (including most HOXA and HOXB genes, MEIS1), and the expression levels of these homeobox genes were all negatively correlated with AML patients' overall survival.

Conclusion This study provides evidence that PBX3 was upregulated in multiple cancers and most significantly in AML patients. The abnormal overexpression of PBX3 was correlated with the clinicopathological characteristics and poor prognosis in AML patients. PBX3 may play a crucial regulatory role in promoting the development of AML by interacting with HOXA family members and MEIS1 to regulate the downstream target genes. In summary, the high expression of PBX3 in the bone marrow of AML patients is a potential biomarker for poor prognosis, and it may have extensive interactions with other homeobox genes.

PO-0668

个体化健康教育在急性白血病患者护理中的应用价值分析

陈雪

郑州大学第一附属医院（郑东院区）

目的 探讨个体化健康教育对急性白血病患者护理效果。方法 选取 2023 年 4 月至 2024 年 4 月在某院血液科住院的 62 例急性白血病患者，按照随机数字表法分为观察组和对照组，每组 31 例。对照组给予常规护理，观察组在此基础上给予个体化健康教育。比较两组患者的焦虑程度、抑郁程度、中性粒细胞绝对值恢复时间以及并发症发生率。结果 干预前，两组患者 SAS 评分和 SDS 评分比较，差异均无统计学意义 ($P>0.05$)；干预后，两组评分均较干预前显著降低 ($P<0.05$)，且观察组 SAS 评分 (42.3 ± 5.1) 分和 SDS 评分 (41.8 ± 5.4) 分均显著低于对照组 (48.7 ± 5.6) 分和 (47.6 ± 6.0) 分，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。观察组中性粒细胞绝对值恢复时间 (10.26 ± 2.18)d 显著短于对照组 (13.45 ± 2.74)d ($P<0.05$)。观察组并发症发生率为 9.68%，显著低于对照组的 29.03%，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。

方法 对照组给予常规护理，包括测量生命体征、用药指导、饮食指导等。

观察组在此基础上给予个体化健康教育，具体如下：(1) 入院时评估，全面了解患者的病情、心理状态及认知程度，制定个性化的健康教育计划；(2) 讲解疾病知识，让患者了解疾病的病因、临床表现、治疗方案及预后，树立战胜疾病的信心；(3) 心理护理，密切关注患者的情绪变化，给予针对性的心理疏导，缓解焦虑、抑郁等不良情绪；(4) 饮食指导，告知患者化疗期间易发生口腔溃疡、恶心呕吐等不良反应，指导其多饮水、少量多餐，避免刺激性食物，保证营养；(5) 用药指导，向患者讲解化疗药物的作用及不良反应，嘱其按时服药，不得擅自调整剂量，如出现不适及时告知医护人员。

结果 干预前，两组患者 SAS 评分和 SDS 评分比较，差异均无统计学意义 ($P>0.05$)；干预后，两组评分均较干预前显著降低 ($P<0.05$)，且观察组显著低于对照组 ($P<0.05$)。观察组 ANC 恢复时间为 (10.26 ± 2.18)d，显著短于对照组的 (13.45 ± 2.74)d，差异有统计学意义 ($t=4.987, P<0.001$)。观察组并发症发生率为 9.68%，显著低于对照组的 29.03%，差异有统计学意义 ($\chi^2=4.022, P=0.045$)。

结论 个体化健康教育可显著改善急性白血病患者焦虑、抑郁情绪，促进中性粒细胞恢复，降低并发症发生率，值得临床推广应用。

PO-0669

慢性髓系白血病患者不规范治疗情况及其治疗反应与结局

宝梅、江倩

北京大学人民医院

目的 探索慢性髓系白血病 (CML) 患者不规范治疗情况及其治疗反应与结局。

方法 回顾性分析在北京大学人民医院确诊的 ≥ 18 岁初诊接受酪氨酸激酶抑制剂 (TKI) 一线治疗的 CML 连续病例不规范监测基因、不规范减量或停药和不规范换药情况及其对治疗反应和结局的影响因素。

结果 共纳入 2617 例 CML 患者，中位年龄 42 (18-89) 岁，男性 1587 例 (61%)。904 (34%)、266 (10%) 和 469 (18%) 的患者出现不规范监测基因、减量或停药、换药。相较于规范监测基因的患者，不规范监测基因和/或不规范减量或停药和/或不规范换药的患者细胞遗传学、分子学反应获得率更低，无疾病进展生存 (PFS)、总生存 (OS) 期和 CML 相关生存 (CML-OS) 期更短 (均 $P<0.001$) (图 1)。多因素分析显示，不规范换药与较短的 PFS (HR=1.8, 95%CI 1.3-2.6, $P=0.001$)、OS (HR=4.4, 95%CI 2.3-8.4, $P<0.001$) 和 CML-OS (HR=5.2, 95%CI 2.5-

10.8, $P < 0.001$) 显著相关。此外, 未婚或离异、ELTS 评分中/高危/加速期、附加染色体阳性、酪氨酸激酶抑制剂线数 > 1 与较短的 PFS 和/或 OS 和/或 CMLOS 相关。大学及以上教育水平与较长的 PFS 和/或 OS 和/或 CMLOS 相关。

结论 不规范监测基因、不规范减量或停药, 尤其是不规范换药与 CML 患者不良治疗反应与结局相关。临床医生在管理患者中应关注规范化治疗的重要性。

PO-0670

慢性髓系白血病急髓变患者接受第三代酪氨酸激酶抑制剂联合阿扎胞苷治疗生物标志物探索性研究

宝梅、张小帅、王想、李宗儒、于露、黄晓军、江倩
北京大学人民医院

目的 探索慢性髓系白血病急髓变患者 (CML-MBP) 接受普纳替尼或奥雷巴替尼联合阿扎胞苷治疗反应与结局的生物标志物。

方法 通过 Logistic 和 Cox 回归模型, 结合临床信息、细胞遗传学、高通量 DNA 测序和转录组测序结果, 在成年 CML-MBP 中探索接受普纳替尼或奥雷巴替尼联合阿扎胞苷治疗反应与结局的生物标志物。

结果 共纳入了 44 例 CML-MBP 患者, 在 43 例 (除 1 例早期死亡患者) 可评估疗效的患者中, 33 例 (77%) 患者回到慢性期 (RCP)。2 年无事件生存 (EFS)、CML 相关生存 (CML-OS) 和总生存 (OS) 的获得率分别为 18% (95%CI, 6-31%)、36% (18-54%) 和 26% (11-40%)。调整后的 Logistic 和 COX 回归结果显示, KRAS 突变与较低的 RCP 获得率 (OR=0.02, 95%CI 0-0.5, $P = 0.014$)、较短的 EFS (HR=4.5, 95%CI 1.7-12.0, $P = 0.002$)、CML-OS (HR=11.5, 95%CI 2.9-45.3, $P < 0.001$) 和 OS (HR=11.1, 95%CI 3.4-35.7, $P < 0.001$) 显著相关, 此外, PTPN11 突变和较高的原始细胞水平与较短的 CML-OS 和/或 OS 相关, 而出现 +Ph 与较长的 EFS 相关。无监督聚类分析结果显示, 39 例患者可分为 2 个分型。相较于分型 2 患者 ($n=17$), 分型 1 患者 ($n=22$) 的 EFS、CML-OS 和 OS 更差。差异基因分析显示, 在分型 1 患者中筛选出 937 个上调基因和 444 个下调基因。基因集富集分析 (GSEA) 显示, 分型 1 患者表现为 KRAS 信号通路和 IL6-JAK-STAT3 信号通路的激活, 而簇分型 2 患者表现为 PI3K-AKT-mTOR 信号通路、DNA 修复通路和 P53 通路的激活。

结论 KRAS 突变与 CML-MBP 患者接受普纳替尼或奥雷巴替尼联合阿扎胞苷的不良治疗反应与结局相关。

PO-0671

Altered bile acid metabolomics at engraftment was associated with aGVHD occurrence

Lijie Han¹, Sun Xianlei², Kong Jingjing¹, Zhu Zhenhua³, Zhao Junwei³, Guo Rongqun¹

1. The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

2. Basic Medical Research Center, Academy of Medical Sciences, Zhengzhou University, Zhengzhou, China

3. Department of Laboratory Medicine, The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University, Zhengzhou, China

Objective Acute graft-versus-host disease (aGVHD) is still a life-threatening complication after allogeneic transplantation. Microbiota has a pivotal role in aGVHD, but it is uncertain what the impact of metabolomics from microbiota on aGVHD is.

Methods Here we used 16s rRNA and ultrahigh performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry (UPLC-MS/MS) to analyze microbiota and bile acid metabolomics at engraftment allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT).

Results The study cohort consisted of 82 cases, with 30 patients experiencing grade II-IV aGVHD (aGVHD group) and 52 patients without aGVHD (non-aGVHD group) within 100 days post-transplantation. Twenty-seven patients received an HLA-matched sibling donor transplant, 47 received a haploidentical donor transplant, and 8 received an HLA-matched unrelated donor transplant. Characterizations of microbiota composition revealed significant enrichment of *C. Clostridia* and *F. Peptostreptococcaceae* in patients without aGVHD ($P < 0.05$). The abundances of *f_Peptostreptococcaceae*, *g_Hungatella* of the *f_Lachnospiraceae*, *Clostridia*, and *s_Flavonifractor_plautii* of the *O_Clostridia* were found to be higher in the non-aGVHD group compared to the aGVHD group ($P < 0.05$), belonging to Firmicutes phylum, Clostridia class. Compared to aGVHD, the non-aGVHD group was associated with significantly higher levels of isoCDCA, 6-ketoLCA and 3-oxo-CA ($P = 0.019, 0.035$ and 0.015 , respectively). There were also trends of differences in other bile acid metabolites between the groups, such as 12-oxo-CDCA, TDCA, 6,7-DKLCA, HDCA, LCA-3S, DCA-3-O-S, CA-3S, 3 β -UDCA and 7,12-DKLCA, although these differences were not statistically significant (all $P > 0.05$). Interestingly, the abundances of isoCDCA, 3-oxo-CA, and 6-ketoLCA were found to exhibit significant positive correlations with the microbiota compositions of *f_Peptostreptococcaceae*, *s_Flavonifractor_plautii*, and *g_Hungatella* within the *f_Lachnospiraceae* ($r = 0.38, 0.34, 0.24$; $P < 0.001, 0.002, 0.030$; $r = 0.26, 0.40, 0.30$, $P = 0.018, < 0.001, 0.005$; $r = 0.27, 0.36, 0.39$, $P = 0.012, < 0.001, < 0.001$). Furthermore, the abundances of 12-oxo-CDCA also displayed significant positive correlations with the abundances of *o_Clostridia*, *s_Flavonifractor_plautii*, *f_Peptostreptococcaceae*, *g_Hungatella*, and *g_Oscillibacter* ($P < 0.01, 0.01, < 0.05, < 0.05, < 0.05$, respectively). Additionally, the abundance of TDCA is negatively correlated with the abundance of *c_Clostridia*, *s_Bifidobacterium_breve*, *g_Hungatella* and *s_Flavonifractor_plautii* ($P < 0.01, < 0.05, < 0.05, < 0.05$, respectively).

Conclusion Our findings supported that the altered bile acid metabolomics correlated with microbiota, which may altogether influence aGVHD during early stage after allo-HSCT.

PO-0672

T 细胞耗竭与白血病免疫疗法

周华蓉、庞燕昌
福建医科大学附属协和医院

目的 鉴于白血病这种恶性克隆性疾病的预后不良，且现行治疗手段对患者生存期并未显著改进，本文旨在综述 T 细胞耗竭及白血病免疫疗法现状，基于此寻找新的可能的治疗靶点，从而优化白血病的免疫治疗策略。

方法 通过研究 T 细胞耗竭标志物、转录谱及机制的最新进展，总结白血病免疫逃逸机制及免疫疗法现状，探索 CD26 与 T 细胞的关系，从而展望白血病基于 T 细胞耗竭免疫疗法的未来。

结果 癌细胞通过驱动 T 细胞耗竭来逃避 T 细胞免疫反应，导致肿瘤失去控制和进展，而 T 细胞耗竭的重要标志物 PD-1 已被证明抑制 T 细胞的活性，与配体 PD-L1 相互作用，抑制 T 细胞受体介导的细胞毒性和 CD8⁺T 细胞增殖，从而避免自身免疫系统对肿瘤细胞和免疫监视的杀伤，然而由于肿瘤和个体免疫系统的异质性，单一抑制途径的阻断并不能实现对血液恶性肿瘤的持久反应。CD26 在功能上与 T 细胞活化和增殖的调节相关，在 CD4 和 CD8 T 细胞上观察到 CD26 上调，使其成为基于 T 细胞的免疫疗法候选者。

结论 本文综述了 T 细胞耗竭的研究现状，CD26 与 T 细胞之间的关系，以及白血病目前最新的免疫疗法等，为未来探索白血病新的免疫治疗策略提供有希望的线索。

PO-0673

一名丙肝感染供者在骨髓移植中的成功案例

郭永伟、梁昌玖、董敏
海南医学院第二附属医院

目的 丙型肝炎是一种影响肝脏的病毒感染，可能危及生命。丙型肝炎通过接触受感染的血液传播，在异体骨髓移植中，丙型肝炎病毒（HCV）也可通过受感染的骨髓捐献者传播。预防传播可以降低移植相关并发症的风险。

方法 本文描述了一例 40 岁的急性髓系白血病患者，其骨髓 HLA 配型全相合的供体血清 HCV-RNA 检测呈阳性，而患者血清中的 HCV-RNA 检测呈阴性。在骨髓移植前 4 个月，供体接受了索磷布韦维帕他韦的治疗，2 个月后 HCV RNA 检测值降至 <1000 IU/ml。移植术前评估显示供体骨髓造血功能正常。

结果 完成移植后，患者的白细胞和血小板顺利植入，且受者血清中的 HCV-RNA 仍为阴性。

结论 通过索磷布韦维帕他韦的抗病毒治疗，阻断了 HCV 在回输造血干细胞后由供体传染给受体，成功完成了丙型肝炎病毒感染供者的骨髓移植。

PO-0674

一例 AML 使用常规剂量阿糖胞苷导致急性呼吸困难病例报道

卢聪、江慧雯、吴耀辉、胡俊斌
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 我们报道 1 例以急性、亚急性呼吸困难为主要表现的常规剂量阿糖胞苷所致的过敏性肺炎，旨在提高对本病的认识，减少误诊和漏诊。

方法 病情介绍：患者，15 岁女性，初诊急性髓系白血病，第一次接受阿糖胞苷（100 mg/m²/d）治疗时，在输注阿糖胞苷 160mg 后 1h 左右出现高热并发呼吸困难，予以面罩给氧等处理后缓解；第二次继续予以阿糖胞苷 160mg 治疗，当日夜间患者呼吸困难加重，指脉血氧饱和度 76%，给予地塞米松 10mg、无创呼吸机辅助通气等治疗，患者呼吸困难及缺氧改善。急查血气结果未提示明显低氧血症，考虑氧饱和度下降可能为急性过敏反应导致支气管痉挛所致。3 天后复查肺部 CT 示双肺散在多发淡薄磨玻璃影，边缘模糊，不排除间质性肺水肿可能。停药 1 周后再次拟行阿糖胞苷序贯去甲氧柔红霉素方案化疗，予以阿糖胞苷 100mg 化疗后再次出现呼吸困难，由于已使用地塞米松 10mg 及非那根 25mg 预处理，症状较前次明显减轻，复查肺部 CT 仍提示双肺散在淡薄磨玻璃影，较前加重，遂停用阿糖胞苷。综上，考虑为阿糖胞苷相关过敏性肺炎。

结果 综合本例患者两次接受常规剂量阿糖胞苷治疗后出现呼吸困难，肺部 CT 提示为边缘不清广泛散在密度不均磨玻璃影；间质性肺水肿，考虑本例患者的肺可能为阿糖胞苷所致。其机制可能为初诊 AML 患者，由于免疫力低下合并社区获得性肺炎，使得患者对于阿糖胞苷肺毒性敏感性增加，接触小剂量阿糖胞苷后，由于细胞因子的释放，药物对肺上皮直接毒性作用，引起肺毛细血管渗漏综合征，从而引起急性呼吸困难和相关肺部表现。

结论 由此提示，除中大剂量外，初次使用常规剂量阿糖胞苷也可引发过敏性肺炎、弥漫性磨玻璃样改变；使用该药过程中应注意监测患者相关临床表现、体征和影像学变化，一旦出现呼吸困难等症状，应考虑阿糖胞苷相关不良反应，停药并使用激素可改善预后。

PO-0675

可检测残留病 (MRD) 复发急性髓系白血病结局分析

宫本法、魏辉、王建祥

中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

目的 探讨急性髓系白血病多参数流式细胞仪可检测残留病 (MFC MRD) 复发的预后价值。

方法 回顾性收集 2014 年 1 月至 2021 年 4 月在我们中心新诊断的急性髓系白血病 (AML) 患者的临床特征、可检测残留病 (MRD) 复发和结局情况,分析 MRD 复发与结局之间的关系。

结果 获得第一次 MRD 阴性缓解的 767 例 AML 患者中,随访过程中 171 例(22.3%)发生了流式细胞术检测的 MRD 复发。MRD 复发患者形态学累积复发率 (CIR) 显著高于非 MRD 复发患者(69.2% vs 33.4%, $p < 0.0001$), 5 年无复发生存率(RFS)和总体生存率(OS)也显著低于非 MRD 复发患者(RFS 28.0% vs 62.3%, $p < 0.0001$;OS 38.1% vs 73.0%, $p < 0.0001$)。各 ELN 危险度分层中 MRD 复发对预后均具有同样差异。MRD 复发时 MRD $<0.1\%$ 患者的预后与 MRD $\geq 0.1\%$ 的患者预后相似,1、2、5 年 CIR 分别为 58.8% vs 55.3%、62.9% vs 65.6%、65.2% vs 71.0%($p = 0.771$)。

结论 急性髓系白血病 MRD 复发,即使是较低水平复发,常预示较高比例形态学复发,与较差预后相关,可作为疾病进展的早期预警因子。对该人群应优化后续治疗方案以延缓或阻止疾病进展。

PO-0676

Identification of ELOVL6 as a Causal Factor and Potential Therapeutic Target for Acute Myeloid Leukemia

Linhui Hu,Zhenjinag Li,Qingming Wang,Li Yu

Department of Hematology, The Second Hospital of Nanchang University, Nanchang, Jiangxi Province, People's Republic of China

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is the most common leukemia in adults, especially in the elderly. Despite advances in treatment, the prognosis for AML remains poor, highlighting the need for new and effective therapeutic targets.

Methods We employed summary data-based Mendelian randomization (SMR) and Mendelian randomization (MR) methods to identify causal associations between blood genomes, from the eQTLGen consortium, and AML. Data were analyzed from the UK Biobank (UKB) database, comprising 456,128 controls and 220 patients, and the FinnGen database, with 314,192 controls and 244 patients. Results were combined using meta-analysis. Gene expression levels were examined using TCGA and BeatAML databases, with further validation in AML patients and cell lines via PCR. Additionally, the effects of potential targets on AML cell proliferation and apoptosis were investigated through cell transfection experiments.

Results Our analysis identified 13 genes associated with AML, including ABHD3 (pooled OR: 0.19), AC046143.7 (pooled OR: 0.37), ARID1A (pooled OR: 0.46), C9orf84 (pooled OR: 0.11), CACNA1H (pooled OR: 0.09), CCR8 (pooled OR: 8.47), DESI2 (pooled OR: 0.04), ELOVL6 (pooled OR: 0.16), MIR4635 (pooled OR: 1.74), NPAT (pooled OR: 4.37), PIGV (pooled OR: 0.46), RP11-705O3.1 (pooled OR: 1.31), RP5-968P14.2 (pooled OR: 0.12). Notably, MR analysis revealed a causal relationship between ELOVL6 and AML (pooled OR: 0.35). ELOVL6 expression was significantly lower in AML patients and cell lines compared to healthy controls, as confirmed by data from TCGA, BeatAML, and our own PCR analysis. Overexpression of ELOVL6 in AML cell lines molm13 and MV-4-11 promoted apoptosis and inhibited cell proliferation.

Conclusion Our study identifies ELOVL6 as a potential therapeutic target for AML, demonstrating its role in promoting apoptosis and inhibiting cell proliferation in AML cells.

Targeting ELOVL6 in drug development could pave the way for more effective and cost-efficient AML treatments, with promising implications for future clinical trials.

PO-0677

慢性髓性白血病患者酪氨酸激酶抑制剂治疗模式

原梦瑶^{1,2,3}、张小帅^{1,2,3}、江倩^{1,2,3}

1. 北京大学人民医院

2. 北京大学血液病研究所

3. 国家血液系统疾病临床医学研究中心

目的 描述慢性髓性白血病慢性期（CP-CML）患者接受酪氨酸激酶抑制剂（TKI）的治疗模式，比较每线 TKI 治疗结局及其影响因素。

方法 回顾性收集 2012 年 1 月至 2023 年 12 月期间接受伊马替尼、尼洛替尼、达沙替尼或氟马替尼作为一线治疗的 CP-CML 病例。

结果 纳入 1766 例接受伊马替尼（1374 例，77.8%）、尼洛替尼（254 例，14.4%）、达沙替尼（63 例，3.6%）、氟马替尼（75，4.2%）一线治疗的成人 CP-CML 患者。中位随访 48（IQR 24~77）个月，每线 TKI 治疗换药比例：1st 570/1766（32.3%）；2nd 208/570（36.5%）；3rd 71/208（34.1%）。最常见治疗序列：伊马替尼→达沙替尼（n = 134，37.0%）、伊马替尼→尼洛替尼（n = 125，34.5%）；伊马替尼→尼洛替尼→达沙替尼（n = 34，24.8%）；伊马替尼→尼洛替尼→达沙替尼→奥雷巴替尼（多为临床试验，n = 13，18.3%）。换药原因主要为耐药（一线→二线，63.7%；二线→三线，76.4%；三线→四线，88.7%；P < 0.001）和不耐受（一线→二线，20.4%；二线→三线，14.4%；三线→四线，7.0%；P = 0.007）。多因素分析显示，ELTS 中高危、附加染色体异常、初诊时低 HGB 更易换药；加速期和之前治疗未达到 CCyR 与二线和≥三线更差的无失败生存（FFS）、无进展生存（PFS）和/或总生存显著相关；诊断至换药的间隔越长、ELTS 高危与二线更差的 FFS 和 PFS 显著相关；未携带或携带非敏感性 ABL 突变与三线更差的 FFS 显著相关。然而，三代 TKI、非因治疗失败或不耐受而换药与二线更好的 FFS 显著相关。

结论 CP-CML 患者转换治疗比例约为 32%，原因主要为耐药。初诊 ELTS 中高危、附加染色体异常、较低 HGB 是转换 TKI 治疗的高危人群。

PO-0678

High Cumulative Exposure of Asparaginase may Bridge Chemotherapy and Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation as The Total Therapy in Treating Adult Acute Lymphoblastic Leukemia: A Ambispective Cohort Study

junjie chen¹, Zhixiang Wang¹, Xuan Zhou¹, Hongsheng Zhou^{1,2}

1. 南方医科大学南方医院

2. 南方医科大学赣州医院

Objective About 20-40% of adult acute lymphoblastic leukemia (ALL) patients will suffer from relapse after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). Solid evidence had demonstrated that adequate asparaginase (Asp) exposure is essential for reducing the relapse

rate in ALL. However, whether Asp contained consolidation can offer added benefit to adult ALL who underwent allo-HSCT, and how many doses of pre-transplant Asp is optimal is remained to be elusive.

Methods As the retrospective observation that relapse rate after transplantation was reduced, when variable doses of pegylated-ASP (PEG-Asp) were used in consolidation. We prospectively designed PDT-ALL-2016 total-therapy protocol, an Asp intensified, pediatric-inspired protocol in 2016, in which, allo-HSCT was allocated after 2 phases and 3 blocks of Asp contained induction and consolidation (4 or 5 planned doses of PEG-Asp were given pre-HSCT). A consecutive of 497 patients who underwent allo-HSCT were enrolled in this study, these patients from retrospective cohort between January 2008 and December 2015 (N=279; 54.5%) and prospective PDT-ALL-2016 cohort from January 2016 to December 2021 (N=218; 45.2%).

Results The retrospective cohort showed that the survival was improved as the increasing of pre-HSCT Asp doses, this pattern recaptured in entire cohort (retrospective and prospective cohorts). So the entire cohort were divided into three cohorts: low dose cohort (≤ 1 doses; N=206; 41.3%), median dose cohort (2-3 doses; N=137 ;27.5%) and high dose cohort (≥ 4 doses; N=154 ;31.2%). With a median follow-up of 50.5 months, the 5-year overall survival (OS) were 76.8% (69.6-84.7%), 58.5% (50.7-67.5%) and 40.6% (34.3-48.1%) in high, median and low dose cohorts ($p < .001$). The 5-year leukemia-free survival (LFS) in the high dose cohort (73.7%; 66.5-81.7%) was also superior to the other two cohorts (48.4% for median dose, and 32.3% for low dose cohorts, $P < .001$). In multivariate analysis, high dose Asp cohort showed superior OS (HR=0.39; 0.27-0.56; $p < .001$), LFS (HR=0.42; 0.28-0.62; $p < .001$) and cumulative incidence of relapse (HR=0.22; 0.12-0.38; $p = .001$). Notably, in subgroup analysis, older patients subset (≥ 40 -year old) could benefit from high dose pre-HSCT Asp. Furthermore, high dose Asp improved the survival of negative minimal residue disease (MRD) post-induction or pre-HSCT subsets.

Conclusion This ambispective cohort study demonstrated that high doses pre-HSCT Asp conferred better survival, and may bridge chemotherapy and allo-HSCT as the total therapy for treating adult ALL.

PO-0679

Overexpression and oncogenic role of RIPK3 in acute myeloid leukemia associated with specific subtypes and treatment outcome

Yun Wang, Jingdong Zhou, Jun Qian
Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

Objective RIPK3 has been implicated in the pathogenesis of diverse human cancers. However, the role of RIPK3 in acute myeloid leukemia (AML) is not fully understood, which needs further research and clarification.

Methods We first identified the expression and clinical prognostic value of RIPK3 in AML through a public database and further validated in our study cohort. In addition, the biological function of RIPK3 in leukemia development was further verified through in vitro experiments.

Results Based on the GEPIA database, we screened that RIPK3 overexpression among RIPK family was associated with poor prognosis in AML. Afterwards, an independent cohort from our research further confirmed the expression pattern of RIPK3 in AML patients. Clinically, increased RIPK3 expression was closely related to specific subtypes of AML, such as FAB-M4/M5, normal karyotype and NPM1 mutation. The significant association of RIPK3 overexpression with FAB-M4/M5 was further validated in AML cell lines. Importantly, AML patients with RIPK3 overexpression received transplantation presented a markedly longer survival than those just receiving chemotherapy, whereas those with RIPK3 underexpression showed similar survival between transplantation and chemotherapy group. Bioinformatics analysis showed the significant association of RIPK3 expression with diverse oncogenes/tumor suppressor genes and tumor-

related biological processes in AML. Subsequently, we further performed functional experiments in vitro confirmed the oncogenic role of RIPK3 in AML.

Conclusion Overexpression of RIPK3 was associated with specific subtypes of AML, such as FAB-M4/M5, normal karyotype and NPM1 mutation, and may facilitate this leukemic development. Moreover, RIPK3 overexpression was associated poor prognosis, and may guide treatment choice in AML.

PO-0680

奥希替尼抗 T 细胞急性淋巴细胞白血病的效应及机制研究

徐茹霜¹、徐双年²、曾东风¹、李茜¹

1. 陆军军医大学陆军特色医学中心（大坪医院）

2. 陆军军医大学第一附属医院（西南医院）

目的 T 细胞急性淋巴细胞白血病（T-ALL）是现有治疗下预后非常差的一种血液系统恶性肿瘤，亟需寻找新的有效治疗靶点，以提高此类患者的长期生存。奥希替尼（Osimertinib）是一种 EGFR 酪氨酸激酶抑制剂，在非小细胞肺癌中具有良好治疗效果，最新研究发现其还能结合白血病细胞上的 CD34 分子，诱导白血病细胞凋亡的作用。因此，本研究旨在评估奥希替尼抗 T-ALL 的效应并深入探索其发挥作用的机制。

方法 利用 CCK-8、流式细胞术和集落形成试验研究奥希替尼对 T-ALL 细胞系增殖、凋亡和周期的影响，并在小鼠异种移植模型上验证奥希替尼的抗 T-ALL 效应；利用 CRISPR-Cas9 技术敲除 T-ALL 细胞系中 EGFR 表达，并在 T-ALL 临床样本中，通过多组学分析、Western blot 和 qPCR 探究奥希替尼抗 T-ALL 的具体分子机制。

结果 奥希替尼可以有效抑制 T-ALL 细胞系增殖和诱导细胞凋亡，在体内一定剂量的奥希替尼也表现出强烈的抗肿瘤作用。T-ALL 临床样本中发现 EGFR 表达明显上调并与不良预后相关，利用奥希替尼处理 T-ALL 细胞后 EGFR 的表达显著下调，而 EGFR 敲除后可逆转奥希替尼对 T-ALL 细胞的抑制作用。

结论 EGFR 是 T-ALL 的潜在治疗靶点，奥希替尼可作为 T-ALL 的一种潜在候选药物。

PO-0681

智能握力训练器在血液肿瘤 PICC 置管患者握力锻炼中的应用

喻新容

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨智能握力器在 PICC 置管患者中的应用。

方法 采用随机抽样法，选取 2023 年 9 月—2024 年 4 月在我院血液科住院 4 周以上行 PICC 的血液肿瘤患者作为研究对象，实验组和对照组研究对象各为 40 例，共 80 例。实验组，置管前患者用最大握力握握力器，评估其最大握力，然后根据最大握力设置该患者的有效握力值（有效握力值=最大握力值×80%）。根据每例患者设置精准的握力值。指导患者于置管 24h 后使用智能握力器进行置管侧肢体功能锻炼，握 2s 松 2s。每组握力 25 次，每天于早、中、晚各锻炼 1 组，教会每例患者正确使用智能握力器和使用微信群进行打卡锻炼。对照组：予以常规宣教，置管 24h 后进行置管侧肢体使用传统握力球做握球运动。握球运动时，嘱患者用手掌完全握住握力球，各手指用力握球，以其所能达到的最大握力为标准，握 2s 松 2s，每组 25 次，每天于早、中、晚各锻炼 1 组。比较两组患者干预后握力锻炼的依从性、满意度、和导管相关并发症的发生率。

结果 干预 4 周后实验组握力锻炼的依从性、满意度明显高于对照组 ($P < 0.05$), 实验组堵管和导管相关性血栓发生率低于对照组, 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 采用智能握力器进行握力锻炼可提高 PICC 患者握力锻炼的依从性, 有效改善上肢静脉血液循环, 降低导管堵管和导管相关性血栓的发生率, 减少患者的住院时间及费用, 患者满意度提高了。智能握力器价格便宜值得临床广泛推广

PO-0682

伊曲康唑通过 TP53INP1 诱导急性髓性白血病细胞铁死亡

齐燕、韩昌浩、林毅漳、曾东风
陆军军医大学陆军特色医学中心(大坪医院)

目的 伊曲康唑是一类高效广谱抗真菌药, 多项研究已证明能抑制癌症生长, 但伊曲康唑在诱导急性髓性白血病 (AML) 细胞死亡的潜在相关分子机制很大程度上仍难以捉摸。本研究首次将伊曲康唑与 AML、铁死亡相关联, 并进一步探究其机制。

方法 利用 CCK-8、流式, Western blot 等实验评价伊曲康唑对 AML 细胞增殖及凋亡能力的影响; 利用免疫缺陷小鼠来探讨伊曲康唑在体内的作用; 利用 qRT-PCR 和 Western blot 检测铁死亡标志基因 GPX4 和 SLC7A11 的表达水平, 通过透射电镜观察线粒体变化, 以及流式细胞仪检测伊曲康唑诱导 AML 细胞的 ROS、MDA 等变化; 利用 RNA-seq 测序分析进一步明确伊曲康唑促进 AML 细胞铁死亡的具体机制。

结果 伊曲康唑能明显抑制急性髓性白血病细胞的增殖, 并使细胞周期停滞在 G0/G1 期。进一步的研究表明, 伊曲康唑能有效诱导 AML 细胞的铁死亡反应, 这种反应依赖于铁, 并与线粒体功能障碍有关。此外研究结果表明, 使用伊曲康唑治疗可抑制急性髓细胞白血病在体内的发展。值得注意的是, 在使用伊曲康唑处理的急性髓细胞中, TP53INP1 信号通路显著上调。敲除 TP53INP1 的表达可通过调节铁代谢显著减轻伊曲康唑诱导的铁死亡反应, 从而挽救线粒体功能并增加 SLC7A11 的水平。

结论 伊曲康唑可能是铁代谢的一个关键调节因子, 它可能是治疗急性髓系白血病的一个潜在治疗靶点。

PO-0683

西达本胺联合化疗在 JAK-STAT 通路改变的费城染色体样急性淋巴细胞白血病中的应用: 一项开放标签、单臂、II 期临床试验

黄子聪¹、蔡梓红¹、王治香¹、黄康瑜¹、许秀丽¹、李嘉¹、周璇¹、何柏林¹、钟文浩¹、林韧¹、刘晓力¹、李鹏²、宣丽¹、刘启发¹、周红升¹

1. 南方医科大学南方医院
2. 中国科学院广州生物医药与健康研究院

目的 费城染色体样急性淋巴细胞白血病 (Ph-like ALL) 预后差, 缺乏靶向治疗。本研究旨在评估 tucidostat 联合化疗对 JAK-STAT Ph-like ALL 患者的有效性和安全性。

方法 我们在南方医科大学南方医院进行了一项开放标签、单臂、2 期试验。入组标准为 14-55 岁新诊断的 JAK-STAT 通路改变 (包括 CRLF2 重排或高表达、EPOR/JAK2 重排、IL7R/SH2B3/JAK1/JAK3/FLT3 突变) 的 Ph-like ALL 患者。从诱导到巩固治疗期间, 每日口服西达本胺, 10 mg 1 次。主要研究终点是 3 年无事件生存率 (EFS)。该研究已在 ClinicalTrials.gov 注册, 编号 NCT03564470。

结果 在 2018 年 6 月至 2022 年 8 月期间, 25 名 JAK-STAT 改变的 Ph-like ALL 患者筛选入组 (12 名[48%]男性, 13 名[52%]女性; 中位年龄 23 岁[IQR 20-34])。中位随访 43.4 个月 (IQR 29.5-61.2), 3 年 EFS 为 51.1% (95% CI 34.6-75.5), 3 年无复发生存率 (RFS) 为 55.5% (95% CI 38.9-79.1), 3 年总生存率 (OS) 为 75.3% (95% CI 为 59.9-94.6)。在第一次诱导结束时, 19 例患者 (19/ 25, 74%) 缓解, 其中 11 例患者 (11/ 25, 44%) 流式 MRD 阴性。24 例患者 (96%) 出现 3-4 级血液学不良事件, 包括中性粒细胞减少症 (n = 23)、血小板减少症 (n = 21) 和贫血 (n = 19)。12 例 (48%) 患者出现 3 - 4 级非血液学不良事件; 最常见的非血液学 3-4 级不良事件是感染, 25 例患者中有 11 例 (44%) 发生感染。未观察到治疗相关死亡。

结论 在 JAK-STAT 通路改变的 Ph-like ALL 患者中, 西达本胺联合化疗可获得良好的长期生存率和耐受性。这一策略可能为 JAK-STAT 通路改变的 Ph-like ALL 提供一种新的治疗选择。

PO-0684

大颗粒淋巴细胞白血病诊断进展

林旻雯、钱军
江苏大学附属人民医院

目的 颗粒淋巴细胞白血病 (LGLL) 是一种罕见的克隆性淋巴细胞增生性疾病,最新版 WHO 将该疾病明确分为 3 类: T 细胞大颗粒淋巴细胞白血病 (T-LGLL), NK 细胞大颗粒淋巴细胞白血病 (NK-LGLL) 和侵袭性 NK 细胞白血病。T-LGLL、NK-LGLL 病程呈惰性, 预后良好; 侵袭性 NK 细胞白血病进展迅速, 预后极差且多见于年轻亚洲患者。该疾病主要的临床表现为自身免疫性疾病和血细胞减少症, 有三分之一的患者在诊断时并无明显症状, 但是大多数的 LGLL 患者在疾病的最终进展中需要接受治疗。

方法 然而, LGLL 的发病机制至今尚未阐明, 并且由于区分克隆与正常人群中出现的寡克隆 T 细胞扩增的分子标记的缺乏、T-LGLL 和 NK-LGLL 流行病学和惰性病程的类似性、LGLL 与自身免疫性疾病的诊断重合、大规模前瞻性实验的匮乏及区域经济、技术的局限等诸多原因导致了疾病的诊断困难, 目前国际上尚无统一的诊断标准。

结果 从 2017 年血液学杂志对诊断 LGLL 的外周血 LGL 绝对值阈值的设定、Lamy T 等提出更新的结论: 在适当的临床或生物学背景下, LGL 计数较低(0.5~2×10⁹/L)也可诊断 LGLL, 到梅奥诊所推出他们对 LGLL 的诊断标准: 无 LGL 数量要求, 侧重于临床标准和血液或骨髓标准, 并排除其他 T/NK 细胞肿瘤; 从发现 LGLL 重要基因突变并考虑是否纳入诊断标准到提出新 NK 细胞克隆性评分标准等。

结论 本文将按时间顺序总结 LGLL 在细胞学、免疫表型、基因突变、细胞单克隆性等方面的诊断进展。

PO-0685

儿童 T 系急性淋巴细胞白血病单中心 10 年随访研究

朱嘉蔚、王丹、孙兴华、王真、张娜、邵静波、李红、蒋慧
上海市儿童医院

目的 探讨儿童 T 系急性淋巴细胞白血病 (ALL) 的临床表现、长期生存情况, 并评价预后。

方法 回顾性分析 2010 年 1 月至 2021 年 12 月在我院诊断并进行治疗的 T-ALL 患儿 43 例, 根据 CCCG-ALL 方案进行分层治疗, 分析初诊时情况、早期治疗反应、诱导缓解情况与预后的相关性。

结果 (1)43 例患儿中, 男 35 例, 女 8 例, 初诊时中位年龄 7(1~13)岁, 初诊时 28/43 例(66.6%)患

儿合并肝脾肿大，14/43 例(32.6%)患儿合并纵隔增宽，8/43 例(18.6%)患儿合并纵隔巨大占位，3/43 例(7.0%)为 CNS3 状态，无 1 例合并睾丸浸润。

(2)16/43 例(37.2%)为 L1 型，25/43 例(58.2%)为 L2 型，2/43 例(4.7%)为 L3 型；5/43 例(占 11.6%)初诊免疫表型为 near ETP；30/43 例(69.8%)初诊时进行了融合基因检测，其中 10/30 例(33.3%)合并 SIL/TAL1 融合基因阳性；25/43 例(58.13%)初诊时进行了突变基因检测，20/25 例(80.0%)存在阳性突变基因，15/25 例(60.0%)例合并 NOTCH1 基因突变，8/23 例(34.8%)合并至少 2 种以上基因突变。

(3)43 例患儿按照 CCCG- ALL-2009-2015-2020 中高危组方案进行治疗，窗口治疗后 13/43 例(30.2%)泼尼松反应良好，30/43 例(70.0%)外周血仍存在幼稚细胞；35/43 例(81.4 %)诱导治疗 D19 骨髓缓解，6/43 例(14.0%)骨髓 M2 状态，2/43 例(4.7%)骨髓 M3 状态。除 2 例患儿于诱导治疗后期因重症肺炎、ARDS 死亡，余 41 例患儿均进入巩固治疗，所有患儿 D46/55 骨髓均缓解，存在 MRD 筛选标志患儿的 MRD 均转为阴性。8 例初诊时合并纵隔巨大占位患者，6/8 例(75.0%)诱导巩固治疗后评估为 CR，2/8 例(25.0%)评估为 PR。

(4)本组 43 例患儿中，3 例患儿因感染死亡，共有 5 例患儿出现复发，中位复发时间 28(7~58)月，10 年累积复发率为(14.3±6.2)%。截止至 2024 年 4 月 30 日，本组患儿中位随访时间 56(1~165)月，5 年 EFS 率为(79.7±6.6)%，10 年 EFS 率为(79.7±6.6)%，5 年 OS 率为(85.7±5.4)%，10 年 OS 率为(81.4±6.6)%。年龄大于 10 岁、初诊时纵隔增宽、初诊时合并中枢神经系统白血病、诱导治疗 D19 骨髓非 M1 状态是影响预后的危险因素 (P 值分别=0.047、0.026、0.031、0.042)。

结论 T-ALL 男性发病率高于女性，初诊时多合并高白细胞、纵隔增宽、NOTCH1 突变基因等，T-ALL 患儿采用 CCCG- ALL 方案总体疗效佳，年龄大于 10 岁、初诊时纵隔增宽、初诊时合并中枢神经系统白血病、诱导治疗 D19 骨髓非 M1 状态是影响预后的危险因素。

PO-0686

造血干细胞移植治疗一例急性髓系白血病转化的急性 T 淋巴细胞白血病并文献复习

王萌、李秋洁
郑州大学第一附属医院

目的 分析急性髓系白血病 (acute myeloid leukemia, AML) 转换为急性淋巴细胞白血病 (acute lymphoblastic leukemia, ALL) 患者的临床特征和转归，为该病的临床诊治提供依据。

方法 回顾性分析 1 例 AML-M2 转 T-ALL 患者的临床资料和诊疗经过，并复习相关文献。

结果 回顾性分析 1 例 AML-M2 转 T-ALL 患者的临床资料和诊疗经过，并复习相关文献。结果 患者，39 岁男性，于 2011 年出现发热和颈部淋巴结肿大而就诊，血常规提示全血细胞减少，行骨穿确诊为 AML-M2，DA 方案诱导化疗后达到完全缓解 (complete remission, CR)，后规律化疗 2 年，期间多次行骨髓检查均为 CR 状态，于 2013 年停止化疗。2019 年患者再次出现发热和血细胞减少，骨髓形态学及免疫表型符合 T-ALL，给予多个疗程化疗，患者流式 MRD-ALL 始终波动在在 1-5% 之间，于 2021 年 7 月行同胞全相合异基因造血干细胞移植。移植后随访 2 年余，多次复查骨穿，形态学提示 CR，流式 MRD 均为阴性，短串联重复序列 (short tandem repeats, STR) 呈供者完全嵌合状态。

结论 急性白血病复发后如发生系别转换，预后极差，化疗疗效不理想，行造血干细胞移植可能改善患者生存。

PO-0687

通过一例造血干细胞移植后消化道出血的病例达到学习如何护理消化道出血患者的目的

李芙蓉

中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 本研究旨在探讨血液病患者进行造血干细胞移植术后肠粘膜受损引起消化道出血的护理干预，以提高患者的生存率和生活质量。

方法 我们对一名血液病患者进行了造血干细胞移植术后肠粘膜受损引起消化道出血的护理干预。护理措施包括对消化道出血的诊断和治疗、肠道感染后抗生素应用方案的调整、并发症的预防和处理等方面的综合护理干预。

结果 经过护理团队的精心护理，患者在造血干细胞回输后消化道出血后得到了及时有效的治疗，症状得到了缓解，并且成功完成了造血干细胞移植后细胞植入。患者在术后恢复良好，生活质量得到明显改善。

结论 通过本次个案的护理干预，我们发现对于血液病患者进行造血干细胞移植术后肠粘膜受损引起消化道出血的护理干预，能够有效提高患者的生存率和生活质量。护理团队的专业护理干预对于此类并发症的治疗具有重要意义。同时，我们也认识到在未来的临床实践中，需要进一步完善相关护理措施和提高护理团队的专业水平，以进一步提高患者的治疗效果和生活质量。对于并发消化道出血的患者，护理团队应及时处理并发症，提供全面的护理，以确保患者顺利完成移植细胞植入并获得良好的康复效果。

PO-0688

成人急性淋巴细胞白血病伴 FLT3 突变的预后分析

丁园艺

中国医科大学附属第一医院

目的 急性淋巴细胞白血病（ALL）是以未成熟淋巴细胞在骨髓，外周血及其他器官恶性增殖为特征的高度异质性肿瘤。成人 ALL 较儿童 ALL 预后差，主要因为生物学特征存在差异。研究发现 FMS 样酪氨酸激酶 3（FLT3）编码酪氨酸激酶的基因，激活细胞增殖途径和造血干细胞。FLT3 基因突变发生在急性髓系白血病（AML）中研究较多，可分为受体在近膜结构域或附近内部串联突变（FLT3-ITD mutations）和酪氨酸激酶结构域激活环内的点突变（FLT3-TKD mutations）。其中 FLT3-ITD 与不良预后相关，但 FLT3-TKD 仍有争议。FLT3 突变在 ALL 中研究较少，对 ALL 预后的影响也未明确，仍需进一步研究。FLT3 是有前景的治疗靶点。本研究旨在探究 FLT3 等突变与实验室指标的关系，分析基因突变对诱导化疗疗效，总体生存（OS）及无病生存时间（DFS）的影响。

方法 回顾性分析中国医科大学附属第一医院明确诊断 ALL 的 72 例成人患者，收集患者外周血化验结果，骨髓细胞形态学，免疫分型，融合基因，染色体核型分析，二代测序结果及治疗方案。采用非参数检验,t 检验, χ^2 检验及 Kaplan-Meier 法，探究 FLT3 等突变与其他临床及实验室指标的关系，分析基因突变对诱导化疗疗效，总体生存（OS）及无病生存时间（DFS）的影响。

结果 回顾分析 72 例我院初诊成人 ALL 患者外周血化验结果，骨髓细胞形态学，免疫分型，融合基因，染色体核型分析，二代测序结果及治疗方案，FLT3 阳性组与 FLT3 阴性组相比血常规（MCH 有统计学意义 $P=0.029<0.05$ ），肝肾功能（AST 有统计学意义 $P=0.025<0.05$ ），凝血四项，心肌酶（AST 有统计学意义 $P=0.025<0.05$ ），尿酸及 LDH 均无统计学意义。至随访时间截止，成人 ALL FLT3 阴性组中位 OS 时间 8.63（0.03-26.00）个月，中位 DFS 时间 6.95 ± 0.97

个月, FLT3 阳性组中位 OS 时间 3.23 (0.67-7.70) 个月, 中位 DFS 时间 3.10 (0-5.33) 个月, 两组中位 OS 时间, 中位 DFS 时间差异均有统计学意义。成人 ALL FLT3 阴性非移植组中位 OS 时间 8.63 (0.03-26.00) 个月, FLT3 阴性移植组中位 OS 18.49 (11.83-27.20) 个月, 二者差异有统计学意义; FLT3 阴性非移植组中位 DFS 时间 6.95±0.97 个月, FLT3 阴性移植组中位 DFS 10.33 (6.97-15.47)个月, 两者存在统计学差异, 但差异无统计学意义。

结论 1、FLT3 突变与 MCH, AST 有关; 2、FLT3 突变对初次诱导化疗效果无影响; 3、FLT3 突变的 ALL 患者中位 OS 及 DFS 较无 FLT3 突变的 ALL 患者短; 4、诊断治疗过程中, 完善 NGS 等基因学检测, 对明确预后、危险分层、指导治疗方面有重要价值。

PO-0689

T-ALL: Pathogenetic Mechanisms and Molecular-targeting Therapeutic Approaches

Tianci Wang

Department of Hematology and Oncology, Shenzhen Children's Hospital

Objective T-cell acute lymphoblastic leukemia (T-ALL) is an aggressive hematological cancer, resulting from the malignant transformation of T-cell precursors, which represents 15% of pediatric and 25% of adult acute lymphoblastic leukemia cases.

Methods In the past decade, genome-wide sequencing approaches have identified multiple specific genetic alterations and oncogenic pathways that drive leukemogenesis in T-ALL. The activation of the NOTCH1/MYC signaling axis and T-cell-specific transcription factors caused by genetic alteration are hallmarks of T-ALL. The biological heterogeneity and molecular features in this disease have already provided insights for clinical patient stratification.

Results Nowadays, continuously more stages or subtypes of T-ALL can be distinguished. Owing to the intensive chemotherapy regimens, the overall cure rates of pediatric T-ALL patients have exceeded 80%. Although the survival outcomes have greatly improved, relapsed and refractory patients and adults who cannot tolerate high-dose multiagent chemotherapy have limited therapeutic options and a poor prognosis. Improved knowledge of the specific oncogenic drivers, drug resistance, and risk factors is essential to develop novel therapeutic targets, especially for high-risk group T-ALL patients.

Conclusion To summarize the relevant advances in recent years, this review provides an overview of T-ALL molecular pathogenesis with specific emphasis on crucial leukemogenic oncogenes/oncosuppressors that could be used as potential therapy options. Furthermore, we propose the latest findings of the main dysregulation signaling pathways in T-ALL, especially the innovative targeted strategies for the treatment of T-ALL patients.

PO-0690

XPO1 在急性 B 淋巴细胞白血病的预后意义及靶向治疗机制研究

邓诗雨、区家旺、黄子聪、蔡梓红、骆栢维、陈俊杰、李嘉、宣丽、刘启发、周红升
南方医科大学南方医院血液科

目的 核输出蛋白 1 (XPO1) 在急性 B 细胞淋巴细胞白血病 (B-ALL) 中的预后意义及作用尚不清楚。在这项研究中, 我们探讨了 XPO1 在 B-ALL 中的预后意义以及 XPO1 抑制剂 KPT-330 在 B-ALL 的靶向治疗中的应用价值。

方法 分析数据库和南方医院初诊的 B-ALL 患者的临床数据以及 RNA-seq 数据, 根据 RNA-seq 数

据将初诊 B-ALL 患者分为 XPO1 高、低表达组，并比较两组生存数据以及临床数据的差异。对 XPO1 高、低表达组的差异基因进行聚类分析、GO 功能分析、KEGG 通路分析和 GSEA 富集分析。CCK8 检测 KPT-330 对 B-ALL 细胞系和原代病人肿瘤细胞的抑制增殖作用。流式细胞术检测 KPT-330 对 B-ALL 细胞系的诱导凋亡、周期阻滞作用。Western blot 检测 KPT-330 用药后 B-ALL 细胞系蛋白表达的变化。免疫荧光检测 KPT-330 用药后 c-Myc 在 B-ALL 细胞的定位以及表达水平变化。**结果** 结果显示，XPO1 在 B-ALL 细胞系和原代 B-ALL 细胞中表达升高。XPO1 高表达的患者 5 年总体生存率较低，初诊时白血病患者计数 $\geq 30 \times 10^9/L$ 的比例较高，诱导治疗后第 24 天的 MRD 值较高。通过分析 XPO1 高低表达组患者的二代测序数据，我们发现 XPO1 表达水平较低的患者 TP53 基因突变率较高，而 XPO1 表达水平较高的患者 TET2 基因突变率较高。通过差异基因富集分析，我们发现在 XPO1 高表达组中，E2F、Myc 和 G2M 检查点通路富集增加。体外实验结果表明，XPO1 抑制剂 KPT-330 可以明显抑制 B-ALL 细胞的生长、诱导细胞凋亡和细胞周期停滞，而对正常细胞的影响较小。此外，我们发现 Myc 的表达在 B-ALL 患者中升高，XPO1 和/或 Myc 高表达的 B-ALL 患者的 5 年总体生存率和无事件生存率较低。从作用机制上来说，KPT-330 可能通过下调 XPO1 和 c-Myc 的表达从而靶向杀伤 B-ALL 肿瘤细胞。**结论** 总之，我们的研究表明，XPO1 在 B-ALL 具有不良预后意义并且可作为 B-ALL 治疗靶点。

PO-0691

优质护理对白血病化疗患者的预后分析

刘永静

郑州大学第一附属医院

目的 探讨优质护理对白血病化疗患者的预后分析

方法 选取在郑大一附院 2023 年 1 月至 2024 年 1 月期间经过血液科医生确诊为白血病并进行规律化疗的患者 80 例作为研究对象，将其随机组合后分为对照组和观察组，对照组采取普通常规护理，观察组采取优质护理，对比两组患者住院时间、医疗知识掌握情况及住院期间感染发生情况，同时对两组患者的饮食、情绪波动、恶心呕吐以及治疗满意度指标进行比较。

结果 观察组患者住院天数及医疗知识掌握情况均优于对照组， $P < 0.05$ 。观察组患者住院期间感染事件发生率显著低于对照组， $P < 0.05$ ，同时发现观察组患者在饮食、情绪波动、恶心呕吐以及满意度指标均明显优于对照组，差异有统计学意义， $P < 0.05$ 。

结论 优质护理措施对白血病化疗患者预后疗效显著，能够有效缩短患者住院时间，提高了患者对医疗知识的掌握，降低化疗期间感染事件的发生率，对患者的预后具有积极作用，同时也能获得较高的满意度，值得采取。

PO-0692

“互联网+”微信随访模式在白血病患者 营养管理中的应用效果研究

肖韶连、兰大华

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 本研究旨在深入探究“互联网+”微信随访模式对白血病治疗后患者随访率及营养恢复的实际影响，以期白血病患者营养管理提供更为有效、便捷的随访方式。

方法 研究选取 2020 年 12 月至 2021 年 6 月期间，在我中心接受治疗的 578 例白血病患者作为研究对象。所有患者在接受治疗期间均至少参与一次由医疗团队提供的科普教育，确保患者充分理解

肿瘤随访及营养治疗的重要性。治疗结束后，根据患者的意愿和实际情况，将 291 例患者纳入试验组（接受“互联网+”微信随访），287 例患者纳入对照组（接受定期门诊随访）。研究团队详细记录了两组患者治疗期间以及治疗后 1、3 个月时的营养风险筛查 2002（NRS 2002）得分、患者主观整体评估量表（PG-SGA）得分以及欧洲癌症研究与治疗组织生活质量问卷第 3 版（EORTC QLQ-C30）得分。同时，对两组患者随访 1、3 个月时的返院复查随访率进行了统计和分析。

结果 在治疗结束时，两组白血病患者在一般情况、NRS 2002 得分、PG-SGA 得分以及生活质量得分方面，差异均无统计学意义（ $P>0.05$ ）。然而，在随访过程中，试验组（接受“互联网+”微信随访）的患者在随访 1、3 个月的随访率均显著高于对照组（接受定期门诊随访），差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。进一步分析显示，与对照组患者相比，试验组患者在随访 1、3 个月时的 NRS 2002 得分、PG-SGA 得分以及生活质量得分均呈现出更高的水平，差异同样具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。这表明，“互联网+”微信随访模式不仅能够有效提高白血病患者随访率，还有助于改善患者的营养状况和生活质量。

结论 本研究结果充分证明了“互联网+”微信随访模式在白血病患者治疗后的随访中具有重要的应用价值。该模式不仅能够有效提升患者的随访率，还能够显著改善患者的营养状况和生活质量。因此，建议将“互联网+”微信随访模式作为白血病患者营养管理的重要补充手段之一，在临床实践中进行推广和应用。

PO-0693

熊果酸联合维奈克拉治疗急性髓系白血病的作用及其机制研究

李贺、陈智超

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探寻应用维奈克拉（VEN）治疗急性髓系白血病（AML）中发生耐药问题的解决方法，研究天然化合物熊果酸（UA）对 AML 细胞 VEN 敏感性的影响及作用机制。

方法 采用 CCK8 法、流式细胞术检测 UA 单药及联合 VEN 对 MV4-11 细胞增殖、凋亡和周期的影响；实时荧光定量 PCR、Western blot 分别检测 MCL-1 基因、蛋白的表达水平；构建 VEN 耐药 MV4-11 细胞株，检测 UA 单药及联合 VEN 对耐药 MV4-11 细胞增殖、凋亡的影响。

结果 ①与对照组相比，UA 作用后 MV4-11 细胞凋亡率和 G0/G1 期细胞比例增加。②VEN 对 MV4-11 细胞的为 11.45nM，经不同浓度的 UA（2 μ M、4 μ M 和 6 μ M）处理后，VEN 对 MV4-11 细胞的分别降至 1.852nM、0.272nM 和 0.015nM。UA 与 VEN 的协同指数为 20.732 \pm 0.7。对照组、UA 组、VEN 组和联合组的细胞凋亡率分别为 21.14 \pm 0.24%、34.61 \pm 0.89%、59.32 \pm 0.88% 和 82.7 \pm 0.40%，与对照组和单药组相比，联合组的 MV4-11 细胞凋亡率显著提高（ $P<0.001$ ），G0/G1 期细胞比例增加，MCL-1 的表达下降。③成功构建 VEN 耐药 MV4-11 细胞株，VEN 对耐药 MV4-11 细胞株的为 2182nM。与对照组（10.14 \pm 0.72%）、UA 组（17.92 \pm 0.44%）和 VEN 组（25.75 \pm 1.28%）相比，联合组（41.90 \pm 0.55%）的细胞凋亡率明显提高（ $P<0.001$ ）。

结论 UA 对 AML 细胞具有增殖抑制、凋亡诱导和细胞周期阻滞作用；UA 与 VEN 联合具有协同抑制效应，UA 通过下调 MCL-1 蛋白的表达增强 AML 细胞对 VEN 的敏感性；UA 能够抑制 VEN 耐药细胞的增殖并凋亡诱导，逆转 AML 细胞对 VEN 的耐药性。

PO-0694

急性白血病患者血清 CMTM6、CCN1 表达 与临床疗效、预后的关系研究

杨志楠

南京市江宁区人民医院

目的 通过测定急性白血病 (AL) 患者血清中 CMTM6、CCN1 水平, 分析其与患者临床疗效以及预后的关系。

方法 选取 2019 年~2022 年 1 月期间本院收治的 103 例 AL 患者作为 AL 组, 另选取同期体检健康者 100 例作为对照组, qRT-PCR 法检测研究对象血清 CMTM6 mRNA 水平, ELISA 法测定研究对象血清 CCN1 水平, 比较对照组与 AL 患者、患者初诊时与化疗一个疗程后血清 CMTM6 mRNA、CCN1 水平, 分析 AL 患者初诊时 CMTM6 mRNA、CCN1 水平与临床病理特征以及近期疗效的相关性, KM 曲线分析 CMTM6 mRNA、CCN1 水平与完全缓解 (CR) 患者 3 年无复发生存率的关系。

结果 与对照组相比, AL 组患者血清 CMTM6 mRNA 水平升高 ($P<0.05$), 血清 CCN1 水平下降 ($P<0.05$); 急性淋巴系白血病 (ALL) 与急性髓系白血病 (AML) 患者血清 CMTM6 mRNA、CCN1 水平差异无统计学意义 ($P>0.05$); 与初诊时相比, 化疗一个疗程后 AL 患者血清 CMTM6 mRNA 表达降低 ($P<0.05$), 血清 CCN1 表达升高 ($P<0.05$); CMTM6 高表达组、CCN1 低表达组患者 CR 率分别低于 CMTM6 低表达组、CCN1 高表达组 ($P<0.05$); CMTM6 高表达组与 CMTM6 低表达组、CCN1 高表达组与 CCN1 低表达组无复发生存率差异有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 AL 患者血清 CMTM6 高表达、CCN1 低表达, 与患者的 CR 率以及 3 年预后相关。

PO-0695

Donor-derived CD7 chimeric antigen receptor T cells for T-cell prolymphocytic leukemia: A case report

Sihan Lai, Yi Su, Yanrong Shuai, Yilan Liu, Hao Yao, Yisong Xiong, Hui Yang, Ling Zhang, Rong Huang, Hai Yi
The General Hospital of Western Theater Command

Objective To explore the efficacy and safety of donor-derived CD7 chimeric antigen receptor (CAR) T cell therapy for refractory T-cell prolymphocytic leukemia (T-PLL).

Methods A male patient (37 years old) was diagnosed with T-PLL due to elevated white blood cells (WBC $235 \times 10^9/L$). After three courses of bendamustine, he failed to achieve complete remission. The salvage therapy with CD52 clinical trial was not helpful and his disease was deteriorated with 67% lymphocytes in bone marrow (BM) and 77.74% abnormal phenotype T-lymphocytes detected by flow cytometry (FCM) with a phenotype positive for CD7bri, CD2dim, CD3, cCD3, CD5, CD8, CD45, CD99, TCRab, CD26bri, CD52bri, TCL1, TRBC1 (99.7%), CD4p upon admission. CAR-T cells targeting CD7 were manufactured using peripheral blood from a haploidentical donor, he received $0.5 \times 10^6/kg$, $0.5 \times 10^6/kg$, and $0.7 \times 10^6/kg$ of CAR-T cells on day0, day5, and day14 with informed consent. Splenic radiotherapy and FC regimen chemotherapy (Fludarabine $30mg/m^2 \cdot d$ day-5~-3; cyclophosphamide $300mg/m^2 \cdot d$ day-5~-3) given prior to CAR-T cell infusion. The vital signs, complete blood counts, cytokines, serum ferritin, peripheral blood (PB) CAR-T cell counts, BM aspirate and MRD by FCM were monitored.

Results The patient developed fever on day15 which peaked at $40.2^\circ C$, followed by hypotension, hypoxia, and pleural effusion. After supportive therapy, the temperature returned to normal and the above symptoms improved. There were no immune effector cell-associated

neurotoxicity syndrome (ICANS). The cytokine release syndrome (CRS) was assessed as grade 3. CAR-T cells expanded significantly in PB, up to 45.2%. The patient achieved CR with negative MRD in BM by FCM on day 25. According to the treatment plan, he will undergo an allogeneic hematopoietic stem cell transplantation.

Conclusion Donor-derived CD7 CAR-T cells is effective and safe for treating refractory T-PLL and can be used as a bridging therapeutic measure before allogeneic hematopoietic stem cell transplantation.

PO-0696

Advances in drug resistance of leukemia BCL-2 inhibitor——Venetoclax

Mintian Ju, Jun Qian

Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is the most common type of acute leukemia in adults. Introduction of Venetoclax (ABT-199), a selective inhibitor of BCL-2, has advanced the treatment options for AML patients. However, the prevalent use of Venetoclax comes with a new challenge of resistance, particularly in the relapsed/refractory setting. The short duration of response and development of resistance remain major concerns. Understanding mechanisms of resistance is pivotal to devising new strategies and designing rational drug combination regimens. In this review, we will provide a comprehensive summary of the known mechanisms of resistance to Venetoclax and discuss Venetoclax-based combination therapies. Key contributing factors to Venetoclax resistance include dependencies on alternative anti-apoptotic BCL-2 family proteins and selection of the activating kinase mutations. Mutational landscape governing response to Venetoclax and strategic approaches developed considering current knowledge of mechanisms of resistance will be addressed.

Methods Venetoclax (ABT-199) is an oral, selective antagonist of the B-cell lymphoma 2 (BCL-2), a key protein modulating intrinsic (mitochondrial) apoptosis. Apoptosis is regulated and balanced by protein-protein interactions among BCL-2 family members. Different members of the BCL-2 family share BCL-2 homology motifs (BH1 to BH4). Anti-apoptotic proteins (BCL-2, BCL2A2, MCL-1, and BCL2L1 (BCLxL), BCL-w, BFL-1/A1) sequester pro-apoptotic proteins by binding to its BH3 motifs. Pro-apoptotic proteins consist of BH3-only proteins and effector proteins, BAK and BAX, which have BH1-4 motifs. BH3-only proteins act as sensitizers (BAD, BIK, HRK, NOXA) or activators (BIM, BID, PUMA) of apoptosis. BH3-only sensitizer proteins are unable to activate downstream effector proteins (BAX, BAK) directly. However, they are able to “sensitize” cells toward apoptosis by binding to BCL-2 antiapoptotic protein, releasing bound BAX or BAK or BH3-only activator protein. Upon activation by bound BH3-only activator proteins, effector protein oligomerizes, leading to increase mitochondrial outer membrane permeabilization (MOMP) and initiation of cytochrome c mediated intrinsic apoptosis.

Results Venetoclax sensitivity is associated with genomic biomarkers such as IDH1/2 mutation, NPM1 mutation, ASXL1 mutation and so on.

Activation of intracellular signaling pathways by KRAS/PTPN1 or FMS-like tyrosine kinase 3 (FLT3) mutant proteins is postulated to induce Venetoclax resistance. Genomic biomarkers were analyzed before and after treatment with Venetoclax monotherapy. Three out of 14 patients with pre-treatment FLT3 internal tandem duplication (ITD) and 4 out of 14 patients with PTPN11 mutation failed to achieve bone marrow blast reduction, suggesting intrinsic resistance to Venetoclax. In addition, a subset of patients at the time of relapse were found to harbor FLT3-ITD and/or PTPN11 mutations not identified prior to therapy, strongly indicating the emergence or selection of these mutations as secondary or acquired resistance.

In a recent report, BAX variants were found by deep sequencing performed on samples derived from AML patients who relapsed after initially achieving remission with Venetoclax-based

regimens, signifying acquired BAX mutation as adaptive Venetoclax resistance. Reduced survival was also seen when BAX deficient OCI-AML3 cells were transplanted into the AML xenograft model. BAX deficient cells and xenograft model were resistant to cell death induced by Venetoclax, MCL-1 inhibitor (S63845), or a combination of both. This is contrary to a prior study which showed sensitivity of BAX knockout (KO) cells to a different MCL-1 inhibitor (AZD-5991) with similar resistance to Venetoclax and BCL-2/BCL-xL inhibitor (AZD-4320). Hence, particular attention to BAX mutant subsets is warranted in future studies to evaluate its impact on response to BH3 mimetics as single agents or combinations.

Conclusion Triplets therapy may only be suitable for selected genomic subsets and may require Venetoclax's dose adjustment to avoid prolonged myelosuppression. Adaptive sequential therapy is an attractive option. However, this strategy requires sensitive molecular techniques for early detection of rising clone(s), which are not readily available at the moment. Reliance on the limited targetable options further hinders its applicability. Hence, the most feasible option currently is a "shot-gun" combo approach aiming at avoiding resistance through the rotating nature of chemo- or immune-therapy agents with different mechanisms of action, aided by Venetoclax as a universal sensitizer.

PO-0697

KDM6A 缺失白血病的靶向治疗及机制研究

杨紫萱、张琪、刘玉
四川大学

目的 KDM6A（也称 UTX）是一个编码组蛋白去甲基酶的表观遗传学基因，其突变高频出现于白血病。我们的前期研究发现 KDM6A 的失活突变协同 RARA 融合基因协同促进造血干细胞的恶性转变，驱动白血病的发生，并且 KDM6A 失活突变的患者对经典的靶向药物响应不佳，计划从 KDM6A 失活突变导致的表观遗传学出发，尝试找到此类患者潜在的治疗方法。

方法 ①表观遗传药物筛选，并在患者的细胞样本和构建的 PDX 模型中进行验证。②根据药物作用靶点设计 sgRNA，在构建的细胞模型中敲除候选基因，用筛选出的药物处理该细胞，比较药物处理前后的相对细胞活率，明确药物作用靶点。③根据药物作用靶点通过转录组测序技术（RNA-seq）和 CUT&Tag 测序技术，研究在使用筛选出的药物处理前后，细胞中基因结合位点和基因表达量的改变，明确药物作用的分子网络。

结果 我们已经成功构建了 KDM6A 敲除、RARA 融合基因过表达、KDM6A 敲除协同 RARA 融合基因过表达的 U937 细胞系。在该细胞系及患者的细胞样本中，我们证实了药物 HDAC 抑制剂西达本胺（Chidamide）对治疗 KDM6A 缺失白血病的治疗作用。

结论 药物 HDAC 抑制剂西达本胺（Chidamide）对 KDM6A 缺失白血病有治疗作用。

PO-0698

Tucidinostat plus pediatric-inspired chemotherapy as first-line therapy for newly diagnosed ETP-ALL/LBL: an open-label, single-arm, phase 2 trial

Jieping Lin, Zicong Huang, Liyu Yang, Yuanzhi Lai, Hongsheng Zhou
Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, China

Objective Early T-cell precursor lymphoblastic leukemia/lymphoma (ETP-ALL/LBL) is a distinct subtype of T-ALL/LBL, with a dismal prognosis. The aim of this study was to investigate the

effectiveness and safety of histone deacetylase inhibitor (HDACi) tucidinostat combined with pediatric-inspired chemotherapy for new diagnosed ETP-ALL/LBL.

Methods This phase 2 trial was conducted at Nanfang Hospital in China. Patients aged 14-55 years with newly diagnosed ETP-ALL/LBL were eligible. Patients received pediatric-inspired chemotherapy in combination with tucidinostat, which was orally administered once daily at a dosage of 10 mg from induction therapy to consolidation therapy. The primary endpoint was 3-year event-free survival (EFS). Secondary endpoints were overall survival (OS), relapse-free survival (RFS), remission rate and occurrence of adverse events. This study is registered with ClinicalTrials.gov, number NCT03553238, and is still enrolling patients.

Results From June 2018 to June 2022, 54 patients with ETP-ALL/LBL were enrolled (37 [68%] male; 17 [32%] female; 54 [100%] Asian; median age 24 years [IQR 19-31]). The composite complete remission (CRc, complete response (CR) plus complete response with incomplete blood count recovery (CRi)) rate and MRD negativity after induction therapy was 91% (49 of 54 patients) and 65% (35 of 54 patients), respectively. Two (4%) patients died during induction therapy. With a median follow-up of 39.3 months (IQR, 20.6 to 60.0), the 3-year EFS rate was 67.7% (95% CI 56.2–81.7), the 3-year OS rate was 71.5% (95% CI 60.2–84.9) and the 3-year RFS rate was 67.5% (95% CI 55.9–81.6). The most common grade 3-4 adverse events were neutropenia (94%), anemia (85%), thrombocytopenia (76%), infection (53%), and hypokalemia (21%). There were two (4%) deaths during induction, and there were also two deaths (4%) due to infection-related adverse events.

Conclusion Tucidinostat plus pediatric-inspired chemotherapy is a promising protocol and represents the first clinical trial in ETP-ALL/LBL, with high CRc rates and encouraging survival outcomes.

PO-0699

一体化纳米载体对 AML 细胞的靶向药物递送 和药效定量同步评估

艾思阳、刘四喜
深圳市儿童医院

目的 通过在 AML 细胞的单细胞水平上对细胞色素 c(Cyt c)的易位和表达进行实时监测, 准确地反映出各个细胞对药物的响应程度, 有助于在药物作用的最佳时间窗口内监测药物的效果, 为临床上及时调整治疗策略提供有效的参考。

方法 近红外区聚集诱导发光(AIE)分子与 DNA 适配体(Apt)结合, 加载到新兴的二维纳米材料 MoS₂ 中。Cyt c 在胞质中的释放导致 AIE-Apt 从 MoS₂ 纳米载体中解离, 并触发 AIE 分子的红色荧光恢复。同时采用 MoS₂ 作为治疗药物的载体来负载和递送线粒体杀伤药物双氢青蒿素(dihydroartemisinin, DHA)。在 MoS₂ 的表面修饰了可以靶向 CD44 分子的透明质酸(HA)以促进对 AML 肿瘤细胞的靶向杀伤。

结果 开发了一种一体化纳米载体(DHA/AIE-Apt@MoS₂), 将其应用于 HL-60 细胞系, 可以监测活细胞中线粒体中 Cyt c 的实时易位, 以评估 DHA 的抗肿瘤作用。这种纳米探针在肿瘤细胞中表现出优秀的渗透性、保留性和相对良好的生物安全性。在被 HL-60 细胞内吞后, 亚细胞定位的荧光图像证明了药物 DHA 的释放和该药物的线粒体靶向。孵育 6 h 后, 在胞质中观察到 AIE 的红色荧光。孵育 12 h 后, 其强度增加到 24.7(相对值)。从 13 h 到 24 h, 红色荧光强度保持不变。因此, DHA/AIE-Apt@MoS₂ 可用于自我监测药物释放和细胞凋亡。

结论 本研究提供了一种简单有效的一体化纳米载体, 用于同时可视化抗肿瘤药物的高选择性靶向递送和治疗自我监测。

PO-0700

半量 CAG 方案联合地西他滨治疗高龄初诊急性髓系白血病患者疗效分析

段菲菲、刘峥嵘
安阳市人民医院

目的 观察半量 CAG 方案联合地西他滨治疗高龄急性髓系白血病患者疗效和安全性。

方法 选取 2020 年 1 月至 2023 年 1 月于我院就诊的 108 例高龄急性髓系白血病患者进行前瞻性研究,按随机数字表的方法将其分为对照组和观察组各 54 例。对照组予以地西他滨单药 (25mg/m²) 治疗,观察组在对照组基础上联合半量 CAG 方案(Acl^a 10mg qd 静脉滴注 d1-4; Ara-C 10mg/m² q12h 皮下注射 d1-14; G-CSF 300ug/m² qd 皮下注射 d1-14,若白细胞>20×10⁹/L,停用粒细胞集落刺激因子)治疗。对比两组患者治疗 2 个疗程后的有效率,住院时间及治疗期间的不良反应。所有数据应用 SPSS 26.0 软件进行统计学分析。

结果 观察组有效率更佳 (72.22%; 40.74%, p<0.05), 住院时间更短 (43.68±12.23; 33.12±5.76, p<0.05), 均有明显统计学差异,观察组不良反应总发生率高于对照组 (64.81%; 57.41%, p>0.05), 但无统计学差异。

结论 高龄初诊急性髓系白血病患者应用半量 CAG 方案联合地西他滨治疗, 疗效确切, 安全性可靠, 值得临床推荐。

PO-0701

nHO-1 通过调控乳酸代谢影响 NK 细胞功能的作用机制研究

陈莹
贵州医科大学附属医院

目的 研究 nHO-1 (血红素加氧酶-1, nuclear heme oxygenase-1) 通过调控乳酸代谢影响 NK 细胞功能的作用机制, 主要目的是为了深入理解肿瘤免疫逃逸的分子机制, 并寻找新的治疗靶点和策略。具体研究目的包括: 探索 nHO-1 在乳酸代谢中的作用, 研究 nHO-1 对 NK 细胞功能的影响, 阐明 nHO-1 调控乳酸代谢影响 NK 细胞功能的具体机制, 验证 nHO-1 作为治疗靶点的潜力及提供新的免疫治疗策略。

方法 为了研究 nHO-1 通过调控乳酸代谢影响 NK 细胞功能的作用机制, 采用以下方法和实验步骤: 细胞培养与处理, 乳酸代谢分析, NK 细胞功能评估, 代谢状态分析, 信号通路研究, 基因表达分析, 动物实验等。通过上述方法, 可以全面系统地研究 nHO-1 通过调控乳酸代谢影响 NK 细胞功能的机制, 为肿瘤免疫治疗提供新的理论基础和潜在靶点。

结果 乳酸浓度测定: nHO-1 高表达的 AML 细胞中, 乳酸浓度显著增加 (p < 0.05)。相反, 在 nHO-1 抑制组中, 乳酸浓度显著降低 (p < 0.05)。代谢酶活性检测: nHO-1 高表达组中乳酸脱氢酶 (LDH) 的活性显著增强, 而丙酮酸脱氢酶 (PDH) 的活性降低。nHO-1 对 NK 细胞功能的影响
细胞毒性试验: nHO-1 高表达的共培养体系中, NK 细胞对 AML 细胞的杀伤活性显著降低 (p < 0.05)。相反, 在 nHO-1 抑制组中, NK 细胞的杀伤活性显著增强 (p < 0.05)。流式细胞术结果: nHO-1 高表达组中 NK 细胞表面激活标志物 (如 CD69、CD107a) 的表达水平降低 (p < 0.05), 而在 nHO-1 抑制组中, 这些激活标志物的表达水平显著升高 (p < 0.05)。细胞因子测定: nHO-1 高表达组中 NK 细胞分泌的 IFN-γ 和 TNF-α 水平显著降低 (p < 0.05), 在 nHO-1 抑制组中, 这些细胞因子的分泌显著增加 (p < 0.05)。NK 细胞代谢状态分析: 细胞呼吸与糖酵解测定: nHO-1 高表达组中, NK 细胞的糖酵解活性显著增强, 氧化磷酸化活性降低 (p < 0.05)。相反, nHO-1 抑

制组中，NK 细胞的氧化磷酸化活性显著增强，糖酵解活性降低 ($p < 0.05$)。代谢产物分析：nHO-1 高表达组中 NK 细胞内乳酸及其代谢产物（如乳酸盐）显著增加 ($p < 0.05$)。

结论 乳酸代谢调控：nHO-1 通过调控乳酸代谢影响 NK 细胞的功能，特别是通过增加乳酸浓度抑制 NK 细胞的活性。信号通路介导：nHO-1 可能通过激活 HIF-1 α 和 mTOR 信号通路以及抑制 AMPK 信号通路来调控乳酸代谢。治疗潜力：抑制 nHO-1 可能通过降低乳酸积累，恢复 NK 细胞的抗肿瘤活性，从而抑制肿瘤生长，为多发性骨髓瘤的治疗提供新的靶点和策略。

PO-0702

复发急性早幼粒细胞白血病中鉴定 PML::RARA 融合基因 p.G391E 突变

王廷萱、苏湛、于伟、马晓霖、樊慧守、尹相丛、赵洪国、王伟
青岛大学附属医院

目的 在 1 例复发急性早幼粒细胞白血病 (APL) 中鉴定出罕见的 PML::RARA 突变。

方法 回顾性分析了 1 例青岛大学附属医院 2023 年 2 月收治的 APL 患者首发及复发诊疗过程的临床资料，以 RT-PCR 及 Sanger 测序检测。

结果 患者为 36 岁男性，于 2023 年 2 月因出现瘀斑及血小板减少于我院初次诊断为低危 APL，以维甲酸联合三氧化二砷及伊达比星诱导治疗达完全缓解，继以维甲酸及复方黄黛片交替口服巩固治疗。在随访过程中患者自行停药近 1 周，2023 年 11 月出现血小板下降，予以完善骨髓穿刺、流式及融合基因，诊为 APL 复发。对 PML::RARA 进行测序，确定了 RARA 部分 LBD（配体结合域）区域内存在 p.G391E 突变。予以患者维甲酸联合三氧化二砷诱导，1 周后未见白细胞上升，考虑可能存在维甲酸耐药遂暂停维甲酸并加用伊达比星。诱导 18 天后外周血涂片未见早幼粒细胞，重新启用维甲酸。1 个月后患者再次达完全缓解，复查 PML::RARA 突变阴性。截至投稿日期随访时间 6 个月，持续完全缓解。

结论 首次报道 PML::RARA 融合基因出现单一 p.G391E 突变。复发/难治性急性早幼粒细胞白血病 PML::RARA 融合基因突变所致耐药性，仍为临床一大挑战。

PO-0703

一线伊马替尼治疗下影响 MR4.5 获得的因素分析

张鑫璐、黄健
浙江大学医学院附属第一医院

目的 本研究旨在分析影响一线伊马替尼治疗下影响 MR4.5 的危险因素，并建立预测 MR4.5 的预测模型。

方法 采用单变量和多变量 cox 回归分析确定获得 MR4.5 的独立危险因素，将在 2010 年 1 月至 2022 年 8 月在 25 家医院规律随访的 983 例 CML-CP 患者，并以 7: 3 的比例将病人随机分为训练集和验证集。并建立列线图来预测一线伊马替尼治疗下患者无法获得 MR4.5 的预测模型。

结果 我们的结果显示在单变量 Cox 回归分析中，HGB ($P < 0.001$)、WBC ($P < 0.001$)、PLT ($P = 0.003$)、合并骨髓纤维化 ($P < 0.001$)，无法获得 3M-EMR ($P < 0.001$)，无法获得 6 个月 BCR-ABLIS $\leq 1\%$ ($P < 0.001$)，无法获得 12M-MMR 在获得 MR4.5 上存在显著差异。并将这些因素纳入多变量分析结果显示 WBC ($P = 0.019$)、PLT ($P = 0.005$)、合并骨髓纤维化 ($P = 0.047$)、无法获得 3M-EMR ($P < 0.001$) 和无法获得 12M-MMR ($P < 0.001$) 是影响一线伊马替尼治疗下获得 MR4.5 的独立危险因素。我们因此利用 R 软件创建了一个可视化的列线图来建

立预测模型。

结论 通过多变量 cox 回归分析, 较高的白细胞计数、较低的血小板计数、骨髓纤维化、无法获得 3M-EMR 和 12M-MMR 是影响一线伊马替尼治疗下获得 MR4.5 的独立危险因素。并建立了能预测一线伊马替尼治疗下 CML-CP 患者无法获得 MR4.5 的预测模型。该工具可以帮助医生确定哪些是需要密切监测和随访的患者。

PO-0704

应用二代酪氨酸激酶抑制剂的慢性髓性白血病患者 健康 相关生活质量影响因素分析

刘春水、李汶倬、王兴彤、白鸥、谭业辉、高素君
吉林大学第一医院

目的 评估应用二代酪氨酸激酶抑制剂治疗的慢性髓性白血病 (CML) 慢性期患者的健康相关生活质量 (HRQOL), 探究其生活质量的影响因素。

方法 搜集 2023 年 3 月至 2023 年 12 月于吉林大学白求恩第一医院门诊进行随访的应用二代 TKI 的 102 名 CML 慢性期患者一般情况, 同时应用 EORTC-QLQ-C30 量表评估患者生活质量。

结果 共 102 名患者接受生活质量评估 128 次, 所有患者中位年龄 46 岁 (18-75)。单因素分析结果: 不同 TKI、年龄、性别、婚姻状况、收入、服药依从性、治疗效果、是否为一线用药、合并症情况, 其生活质量存在统计学差异 ($P < 0.05$)。多因素分析结果: 应用达沙替尼、学历、收入、性别、婚姻状况、服药依从性、有无合并症, 为应用二代 TKI 的 CML 患者生活质量的独立影响因素 ($P < 0.05$)。

结论 应用不同二代药物的 CML 慢性期患者总体健康状况无差异。与应用二代 TKI 治疗的 CML 慢性期患者生活质量较高相关的独立影响因素为高收入、未婚、疗效佳、服药依从性好, 引起 CML 患者部分领域生活质量下降的独立影响因素为女性、高龄、应用达沙替尼、有合并症、高学历。在临床工作中, 加强患者教育, 关注患者不良反应, 积极防治并发症, 提高患者生活质量。

PO-0705

12 例急性髓系白血病伴 t(7;11)(p15;p15)/NUP98::HOXA9 报告并文献复习

王晓英、程建超、黄晓丽、邓胜、孙媛
北京海思特医学检验实验室

目的 本研究旨在分析急性髓系白血病 (Acute myeloid leukemia, AML) 伴 t(7;11)(p15;p15)/NUP98::HOXA9 患者的实验室特征, 并对相关文献进行复习。

方法 回顾性分析 12 例伴有 t(7;11)(p15;p15)/NUP98::HOXA9 的 AML 患者的细胞形态学、细胞遗传学、流式细胞术免疫分型及分子生物学资料并对相关文献资料进行归纳总结。

结果 结果 12 例患者中女性为 8 例, 中位年龄为 32 岁。所有患者均存在 t(7;11)(p15;p15), 其中 3 例伴有其他染色体异常: 1 例伴有 -7, +mar, 1 例伴有 i(17)(q10), 1 例伴有 add(14)(p11)。流式细胞术分析显示 CD13、CD33、CD34、CD38、CD117、MPO 同时表达多见, 6 例患者少数细胞同时伴有 HLA-DR 表达, 显示出典型髓系抗原特征。荧光定量 PCR 检测融合基因 NUP98::HOXA9 均为阳性。基因突变检测显示: FLT3-ITD、RUNX1、TET2、KIT、PTPN11、CEBPA、SETD2、IDH1、WT1 和 NRAS 等基因存在不同程度的突变, 进一步揭示了该型 AML 的分子异质性。

结论 t(7;11)(p15;p15)易位在 AML 患者中是一种较为罕见的染色体异常，融合基因 NUP98::HOXA9 与白血病发生存在关联。伴 t(7;11)(p15;p15)/NUP98::HOXA9 的 AML 具有独特的临床及分子遗传学特征，伴有此异常的 AML 患者以年轻女性为主，常表现为多系病态造血。

PO-0706

含低剂量全身放疗（TBI）的预处理方案行脐带血造血干细胞移植治疗血液病

施鹏飞、徐颖、陈灿、谢亚萍、徐琳、陈况、钱中贤
杭州市第一人民医院

目的 探索含低剂量全身放疗（TBI）的预处理方案行脐带血造血干细胞移植治疗血液病的有效性和安全性。

方法 纳入 2020 年 5 月至 2024 年 4 月在我院血液科行脐带血造血干细胞移植的患者。预处理方案均采用低剂量 TBI（4-6Gy）联合化疗预处理：方案为 TBI+氟达拉滨+阿糖胞苷+环磷酰胺（FACT）。采用骁悉和环孢素预防 GVHD。

结果 10 例患者接受了 FACT 方案脐带血移植，其中男性 5 例，女性 5 例，中位年龄 51 岁（35-62 岁）。原发血液病急性髓系白血病 4 例，均为复发难治，其中 1 例单倍体移植后复发，1 例中枢神经系统复发，1 例合并晚期乳腺癌。骨髓增生异常综合症（MDS）6 例，其中 1 例 MDS 伴骨髓纤维化，3 例 MDS-EB2，2 例低增生性 MDS。10 例患者中 9 例成功植入，1 例由于高滴度 HLA 抗体和 DSA 植入失败，通过二次单倍体移植成功挽救。粒细胞植入中位时间 21 天（14-28），血小板植入中位时间 35 天（24-55）。4 例患者发生 2-4 度 aGVHD，其中 1 例为 4 度 aGVHD。移植前未缓解的 7 例患者在移植后 60 天均达到 CR 状态。截止 2024 年 4 月死亡 3 例，预计 4 年生存率 70%。

结论 含低剂量 TBI 的移植预处理方案毒性低，耐受性佳，有较高的脐血植入率。对复发难治血液肿瘤初步显示了较好的疗效，需要进一步开展临床研究来证实。

PO-0707

儿童早期前 T 淋巴母细胞白血病 1 例报道并文献复习

窦蕊、程薇、李威、于润红、李墨博、朱尊民
河南省人民医院

目的 分析 1 例早期前 T 淋巴细胞白血病（early T-cell precursor acute lymphoblastic leukemia, ETP-ALL）患者的临床及实验室资料，结合文献复习，提高对该病的认识。

方法 分析河南省人民医院 2024 年 05 月 09 号收治的 1 例早期前 T 淋巴细胞白血病患者的临床特征及诊疗经过，并进行相关文献复习。

结果 患者，男，3 岁，因乏力、发热入院。结合患者入院后骨髓细胞形态学、流式细胞术及分子生物学检测等辅助检查结果，最终诊断为：早期前 T 淋巴细胞白血病。确诊后，排除化疗禁忌，给予患者高三尖杉酯碱与阿糖胞苷联合化疗方案。2024 年 05 月 27 号患者行流式细胞术复查骨髓微小残留病变：未见明显异常幼稚 T 淋巴细胞；过表达 WT1 检测阳性；NOTCH1 基因突变阳性；继续行高三尖杉酯碱与阿糖胞苷联合化疗方案。

结论 由于 ETP-ALL 基因表达的异质性，检测到的突变非 T-ALL 特有，ETP-ALL 的诊断还是以流式检测细胞免疫表型为主。目前尚无统一的治疗方案，预后较差，需要对预后因素及个体化治疗进行更多的研究。

PO-0708

慢性粒细胞白血病患者生命质量的现况调查

刘敏杰、黎纬明、方云
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 调查慢性粒细胞白血病（chronic myeloid leukemia, CML）患者生活质量现况，分析影响健康相关生命质量的相关因素，为 CML 规范化管理、提高 CML 患者生存质量提供数据参考。

方法 项目团队于 2021 年 11 月，通过网络平台在全国范围内开展横断面调查。采用一般资料调查表、欧洲癌症研究与治疗组织的癌症患者生命质量测定（EORTC QLQ-CML24）量表收集中国 CML 患者的基本特征、服药依从性和复查依从性信息。运用 SPSS 21.0 通过独立样本 t 检验、单因素方差分析、方差分析中均数的两两比较等方法进行统计学分析。

结果 (1)获取 2708 份患者调查问卷，剔除问卷完成时间少于 5 分钟、选项都相同的问卷（90 例）后，有效问卷 2124 份，有效回收率为 78.4%。(2)2124 例 CML 患者健康相关生命质量的各维度得分由高到低依次为：日常生活影响（46.22±27.505）分、获得照顾及信息满意度（43.06±29.431）分、社交活动满意度（41.27±33.053）分、精神压力负担（41.72±24.923）分、身体形象问题（38.76±33.385）分、症状负担（36.36±18.529）分。(3)遵医嘱及时足量服药组的健康相关生命质量优于非遵医组，在症状负担、精神负担、日常生活影响、身体形象问题、社交生活方面比较，P 值均小于 0.05，差异有统计学意义。(4)定期进行 BCR/ABL 基因检测组 CML 患者健康相关生命质量优于非定期监测组，两组在各领域比较的 P 值均小于 0.05，差异有统计学意义。

结论 生命质量是 CML 治疗效果重要评定指标之一，需要引起临床医务工作者的重点关注。日常生活影响及照顾及信息满意度方面对生活质量的的影响程度高于疾病症状，需要引起社会层面的关注。

PO-0709

儿童 B 细胞急性淋巴细胞白血病的分子特征和生物标志物鉴定

杜宇¹、熊昊¹、张显凯¹、杨李¹、祁闪闪¹、孙鸣¹、龙飞¹、罗琳琳¹、吕小艳¹、朱柳青²、吴晓英²、欧秋翔²、王晨暄²

1. 华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院
2. 南京世和基因

目的 B 细胞急性淋巴细胞白血病（B-ALL）是儿童最常见的血液系统恶性肿瘤。尽管治愈率很高，但由于 B-ALL 其高度异质性和复发倾向，B-ALL 的治疗仍然充满挑战。本研究旨在描述儿童 B-ALL 的分子特征，并探索循环肿瘤 DNA（ct DNA）作为 B-ALL 生物标记物的临床实用性。

方法 研究分析了 2020 年 8 月至 2023 年 4 月期间在武汉儿童医院确诊并接受化疗的 146 例儿童 B-ALL 患者。收集基线骨髓（BM）和血浆样本进行二代测序（NGS）。监测第 19 天骨髓微小残留病（MRD）以评估疗效。通过批量 RNA 测序对基线骨髓样本进行转录组学分析。

结果 转录组分析表明，86.3%的患者可分为 13 个不同的分子亚型，其中超二倍体是最主要的亚型。BM NGS 在 61%的患者中发现了融合基因，其中包括 37 个未在 B-ALL 中报道过的新融合基因。一名男性患儿 BM 中检测到 KMT2A-TRIM29 新型融合基因，患者对诱导治疗反应良好，但在治疗一年后出现白血病复发，预后不佳。研究发现 BM 中突变体计数和最大变异等位基因频率（maxVAF）的升高与化疗反应较差有明显相关（P=0.0012 和 0.028）。19 天 MRD 阴性患者的免疫相关通路表达上调（P<0.01），CD8+ T 细胞浸润增加（P=0.047）。基线血浆 ct DNA 与配对的基线骨髓样本的突变一致性很高，也显示出与化疗疗效的显著相关性。

结论 研究揭示了儿童 B-ALL 中一种新型融合基因，以及基线血浆 ct DNA 和骨髓 DNA 都有希望成为预示化疗疗效的有效指标。

PO-0710

蛋白质组学和单细胞转录组学揭示 pDC-AML 中 pDC 相关异常分化及功能缺陷

阳兴程¹、彭娟¹、张磊^{4,5}、毛霞¹、王珏¹、隗佳^{1,2,3}

1. 华中科技大学同济医学院附属同济医院
2. 山西白求恩医院同济山西医院
3. 山西医学科学院中德肿瘤联合实验室
4. 浙江省数字医学诊断技术重点实验室医学研究中心
5. 南京医科大学姑苏学院

目的 急性髓系细胞白血病 (AML) 是一种异质性血液系统恶性肿瘤, 其发病机制与骨髓微环境中免疫细胞功能缺陷及原始细胞异常分化相关。2022 年 WHO 首次将伴浆细胞样树突状细胞 (pDCs) 扩增的髓系肿瘤归类为一种临时亚型。本研究旨在探索此 AML 亚型的临床、蛋白质及转录组特征。

方法 从 2014 年 7 月至 2023 年 10 月, 共纳入 18 名 pDC-AML/MDS, 17 名 BPDCN 及 69 名无 pDC 扩增的 AML 患者(non-pDC-AML)。随机挑选 8 名 pDC-AML, 5 名 non-pDC-AML, 1 名 BPDCN 患者, 9 名健康对照骨髓细胞进行 DIA 蛋白质组学及 10X Genomics 单细胞转录组及免疫组库测序并分析, 所有患者进行随访持续到 2023 年 12 月 25 日。

结果 18 名 pDC-AML/MDS 患者的 OS 为 11.0 个月, PFS 为 7.5 个月, 在总体队列及接受相同 AML 化疗方案时, pDC-AML/MDS 患者的预后均显著劣于 non-pDC-AML 患者。pDC-AML 与 non-pDC-AML 的蛋白质表达谱不同, 其恶性细胞向 pDC 分化转录程序上调, pDC 转录组表现出原始的特征, pDC 功能通路, 包括对效应 T 细胞活化等均下调。且这些 pDC 中高度上调的基因对 TCGA 数据库中 AML 患者队列的 OS 有显著不良影响。pDC-AML 骨髓微环境中效应 T/B 细胞的克隆扩展能力下调, 在治疗缓解后可得到改善。

结论 pDC-AML 患者骨髓中 pDC 比例增加与预后不良相关。蛋白质组及单细胞测序揭示其独特蛋白质表达谱及骨髓环境细胞特点, 包括原始细胞、pDC 细胞、效应 T/B 细胞等。这些发现强调了 pDC 异常扩增与 AML 不良预后之间的关联。

PO-0711

NAD Metabolism-Related Genes Provide Prognostic Value and Potential Therapeutic Insights for Acute Myeloid Leukemia

Yuncan Cao¹, Shu Wenjing¹, Jin Peng¹, Li Jianfeng^{1,2}, Zhu Hongming¹, Chen Xinjie¹, Zhu Yongmei¹, Huang Xi³, Cheng Wenyan¹, Shen Yang¹

1. 血液科
2. School of Life Sciences and Biotechnology, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai, China
3. Department of Critical Care Medicine, Renji Hospital, School of Medicine, Shanghai Jiaotong University, Shanghai, China.

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is an aggressive blood cancer with high heterogeneity and poor prognosis. Although the metabolic reprogramming of nicotinamide adenine dinucleotide (NAD) has been reported to play a pivotal role in the pathogenesis of acute myeloid leukemia (AML), the prognostic value of NAD metabolism and its correlations with the immune microenvironment in AML remains unclear.

Methods We utilized our large-scale RNA-seq data on 655 patients with AML and the NAD metabolism-related genes to establish a prognostic NAD metabolism score based on the sparse

regression analysis. The signature was validated across three independent datasets including a total of 1,215 AML patients. ssGSEA and ESTIMATE algorithms were employed to dissect the tumor immune microenvironment. Ex vivo drug screening and in vitro experimental validation were performed to identify potential therapeutic approaches for the high-risk patients. In vitro knockdown and functional experiments were employed to investigate the role of SLC25A51, a mitochondrial NAD⁺ transporter gene implicated in the signature.

Results An 8-gene NAD metabolism signature (NADM8) was generated and demonstrated a robust prognostic value in more than 1,800 patients with AML. High NADM8 score could efficiently discriminate AML patients with adverse clinical characteristics and genetic lesions and serve as an independent factor predicting a poor prognosis. Immune microenvironment analysis revealed significant enrichment of distinct tumor-infiltrating immune cells and activation of immune checkpoints in patients with high NADM8 scores, acting as a potential biomarker for immune response evaluation in AML. Furthermore, ex vivo drug screening and in vitro experimental validation in a panel of 9 AML cell lines demonstrated that the patients with high NADM8 scores were more sensitive to the PI3K inhibitor, GDC-0914. Finally, functional experiments also substantiated the critical pathogenic role of the SLC25A51 in AML, which could be a promising therapeutic target.

Conclusion Our study demonstrated that NAD metabolism-related signature can facilitate risk stratification and prognosis prediction in AML and guide therapeutic decisions including both immunotherapy and targeted therapies.

PO-0712

维奈克拉治疗急性髓系白血病的最佳血药浓度

阮业竣¹、刘红云²、王婕妤³、张国扬²、周端¹、马丽萍²

1. 中山大学孙逸仙纪念医院深汕中心医院
2. 中山大学孙逸仙纪念医院
3. 南昌大学第一附属医院

目的 维奈克拉 (VEN) 广泛地应用于治疗急性髓系白血病 (AML)。真实世界有关 VEN 治疗 AML 最佳稳态峰浓度 (C_{ss}·max) 的资料有限, 本中心在评估 VEN 治疗 AML 疗效和安全性的基础上探索最佳的 C_{ss}·max 阈值。

方法 纳入 2019 年 1 月至 2021 年 11 月在中山大学孙逸仙纪念医院血液科接受过以 VEN+AZA/DAC 方案为基础的联合方案治疗成人 AML 患者, 包括初治老年和复发/难治 (R/R)。主要终点为完全缓解 (CR) 率和血细胞恢复时间, 次要终点为微小残留病 (MRD) 阴性率、最佳 C_{ss}·max 阈值。采用 SPSS 25.0 软件进行分析, P<0.05 具有统计学意义。

结果 1. 初治老年 AML 患者平均年龄 68±5 岁, 11 例 (73.3%) 获得 CR, 其中 7 例 (63.6%) 为 MRD 阴性, 中位中性粒细胞恢复时间为 22 (18~25) 天, 中位血小板恢复时间为 22 (20~27) 天。

2. R/R-AML 患者中位年龄 47 (14~62) 岁, 11 例 (44%) 获得 CR, 其中 9 例 (82%) 为 MRD 阴性, 中位中性粒细胞恢复时间为 23 (20~28) 天, 中位血小板恢复时间为 20 (17~31) 天。

3. 共 22 例患者测得了 C_{ss}·max, 受试者工作特征曲线 (ROC) 分析显示最佳 C_{ss}·max 阈值为 2065ng/ml, 高于此浓度的患者 CR 率大于低于此浓度的患者 (87.5%比 35.7%, P=0.031)。

结论 1. VEN 联合方案治疗初治老年及 R/R AML 安全有效。

2. 治疗中维持 VEN 的 C_{ss}·max>2065ng/ml 具有较高的缓解率。

PO-0713

一例以全血细胞减少、黄疸、肾衰竭、外周血破碎红细胞升高为表现的初治急性早幼粒细胞白血病诊疗报告

吴川、王芳
郑州大学第一附属医院

目的 探索急性早幼粒细胞（APL）合并 DIC 的临床特点，加强对急性早幼粒细胞白血病的认识。

方法 回顾性分析 1 例我院收治的以全血细胞减少、黄疸、肾衰竭、外周血破碎红细胞升高为表现的初治急性早幼粒细胞白血病。分析患者的临床表现及特征，并结合文献复习。

结果 该患者在当地以头晕伴乏力为主诉入院，后出现颜面及巩膜黄染、伴全身浮肿。入院后查外周血早幼粒细胞超过 20%，且伴外周血破碎红细胞增多，肝肾衰竭多脏器功能不全。在我院行骨髓穿刺、活检及基因检测，确诊为急性早幼粒细胞白血病-PML-RAR α 基因重排阳性，在经过亚砷酸联合维 A 酸治疗后，外周血破碎红细胞下降且肾功能逐步恢复，并最终脱离血液透析治疗。

结论 APL 合并 DIC，微血管的溶血，造成破碎红细胞增多，早幼粒细胞的大量破坏且肾脏微血管血栓造成急性肾损害。经诱导分化促凋亡联合化疗后，患者痊愈出院。该患者临床以全血少、黄疸为主要表现，临床表现类似溶血性贫血、再障、脾亢进等，容易误诊。APL 骨髓中以多颗粒的早幼粒细胞为主。该病多见于中青年，占同期急性髓系白血病的 10%~15%，发病率约 0.23/10 万。其发病原因和机制极其复杂，主要由第 15 号染色体与 17 号染色体的易位引起。急性早幼粒细胞白血病的早期死亡率较高，以发生弥散性血管内凝血或原发性纤维蛋白溶解亢进引起的出血，被认为是最凶险的白血病亚型。

PO-0714

评价西达本胺联合阿扎胞苷和维纳克拉治疗初治 MDS 和 AML 患者的疗效和安全性:一项前瞻性、开放标签、单组、多中心临床研究

赵苗苗
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 通过前瞻性研究评估由西达本胺、阿扎胞苷和维纳克拉 (VAC 方案)组成的三联用药方案对初治血液恶性肿瘤患者的疗效和安全性。

方法 2021 年 1 月到 12 月，招募了中国 5 家医院的 11 例新确诊髓系肿瘤患者(MDS 5 例, AML 6 例), 平均年龄 53.1 岁, 采用由西达本胺、阿扎胞苷和维纳克拉组成的 VAC 方案治疗。在这项研究中, 患者每 28 天接受一次联合治疗(VAC 方案), 包括每两周口服一次西达本胺, 维纳克拉的剂量计划从每天 100mg 开始, 逐渐增加到 400mg, 阿扎胞苷在前 7 天以每天 75mg/m² 的剂量皮下给药。当与中度或强 CYP3A 抑制剂一起使用时, 该方案需要调整维纳克拉的剂量(表 S2)。治疗持续至少 4 个周期, 建议延长治疗直至疾病进展、停药或出现无法忍受的副作用。主要终点是总缓解率(ORR)。次要终点包括完全缓解(CR)率、无事件生存期(EFS)、总生存期(OS)和安全性/耐受性。

结果 在本研究中, 我们评估了 11 例新诊断的患者, 其中 MDS 5 例(45.5%), AML 6 例(54.5%), 平均年龄 53 \pm 13.4 岁。其中 60 岁以上的有 5 人。总 ORR 为 100%, CR 率为 90.9% (CR 9 例, CRi 1 例)。血液学恢复迅速, 三系恢复的中位时间为 15 天。6 个月的 EFS 和 OS 率分别为 80.8% 和 81.8%, 显示出有希望的生存结果。3 例 MDS 患者在缓解后接受了异体干细胞移植。鉴于不良事件(AE)数据, VAC 方案显示出可接受的安全性。

结论 VAC 方案在初治 MDS 和 AML 患者中表现出卓越的疗效和令人鼓舞的安全性信号。这些有希

望的结果突出了这种新型三联疗法作为一线治疗选择的潜力，值得在更大规模的随机试验中进一步研究。

PO-0715

Early Replacement of Reinduction Therapy Following Failed Intensive Induction Treatment Enhances the Therapeutic Efficacy of Newly Diagnosed Acute Myeloid Leukemia: A Single-Center Retrospective Analysis

Jingchen Sui, Deng Pan, Xiaojing Yan
China Medical University

Objective Despite advances in treatment, a significant proportion (20%-30%) of patients with newly diagnosed acute myeloid leukemia (AML) fail to achieve complete remission (CR) following intensive induction chemotherapy. This retrospective study aimed to evaluate the efficacy of tailored reinduction regimens in improving CR rates among newly diagnosed AML patients who did not achieve partial remission (PR) after initial intensive induction therapy.

Methods We conducted a retrospective analysis of 175 newly diagnosed AML patients aged 18-60 years, treated at the Hematology Department of the First Affiliated Hospital of China Medical University between January 2020 and March 2024. The initial induction regimens comprised DA or IA regimen (intravenous daunorubicin 60mg/m² or idarubicin 12mg/m² daily on days 1-3, cytarabine 200 mg/m² was divided into two subcutaneous injections daily on days 1-7). Patients who did not achieve PR following the first induction cycle were switched to alternative intensive chemotherapy regimens or regimens including venetoclax and azacitidine.

Results Of the 175 patients assessed, 75 (43%) were male and 100 (57%) were female. Following the first induction cycle, the composite CR rate (CRc: CR+CRi) was 83% (142 patients; CR: 135 patients [79%], CRi: 7 patients [4%]), with a PR rate of 2% (3 patients) and a non-response (NR) rate of 11% (19 patients). The early death rate was 6% (11 patients). Among NR patients, 12 received regimens containing venetoclax and azacitidine, resulting in 7 patients achieving CR. Additionally, 7 patients received alternative intensive chemotherapy regimens, with 2 patients achieving CR. Notably, 2 out of 3 PR patients achieved CR following reinduction therapy, leading to a CRc of 90% after two cycles of induction therapy.

Conclusion Tailored reinduction regimens following failed intensive induction therapy significantly improved treatment outcomes in newly diagnosed AML patients. These findings underscore the importance of individualized treatment approaches in optimizing therapeutic responses and enhancing patient outcomes.

PO-0716

急性髓细胞白血病患者化疗期间感染镰刀菌 1 例报告

刘阳、王颖洁
大连医科大学附属第二医院

目的 提高对急性髓细胞白血病患者在化疗期间出现极长或严重中性粒细胞减少合并镰刀菌感染的认识，以做到早期诊断、及时治疗，从而改善预后。

方法 2023年12月05日大连医科大学附属第二医院诊治1例急性髓细胞白血病患者行IA（伊达比星、阿糖胞苷）+维奈克拉化疗期间合并镰刀菌感染，期间的诊断、治疗及预后进行报告。

结果 患儿确定诊断发生在粒无期间，先后给予伏立康唑、两性霉素 B 脂质体抗真菌治疗，病情得以控制。

结论 急性髓细胞白血病患儿行化疗后感染镰刀菌病情进展快、预后差、死亡率高，早期明确诊断给予有效抗真菌治疗是改善其生存率的有效手段。

PO-0717

移植前骨髓单个核细胞端粒长度对急性髓系白血病异基因造血干细胞移植术后预后的影响

邓博¹、赵鹏²

1. 中山大学附属第一医院贵州医院

2. 贵州医科大学附属医院

目的 异基因造血干细胞移植 (Allo-HSCT) 是目前急性髓系白血病 (AML) 最重要的治疗手段，但移植后复发始终威胁患者生存预后。端粒是染色体末端的一段特殊结构，近年来研究发现细胞端粒长度与 MDS、AML 患者的预后高度相关。

方法 为进一步探究患者端粒长度对移植预后的影响，我们收集近三年来在贵州医科大学附属医院血液科接受 Allo-HSCT 的 AML 患者共 246 例。使用 Ficoll-Hypaque 密度离心分离提取患者移植前 CR 状态下骨髓单个核细胞。采用端粒末端限制性片段分析 (TRF) 检测端粒长度。分别使用四分位法及前期研究中 ROC 曲线所得最佳界值点作为端粒长度的分组依据，随后对患者进行随访，使用 K-M 曲线计算生存率，单因素分析使用 log-rank 检验，多因素分析使用 COX 回归。

结果 使用四分位法将移植前端粒长度分为短端粒、中等端粒以及长端粒 ($\leq 6.30\text{Kb}$ 、 $6.30-6.95\text{Kb}$ 、 $> 6.95\text{Kb}$)，分析发现中等端粒组 2 年的 OS 及 RFS 更低 (54.84 %、38.98 %、50.77 %， $P=0.036$) (53.23 %、34.75 %、50.77 %， $P<0.0001$)。非中老年患者 (≤ 40 岁) 中等端粒组 2 年的 OS 及 RFS 更低 (66.67 %、40.96 %、50.77 %， $P=0.041$) (66.67 %、34.94 %、50.77 %， $P=0.00062$)。中老年患者 (> 40 岁) 中等端粒组 2 年 RFS 更低 (50.94 %、34.29 %， $P=0.0014$)。随后以 OS、RFS 为时间进行多因素 COX 回归发现中等长度端粒是移植后 RFS 的独立风险因素 (HR=7.36，95%CI 为 1.67-32.48， $p=0.008$)。使用 ROC 曲线最佳界值点将患者移植前端粒长度分为短端粒组与长端粒组 ($\leq 6.480\text{Kb}$ 、 $> 6.480\text{Kb}$)，分析发现长端粒组 2 年 RFS 更低 (53.40 %、36.62 %， $P=0.0012$)；中老年患者长端粒组 2 年的 RFS 更低 (50.00 %、18.75 %， $P=2e-04$)。随后以 OS、RFS 为时间进行多因素 COX 回归发现长端粒是患者 OS 的非独立风险因素 (HR=2.5，95%CI 为 1.25-5， $p=0.01$)。移植前长端粒是移植后 RFS 独立风险因素 (HR=5.37，95%CI 为 1.96-14.72， $p=0.001$)

结论 根据分析结果，无论在哪一种分组方式中患者移植前长端粒都是移植后 OS、RFS 的风险因素，并且这种影响在中老年患者中更为显著。这提示老年长端粒这一异常状态或许是影响患者移植预后的关键。但在非中老年患者中并非越长的端粒长度预后更差，而是处于中等端粒长度的患者预后最差。

PO-0718

血清铁蛋白及微小残留病灶检测在 AML 患者预后中的应用价值

胡伍悦、扈利红、赵思璐、曹宇琛、崔续馨、张春燕、高山

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 探讨血清中铁蛋白 (SF) 及骨髓中微小残留病灶 (MRD) 在急性髓系白血病 (AML) 患者预

后中的应用价值。

方法 选取 2021 年 4 月至 2023 年 5 月于空军军医大学第一附属医院就诊的 102 例 AML 患者为研究对象，于初诊时检测 SF，经过 1~2 个疗程诱导化疗，于化疗后 4 周或下次化疗前抽取骨髓，使用流式细胞术检测 MRD。分析 SF 水平与疾病治疗反应及复发的相关性，统计化疗 1~2 个疗程后达到形态学完全缓解（mCR）的 AML 患者 MRD 阳性率，比较 MRD 阳性和阴性患者的复发情况，并评估 MRD 阳性率与 SF 的相关性。

结果 SF 水平在不同 FAB 分型的 AML 中不存在统计学差异（ $P=0.246$ ），97.6% 的 AML 患者在初诊时 SF 水平升高；治疗 1~2 个疗程后，SF 相对高水平组 AML 患者的治疗总有效率较低（ $p<0.05$ ）；随访一年，SF 相对高水平组的复发率高（ $p<0.05$ ）。化疗 1~2 个疗程后，71 例患者（69.6%）达到 mCR，其中 MRD 阴性的患者占 81.9%；MRD 阴性患者的复发率为 11.6% 低于 MRD 阳性患者的 32.4%（ $p<0.001$ ）。初诊时 SF 相对高水平组的 MRD 阳性率越高（ $p<0.005$ ）。

结论 初诊 AML 患者的 SF 水平是 AML 预后的重要预测因子，达到 mCR 的 AML 患者 MRD 状态是影响 AML 患者复发率的重要因素，尽管 SF 与 MRD 状态是相关的，但两者都是患者预后和复发的独立因素。

PO-0719

一例伴 TFG-RARA 融合基因的罕见型急性早幼粒细胞白血病

何静、邓君、徐健、陈智超、胡东
华中科技大学同济医学院附属协和医院血液病研究所

目的 本研究报告一例伴 TFG-RARA 融合基因的罕见型急性早幼粒细胞白血病(APL)患者的病例，以增进对该类型 APL 的认识。

方法 我们发现并鉴定一例伴 TFG-RARA 融合基因的罕见型 APL 患者。对其进行了详细的体检、临床生化、骨髓细胞学，细胞遗传学及荧光原位杂交（FISH），流式免疫分型，以及白血病融合基因 PCR 筛查检测等。同时，应用二代 RNA 测序法鉴定了该患者存在的融合基因。我们记录了该患者的临床治疗情况，疾病监测和随访结果。

结果 患者为一名 51 岁女性，2022.10.3 因口腔溃疡伴乏力半月余入院。血常规显示重度贫血和血小板计数减少。经 MICM 分型诊断为 APL，Fab 分型 M3 型。对急性白血病相关融合基因筛查（包括 PML-RARA）均为阴性。骨髓染色体提示 47, XX, t(3;4)(q12;p16), del(5)(q11), del(7)(q22), der(17)t(5;17)(q11;q21), +mar[20]，FISH 检测提示 17q21 扩增或伴分离。转录组研究提示该患者携带伴 TFG-RARA 融合基因(e6e2)，确诊为罕见型急性早幼粒细胞白血病。患者接受维 A 酸联合亚砷酸、去甲氧柔红霉素方案诱导治疗一疗程达完全缓解，后予维 A 酸，复方黄黛片巩固维持治疗，腰穿鞘注甲氨蝶呤预防中枢神经系统白血病。两个疗程后获得分子学完全缓解。现已完成 5 疗程巩固维持治疗，4 次腰穿鞘注。随访~19 个月，监测骨髓细胞学，流式微小残留，PCR 法检测 TFG-RARA 融合基因，均持续阴性，无复发。拟继续完成 3 疗程（共 8 疗程）维 A 酸、复方黄黛片维持治疗，定期监测随访。

结论 本研究首次报导一例 TFG 基因 6 号外显子与 RARA 基因的 2 号外显子融合的（e6e2）的罕见型 APL，也是国际上报导的第二例伴 TFG-RARA 融合基因的 APL。本例罕见型 APL 特征的鉴定有助于今后类似罕见型 APL 的诊治。

PO-0720

CLAG±DAC 方案治疗难治复发性急性髓系白血病的临床研究

华雯玺、姚卫芹、周萌、康慧珠、韩悦
苏州大学附属第一医院

目的 探讨 CLAG±DAC 化疗方案对难治复发性急性髓系白血病(R/R AML)的治疗效果及预后分析。

方法 回顾性分析 2017 年 1 月至 2021 年 12 月在苏州大学附属第一医院收治的难治复发性急性髓系白血病应用 CLAG+DAC 或单纯 CLAG 方案的病例，收集包括患者的基本特征、个体化治疗方案、治疗反应、疾病进展和生存状态。分析影响 CLAG±DAC 化疗方案疗效和生存结局的影响因素，并采用 Kaplan-Meier 方法计算总生存期 (OS)。

结果 一共纳入 53 例患者，男性患者 33 例，患者平均年龄为 40.6 岁。33 例患者在 CLAG±DAC 化疗方案后疾病达到了完全缓解，6 例患者达部分缓解，14 例未缓解。有 32 例患者最终行造血干细胞移植，至随访截至，患者中位 OS 为 58 个月。应用 CLAG±DAC 化疗后疾病缓解的患者生存时间明显优于 CLAG 后未缓解的患者(P<0.001)。多因素分析结果示 DAC+CLAG 方案较单纯应用 CLAG 方案的缓解率高 (P=0.04)。R/R AML 合并 FLT3-ITD 突变患者应用 DAC+CLAG 方案缓解率相对更高，较单纯应用 CLAG 方案差异有统计学意义。合并 DNMT3A 突变的患者应用 CLAG±DAC 方案疗效较差，DNMT3A MUT VS DNMT3A WT(P=0.05)。

结论 CLAG±DAC 方案对难治复发性急性髓系白血病患者疗效显著，且地西他滨联合 CLAG 方案更适用于合并 FLT3-ITD 突变的 R/R AML 患者。

PO-0721

慢性中性粒细胞白血病 (CNL) 的综合研究： 临床特征、分子诊断与治疗策略

陈兰昕
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 本研究旨在综合分析慢性中性粒细胞白血病 (Chronic Neutrophilic Leukemia, CNL) 的临床特征、遗传格局、分子诊断进展以及当前的治疗策略。CNL 是一种罕见的 BCR::ABL1 阴性骨髓增殖性肿瘤 (Myeloproliferative Neoplasm, MPN)，其特征是持续的成熟中性粒细胞增生，常伴有肝脾肿大。

方法 通过回顾性分析和文献综述，结合多篇研究和病例报告，对 CNL 的临床表现、遗传学特点、分子生物学特征以及治疗方式进行了深入探讨。特别是对 CSF3R 基因突变在 CNL 诊断和治疗中的作用进行了详细分析。

结果 CNL 的临床表现具有显著异质性，从无症状到高度症状不等。常见的症状包括疲劳、体重减轻、盗汗、瘙痒和轻度骨痛，以及出血倾向和感染易感性。实验室检查通常显示外周血中性粒细胞显著增多，骨髓检查显示粒细胞增生。CSF3R 基因突变被认为是 CNL 发病的驱动遗传事件，其中 CSF3R T618I 突变是 CNL 的特异性标志物。其他常见的基因突变包括 ASXL1、SRSF2、SETBP1 和 TET2 等。预后评估方面，CSF3R T618I 突变患者的总生存率 (OS) 显著降低，而血小板计数、白细胞计数和 ASXL1 突变状态是预后风险模型的关键因素。CNL 的诊断依赖于综合临床表现、实验室检查、骨髓活检以及分子遗传学检查。尽管羟基脲和干扰素 α 是常用的治疗药物，但同种异体造血干细胞移植 (allo-HSCT) 是唯一具有治愈潜力的治疗选择。JAK 抑制剂如芦可替尼在 CNL 治疗中显示出一定的疗效，但耐药性问题仍需关注。达沙替尼和其他酪氨酸激酶抑制剂也在探索中。此外，CNL 与浆细胞疾病的共存提出了克隆性和非克隆性中性粒细胞增多的可能性，需要进一步研究。

结论 CNL 作为一种罕见的 MPN，其诊断和治疗仍面临挑战。深入理解其分子发病机制对于开发新的治疗策略至关重要。未来研究需聚焦于揭示 CNL 的遗传异质性、优化风险分层模型以及探索更有效的治疗方案。同时，需要更多的临床试验来验证现有治疗方法的疗效，并探索新的治疗靶点。

PO-0722

PRL2 is essential for the maintenance of Leukemia Stem Cell in MLL gene rearrangement Acute Myeloid Leukemia via interacting with KDM2B

Hongxia Chen, Jinglong Lv, Yi Yang, Mingxia Wang, Tianxia Deng, Shuwen Guan, Zhudan Hou, Wenfang Luo, Wenlong Zhang, Yangjun Liu
Chongqing University Three Gorges Hospital

Objective MLL gene rearrangement acute myeloid leukemia (MLL-rAML) has high malignancy and poor prognosis and lacks specific targeting drugs currently. Leukemic stem cells (LSCs) are the key factors of refractory and recurrent, so inhibiting the maintenance of LSCs will be conducive to the elimination of LSCs. The role of oncogene PRL2 on the maintenance of LSCs in MLL-rAML is unclear.

Methods By generating PRL2 gene knockout MLL-AF9 induced leukemia model, this project intends to clarify the influence of PRL2 on the pathological development of MLL-rAML from molecular, cellular, to animal models' levels as well as by using the clinical samples.

Results Our data show that PRL2 was highly expressed in MLL-rAML cell lines and bone marrow cells primary samples. The colony formation ability of MLL-AF9 LSCs in PRL2-deficient mice was significantly decreased, the percentage of LSCs in peripheral blood, bone marrow and spleen of the recipient mice were decreased, and the survival of the mice was prolonged. Further studies show that PRL2 may affect the transcription of MLL-AF9 downstream target gene through its interaction with KDM2B.

Conclusion Thus, our studies uncover a novel mechanism in leukemia cells and will likely establish PRL2 as a druggable target in MLL-rAML.

PO-0723

急性淋巴细胞白血病临床疗效及预后因素分析

汪雪莹、陈可欣、刘一岚、缪晓娟、帅燕容、苏毅、易海
中国人民解放军西部战区总医院

目的 探讨急性淋巴细胞白血病患者的临床治疗疗效及预后相关因素。

方法 回顾性分析 2012 年 1 月 1 日至 2021 年 12 月 31 日于中国人民解放军西部战区总医院确诊并接受治疗的 94 例急性淋巴细胞白血病患者资料，通过 Kaplan-Meier 法估算生存分析，预后因素分析采用单因素 Log-rank 检验和多因素 Cox 比例风险回归模型。

结果 94 例患者总体完全缓解率为 95.6% (87/91)，诱导相关死亡为 6.4% (6/94)。中位随访时间 34 (28~40) 月。5 年总生存 (OS) 率及无病生存 (DFS) 率分别为 57.1%、41.7%。5 年累积复发率 (CIR) 为 52.8%。单因素分析显示影响 OS 的预后因素包括免疫表型、行异基因造血干细胞移植 (Allo-HSCT) 治疗、复发 (P<0.05)。多因素分析显示复发 (HR=6.121, 95%CI 2.454~15.265, P<0.001) 是影响患者 OS 的独立不良预后因素。单因素分析显示影响 DFS 的预后因素包括达 CR 时间、诱导 CR 后 MRD 状态、巩固 1 疗程 MRD 状态、巩固 3 疗程 MRD 状态、行 Allo-HSCT 治疗 (P<0.05)。多因素分析显示巩固 3 疗程 MRD 阳性 (HR=6.889, 95%CI

1.237~38.376, $P=0.028$) 是影响 ALL 患者 DFS 的独立不良预后因素, 而进行 Allo-HSCT 治疗 ($HR=0.122$, $95\%CI 0.018\sim0.808$, $P=0.029$) 是影响患者 DFS 的有利因素。

结论 疾病复发仍是 ALL 患者面临的巨石, 移植可有效改善患者预后, 治疗后 MRD 监测对预后判断有重要意义。

PO-0724

CircHIPK3 在急性髓系白血病患者中的表达水平及预后相关性研究

魏鑫

中国医科大学附属第一医院

目的 本研究应用 Realtime-PCR 检测 circHIPK3 在急性髓系白血病患者中的表达情况, 并分析表达水平与 FAB 分型、染色体异常、基因突变及预后情况之间的相关性;

方法 本实验收集 AML 患者 60 例, 正常对照 30 例, 应用 Realtime-PCR 方法检测 circHIPK3 表达情况, 分析其与 FAB 分型、染色体异常、基因突变、疗效和临床预后的相关性。

结果 与正常对照组相比, AML 初诊患者 circHIPK3 的表达水平显著上调。circHIPK3 的表达水平在 AML 的 FAB、染色体分型和特征性基因突变类型中有所差异; 初诊 AML 患者中, circHIPK3 的表达水平和患者骨髓原始细胞比例和 FLT3 突变情况呈正相关; 生存分析结果显示, AML 总体患者和正常核型患者组低表达 circHIPK3 具有更优的总生存时间和无复发生存时间, 差异具有统计学意义。单因素和多因素 COX 回归分析提示 circHIPK3 是评估 AML 患者预后的独立风险因素。

结论 circHIPK3 在 AML 患者中明显高表达, 并与部分反映 AML 肿瘤负荷的指标密切相关, 高表达 circHIPK3 的 AML 患者预后不佳, circHIPK3 表达情况是评估 AML 预后的独立风险因素。

PO-0725

供者淋巴细胞输注联合阿扎胞苷治疗异基因干细胞移植后复发急性髓系白血病的临床疗效观察

蒙延娜

徐州市中心医院

目的 观察供者淋巴细胞输注联合阿扎胞苷治疗异基因干细胞移植后复发的急性髓系白血病的临床疗效与安全性。

方法 收集本院 2019 年至 2023 年高危急性髓系白血病异基因干细胞移植后复发的 3 例患者。化疗后行供者淋巴细胞输注及阿扎胞苷维持治疗。

结果 1 例由骨髓增生异常综合征转化为急性白血病, 在异基因干细胞移植后 3 月后复发, 后行 FIAG 方案化疗后行供者淋巴细胞输注后获得疾病缓解, 目前移植后无病生存 4 年余。1 例患者移植前为难治性急性白血病, 移植后 17 月 MRD 转为阳性, 行联合化疗后输注供者淋巴细胞输注 2 次后 MRD 转成阴性。后行 3 疗程阿扎胞苷维持治疗。移植后无病生存 28 月。1 例合并 MLL-AF1q 融合基因阳性患者, RUNX1 基因突变, 移植后 20 月全面复发, 行阿扎胞苷联合维奈克拉后行 5 次供者淋巴细胞输注, 移植后无病生存 5 月余。

结论 对于移植后复发的急性髓系白血病患者, 行供者淋巴细胞输注及阿扎胞苷维持治疗临床疗效可。

PO-0726

急性淋巴细胞白血病化疗与移植疗效对比分析

汪雪莹、陈可欣、刘一岚、何光翠、赖思涵、缪晓娟、帅燕容、邓艳、张珊、何莹、韩颖、苏毅、易海
中国人民解放军西部战区总医院

目的 探讨急性淋巴细胞白血病（ALL）患者首次完全缓解（CR1）后采用化疗或异基因造血干细胞移植（Allo-HSCT）进行巩固治疗的疗效对比分析。

方法 回顾性分析 2012 年 1 月 1 日至 2021 年 12 月 31 日于中国人民解放军西部战区总医院接受治疗的 105 例急性淋巴细胞白血病患者临床资料及生存数据，通过 Kaplan-Meier 法估算生存分析，采用 Log-rank 检验进行组间分析。

结果 105 例患者中，Ph-ALL 67 例，Ph+ALL 38 例。67 例 Ph-ALL 患者 5 年总生存（OS）率及无病生存（DFS）率分别为 62.6%、39.5%。儿童样化疗方案组（n=38）与 CR1 移植组（n=29）两组 5 年 OS 率分别为 55.7%、75.7%（ $P>0.05$ ）。亚组分析中，儿童样化疗方案组中标危（SR）患者 5 年 OS 率明显优于高危（HR）患者，分别为 88.2%、44%（ $P=0.034$ ）。38 例 Ph+ALL 患者 5 年 OS 率及 DFS 率分别为 55.7%、63.4%。CR1 移植组（n=25）与化疗组（n=13）3 年 OS 率分别为 83.8%、46.6%（ $P=0.004$ ），3 年 DFS 率分别为 78.9%、33.8%（ $P<0.001$ ），3 年 CIR 分别为 9.8%、62.2%（ $P<0.001$ ）。

结论 儿童样化疗方案是标危 Ph-ALL 患者治疗的可行性选择，Allo-HSCT 仍然是高危 Ph+ALL 患者最佳获益方案。

PO-0727

微小残留病在异基因造血干细胞移植中的预后意义

汪雪莹、陈可欣、何光翠、赖思涵、邓艳、张珊、何莹、韩颖、苏毅、易海
中国人民解放军西部战区总医院

目的 探讨微小残留病（MRD）在急性淋巴细胞白血病（ALL）患者异基因造血干细胞移植（Allo-HSCT）中的预后意义。

方法 回顾性分析 2012 年 1 月至 2021 年 12 月于西部战区总医院接受 Allo-HSCT 治疗的 79 例 ALL 患者资料，通过 Kaplan-Meier 法估算生存分析，采用 Log-rank 检验进行组间分析。

结果 79 例移植患者中位年龄 30 岁（15~58）岁。SR 患者 19 例，HR 患者 60 例。Ph+B-ALL 33 例，Ph-B-ALL 28 例，T-ALL 18 例。CR1 移植组 53 例， \geq CR2 移植组 26 例。预处理方案均采用清髓性方案，亲缘单倍体移植（HID）67 例，同胞全相合移植（MSD）12 例。移植后除 1 例患者移植+10 天早期因脑疝死亡外，所有患者移植后均达到粒系植入且供受者 T 细胞完全嵌合状态，1 例患者血小板植入失败。中位粒细胞植活时间为+12（+9~+22）天，中位血小板植活时间为+12（+6~+31）天。移植后共 26 例患者发生急性移植物抗宿主病（aGVHD），12 例发生慢性移植物抗宿主病（cGVHD）。移植后共 11 例患者复发，20 例患者死亡，其中复发相关死亡 5 例，移植相关死亡 4 例。K-M 生存分析显示 5 年 OS 率、DFS 率、CIR 分别为 66.0%、57.5%、27.8%。Log-rank 检验分析显示，移植前 MRD 阴性（n=62 例）与 MRD 阳性（n=17 例）两组间 OS 率分别为 65.6%、50.4%（ $P=0.014$ ）及 DFS 率分别为 58.9%、42.8%（ $P=0.024$ ）。移植后 MRD 阴性组（n=74 例）和阳性组（n=4 例）OS 率差异也有统计学意义（ $P=0.005$ ）。

结论 移植前 MRD 状态对 ALL 患者 OS 率及 DFS 率具有一定预后价值。

PO-0728

接受新型药物治疗的原发性浆细胞白血病 (pPCL) 患者的生存结果分析

周士燕

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 原发性浆细胞白血病 (pPCL) 是一种侵袭性浆细胞疾病，其特征是循环浆细胞和预后不良。分析患有 pPCL 的患者从干细胞移植 (SCT) 和新药物的疗效和安全性。

方法 本研究回顾性分析了 2016 年 7 月至 2023 年 7 月期间确诊并已在联勤保障部队第九四〇医院住院的 38 名 pPCL 患者。收集了患者的基线特征以及治疗和生存结果数据。

结果 患者确诊时的中位年龄为 58 岁。所有患者均接受了以硼替佐米为基础的诱导治疗方案，92% 的患者同时接受了硼替佐米和免疫调节药物（沙利度胺或来那度胺）；此外，50% 的患者接受了自体 SCT (ASCT)，60% 的患者接受了维持治疗。85% 的患者对一线治疗的最佳反应是部分缓解或更好，40% 的患者完全缓解 (CR)。达到 \geq CR 是延长无进展生存期 (PFS) 和总生存期 (OS) 的预测因素。中位 PFS 为 20 个月，中位 OS 为 33 个月。与未接受 ASCT 的患者相比，接受 ASCT 的患者的 PFS 延长，与未接受维持治疗的患者相比，ASCT 后接受维持治疗的患者的中位 PFS 延长，并且 OS 有延长趋势。

结论 目前的数据支持使用联合新型药物对 pPCL 患者进行前期治疗，以及 ASCT 和维持治疗对长期疾病控制的作用。

PO-0729

Gilteritinib versus salvage chemotherapy in patients with relapsed/refractory FLT3-mutated acute myeloid leukemia in China: regional sub-analysis of COMMODORE trial

Jianxiang Wang¹, Bin Jiang², Jian Li³, Ligen Liu⁴, Xin Du⁵, Hao Jiang⁶, Jianda Hu⁷, Menghe Yuan⁸, Yaru Deng⁸

1. Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, Tianjin, China

2. Peking University International Hospital, Beijing, China

3. Peking Union Medical College Hospital, Beijing, China

4. Shanghai Tongren Hospital, Shanghai, China

5. Guangdong Provincial People's Hospital, Guangzhou, China

6. Peking University Peoples Hospital, Beijing, China

7. Fujian Medical University Union Hospital, Fuzhou, Fujian, China

8. Astellas China Investment Co, Ltd., Beijing, China

Objective Additional treatment options are needed globally for patients with FMS-like tyrosine kinase (FLT3)-mutated (mut+) acute myeloid leukemia (AML), who are refractory to therapy/have relapsed (R/R). Gilteritinib, an FLT3 inhibitor, has been approved for use in multiple countries and recently received conditional approval in China for treatment of R/R FLT3mut+ AML, but there is a lack of randomized, controlled trials of gilteritinib treatment outcomes in Asian patients with R/R FLT3mut+ AML. The phase III COMMODORE trial (NCT03182244) evaluated the efficacy and safety of gilteritinib versus salvage chemotherapy (SC) in patients with R/R FLT3mut+ AML in China, South-East Asia, and Russia. Here we present a sub-analysis of patients in China.

Methods In the phase III, open-label, multicenter, randomized COMMODORE trial, patients with R/R FLT3mut+ AML from 47 sites in China, South-East Asia and Russia were randomized 1:1 to gilteritinib (120 mg/day) or SC. Adult patients (aged \geq 18 or per local regulations) with primary AML or AML secondary to myelodysplastic syndrome who were R/R after first-line therapy, were

FLT3mut+ in bone marrow or whole blood per central laboratory and had an Eastern Cooperative Oncology Group (ECOG) performance status ≤ 2 were eligible. Patients diagnosed with acute promyelocytic leukemia, chronic myelogenous leukemia in blast crisis, AML secondary to prior chemotherapy, or active central nervous system disease were excluded. In an interim analysis (January 15, 2018–June 30, 2020), the primary endpoint of overall survival (OS) and secondary endpoints including event-free survival (EFS), complete remission (CR) rate and safety were evaluated.

Results A total of 151 patients were recruited from China, of which 76 (50.3%) and 75 (49.7%) were randomized to gilteritinib or SC, respectively. The median age of the population was 53.0 years, with 54.3% of patients being female. There were no meaningful differences in demographic and baseline characteristics between arms. Gilteritinib showed clinically meaningful improvement in median OS versus SC (10.0 versus 5.7 months, HR 0.614 [95% CI: 0.385, 0.981]) and an increased OS rate at 6 (69.3% versus 48.4%) and 12 months (38.2% versus 27.7%). In the OS subgroup analysis, patients under 65 years (HR 0.550 [95% CI: 0.328, 0.923]), male patients (HR 0.404 [95% CI: 0.183, 0.888]), patients with baseline ECOG 0–1 (HR 0.433 [95% CI: 0.244, 0.768]) and patients with no prior FLT3 inhibitor use (HR 0.539 [95% CI: 0.326, 0.890]) had the highest risk reduction. Gilteritinib showed clinically meaningful improvement in median EFS versus SC (2.1 versus 0.8 months; HR 0.645 [95% CI: 0.427, 0.974]). CR rates at data cutoff were numerically higher with gilteritinib than SC (15.8% versus 8.0%; treatment difference 7.8% [95% CI: -3.8, 19.4]). Hospitalization incidence was 92.1% and 81.3% in gilteritinib and SC arms, respectively. In the safety analysis population (patients receiving ≥ 1 study dose), exposure-adjusted grade ≥ 3 adverse event rates were numerically lower with gilteritinib versus SC (86.20 versus 261.45 events/patient-year) as were drug-related serious adverse event rates (3.06 versus 7.09 events/patient-year).

Conclusion In this COMMODORE trial sub-analysis, gilteritinib improved OS, EFS, and was well-tolerated in patients with R/R FLT3mut+ AML in China.

PO-0730

HOXA6 在调节急性髓系白血病细胞增殖、 迁移、侵袭和凋亡中的作用及机制

秦伟、陈梅玉、刘洁、卢绪章
常州市第二人民医院

目的 探讨 HOXA6 对急性髓系白血病 (AML) 细胞增殖、迁移、侵袭、凋亡的影响及可能机制。

方法 回顾性收集的 2017 年 11 月至 2021 年 8 月常州市第二人民医院血液内科 60 例初发 AML 患者和 30 名健康对照者骨髓标本，采用实时荧光定量聚合酶链反应 (qRT-PCR) 检测各标本 HOXA6 表达水平。合成针对 HOXA6 基因靶点的小干扰 RNA (siRNA) 序列，应用 lipofilter 转染试剂转染至人急性早幼粒细胞白血病细胞株 HL-60、人单核细胞白血病细胞株 THP-1 细胞，为 HOXA6 敲减组，以未经转染的细胞为对照。采用 qRT-PCR 检测各组细胞 HOXA6 相对表达量，计算干扰效率。CCK8 法检测各组细胞增殖能力，Transwell 实验检测细胞的迁移、侵袭能力，流式细胞术分析细胞凋亡情况；免疫共沉淀观察 HOXA6 与 PBX2 在细胞内的相互作用。

结果 qRT-PCR 检测示，初发 AML 患者骨髓标本中 HOXA6 的相对表达量比健康对照组高 ($P < 0.05$)，HOXA6 敲减组 HL-60、THP-1 细胞 HOXA6 表达量均低于相对应的对照组细胞 (均 $P < 0.01$)。HOXA6 敲减组 HL-60 细胞和 THP-1 细胞增殖能力、迁移能力、侵袭能力均较对应的对照组低，细胞凋亡率比均较对应的对照组高，差异均有统计学意义 (均 $P < 0.05$)。HOXA6 可以与 PBX2 发生相互作用并使其稳定。HOXA6 和 PBX2 在 AML 细胞表达均呈正相关，敲低 HOXA6 可逆转 PBX2 诱导的 AML 细胞迁移和侵袭能力；敲低 PBX2 可逆转 HOXA6 诱导的 AML 细胞迁移和侵袭能力。

结论 HOXA6 可能通过与 PBX2 相互作用来调控 AML 细胞增殖、迁移和侵袭，抑制 AML 细胞凋亡；为 AML 治疗新靶点提供参考。

PO-0731

Hyper CVAD 方案对急性淋巴细胞白血病 诱导化疗的疗效及安全性分析

于雪、李美玉、王莹、黄亚男、张天奇、闫金松、康志杰
大连医科大学附属第二医院

目的 评估 Hyper CVAD 方案诱导治疗初治或复发难治急性淋巴细胞白血病的疗效及安全性。

方法 收集 2018 年 1 月至 2022 年 12 月在大连医科大学附属第二医院接受诱导治疗的初治或复发难治急性淋巴细胞白血病 (acute lymphoblastic leukemia, ALL) 的患者 91 例。其中，接受 Hyper CVAD 方案诱导治疗的患者 45 例，接受其他方案治疗 (VDCP、VDLP、VDCLP、VP、VDLD 等) 的患者 46 例。评估两组患者诱导化疗的完全缓解率 (Complete Response, CR)，微小残留病灶 (minimal residual disease, MRD) 阴性率，1 年、3 年、5 年无复发生存 (Recurrence free survival, RFS)、总体生存 (Overall Survival, OS) 及不良反应 (AE, adverse event)。

结果 Hyper CVAD 方案和其他方案两组均接受 1-2 个疗程的诱导治疗，在第 1 次诱导化疗后间歇第 7 日，Hyper CVAD 方案组的患者完全缓解率为 93% (40/43)，MRD 阴性率为 58.5% (24/41)。在第 1 个疗程结束后，Hyper CVAD 组患者的完全缓解率优于对照组 (88.9% 和 69.6% (P=0.023))，MRD 阴性率分别为 71.1% 和 40.9% (P=0.006)。但在两次诱导化疗结束后，两组患者的完全缓解率相似，分别为 95.6% 和 87% (P=0.066)。Hyper CVAD 方案组的 1 年、3 年、5 年 OS 分别为 78.7%、64%、53.3%，对照组的 1 年、3 年、5 年 OS 分别为 64.8%、52.3%、52.3%，两组间无统计学差异 (P=0.285)。但是，Hyper CVAD 方案组与对照组相比，1 年、3 年、5 年 RFS 具有统计学差异，分别为 76.8% vs 47.9%，P=0.035、63.7% vs 31.6%，P=0.013、53.1% vs 31.6%，P=0.021。在诱导治疗过程中及结束后，Hyper CVAD 方案组和对照组化疗相关不良反应相当，包括感染 (呼吸道感染、口腔感染、牙龈感染、肛周感染、皮肤感染、泌尿系感染)、消化道反应、低蛋白血症、电解质紊乱、肝损伤、心肌损伤 (P=0.011)、肾损伤等。

结论 Hyper CVAD 方案与对照组诱导治疗初治及复发难治 ALL，首次诱导缓解率及 MRD 阴性率均明显高于对照组，OS 及安全性无差异。

PO-0732

新型 PRL3 小分子抑制剂的发现 及其抗 FLT3-ITD 阳性 AML 作用和机制研究

王凤娟¹、潘志凌³、周慧²、郭荣¹、姜中兴¹、牛挺²

1. 郑州大学第一附属医院血液内科

2. 四川大学华西医院血液内科

3. 四川大学生物治疗国家重点实验室

目的 PRL3 抗体在 FLT3-ITD AML 中显示出明显的抗肿瘤效果。本研究旨在筛选新的高活性 PRL3 的小分子抑制剂，探究其对 FLT3-ITD 突变阳性 AML 的疗效及机制。

方法 生信分析 AML 患者中 PRL3 表达与 FLT3-ITD 的相关性及其对预后的影响。在 AML 患者标本及细胞株中，用 qPCR 及 Western blot 法验证 PRL3 与 FLT3-ITD 的相关性。用 DSF 法和

DiFMUP 为底物的酶活性检测筛选 PRL3 抑制剂。筛选得到 SCD115258 进行体内外探究其对 FLT3-ITD 阳性 AML 的影响（凋亡、迁徙、衰老、细胞分化、协同增效、皮下瘤抑制）。分子模拟 SCD115258 与 PRL3 结合模式、细胞热位移、Western blot、siRNA、多组学等方法探究 SCD115258 抗 FLT3-ITD 阳性 AML 的机制。

结果 FLT3-ITD 阳性的 AML 中 PRL3 的表达显著高于 FLT3-ITD 阴性的 AML。PRL3 高表达患者预后更差。筛选出高活性抑制剂 SCD115258。SCD115258 对抑制 PRL3 的 IC50 为 29.7nM，较现有 PRL3 抑制剂 Thienopyridone（IC50: 265.6 nM）活性提升了 8.9 倍。SCD115258 影响 FLT3-ITD 阳性的 AML 细胞表型：抑制增殖、诱导凋亡、抑制迁移和侵袭、与 FLT3 抑制剂协同增效作用（细胞及小鼠水平）。SCD115258 与 PRL3 多个活性位点产生相互作用，SCD115258 在细胞内与 PRL3 蛋白结合并增加其热稳定性，SCD115258 在细胞内对 PRL3 上下游已知通路有影响。多组学分析显示 SCD115258 在 FLT3-ITD 阳性 AML 中可能影响甘氨酸、丝氨酸和苏氨酸代谢通路。

结论 发现新型高活性 PRL3 抑制剂 SCD115258，在 FLT3-ITD 阳性 AML 中具有抗肿瘤活性且与 FLT3 抑制剂有协同作用。SCD115258 影响 PRL3 上下游通路，并可能影响甘氨酸、丝氨酸和苏氨酸代谢通路。

PO-0733

WTAP 的小分子抑制剂 ZR239 在 AML 治疗中的潜在作用

唐屿千、龚玉萍
四川大学华西医院

目的 本课题组前期研究发现初发成人 AML 中 Wilms 肿瘤 1-相关蛋白（WTAP, Wilms tumor 1-associated protein）的阳性率较高且预后不良。本研究旨在评估 WTAP 小分子抑制剂 ZR239 在初发成人 AML 治疗中的潜在作用，并探讨抑制剂对 AML 细胞的影响机制。

方法 采用 MV4-11 和 MOLM-13 细胞系，通过质谱法检测 mRNA m6A 水平，MTT 法检测细胞增殖，流式细胞术检测细胞周期、凋亡和分化，通过 qPCR、WB 分析其对 AKT/mTOR 信号通路的影响。

结果 ZR239 有效抑制 AML 细胞增殖，MV4-11 IC50 为 4.662 μ M，MOLM-13 IC50 为 3.055 μ M。ZR239 促进 AML 细胞凋亡，8 μ M 处理 48h 后，MV4-11 凋亡率为 69.3%，MOLM-13 为 79.3%。5 μ M 的 ZR239 分别处理 MV4-11 和 MOLM-13 细胞 72 小时，MV4-11 和 MOLM-13 细胞 CD14、CD11b 相对表达量均较未经药物处理组明显增高。ZR239 处理后，AML 细胞被阻滞于 G0/G1 期。ZR239 5 μ M 细胞 48 小时 ZR239 可降低 MV4-11、MOLM13 细胞的 m6A 水平。经 ZR239 处理后 MV4-11、MOLM-13 细胞中 AKT、mTOR 蛋白磷酸化水平降低，凋亡蛋白 caspase-3 蛋白水平升高，而抗凋亡蛋白 BCL-2 蛋白水平降低。

结论 WTAP 抑制剂可降低 mRNA m6A 水平，抑制 AML 细胞增殖，促进凋亡和分化，阻滞细胞周期，显示其在 AML 中的作用，可作为治疗靶点。小分子抑制剂联合标准化疗药物是 AML 有效治疗策略，但需进一步研究其安全性、体内作用及联合效应。未来需评估抑制剂的临床应用前景。

PO-0734

急性髓细胞白血病 BCL-2 抑制剂 venetoclax 的耐药机制研究

魏晓禹

四川大学华西医院

目的 急性髓细胞白血病(AML)是一种进展迅速,预后差的造血系统恶性肿瘤,尤其是在老年人群中,5年生存率仅有10%-15%。Venetoclax(Ven)是一种选择性BCL-2抑制剂,2020年FDA批准其联合HMAs用于治疗老年AML,显示出良好的疗效,但是对Ven原发性和(或)获得性耐药仍是寻求长期疗效的重大障碍。因此探索Ven耐药的AML细胞的新通路和靶点成为当务之急。

方法 1.通过药物浓度递增法诱导AML亲本细胞,采用MTT法评估耐药指数(实验前停用Ven至少48小时)。

2.采用MTT法检测细胞增殖,流式细胞术检测细胞凋亡、分化和周期。

3.将Kasumi-1-Ven耐药细胞和其亲本细胞进行RNA转录组测序。

4.用WB分别检测BCL-2家族蛋白表达情况。

5.流式检测细胞ROS活性、线粒体膜电位(MMP)活性,透射电镜观察细胞线粒体结构

结果 1.成功构建Ven耐药的AML细胞模型:Kasumi-1-Ven-re和Molm-13-Ven-re,耐药指数分别为32和136。2.细胞增殖实验,Kasumi-1-Ven-Re细胞较其亲本细胞增殖减慢;细胞分化实验,两种Ven耐药细胞中的CD14和CD11b阳性细胞比例均明显增加。而细胞周期的检测结果显示,Kasumi-1-Ven-Re细胞的G0/G1期细胞比例增加,S期细胞比例减少,G2/M期则无明显差异。

3. WB结果发现,无论是细胞总蛋白还是提取的线粒体蛋白,相较于亲本细胞,Ven耐药细胞BCL-2蛋白表达下调,而MCL-1、BCL-XL抗凋亡蛋白表达明显上调。4.将Kasumi-1亲本细胞和耐药细胞进行RNA-seq测序,结果发现,Ven-Re组有121差异基因。富集分析包括Rap1、IL-17、NF-kappa B信号通路,以及甘油磷脂代谢等通路。5.流式发现Ven耐药细胞的ROS活性升高,MMP下降,透射电镜证实Ven耐药细胞线粒体数量减少,线粒体结构破坏。

结论 1.Ven耐药的AML细胞都有向单核细胞分化的趋势,可能与Ven耐药有关。

2.Ven耐药细胞无论是总蛋白还是线粒体蛋白,都存在BCL-2蛋白水平下调,MCL-1、BCL-XL抗凋亡蛋白过表达,推测这些抗凋亡蛋白变化介导了AML细胞的Ven耐药。

3.RNA转录组学分析显示Kasumi-1-Ven-Re组有56个上调基因,65个下调基因。富集到多条通路,包括NF-kappa B等信号通路。

4.相较于亲本细胞,Ven耐药AML细胞线粒体结构遭到破坏。

PO-0735

万古霉素漱口水口腔护理结合健康教育 在白血病患者口腔真菌感染中的应用

张天文

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨万古霉素口腔护理结合健康教育在白血病患者口腔真菌感染中的应用价值。

方法 选取2021年6月至2023年6月我院口腔真菌感染的白血病患者为研究对象,根据随机数表法分为对照组(n=34)、观察组(n=34),对照组进行常规护理,观察组进行万古霉素口腔护理结合健康教育;比较两组口腔真菌感染愈合情况;于护理前、后,比较两组口腔舒适度评分、生活质量。

结果 观察组口腔真菌感染愈合时间短于对照组，真菌感染愈合有效率高于对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；护理后，观察组生活质量各维度评分均高于对照组；两组口腔舒适度评分下降，且观察组低于对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 万古霉素口腔护理结合健康教育应用于白血病患者口腔真菌感染中，能够促进真菌感染愈合，提高患者口腔舒适度及生活质量。

PO-0736

中心静脉导管在急性淋巴细胞白血病 贝林妥欧单抗居家治疗中的应用

刘小娜、王春艳、曹俐、于程程、赵玲莉
深圳市儿童医院

目的 探讨中心静脉导管在急性淋巴细胞白血病贝林妥欧单抗居家治疗中的应用。

方法 贝林妥欧单抗是全球唯一获批用于 MRD+ALL 的免疫治疗药物。在本中心进行贝林妥欧单抗治疗并结束疗程的患儿共计 30 余例，由于本中心为儿童白血病患者，通过对患儿配合度及家属居家护理能力的评估，进而决定使用中心静脉导管对患者进行贝林妥欧单抗治疗。通过对家属进行居家护理的相关宣教及患者中心静脉导管的每日评估，从而达到患者顺利完成治疗的效果。其中只有两例病人使用外周导管进行治疗，其余患者均使用中心静脉导管进行药物输注。再次过程中，1 例因无损伤针脱出导致药物暂停输注，2 例因患儿自行夹闭导管而导致药物未完全输注完成，其余患者均顺利完成免疫治疗。

结果 在本中心进行贝林妥欧单抗治疗并结束疗程的 30 余例患者中，只有两例病人因无中心静脉导管使用外周导管进行治疗，其余患者均使用中心静脉导管进行药物输注。在使用中心静脉导管进行贝林妥欧单抗输注的患者中，1 例因无损伤针脱出导致药物暂停输注，2 例因患儿自行夹闭导管而导致药物未完全输注完成，其余患者均顺利完成贝林妥欧单抗免疫治疗。

结论 综上所述，对于贝林妥欧单抗居家治疗患者而言，可以使用中心静脉导管进行药物输注。不仅可以减轻儿童白血病因反复更换外周导管而导致的痛苦，也可以预防药物因输液通路阻塞造成浪费从而增加患者经济负担。

PO-0737

循证护理对白血病患者化疗后引发口腔粘膜炎及生活质量的影响

张天文
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨循证护理对白血病患者化疗后引发口腔粘膜炎及生活质量的影响。

方法 选取我院 2022 年 02 月~2024 年 01 月我科收治的白血病患者 122 例，随机分为循证护理组 60 例和普通护理组 62 例。循证护理组实施循证护理，普通护理组实施常规护理。比较两组患者发生口腔粘膜炎和生活质量评分。

结果 循证护理组引起口腔改变，损害口腔功能和局部刺激发生情况明显少于普通护理组（ $P < 0.05$ ）。循证护理组毒副反应分级整体情况优于普通护理组（ $P < 0.05$ ）。护理后，循证护理组生活质量评分高于普通护理组（ $P < 0.05$ ）。

结论 循证护理是白血病患者中一种科学有效的护理模式，可以明显减少化疗引发口腔粘膜炎，改善患者生活质量。

PO-0738

贝林妥欧单抗治疗急性淋巴细胞 白血病后继发免疫相关性肺炎一例

周晓梅、易海、张绪萍
中国人民解放军西部战区总医院

目的 有关贝林妥欧单抗治疗后继发免疫相关性肺炎的病例罕见报道，本病例报道旨在探讨贝林妥欧治疗后继发免疫相关性肺炎的发病机制、临床表现、影像学特征及诊治特点，以引起临床医师对该病的重视，为免疫相关性肺炎的早期识别与及时诊治提供一定参考。

方法 回顾性分析了 1 例 B-ALL 的青年男性患者，在接受了贝林妥欧单抗输注作为巩固治疗后继发免疫相关性肺炎的临床资料。

结果 在造血干细胞移植前使用贝林妥欧单抗治疗获得缓解是一种相对安全且有效的手段，尽管其继发免疫相关性肺炎的概率不到 1%，但在某些严重的情况下，可能会导致免疫治疗的延迟或终止甚至发生治疗相关性死亡。

结论 因此，在使用贝林妥欧单抗治疗时需高度注意。

PO-0739

具有抗白血病干细胞活性的新型 ABL1 抑制剂针对高水平耐药 突变型 BCR-ABL1 的药效学及作用机制研究

王凤娟¹、黄露义³、黄申振³、潘志凌³、郭荣¹、姜中兴¹、牛挺²
1. 郑州大学第一附属医院
2. 四川大学华西医院血液内科
3. 四川大学生物治疗国家重点实验室

目的 ABL1 抑制剂显著改善了 CML 和 Ph 阳性 ALL 患者的预后，然而 ABL1 酪氨酸激酶域突变和干细胞逃逸所致的耐药是药物应用的重大挑战。本研究旨在发现兼具抗白血病干细胞的 ABL1 抑制剂克服复合突变型 BCR-ABL1 所致的耐药。

方法 使用计算机模拟方法进行虚拟筛选 ABL1 抑制剂，虚拟筛选的化合物进一步用自行构建的耐药细胞株采用 MTT 法进行筛选验证。将筛选到的活性化合物 SKLB-518 在不同耐药突变细胞株及小鼠皮下瘤进行活性验证，并用 Western 和免疫组化等方法及其对相关分子通路作用进行探究。克隆形成实验初步证明 SKLB-518 对白血病干细胞的作用。

结果 SKLB-518 能够克服复合突变的 BCR-ABL1 所致的耐药，SKLB-518 能抑制 ABL1 下游的通路。SKLB-518 在体内也展示出较好的活性及耐受性。SKLB-518 同时兼具抑制白血病干细胞的作用。

结论 SKLB-518 是一个兼具抗白血病干细胞的新的能克服复合突变 BCR-ABL1 所致耐药的新的有研发前景的 ABL1 抑制剂。

PO-0740

急性髓系白血病伴肥大细胞增多症 1 例报道并文献复习

窦蕊、程薇、李威、于润红、李墨博、朱尊民
河南省人民医院

目的 进一步提高急性髓系白血病伴肥大细胞增多症的认识。

方法 回顾性分析河南省人民医院 2023 年 1 月 14 号收治的 1 例急性髓系白血病伴肥大细胞增多症患者的临床特征及诊疗经过，并进行相关文献复习。

结果 患者，男，16 岁，因腿痛、发热入院。结合患者入院后骨髓细胞形态学、流式细胞术及分子生物学检测等辅助检查结果，最终诊断为：急性髓系白血病伴肥大细胞增多症。确诊后，先后给予患者 HAA（高三尖杉酯碱+阿糖胞苷+阿克拉霉素）与 IA（伊达比星+阿糖胞苷）方案化疗，2023 年 2 月 23 号患者再次入院，流式细胞术复查骨髓微小残留病变：1.29%细胞为异常髓系幼稚细胞，15.9%细胞为异常肥大细胞；骨髓细胞学检查：组织嗜碱细胞比值占 29.2%；AML1-ETO 融合基因阳性；KIT D816H 基因突变阳性；继续行 IA 方案化疗，后出现化疗后骨髓抑制。

结论 急性髓系白血病伴肥大细胞增多症发病率低，诊断需要依靠骨髓细胞形态学、流式细胞学及分子生物学等手段综合判断，诊断相对困难，常规化疗预后不良，靶向治疗、骨髓移植为目前重要的治疗手段，有必要对个体化诊疗方案进行更多的研究。

PO-0741

BRG1 基因通过激活 PI3K/Akt 信号通路调控 急性淋巴细胞白血病细胞增殖

亢倩、赵鹏、柴笑、王季石
贵州医科大学附属医院

目的 背景：BRG1(由 SMARCA4 编码)是 SWI/SNF 染色质重构复合物的催化组分，在调节 DNA 可及性中起关键作用。在广泛的恶性肿瘤中观察到 BRG1 失调，但功能上存在异质性。目的：探讨 BRG1 对成人急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 增殖和凋亡的影响及其具体调控机制。

方法 我们分析了 GEO 数据库中 GSE13159 子集中 B-ALL 患者及健康供者 BRG1 的表达水平。采用 RT-PCR 和 Western blot 检测了本中心 34 名初诊 B-ALL 患者和 25 个健康供者中 BRG1 的表达水平。采用慢病毒载体沉默 B-ALL 细胞株中 BRG1 的表达。CCK-8、克隆形成实验、EDU 检测细胞的增殖能力，流式细胞术检测凋亡及周期的变化，Western blot 检测相关通路关键蛋白的变化，IF 检测 BRG1 及其重要靶基因的荧光强度及细胞共定位。

结果 我们发现，在公共数据库及本中心临床样本中，B-ALL 患者 BRG1 的表达水平要明显高于健康供者。沉默 BRG1 的细胞株增殖及克隆形成能力减弱、凋亡增加及细胞阻滞在 G0/G1 期。Western blotting 结果显示信号通路关键分子 p-PI3K、p-AKT、CDK4、CDK6 的表达下调，而 P21、P27 表达增加。

结论 BRG1/PI3K/AKT 信号轴是 B-ALL 细胞增殖的新机制，是一个新的潜在的癌症治疗靶点。

PO-0742

高危急性髓系白血病不同生物学特性对异基因造血干细胞移植后地西他滨维持治疗疗效的影响

刘嘉、朱丽丹、王路、刘焕凤、高世春、孔佩艳、张曦、高蕾
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 复发是高危急性髓系白血病（high-risk acute myeloid leukemia, HR-AML）异基因造血干细胞移植（allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT）后死亡的主要原因。本中心和中国其他 11 个造血干细胞移植中心在既往开展了一项关于 HR-AML allo-HSCT 后低剂量地西他滨维持治疗的临床研究，以防止 HR-AML 在 allo-HSCT 后复发。研究发现，使用低剂量地西他滨维持治疗可以将 HR-AML 复发率从 38.3%降低到 15%。哪些类型的 AML 对地西他滨维持治疗更能获益，值得在临床实践中进一步探索。

方法 本研究对 2019 年 2 月至 2022 年 2 月在陆军军医大学第二附属医院血液病医学中心住院的 273 名 allo-HSCT 后 HR-AML 患者进行了回顾性分析，273 名患者均接受了 6 个疗程以上的地西他滨维持治疗，分析 HR-AML 不同生物学特性对 allo-HSCT 后地西他滨维持治疗疗效的影响。HR-AML 不同生物学特性包括 FAB 分型、复发性遗传异常、突变基因类型和血液病史，该研究的主要终点是 2 年复发率。

结果 273 例患者使用 FAB 进行分类，其中 AML-M0 11 例，AML-M1 35 例，AML-M2 97 例，AML-M4 56 例，AML-M5 42 例，AML-M6 32 例。予地西他滨维持治疗后，2 年复发率分别为 27.2%、17.1%、19.6%、12.5%、11.9%和 18.75%，结果显示地西他滨维持治疗对 AML-M4 和 M5 最有效。常见的复发性遗传异常包括：12 例 t(8,21)，7 例 inv(16)，6 例 t(9,11)，5 例 inv(3)，23 例其他异常，220 例无复发性遗传异常。在予地西他滨维持治疗后，有和没有复发性遗传异常的患者的 2 年复发率分别为 13.2%和 20.5%（ $p=0.047$ ），表明地西他滨维持治疗对复发性遗传异常患者是有效的。突变基因主要分为两类：甲基化相关基因突变（145 例）和其他突变（128 例）。甲基化相关基因突变和其他突变患者的 2 年复发率分别为 11.0%和 21.1%（ $p=0.013$ ），表明地西他滨维持治疗对甲基化相关的基因突变患者更有效。根据血液病病史，AML 分为 MDS / MPN 转化型 AML（47 例）和原发性 AML（226 例）。两组的 2 年复发率分别为 14.9%和 17.7%（ $p=0.012$ ），两组之间没有显著差异。

结论 高危 AML 移植后地西他滨维持治疗对 AML-M4 和 AML-M5 亚型、复发性遗传异常以及甲基化相关基因突变的患者更有效。

PO-0743

TDO2 在 DNMT3A-R882 及 FLT3-ITD 共突变急性髓系白血病中的生存依赖作用及机制研究

王萍、亢倩、陈清振、王伟丽、郑琳、王季石
贵州医科大学附属医院

目的 体细胞突变是导致急性髓系白血病恶变的重要原因，而 DNMT3A-R882 及 FLT3-ITD 被证实在该疾病中高频共存，并与不良预后相关，但其协同作用的相关机制尚不清楚。TDO2（tryptophan 2,3-dioxygenase, 色氨酸 2,3-双加氧酶）作为一种关键的色氨酸代谢酶，在多种癌症类型中均表现出重要的生物学功能。本研究旨在探究 TDO2 在 DNMT3A-R882 及 FLT3-ITD 共突变 AML 中的生存依赖作用及其潜在的分子机制，以期为 AML 的治疗提供新的策略。

方法 1、细胞系模型构建：选取 FLT3-ITD 突变的 AML 细胞系 MV4;11，利用慢病毒稳转系统，在

MV4;11 中引入 DNMT3A-R882, 构建稳定共突变 AML 细胞系模型。2、RNA-seq 联合公共生物信息学数据挖掘 DNMT3A-R882 及 FLT3-ITD 共突变 AML 过表达差异基因。3、TDO2 表达敲减: 慢病毒介导 shTDO2 转染共突变 AML 细胞系以敲低 TDO2 的表达。3、CCK-8 法评估 TDO2 敲低对共突变 AML 细胞增殖和存活的影响。流式细胞术检测细胞分化及凋亡。软琼脂克隆形成实验检测克隆形成集落。4、分子机制探究: 利用 RNA-seq、Western Blot 等技术检测 TDO2 敲低后, 相关关键信号通路的改变。

结果 1. RNA-seq 联合公共生物信息数据库挖掘, 较 DNMT3A-R882 单突变和 FLT3-ITD 单突变 AML, TDO2 在 DNMT3A-R882 及 FLT3-ITD 共突变 AML 中的高表达, 且与不良预后相关; 2、敲减 TDO2 表达后, CCK-8 法检测发现共突变 AML 细胞的增殖速率显著下降约 40%($p < 0.05$)。同时, 流式细胞术检测发现 TDO2 敲减可显著增加 AML 共突变细胞的凋亡率($p < 0.05$), 并增加吉瑞替尼的敏感性。同时敲减共突变 AML 细胞株 TDO2 表达后, CD11b 表达显著增加, 克隆形成能力下降($p < 0.05$); 3、RNA-seq 进一步分析敲减 TDO2 后信号通路改变, 发现 TDO2 敲减后 Kyn-AhR 信号轴明显下调; 4、WB 进一步证实共突变 AML 系中 Kyn-AhR 信号轴表达增加, 而敲减 TDO2 后 Kyn 和 AhR 蛋白表达下降, 过表达 TDO2 则可逆转 Kyn 和 AhR 表达, 并逆转 TDO2 敲减引起的增殖和细胞凋亡, 并抑制细胞分化。

结论 本研究揭示了 TDO2 可能通过 Kyn-AhR 信号轴在 DNMT3A-R882 及 FLT3-ITD 共突变 AML 中的发挥关键生存依赖作用, 因此, TDO2 可能成为治疗这类 AML 患者的新靶点, 为 AML 的个体化治疗提供新视角。

PO-0744

间充质干细胞改善 CAR-T 治疗后细胞因子释放综合征 并重塑肿瘤免疫微环境

胡彩东、杨婷
福建医科大学附属第一医院

目的 嵌合抗原受体 T(Chimeric antigen receptor T, CAR-T)细胞疗法对复发/难治恶性血液病疗效显著, 然而其主要毒副作用细胞因子释放综合征(Cytokine release syndrome, CRS)的出现对 CAR-T 细胞治疗的广泛应用提出了挑战。尽管 Tocilizumab 是 CRS 治疗的重要药物, 但常规使用下仍有严重 CRS 发生, 这可能与 CRS 的发生非单一炎症因子 IL-6 作用有关。糖皮质激素具有显著的抑制炎症反应能力, 但早期研究发现糖皮质激素会抑制 CD19 CAR-T 细胞输注后在体内的扩增和抗肿瘤作用。且 Tocilizumab 和糖皮质激素均无修复炎症损伤后组织功能。脐带间充质干细胞(Umbilical cord mesenchymal stem cells, UC-MSCs)具有强大的抑制炎症反应并促进组织修复功能。本研究拟通过 CRS 动物模型探讨脐带间充质干细胞对 CAR-T 细胞治疗后 CRS 的作用及机制。

方法 构建 CAR-T 细胞治疗后 CRS 小鼠动物模型, 通过小鼠体重、生存时间、外周血细胞因子水平及托珠单抗疗效以评估 CRS 模型是否成立。于 CAR-T 细胞注射前给予 hUC-MSC, 通过比较小鼠体重、生存时间及细胞因子水平以评估 MSC 对 CRS 的治疗疗效; 通过对比分析 MSC 治疗组小鼠的免疫细胞亚群数量及种类的变化以探讨其作用机制。

结果 在高肿瘤负荷小鼠腹腔注射大剂量 CAR-T 细胞后, 小鼠出现生存状态差、体重明显下降或者死亡, 监测外周血细胞因子 IL-6、IL-1 β 升高, 使用托珠单抗可改善生存并降低 IL-6 水平, 提示 CRS 模型成立。MSC 可改善 CRS 小鼠的体重及生存, 相较于托珠单抗可降低多种细胞因子如 IL-6、IL-1 β 及趋化因子浓度。流式细胞术及血细胞分析仪检测小鼠腹腔、骨髓、脾脏、外周血细胞, 提示 MSC 可通过抑制腹腔中性粒细胞及单核巨噬细胞扩增控制 CRS, 且不影响 CAR-T 细胞在骨髓、脾脏、外周血的扩增。

结论 hUC-MSCs 通过调控肿瘤免疫环境改善 CAR-T 细胞治疗后 CRS 且不影响 CAR-T 细胞体内扩增。

PO-0745

Low expression of miR-182 by DNA hypermethylation targets BCL2 to enhance the self-renewal of leukemia stem cells and miR-182 promoter methylation is a biomarker for the sensitivity of BCL2 inhibitor venetoclax

Shenmeng Gao, Danyang Li, Chen Meng, Yigang Yuan, Min Li
The First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University

Objective microRNAs (miRNAs) are frequently deregulated and play important roles in the pathogenesis and progression of acute myeloid leukemia (AML). miR-182 functions as an onco-miRNA or tumor suppressor miRNA in the context of different cancers. However, whether miR-182 affects the self-renewal of leukemia stem cells (LSCs) and normal hematopoietic stem progenitor cells (HSPCs) is unknown.

Methods Bisulfite sequencing was used to analyze the methylation status at pri-miR-182 promoter. Lineage-negative HSPCs were isolated from miR-182 knockout (182KO) and wild-type (182WT) mice to construct MLL-AF9-transformed AML model. The effects of miR-182 depletion on the overall survival and function of LSC were analyzed in this mouse model in vivo.

Results miR-182-5p (miR-182) expression was lower in AML blasts than normal controls (NCs) with hypermethylation observed at putative pri-miR-182 promoter in AML blasts but unmethylation in NCs. Overexpression of miR-182 inhibited proliferation, reduced colony formation, and induced apoptosis in leukemic cells. In addition, depletion of miR-182 accelerated the development and shortened the overall survival (OS) in MLL-AF9-transformed murine AML through increasing LSC frequency and self-renewal ability. Consistently, overexpression of miR-182 attenuated AML development and extended the OS in the murine AML model. Most importantly, miR-182 was likely dispensable for normal hematopoiesis. Mechanistically, we identified BCL2 and HOXA9 as two key targets of miR-182 in this context. Most importantly, AML patients with miR-182 unmethylation had high expression of miR-182 followed by low protein expression of BCL2 and resistance to BCL2 inhibitor venetoclax (Ven) in vitro.

To investigate methylation frequency at the miR-182 promoter can predict the sensitivity of AZA+VEN in a real world. We subsequently analyzed the complete remission (CR)/CR with incomplete hematologic recovery (CRi) rate, overall survival (OS), and event-free survival (EFS) in AZA+VEN-treated elderly AML patients or unfit for intensive chemotherapy according to the hypomethylation group (median value < 20.21%) and hypermethylation group (median value > 20.21%). The average time to obtain CR/CRi was substantially shorter in AML patients with hypermethylation compared with those with hypomethylation. Most importantly, the median OS and EFS were significantly longer in AML patients with hypermethylation than in those with hypomethylation.

Conclusion Our results suggest that miR-182 is a potential therapeutic target for AML patients through attenuating the self-renewal of LSC but not HSPC. The methylation frequency at the miR-182 promoter has a certain predictive effect on the prognosis of AML patients treated with AZA+VEN. miR-182 promoter methylation provide a potential biomarker for it.

PO-0746

Targeting S100A8/S100A9: Effective Suppression of DNMT3A Mutant AML Cell Activity

Xiaoya Cai, Guiqin Huang, Dengju Li

Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective Investigating the effects of targeting the S100A8/S100A9 genes on DNMT3A mutant acute myeloid leukemia (AML) cell activity and associated molecular pathways.

Methods We utilized lentiviral overexpression and limiting dilution techniques to establish DNMT3A-R882H mutant AML cell lines. Verification of DNMT3A gene expression was conducted via Western blotting and RT-qPCR. Differential gene expression analysis employed RNA-seq, with bioinformatics techniques used for pathway enrichment and correlation analysis. Specific targets were identified through inhibitor intervention screening. The effects of S100A8/S100A9 inhibitors on DNMT3A mutant AML cells were assessed using Annexin V/PI staining, CCK8 proliferation assay, cell adhesion, and Transwell migration assays. ELISA measured cell adhesion factor expression.

Results RNA-seq confirmed DNMT3A-R882H mutation. Differential gene expression analysis revealed enrichment of the S100A8/S100A9 complex in Reactome pathways. Elevated S100A8 and S100A9 expression was observed in AML patients and DNMT3A mutant AML cell lines. Treatment with cytarabine upregulated S100A8/S100A9 genes in a concentration-dependent manner. Mutant and control cells showed no significant differences in proliferation or apoptosis under different culture conditions. However, treatment with the S100A8/S100A9-specific inhibitor, paquinimod, decreased proliferation, migration, and adhesion of DNMT3A mutant AML cells, correlating positively with concentration. ELISA revealed downregulation of key adhesion molecules post-paquinimod treatment.

Conclusion Aberrant expression of the S100A8/S100A9 complex likely contributes to the pathogenesis of DNMT3A mutant AML, presenting a potential therapeutic target for this disease.

PO-0747

流式细胞术检测 CAR-T 细胞方法学性能验证

姚林娟、方卉、何世波

杭州迪安医学检验中心有限公司

目的 嵌合抗原受体 (CAR)-T 细胞免疫治疗是一种治疗肿瘤的新型精准靶向疗法, 近年来也取得了一系列举世瞩目的重大成果。监测 CAR-T 细胞在外周血循环药代动力学 (Pharmacokinetics, PK) 对于临床预后的判断至关重要。流式细胞术 (FCM) 是目前实验室最常用的 CAR-T 细胞检测手段之一, 需对其方法学进行多指标性能验证, 以保证其结果的准确性, 为体内 CAR-T 细胞动力学提供可靠的结果。

方法 在 BD FACS Cantoll 流式细胞分析仪上对 CAR-T 细胞检测进行特异性、精密度 (批内精密度、批间精密度、人员间精密度以及仪器间精密度)、样本稳定性、最低检测限 (LOD) 及最低定量限 (LLOQ) 等多参数的验证。

结果 结果 FCM 检测 CAR-T 细胞具有良好的特异性; 精密度 $\leq 20\%CV$, 满足 $25\%CV$ 的可接受标准; 样本在 $2-8^{\circ}C$ 条件下 72 小时内具有很好稳定性; LOD 百分比和绝对值分别为 0.00406% 和 0.4150 个/ μL ; LLOQ 百分比和绝对值分别为 0.0486% 和 4.40 个/ μL 。

结论 流式细胞术检测 CAR-T 细胞方法学性能良好, 测定结果准确可靠且重复性好, 可满足临床需求, 用于监测 CAR-T 细胞在外周血循环药代动力学。

PO-0748

非典型 t(1;19)易位伴 MEF2D 重排的儿童 ALL 患者病例报道

刘建拓、李鸿瑞、蒋莉、郑珊林、邱学奎、张海琴
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 报道一例非典型 t(1;19)易位的儿童急性淋巴细胞白血病患者。

方法 对一例儿童 ALL 患者临床特征、实验室资料进行研究分析。

结果 患者，女，3岁1个月，因面色苍白、乏力、持续发热就诊。查体：肝脾肿大、全身淋巴结肿大。血常规：WBC $40.7 \times 10^9/L$ ，中性粒细胞 $1.55 \times 10^9/L$ ，淋巴细胞 $38.95 \times 10^9/L$ ，单核细胞 $0.16 \times 10^9/L$ ，嗜酸粒细胞 $0.04 \times 10^9/L$ ，嗜碱粒细胞 $0 \times 10^9/L$ ，RBC $3.35 \times 10^{12}/L$ ，Hb 96g/L，PLT $136 \times 10^9/L$ ，RtC $0.288 \times 10^9/L$ 。抽取骨髓进一步检查，细胞形态学示增生极度活跃，粒红系增生受抑，淋巴系增生异常，原、幼淋占 97.5%，细胞化学染色 MPO (-)、PAS 染色 (+)，符合 ALL-L2 骨髓象。免疫分型示原始细胞分布区域可见异常细胞群体，约占有核细胞的 91%，其阳性表达 HLA-DR、CD10、CD19、CD22、CD34、CD38、CD58、cCD79a，少量表达 CD20，髓系增殖明显受抑，提示急性 B 淋巴细胞白血病。G 显带核型结果为 46,XX,t(1;19)(q22;p13),der(9)t(9;15)(p13;q11),-15,+mar [3]/46,XX[4]，提示分析 7 个中期相细胞，其中 3 个细胞核型存在 1 号和 19 号染色体易位，由 9 号和 15 号染色体易位产生的 9 号衍生染色体，一条 15 号染色体丢失，附加额外的一条标记染色体。荧光原位杂交 (FISH) 示 MLL (-)，BCR/ABL (-)，ETV6/RUNX1 (-)，PBX1/TCF3 可见 TCF3 位点拷贝数增加 (82%)，MEF2D 发生重排 (80%)。IKZF1 缺失突变检测 (-)，血液肿瘤全转录组检测 MEF2D/DAZAP1 (+)。综合诊断为儿童 B-ALL 伴 MEF2D 重排 (MEF2D/DAZAP1)。

结论 B-ALL 伴 MEF2D 重排 (MEF2D-r B-ALL) 是一种新的 B-ALL 亚型，在一小部分儿童和年轻人的 B-ALL 中被发现，发病频率 3~5%，且与较差的预后相关，该亚型具有表达胞质 μ 链、低表达 CD10 和中度表达 CD38 的特征，临床往往采用 MEF2D 基因分离探针或转录组测序用于病例确诊。

PO-0749

综合性护理对白血病患者不良情绪及睡眠质量的影响

邓雅爽
深圳市儿童医院

目的 观察对白血病患者予以综合性护理对其睡眠质量和不良情绪的影响。

方法 观察对象选择于 2021.6~2023.5 就诊于我院的白血病患者 72 例，随机分组，36 例予以综合性护理 (健康教育、睡眠护理、心理护理、化疗护理、生活护理) 者归纳到试验组，36 例予以常规护理者归纳到对照组，对护理效果 (睡眠质量、不良情绪、不良反应、家长护理满意度) 进行观察和比较。

结果 睡眠质量 (PSQI) 各项评分护理前比较 $P > 0.05$ ；与对照组对比，试验组护理后睡眠质量 (PSQI) 各项评分明显较好， $P < 0.05$ ；不良情绪护理前比较 $P > 0.05$ ；与对照组 (43.58±6.15) 分、(35.45±6.20) 分对比，试验组护理后不良情绪 (SDS、SAS) 评分 (33.41±4.45) 分、(20.51±5.15) 分明显较好， $P < 0.05$ ；与对照组 (22.22%) 对比，试验组不良反应总发生率 (2.78%) 明显较低， $P < 0.05$ ；与对照组 (72.22%) 对比，试验组患儿家长护理满意度 (94.44%) 明显较好， $P < 0.05$ 。

结论 对白血病患者予以综合性护理效果突出，可使睡眠质量和不良情绪得以改善，可减少不良反应，可提升家长护理满意度，建议推广。

PO-0750

一项 78 例急性髓系白血病伴骨髓增生异常患者的单中心回顾性研究

曹淑云

贵州医科大学附属医院

目的 急性髓系白血病伴骨髓增生异常(AML-MR)患者是 AML 的特殊亚型之一，化疗敏感性差，预后不良。该研究的目的是评估本中心 78 例 AML-MR 患者的临床特征以及维奈克拉联合阿扎胞苷方案(VA 方案)治疗 AML-MR 的临床疗效和安全性。

方法 回顾性分析本中心 2021 年 9 月至 2023 年 12 月收治的 78 例初诊 AML-MR 患者的临床资料。

结果 本研究共纳入 78 例 AML-MR 患者，男 50 例，女 28 例，中位年龄 56(16-91)岁，FAB 分型 M4/M5 常见。其中伴骨髓增生异常相关基因突变组 (AML-MR-MUT) 34 人，伴骨髓增生异常相关遗传学异常组 (AML-MR-C) 24 人，既往有 MDS、MDS/MPN 病史组 (AML-MR-H) 18 人。55 例接受治疗的患者总体有效率为 60%，首次诱导化疗后获得骨髓形态学无白血病状态 (CR1) 者 25 例 (45.4%)；其中地西他滨联合小剂量化疗方案治疗组总体有效率 30%，方案包含 DCAG/DHG/DHA；“7+3”方案治疗组有效率 48%；VA 方案治疗组有效率为 78.6%；1 人进入阿扎联合 CD47 单抗临床试验，未缓解。VA 方案发生感染相关不良反应频率有低于“7+3”方案。

结论 AML-MR 患者预后差，相较于常规化疗方案“7+3”方案及地西他滨联合小剂量化疗方案，VA 方案诱导治疗 AML-MR 患者更能获益。

PO-0751

急性髓系白血病细胞分泌外泌体 hsa-miR-181-5p 通过 Nrf2/HO-1 信号轴改造骨髓微环境促进阿糖胞苷耐药

王力、黄傲霜、王季石

贵州医科大学附属医院

目的 急性髓系白血病 (AML) 是一种源于造血干细胞分化障碍和克隆增殖的恶性血液病。耐药性是急性髓系白血病的一大临床挑战。外泌体能携带多种物质，多个研究证明外泌体可作为疾病诊断和预后的候选生物标志物。本研究旨在探究急性髓系白血病细胞分泌外泌体对骨髓间充质干细胞 (BMSCs) 的影响以及微小核糖核酸 (miRNA) 介导的潜在机制。

方法 浓度递增法诱导阿糖胞苷(AraC)耐药的 AML 细胞株。超速离心法提取外泌体后采用透射电镜、纳米粒径跟踪分析 (NTA) 和检测表面标志蛋白进行鉴定。通过外泌体转录组测序筛选差异 miRNA，并通过定量实时聚合酶链反应验证。采用 AML 细胞分泌外泌体与健康供者 BMSCs 条件培养后检测 BMSCs 成脂分化能力改变。生信分析预测 miRNA 调控靶基因后采用双荧光素酶实验验证。最后动物实验荷瘤实验验证外泌体对 BMSCs 的作用。统计分析采用 t 检验或方差分析。

结果 AML 细胞分泌的外泌体有效促进 BMSCs 成脂分化能力增强 (20 μ g/ml, $P < 0.05$)。测序结果显示 AML 细胞和 BMSCs 分泌外泌体所含 miRNA 不同。AML 细胞分泌外泌体富含 hsa-miR-181-5p, AraC 耐药细胞株外泌体中 hsa-miR-181-5p 含量更高。上调 hsa-miR-181-5p 能增强 AML 外泌体促 BMSCs 成脂分化增加的作用，下调 hsa-miR-181-5p 则能减弱这种作用 ($P < 0.05$)。hsa-miR-181-5p 与 Keap1 直接结合，抑制 Keap1 表达水平激活 Nrf2/HO-1 信号轴，改变氧化应激水平促进 BMSCs 成脂分化增加。动物实验中上调 hsa-miR-181-5p 的 AML 细胞分泌外泌体与 BMSCs 共培养组皮下瘤生长最快，AraC 治疗效果最差，生存期最低。

结论 这些研究结果表明, AML 细胞分泌外泌体 hsa-miR-181-5p 可通过抑制 BMSCs 中 Keap1 介导 Nrf2/HO-1 信号轴激活, 进而达到改造骨髓微环境的目的。这些发现揭示在骨髓微环境中 AML 细胞与 BMSCs 之间通过外泌体发生的交互作用促进了 AML 疾病的复发与耐药。

PO-0752

急性髓性白血病患者肠道菌群-宿主代谢物的时间变化及临床预测价值

刘婉莹^{1,2}、杨嘉婕^{1,2}、蔡青¹、李翔¹、吴伯衡²、杨婷^{3,4}、张冠斌^{4,5,6,7}、胡建达^{1,2,4}

1. 福建医科大学附属第二医院
2. 福建医科大学附属协和医院
3. 福建医科大学附属第一医院滨海校区国家区域医学中心
4. 福建医科大学精准医学研究院
5. 成都中医药大学智能医学学院
6. 福建医科大学医学检验系
7. 绵阳市人民医院

目的 分析急性髓系白血病 (Acute Myeloid Leukemia, AML) 患者肠道菌群、血清及尿液代谢物在纵向时间上的动态变化, 探讨与临床特征的相关性和预测价值。

方法 本研究纳入 2022 年 10 月至 2023 年 4 月本中心 29 例初治及复发难治 AML 患者, 采用 16s rDNA 测序及广靶代谢组学技术检测肠道菌群及血清/尿液代谢物, 比较 AML 患者治疗前后、粒细胞减少伴发热时菌群及代谢物的组成及其含量变化。

结果 AML 患者治疗后较治疗前肠道微生物群和血清/尿液代谢物的多样性显著下降, 直至下一个治疗周期开始前恢复。高风险发生粒细胞减少伴发热 (Neutropenic Fever, NF) 或使用广谱抗生素的 AML 患者中, 菌群多样性显著下降。其中高风险 NF 时 Enterococcus 在肠道中明显扩张, 其丰度变化联合 C 反应蛋白增加提示 NF 风险增加, Enterococcus 上调与尿液中胆汁酸代谢下调密切相关。另外, Anaerococcus、Dialister 和 unidentified_Enterobacteriaceae 随时间的变化有助于预测疗效为完全缓解, 其丰度变化主要与血清中核苷酸及其代谢物密切相关, 菌群与代谢物在预测疗效时重叠。

结论 AML 患者肠道菌群与血清/尿液代谢物之间存在密切相关性, Enterococcus 及尿液中胆汁酸代谢物有望对 AML 高危发生 NF 提供预测价值, 而 Anaerococcus、Dialister 和 unidentified_Enterobacteriaceae 随时间的变化可提示疗效为完全缓解。AML 患者肠道微生物群—宿主代谢组串扰的机制有待进一步研究。

PO-0753

COVID-19 全面开放期间急性淋巴细胞白血病临床特征分析

吴燕伶^{1,2}、刘洋¹、陈晓敏¹、赵宇^{1,2}、罗丽秀^{1,2}、米秋雯^{1,2}、文小英^{1,2}、黄纯兰^{1,2}

1. 干细胞免疫及再生泸州市重点实验室
2. 西南医科大学附属医院血液内科

目的 本研究分析 COVID-19 全面开放期间急性淋巴细胞白血病 (ALL) 患者感染 2019 新型冠状病毒的临床特征。

方法 在 2022 年 12 月 1 日至 2023 年 1 月 31 日期间, 选取了 29 名符合纳入标准并被西南医学院附属医院收治的 ALL 患者, 根据他们是否接种过新型冠状病毒疫苗, 将其分为接种过疫苗 (n=10)

和未接种疫苗（n=19）两组；组内根据是否感染 COVID-19 分组。对两组基本情况(身高、体重等)、流行病学资料、临床特征、实验室检查资料、住院天数、化疗情况进行比较。

结果 接种组及未接种组在基本情况、临床症状、化疗进度方面无统计学意义（ $P>0.05$ ）。两组患者均有不同程度血细胞计数降低及肝功能异常。未接种疫苗患者中，感染组的中性粒细胞计数（ $P=0.040$ ）、血红蛋白（ $P=0.002$ ）与白蛋白（ $P=0.027$ ）较对照组降低，而接种患者中感染组及对照组各指标差异无统计学意义。

结论 ALL 患者接种新型冠状病毒疫苗后仍有可能合并感染，临床症状以轻型为主，住院时间延长，但感染症状、贫血情况及肝功能异常较未接种改善，疫苗接种对 ALL 患者存在保护力，应按需补种以加强免疫。

PO-0754

维奈克拉联合阿扎胞苷初治急性髓系白血病的成本-效果分析

杨永公

南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 从中国医疗卫生体系角度出发，评价维奈克拉联合阿扎胞苷对比阿扎胞苷单药初治急性髓系白血

方法 基于 VIALE-A 试验，建立马尔可夫（Markov）模型，计算两组的总成本、生存质量调整年（QALY）和增量成本-效果比（ICER），并进行敏感性分析检验基础结果的不确定性。

结果 维奈克拉联合阿扎胞苷组相较于阿扎胞苷单药组患者总成本增加 274 776.43 元，同时多获得 1.13 个 QALYs。ICER 值为 243 056.96 元/QALY，低于以 2022 年中国三倍人均国内生产总值（GDP）作为的意愿支付阈值（WTP）；单因素敏感性分析结果显示，对 ICER 影响最大的前三个因素分别为 EFS 伴 CR/CRi 的效用值、贴现率和维奈克拉药品费用，其中 EFS 伴 CR/CRi 的效用值和贴现率在范围内的波动可能会引起结果的翻转；概率敏感性分析显示，在当前 WTP 下，维奈克拉联合阿扎胞苷治疗更具有成本-效果的概率是 69 %。

结论 在 2022 年中国三倍人均 GDP 的 WTP 下，维奈克拉联合阿扎胞苷对比阿扎胞苷单药初治急性髓系白血病更具有成本-效果优势。

PO-0755

米托蒽醌脂质体联合化疗方案治疗混合表型急性白血病的安全性及有效性研究

江慧雯¹、卢聪¹、何静¹、杨迪¹、苏梅芳²、吴耀辉¹、胡俊斌¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 黄冈市中心医院

目的 总结分析米托蒽醌脂质体（MIT-LIP）联合化疗方案治疗混合表型急性白血病（MPAL）的随访数据，探究其安全性及有效性。

方法 回顾性纳入多中心接受过 MEA（MIT-LIP+依托泊苷+阿糖胞苷）+地塞米松±维奈克拉联合化疗方案的 MPAL 患者，收集患者的临床特点、治疗方案、不良反应、治疗效果。

结果 2021 年 12 月至今，华中科技大学同济医学院附属协和医院及黄冈市中心医院共收治接受过 MIT-LIP 联合化疗的 MPAL 患者 7 例，其中 2 例初始诊断分别为 T-ALL 和 B-ALL，经过治疗后表型转换为 AML，3 例初始诊断为 MPAL（髓/B 双克隆），1 例初始诊断为 MPAL（髓/T 双克隆），1 例初始诊断为 MPAL（髓/浆细胞样树突状细胞双克隆）。7 例患者中，男性 3 例（3/7，42.9%），

女性 4 例 (4/7, 57.1%)；中位年龄 38 岁 (16 至 58 岁)；检测到染色体异常 1 例 (1/6, 16.7%)；检测到基因异常 6 例 (6/7, 85.7%)，其中伴有 BCR-ABL 融合基因 1 例。患者中位治疗线数为 5 (3 至 8 线)，其中 MIT-LIP 联合化疗次数为 18 次，未发生明确相关的药物过敏及器官毒性，主要不良反应为血液系统毒性，其中粒细胞缺乏发生率为 100%，中位持续时间为 7.5 天，IV 度血小板减少发生率为 83.3%，III 度血小板减少发生率为 16.7%。目前中位随访时间为 10 个月，CR 率为 100%，MRD- CR 率为 71.4%。2 例患者行联合化疗桥接 allo-HSCT 后维持 MRD- CR，3 例患者仍处于巩固治疗中并维持 MRD- CR，后续拟行 allo-HSCT，1 例复发患者行联合化疗后达到 MRD+ CR，1 例 allo-HSCT 后复发患者行联合化疗合并二次移植后再次达到 MRD+ CR。

结论 米托蒽醌脂质体联合化疗方案治疗混合表型急性白血病安全性较好，完全缓解率高，对复发/难治性 MPAL 患者也有较好疗效。

PO-0756

不同化疗药物对 K562 细胞 CYP3A5 基因转录、蛋白表达及酶活性的影响

钟济华、王婷、沈莉菁、朱迪、章国强、侯健
上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 选取具有 CYP3A5 转录及高活性的细胞株 (K562 白血病细胞株)，探讨化疗药物对 K562 白血病细胞株药物代谢酶 CYP3A5 基因的转录、蛋白表达和酶活性的影响。

方法 (1) 分别采用 RT-PCR 法和 Real Time PCR 法检测化疗药物对 K562 细胞 CYP3A5 基因转录的影响。(2) 免疫印迹方法 (Western blotting) 检测对 K562 细胞应用不同化疗药 CYP3A5 蛋白的表达。(3) 应用特异性检测 CYP3A 亚家族酶活性的氢化考的松 6 β -羟化活性的检测方法，结合高压液相色谱仪(HPLC)检测不同化疗药物干预后对 K562 细胞 CYP3A5 活性的影响。

结果 (1) 化疗药：K562 白血病细胞经长春新碱(0.08 $\mu\text{g/ml}$)、高三尖杉酯碱(0.12 $\mu\text{g/ml}$)、卡铂(20.0 $\mu\text{g/ml}$)、阿糖胞苷(6.0 $\mu\text{g/ml}$)、甲氨蝶呤(120.0 $\mu\text{g/ml}$)、环磷酰胺(48.0 $\mu\text{g/ml}$)、米托蒽醌(0.40 $\mu\text{g/ml}$)作用 24h，CYP3A5 基因转录上调；经依托泊苷(6.0 $\mu\text{g/ml}$)、三氧化二砷(0.40 $\mu\text{g/ml}$)作用 24h，CYP3A5 转录未见明显改变；但经上述化疗药作用后的 CYP3A5 蛋白表达均出现上调，酶活性亦都增加。

结论 化疗药包括抗肿瘤抗生素、抗代谢药、铂类、烷化剂、生物碱类大多诱导 K562 细胞 CYP3A5 基因转录、蛋白表达的上调和酶活性的增加。深入了解不同药物对 CYP3A5 基因的调控作用将对化疗联合用药具有指导意义。

PO-0757

血涂片中退化细胞的比例可作为慢性淋巴细胞白血病的预后指标

崔续馨、扈利红、赵思璐、曹宇琛、胡伍悦、张春燕、高山
中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 探讨血涂片中退化细胞 (SCs) 的比例与慢性淋巴细胞白血病 (CLL) 预后指标的相关性。

方法 回顾性分析 2021 年 4 月至 2024 年 3 月于空军军医大学第一附属医院就诊的 90 例初诊慢性淋巴细胞白血病患者的血涂片，每张玻片共计数 200 个淋巴细胞和退化细胞，并统计退化细胞的比例。52 例患者采用聚合酶链式反应 (PCR) 检测免疫球蛋白重链基因(IGHV)突变状态，88 例患者采用流式细胞仪检测 CD38 的表达，84 例患者采用荧光原位杂交(FISH)检测细胞遗传学异常。探

讨 SCs 比例与淋巴细胞绝对计数、 β 2-MG、IGHV 突变、CD38 的表达、ATM 基因缺失、D13S319 基因缺失、12 号染色体三体等预后指标的相关性。

结果 在 90 例 CLL 患者中，外周血涂片 SCs 比例的中位数为 29%（6%~53%），取 <30% 为阴性。SCs 比例与淋巴细胞绝对计数呈负相关 ($r=-0.53$)。SCs 阴性与 IGHV 基因突变 ($p<0.05$)、D13S319 缺失呈负相关 ($p<0.01$)，与 β 2-MG 增高 ($p<0.01$)、CD38 的表达 ($p<0.05$)、ATM 基因缺失呈正相关 ($p<0.05$)，与 12 号染色体三体的相关性无统计学意义 ($p=0.356$)。结论 在慢性淋巴细胞性白血病中，SC<30% 与 CLL 患者预后不良的指标呈正相关，与预后良好的指标呈负相关。统计血涂片中退化细胞的比例操作简单且经济实惠，其可作为慢性淋巴细胞白血病一个可靠的预后指标。

结论 在慢性淋巴细胞性白血病中，SC<30% 与 CLL 患者预后不良的指标呈正相关，与预后良好的指标呈负相关。统计血涂片中退化细胞的比例操作简单且经济实惠，其可作为慢性淋巴细胞白血病一个可靠的预后指标。

PO-0758

TRA2B 表达在急性髓系白血病患者中的预后相关研究

李宝丽、陈艳、黄佩
遵义医科大学附属医院

目的 分析 TRA2B 表达在急性髓系白血病(AML)中的预后意义。

方法 通过 TCGA 数据库的 173 例患者的临床信息，应用 Cox 回归分析预后相关因素，通过 RT-PCR 和 Western blot 检测 TRA2B 在急性髓系白血病中的表达情况；进一步通过 Kaplan-Meier 曲线分析 TRA2A、TRA2B 高低表达之间的生存差异、根据不同临床特征分析 TRA2B 高低表达组的预后生存差异。

结果 TRA2B 高表达较 TRA2B 低表达组，无事件生存期及总生存期预后好 ($P<0.05$)，而 TRA2A 高表达则对患者的生存差异不显著 ($P>0.05$)。AML 患者与正常组相比，TRA2B 的 mRNA 表达明显降低、TRA2B 蛋白表达明显升高 ($P<0.05$)，TRA2A 的表达无差异 ($P>0.05$)。亚组分析显示，在 <60 岁、未接受移植、外周血原始细胞比例 $\geq 70\%$ 、骨髓原始细胞比例 $\geq 20\%$ 、白细胞 $< 70 \times 10^9/L$ 亚组中，TRA2B 高表达组预后好 ($P<0.05$)，而年龄 >60 岁、接受移植、外周血原始细胞比例 $< 70\%$ 、骨髓原始细胞比例 $< 20\%$ 、白细胞 $\geq 70 \times 10^9/L$ 组，TRA2B 高低表达组间的预后无显著相关 ($P>0.05$)，TRA2B 高表达为 AML 患者预后的独立预后保护因素。

结论 TRA2B 对评估 AML 患者的预后具有重要临床意义，可能为潜在治疗靶点。

PO-0759

NLR、LMR 及 PLR 在儿童传染性单核细胞增多症合并支原体感染的相关性研究

李宝丽、陈艳、黄佩
遵义医科大学附属医院

目的 探讨中性粒细胞绝对值/淋巴细胞绝对值比值 (NLR)、淋巴细胞绝对值/单核细胞绝对值比值 (LMR) 及血小板/淋巴细胞绝对值比值 (PLR) 在儿童传染性单核细胞增多症 (IM) 中的相关性 & 诊断价值。

方法 选取 2021 年 1 月至 2023 年 5 月就诊于遵义医科大学附属医院儿科 188 例初治 IM 患儿，分为支原体阳性 IM 组和支原体阴性 IM 组，采用秩和检验比较两组间首次血常规 NLR、LMR 及 PLR，

采用 Spearman 秩相关分析各指标的相关性，并绘制受试者工作曲线（ROC）分析在支原体阳性 IM 患儿的诊断价值。

结果 支原体阳性 IM 组 NLR、LMR、PLR 水平显著高于支原体阴性 IM 组（Z 值分别为-2.894、-5.067、-2.212， $P<0.05$ ），应用 ROC 曲线分析，NLR、LMR、PLR 的 ROC 曲线下面积（AUC）分别为 0.629（0.544~0.714）、0.726（0.646~0.806）、0.599（0.507~0.690），NLR、LMR、PLR 联合预测 AUC 为 0.773（0.700~0.847），差异均有统计学意义（ $P<0.05$ ）；NLR、LMR、PLR 和联合预测的诊断敏感度分别为 54.0%、83.1%、87.9%、65.3%；诊断特异度分别为 67.2%、54.7%、35.9%、79.7%；NLR 与 WBC 呈正相关（ $r=0.205$ ， $P<0.05$ ）、与 LDH 呈负相关（ $r=-0.148$ ， $P<0.05$ ），与 PLT、ALT、AST、GGT、ALB、CK-MB、EBV-DNA 载量无显著相关（ $P>0.05$ ）；LMR 与 WBC、PLT、ALT、AST、LDH 呈正相关（ r 分别为 0.215、0.178、0.150、0.153、0.273， $P<0.05$ ）、与 CK-MB 呈负相关（ $r=-0.184$ ， $P<0.05$ ），与 GGT、ALB、EBV-DNA 载量无显著相关（ $P>0.05$ ）；PLR 与 ALB 呈正相关（ $r=0.197$ ， $P<0.05$ ）、与 WBC、AST、GGT、LDH、EBV-DNA 载量呈负相关（ r 分别为-0.562、-0.188、-0.168、-0.403、-0.148， $P<0.05$ ），与 ALT、CK-MB 载量无显著相关（ $P>0.05$ ）。

结论 NLR、LMR 及 PLR 可能作为辅助诊断 IM 合并支原体感染的早期有效指标。

PO-0760

地西他滨联合塞利尼索治疗 3 例老年复发难治急性髓系白血病 塞利尼索治疗 3 例老年复发难治急性髓系白血病 (AML) 临床观察并文献复 ()

陈荣华
郑州人民医院

目的 分析研究地西他滨联合塞利尼索治疗 3 例老年复发难治急性髓系白血病临床资料并文献复习，探索复发难治急性髓系白血病的治疗方法。

方法 观察分析 2024 年 1 月~2024 年 3 月我科 3 例复发难治 AML 老年患者的临床资料，近期观察指标有：血细胞恢复及骨髓缓解情况，不良反应发生率，远期观察指标：OS，PFS 等，并进行文献复习。

结果 主要不良反应为：恶心，呕吐，粒细胞缺乏，血小板低下、感染等，不良反应可控，有效率高，3 例均有反应，其中 1 例达 CR。

结论 西他滨联合塞利尼索治疗 3 例老年复发难治急性髓系白血病（AML），反应率高，不良反应可控，是复发难治急性髓系白血病有效治疗方法。

PO-0761

不同年龄组急性髓系白血病患者的临床和分子遗传学特征分析

董晓燕、鄂成业、李玉龙、商保军、程薇、朱尊民
河南省人民医院血液病研究所 河南省血液病理重点实验室 河南省干细胞临床应用与关键技术重点实验室 河南省 CAR-T 细胞治疗与转化工程研究中心 郑州大学人民医院血液病研究所

目的 分析不同年龄组急性髓系白血病患者的临床和分子遗传学特征。

方法 对 2020 年 1 月 1 日至 2021 年 8 月 31 日于河南省人民医院确诊的原发、初诊、AML 患者的病例资料进行回顾性分析。根据患者年龄分为 4 组：<18 岁 儿童组；18-39 岁 青年组；40-60 岁

中年组；>60岁老年组，比较观察4组患者临床和分子遗传学特征的差异。

结果 213例AML患者中<18岁儿童组患者17例；18-39岁青年组患者32例；40-60岁中年组患者89例；>60岁老年组患者75例。老年组CBF-AML发生率（2.7%）显著低于其他三组（ $p < 0.001$ ）。中年组预后良好者占比最高（42.7%），与老年组（23.0%）比较有显著差异（ $\chi^2=7.280$, $p=0.026$ ）；儿童组预后中等组占比最高（52.9%），与中年组（25.8%）比较有显著差异（ $\chi^2=4.793$, $p=0.026$ ）。213例原发、初诊AML患者基因突变检出率为86.38%，突变阳性率大于10%基因由高到低依次为NRAS（23.94%）、NPM1（20.19%）、FLT3-ITD（19.72%）、CEBPA（18.78%）、DNMT3A（18.78%）、ASXL1（14.55%）、TET2（13.62%）、IDH2（12.21%）、IDH1（11.74%）、KIT（10.33%）。中年组、老年组NPM1、DNMT3A基因突变发生率较高，SRSF2基因突变几乎仅出现在老年组患者。儿童组KIT、KRAS基因突变率显著高于老年组。按照基因功能进行分类，老年组AML患者表观遗传相关基因突变率（62.7%）和剪切子相关基因发生率（34.7%）显著高于其他三组，细胞增殖或凋亡相关基因在中、老年组发生比例（27.0%和26.7%）显著高于儿童组和青年组，青年组和中年组主要发生信号传导相关基因突变（78.1%和64.0%）。

结论 不同年龄组患者的临床和分子遗传学特征存在差异，老年患者更易发生表观遗传相关基因以及RNA剪切因子基因突变。

PO-0762

核心结合因子相关急性髓系白血病的临床生物学特征和预后分析

董晓燕、邬成业、李玉龙、商保军、程薇、朱尊民

河南省人民医院血液病研究所 河南省血液病理重点实验室 河南省干细胞临床应用与关键技术重点实验室 河南省CAR-T细胞治疗与转化工程研究中心 郑州大学人民医院血液病研究所

目的 本研究旨在分析初诊核心结合因子急性髓系白血病（CBF-AML）患者的临床特点、治疗方法、疗效及预后。

方法 回顾性收集76例初诊CBF-AML患者的临床资料、外周血象、骨髓原始细胞比例、染色体核型、免疫表型及基因突变等数据并进行对比。

结果 76例患者中，男性51例，女性25例，中位年龄31岁。其中RUNX1-RUNX1T1阳性59例，CBFB-MYH11阳性17例。RUNX1-RUNX1T1组与CBFB-MYH11组在性别比例和中位年龄上无显著差异。CBFB-MYH11组的白细胞计数显著高于RUNX1-RUNX1T1组。免疫表型检测显示两组在CD34、CD13/33等标志上的阳性率均高，但CBFB-MYH11组不表达CD19和CD56。基因突变分析显示C-KIT突变阳性率最高，占46.1%。首次诱导CR1率为71.1%，总CR率为77.6%。3年OS率为75.8%，3年EFS率为62.6%。WBC和是否诱导CR1为影响OS的独立预后因素，而诱导CR1是影响EFS的唯一独立预后因素。

结论 本研究提供了CBF-AML患者的详细临床和分子特征，以及治疗反应和预后因素。WBC水平和诱导化疗的CR1状态是影响患者OS和EFS的重要预后因素。

PO-0763

The clinical outcome on the prevention of relapse of acute B-lymphocytic leukemia after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation with pomalidomide

Lidan Zhu, Jia Liu, Lu Wang, Huanfeng Liu, Shichun Gao, Xi Zhang, Lei Gao
Xinqiao Hospital, Army Medical University

Objective Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) is an important method for treating acute B-lymphocytic leukemia (B-ALL), and relapse after transplantation remains the main cause of death. How to safely and effectively prevent relapse after transplantation is a hot research topic for B-ALL patients. Blinatumomab, Inotuzumab ozogamicin and CD19-Car T cells have shown good therapeutic effects on B-ALL, but there are few reports of their use in maintenance treatment after B-ALL transplantation. After transplantation, regulating the immunity of the donor may prevent the relapse of B-ALL patients. As the third generation immunomodulator, Pomalidomide, has shown good efficacy in treating multiple myeloma. Active regulation of donor immunity after transplantation may help prevent relapse after transplantation. Based on the above mechanism, this study will observe the effectiveness and safety of Pomalidomide in preventing relapse after B-ALL hematopoietic stem cell transplantation, and provide feasible treatment ideas for reducing relapse after B-ALL transplantation.

Methods From January 2022 to December 2023, 24 patients with allo-HSCT B-ALL were treated with maintenance treatment of pomalidomide (1mg/day) from 60-100 days after transplantation, until 2 years after transplantation.

Results Among the 24 patients, there were 15 males and 9 females with a median age of 32 (18-57) years. Sixteen cases from HLA-haploidentical donor, 5 cases from unrelated HLA-matched donor, and 3 cases from HLA-matched sibling donor. After transplantation, 24 patients had complete remission (CR) with negative MRD, all of which successfully reconstructed donor hematopoiesis. The median time for neutrophil reconstruction was 15 (11-23) days, and the median time for platelet reconstruction was 19 (14-35) days. The median starting time of maintenance treatment with Pomalidomide was 76 (62-95) days. Until to February 2024, the median maintenance treatment time was 346 (62-773) days. Only 3 of 24 patients relapsed, while 21 patients showed complete remission with negative MRD. One relapsed patient received donor CD19-Car T cell therapy, and continued CR with negative MRD. One patient was treated with blinatumomab, and achieved CR again. However, this patient died due to infection. The third patient was treated with chemotherapy and died due to B-ALL progression. Among the 24 patients, 10 experienced transient leukopenia/thrombocytopenia and 4 experienced rash in the earliest three months for Pomalidomide maintenance treatment. Immediately stop medication and provide symptomatic treatment. There were no similar adverse reactions when taking the medicine again. The overall survival rate of above 24 patients was 91.7%, and the leukemia-free survival rate was 87.5%.

Conclusion Pomalidomide can effectively prevent relapse of B-ALL patients after allo-HSCT, and its safety is controllable. In the future, the effectiveness and safety of Pomalidomide will be verified by a multicenter, prospective randomized controlled studies.

PO-0764

A 10-year follow-up analysis of single-center Mixed Phenotype Acute Leukemia

澹 姚,Xiaojuan Deng,Yimei Feng,Lei Gao,Peiyan Kong,Xi Zhang
Medical center of hematology, Xinqiao hospital, Army medical university

Objective Acute leukemia with complicated molecular and cytogenetic characteristics is known as mixed phenotype acute leukemia, or MPAL. There are few studies on the prognostic variables of MPAL, and the general prognosis of patients remains dismal. Through long-term follow-up of MPAL patients at single centers, this research intends to investigate factors impacting survival and molecular mutational characteristics, uncover pertinent factors that affect MPAL long-term survival, aid in therapeutic decision-making, and enhance patient survival.

Methods We gathered information on 53 cases of MPAL patients that were diagnosed from one center between January 2013 and June 2023. The diagnostic criteria are based on the WHO leukemia classification from 2016. The final follow-up date was 2023-6-7. Continuous variables were categorized using the restricted cubic spline (RCS). Kaplan-Meier analysis was applied for univariate survival analysis. Gender, age, WBC, HB, PLT, extramedullary invasion, dominant immune phenotype, treatment strategy, and molecular alterations, remission, MRD (minimal residue disease) status, therapeutic strategy, and underwent allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). Statistical analysis was performed using R 4.3.2 software at $P < 0.05$.

Results For baseline characteristics, 53 MPAL patients were included in this study. 28 patients (52.8%) died, 9 (33.4%) with age older than 53 years old, and 29 (54.7%) were males. As for dominant phenotype of T cell type, B cell type and T,B simultaneously were 23 (43.4%), 27 (50.9%) and 3 (5.7%) respectively. 8 (15.1%) patients had extra-medullary involvement at diagnosis, 19 (35.8%) received AML chemotherapy, 34 (64.2%) underwent allo-HSCT, and 26 reached no remission before transplant, and 32 were positive for MRD. The high frequency altered genes were BCR/ABL(Ph), Ph-like, WT1/ABL, RAS, KMT2D, Jak-stat and FLT3. With Philadelphia (Ph) 18 (34.0%), with Ph-like 20 (37.7%), 21 (39.6%) had more than two high-risk molecular change; multivariate analysis showed that whether to undergo allogeneic hematopoietic stem cell transplantation was the only factor affecting the OS for 2 years (HR=0.12, 95%CI (0.02-0.85), $P=0.034$)

Conclusion In this study, HSCT was found to be an independent risk factor for patient survival in a single-center, ten-year follow-up of MPAL patients. A large percentage of high-frequency genetic changes are Ph and Ph-like changes. Patients with these molecular abnormalities may have a better prognosis if targeted medications are chosen promptly based on their molecular modifications. Prospective investigations could dig deeper into the distinctions in treatment approaches and prognostic factors among distinct molecular mutation sub-types, with the aim of giving more precise and personalized care for MPAL patients.

PO-0765

A novel LC-MS/MS method for monitoring plasma L-asparaginase activity in pediatric patients with acute lymphoblastic leukemia receiving pegaspargase treatment

Hengyi Yu, Qun Hu, Lu Liu, Dong Xiang, Guangjie Yang, Yaqin Wang, Dong Liu, Aiguo Liu, Xuepeng Gong
Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective Acute lymphoblastic leukemia (ALL) is the predominant malignancy in pediatric patients. As a crucial constituent of ALL chemotherapy, L-asparaginase is recognized as an integral element of treatment with a threshold concentration of 0.1 IU/mL employed in treatment protocols. This study presents a novel LC-MS/MS method for evaluating plasma L-asparaginase activity in pediatric patients with ALL undergoing pegaspargase therapy.

Methods Initially, an enzyme incubation was conducted using 20 μ L of plasma and 100 μ L of L-asparaginase (0.1 mol/L) at 37°C for 15 min. Subsequently, the reaction was halted by the addition of sulfosalicylic acid and methanol. Following the addition of isotope IS L-aspartic $^{13}\text{C}_4$ acid, subsequent centrifugation and dilution, the plasma samples underwent analysis by LC-MS/MS on a hydrophilic interaction liquid chromatography analytical column. The protonated ions $[\text{M}+\text{H}]^+$ and their respective product ions were monitored in the transitions of m/z 134.1 \rightarrow 73.9 for L-aspartic acid and m/z 138.1 \rightarrow 76.0 for the IS L-aspartic $^{13}\text{C}_4$ acid. A flow rate of 0.3 mL/min was used during the isocratic elution utilizing a mobile phase consisting of methanol-water (95: 5, v/v) with 0.2% formic acid, within a 5-min run.

Results The calibration curves exhibited excellent linearity ranging from 0.1 to 15 IU/mL, with determination coefficients (r^2) exceeding 0.99. The precision and accuracy ranged from 1% to 7% and from 93% to 110%, respectively. The relative recovery fell within the range of 98% to 100% and the IS-normalized matrix effect ranged from 95% to 101%. The stability was found to be satisfactory across various conditions. This method was successfully applied to quantify L-asparaginase activity in the plasma samples of 40 children with ALL.

Conclusion In the present work, a rapid, simple, and robust LC-MS/MS method was developed for the monitoring of L-asparaginase activity in the human plasma, which would bring the monitoring of L-asparaginase activity into the era of mass spectrometry.

PO-0766

EZH2 抑制剂治疗 KMT2D 低表达急性髓系白血病的作用及机制研究

徐菁¹、钟艾伶²、陈崇^{1,2}、刘玉^{1,2}、牛挺¹

1. 四川大学华西医院血液内科

2. 四川大学生物治疗国家重点实验室

目的 表观遗传基因 KMT2D 编码组蛋白 H3K4 甲基转移酶，在 AML 患者中高频突变及低表达，前期研究已证实其为 AML 中的肿瘤抑制基因。KMT2D 低表达是 AML 患者不良预后因素，但目前尚无靶向疗法，因此我们的研究拟探寻针对 KMT2D 低表达 AML 亚型的表观遗传药物并解析其作用机制。

方法 首先，在 Kmt2d 表达水平可调控的小鼠 AML 细胞中进行高通量表观遗传药物库筛选，通过 CCK-8 检测细胞活力对药效进行评估，鉴定 Kmt2d 低表达 AML 细胞敏感的药物。然后，通过流式细胞术及细胞形态观察 Kmt2d 低表达对小鼠 AML 细胞分化功能的影响，以及靶向药物对 KMT2D 低表达 AML 细胞分化功能的影响。最后，通过蛋白免疫印迹及转录组测序解析靶向药物的作用机

制。

结果 高通量表观遗传药物库筛选鉴定出组蛋白 H3K27 甲基转移酶 EZH2 的抑制剂 DZNep 能特异地杀伤 Kmt2d 低表达的 AML 细胞, 表明 DZNep 对 Kmt2d 低表达 AML 亚型具有治疗作用。在分析 Kmt2d 对 AML 细胞分化功能的影响时, 我们发现 Kmt2d 表达水平下调的小鼠 AML 细胞相较于 Kmt2d 表达水平正常的细胞表面干性标记 c-Kit 增多、髓系标记 CD11b 及 Gr1 减少, 提示 Kmt2d 低表达的 AML 细胞分化阻滞。而 DZNep 能特异诱导 Kmt2d 低表达的 AML 细胞分化, 表现为药物处理后细胞表面干性标记 c-Kit 减少、髓系标记 CD11b 及 Gr1 增加。机制分析中我们发现, 蛋白免疫印迹显示 Kmt2d 低表达的 AML 细胞整体 H3K27me3 修饰水平较 Kmt2d 表达水平正常的 AML 细胞高, 转录组测序显示 DZNep 可以逆转 Ezh2 下游基因的异常转录抑制, 且重新激活了 Kmt2d 低表达 AML 细胞中众多髓系分化相关基因的表达。

结论 KMT2D 低表达通过抑制细胞分化导致 AML 的发生, EZH2 抑制剂 DZNep 可以通过促进细胞分化达到治疗 KMT2D 低表达 AML 亚型的作用。

PO-0767

增强血液系统恶性肿瘤治疗： CIK 细胞与 HSP90 抑制剂的协同作用

葛芳芳、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 血液系统恶性肿瘤是由处于成熟和分化各个阶段的造血细胞和淋巴细胞不受控制地增殖而引起的, 约占全球所有癌症病例的 6.5%。这些恶性肿瘤包括多发性骨髓瘤、淋巴瘤和白血病。免疫疗法为血液系统恶性肿瘤患者的治疗提供了一种有希望的途径。尽管在某些情况下取得了持久的反应, 但相当一部分患者对这些疗法没有反应, 这凸显了加强联合治疗的必要性。因此, 我们的研究重点是将 HSP90 抑制剂 (17-DMAG 和 Ganetespib) 与细胞因子诱导的杀伤 (CIK) 细胞结合在血液系统恶性肿瘤 (特别是骨髓瘤和急性淋巴细胞白血病) 中的协同作用。

方法 首先使用正常人的外周血分离并培养 CIK 细胞, 使用流式细胞仪检测 CIK 单独以及联合 HSP90 抑制剂对多发性骨髓瘤 (MM) 及急性淋巴细胞白血病 (ALL) 的细胞毒性并比较, 接着检测 MM 和 ALL 细胞株使用或不使用 HSP90 抑制剂的表面表达 NKG2D 的配体的情况, 最后使用流式细胞仪及 PCR 对其机制进一步研究。

结果 HSP90 抑制剂可以通过减轻 MICA 脱落来提高血液系统恶性肿瘤细胞系中 MICA/B 的表面表达。这种增强促进了 CIK 细胞活化, 改善了肿瘤细胞识别, 并最终诱导肿瘤细胞死亡。值得注意的是, 阻断 NKG2D 受体会导致 CIK 细胞介导的细胞毒性降低, 无论是否使用 HSP90 抑制剂。本质上, HSP90 抑制剂显示出通过 NKG2D/NKG2D 配体轴而不是 Fas/Fas 配体轴增强 CIK 细胞对血液肿瘤细胞的体外细胞毒性的能力。

结论 CIK 细胞和 HSP90 抑制剂的联合治疗方案有可能为患有血液系统恶性肿瘤的患者带来临床益处

PO-0768

Prognostic analysis of gene mutations on time-to-first treatment in 93 newly diagnosed chronic lymphoblastic leukemia patients

xixi xiang, Fu Li, Bo Liu, Hanshan Yang, Sha Zhou, Jun Rao, Jiali Li, Yunjing Zeng, Song Dong, Li Gao, xi zhang
Medical Center of Hematology, Xinqiao Hospital of Army Medical University

Objective Prognostic analysis of gene mutations in newly diagnosed CLL patients who have a shorter TTFT, and tried to find more predictive driving genes in the early stage of the disease.

Methods We analyzed 93 patients newly diagnosed with CLL from January 2019 to December 2021 in the hematology medical center of the Xinqiao Hospital of Army Medical University.

The data of 93 patients were randomly divided into test and train sets in a 2:1 ratio. The clinical and laboratory characteristics of all patients were be collected. 72 CLL related genes were targeted sequenced based on next generation sequencing (NGS). The last follow-up time was from the time of statistical analysis by the investigator (December 2022). All genes were subjected to survival analysis to screen the genes that significantly affected TTFT in patients. Cox risk regression model was used to analysis of selected clinical and mutational factors were associated with TTFT. Use R-4.1.2 to make survival analysis and draw Kaplan-Meier curves.

Results The median age of 93 patients was 57.3 years (range 34~81 years), including 65 males (69.8%) and 28 females. There were 65 patients (69.9%) with IGHV mutated, and 5 patients with TP53 mutation. FISH detected 13 patients of del (11q) (16.1%), 5 patients of del (17p) (5.4%).

With a median follow-up time of 27.0 months (95%CI 20.48-23.51) for all patients, 34 patients (36.56%) achieved TTFT. A total of 7 patients (7.53%) died, and of which two patients not reaching TTFT died from other causes (cardiovascular events and pulmonary infections) rather than disease progression. Four out of the 31 TTFT-24 patients appeared the transformation from Richter to Diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL).

Treatment free survival (TFS) of patients in the test set versus the train set was analyzed. EGR2, FBXW7 and RPS15 mutations were shown to be associated with shorter TFS. The relationships between the 10 univariate variables and the TFS were analyzed by Cox in the test set and train set, del (11q), EGR2, FBXW7, RPS15 (P<0.05) mutations were identified as poor prognostic factors. Multivariate regression analysis found that EGR2 (P=0.042 vs P=0.015) significantly influenced TFS in both sets, serving as an independent predictor of poor outcome for shorter TTFT.

Conclusion NGS played a significant role in TTFT prognostic analysis, with mutations in EGR2、FBXW7、RPS15 associated with shorter TTFT. EGR2 serves as an independent predictor of poor outcome.

PO-0769

A comprehensive prognostic and immune analysis of LAPTM4B in pan-cancer and Philadelphia chromosome-positive acute lymphoblastic leukemia

Hui Zhou¹, Yuyao Yi^{1,2}, Wei He^{3,4}, Li Zheng^{3,4}, Yiguo Hu^{3,4}, Ting Niu¹

1. Department of Hematology and Research Laboratory of Hematology, West China Hospital, Sichuan University, Chengdu, 610041, PR China

2. Clinic Trial Center, West China Hospital, Sichuan University, Chengdu, Sichuan, 610041, China

3. Department of Thyroid Surgery, National Clinical Research Center for Geriatrics, West China Hospital, Sichuan University, Chengdu, Sichuan, 610041, China

4. State Key Laboratory of Biotherapy and Cancer Center, West China Hospital, Sichuan University, and Collaborative Innovation Center for Biotherapy, Chengdu, Sichuan, 610041, China

Objective Lysosomal-associated protein transmembrane-4 beta (LAPTM4B) protein expression was increased in solid tumors, whereas few studies were performed in hematologic malignancies. We aimed to study the effect of the LAPTM4B gene in pan-cancer and Philadelphia chromosome-positive acute B cell lymphoblastic leukemia (Ph+ B-ALL).

Methods Lysosomal-associated protein transmembrane-4 beta (LAPTM4B) protein expression was increased in solid tumors, whereas few studies were performed in hematologic malignancies. We aimed to study the effect of the LAPTM4B gene in pan-cancer and Philadelphia chromosome-positive acute B cell lymphoblastic leukemia (Ph+ B-ALL).

Results We identified that LAPTM4B expression was increased in various cancers, with significant associations with clinical outcomes. LAPTM4B expression correlated with DNA and RNA methylation patterns and was associated with drug resistance. It also influenced the tumor immune microenvironment, with implications for immunotherapy response. In leukemia, LAPTM4B was expressed in stem cells and associated with specific subtypes. Knockout of LAPTM4B impeded B-ALL progression in mice and reduced cell proliferation and caused G0/G1 arrest in vitro.

Conclusion Our study elucidated the role LAPTM4B that promoted the development and progression in Ph+ B-ALL. Furthermore, LAPTM4B played a diagnostic, prognostic, and immunological factor.

PO-0770

米托蒽醌脂质体联合 CLAG 方案 治疗难治复发急性髓系白血病（非 M3）

万锴、文钦、张曦

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探索盐酸米托蒽醌脂质体(PLM)+CLAG 方案在复发难治 AML 中的疗效

方法 回顾 2022 年 6 月到 2024 年 1 月我科 PLM+CLAG 方案难治复发 AML 数据（非 M3）。年龄 <60 岁。PLM 中位剂量 18 mg/m²。通过 CRc、MRD 阴性率、RFS 评估疗效。不良事件 CTCAE-5.0 版进行评估。

结果 16 例病人，中位年龄为 44.0 岁（范围 10.0-58.0 岁）。8 例难治性 AML，8 例复发性 AML。危险度分层：3 个（18.8%）低位组，6 个（37.5%）中危组和 7 个（43.8%）高危组。82.3% 患者进行了基因测序（13/16）：CEBPA 占 25.0%（4/16），NPM1 突变占 18.8%，IDH1 突变占 12.5%，IDH2 突变占 12.5%。12 例接受 1 个周期的治疗，4 例接受 2 个周期的治疗。CRc 率为 68.8%（11/16）。在 CRc 的患者中，9 个（81.8%）MRD 阴性。中位随访时间为 4.42（0.89-

20.11)个月。11例CRc患者中:7例接受了单倍体HSCT且仍处于缓解期;3例复发;1例因不明原因死亡。中位RFS为17.05个月(范围0.59-17.05个月)。常见的3级及以上治疗相关不良事件为血液学毒性(100.0%):发热性粒缺(43.8%)、脓毒症(18.8%)和肺部感染(12.5%)。粒缺中位持续时间为24天(范围14-41),血小板计数 $<20 \times 10^9$ 为18天(范围3-59)。

结论 PLM+ CLAG方案治疗难治性和复发性AML有效,安全性可控。需要扩大样本量进一步验证。

PO-0771

单细胞测序技术解析原发和DLBCL CD19 CAR-T治疗失败的继发慢性粒单核细胞白血病骨髓免疫微环境

李梦佳、李旭东、张兵雷、高乐、姜中兴、宋永平、李威、王芳
郑州大学第一附属医院

目的 慢性粒单核细胞白血病(CMML)恶性程度高。尽管去甲基化药物(HMA)已被批准用于治疗CMML,但完全缓解率仍小于20%。免疫微环境在肿瘤的发生和发展中起重要作用,但我们对CMML患者的骨髓微环境了解仍不清楚。因此本研究通过单细胞测序来深入探讨CMML的转录调控变化,以更好地了解CMML的生物学和分子机制。

方法 首先我们通过吉姆萨染色对比原发CMML患者和弥漫大B细胞淋巴瘤经CAR-T治疗失败的继发CMML患者的骨髓形态。接着我们对原发CMML以及继发CMML的CD45+细胞进行scRNA-seq。健康对照的数据来自于公共数据库。最后,我们对阿扎替丁联合维奈克拉治疗前和治疗后CMML患者的CD45+细胞进行scRNA-seq。使用Cell Ranger管道和CellChat进行详细分析。

结果 我们发现原发和继发CMML的免疫表型具有一定异质性。将他们和健康对照的CD45+单细胞数据对比,结果提示继发性CMML患者T/NK细胞比例最低,单核/巨噬细胞比例最高。粒单核细胞群体分析的结果证实继发CMML的细胞亚群分布与其他两者存在巨大差异,且编码已知对KEGG很重要的蛋白质的基因的表达水平明显更高。继发性CMML的T/NK细胞群体中,CD4幼稚T细胞、CD8幼稚T细胞、NK细胞、Tregs和增殖T细胞百分率升高,CD8细胞毒性T细胞、 $\gamma\delta$ T细胞和NKT细胞的百分率下降。细胞间相互作用分析发现继发性CMML患者的单核/巨噬细胞增多与炎症细胞因子、趋化因子和介导性免疫抑制有关。继发性CMML阿扎替丁联合维奈克拉治疗前和治疗后的单细胞数据提示,治疗后T/NK细胞百分率升高,单核/巨噬细胞和粒细胞百分率下降,细胞间相互作用次数增加,相互作用强度降低。

结论 综合来说,我们的研究表明,CD19 CAR-T细胞治疗的弥漫性大B淋巴瘤患者继发CMML可能与多种因素有关,包括CAR-T细胞后的TET2突变、巨噬细胞活化综合征样表现(MAS-L)和感染。此外,我们还进一步描述了继发CMML与原发CMML和HCS相比免疫细胞的变化。最后,我们发现单核/巨噬细胞在继发性CMML患者中起关键作用。

PO-0772

FOXN3-AS1:急性髓系白血病的候选预后标记和表观遗传靶点,具有免疫治疗意义

葛芳芳、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 我们重点研究了FOXN3基因,并选择了其反义转录本(FOXN3-AS1),以研究其与急性髓系白血病(AML)的潜在关系

方法 我们使用定量聚合酶链式反应 (qPCR) 对 AML 患者的骨髓样本进行了实验验证。然后使用 Kaplan-Meier (KM) 和受试者操作特征 (ROC) 曲线证实 TCGA 数据库中 FOXP3-AS1 与 AML 患者之间的预后关联。使用 Spearman 相关性分析探索 FOXP3-AS1 表达与基因突变、免疫细胞和免疫功能之间的相关性。为了探索 FOXP3-AS1 与 DNMT1 蛋白之间的物理和功能相互作用, 我们使用了爱荷华州立大学的 RPISeq webtool。随后, 我们进行了 qPCR 实验以测试 5AzaC (DNMT1 抑制剂) 对常用 AML 细胞系 (THP-1 细胞) 中 FOXP3-AS1 表达的影响。我们利用 “OncoPredict”R 包结合药物敏感性基因组学 (GDSC) 数据库来预测表达 FOXP3-AS1 的 AML 患者的药物反应。

结果 我们在临床样本中观察到与健康对照相比, AML 患者的 FOXP3-AS1 表达显著上调。TCGA 数据库显示 FOXP3-AS1 高表达与不良预后有关。在我们随后的分析中, 我们在 FOXP3-AS1 高表达组中专门鉴定了 AML 患者中预后不良的基因, 进一步证实了这种关系。而表现出高 FOXP3-AS1 表达的 AML 患者对免疫疗法的反应可能不理想。此外, 我们通过计算预测了 FOXP3-AS1 和 DNMT1 蛋白的相互作用, 并通过实验证实了 DNMT1i (5AzaC) 影响 FOXP3-AS1 的表达水平。我们还发现化疗药物 (5-氟尿嘧啶、顺铂、达克托利布、沙匹替尼、替莫唑胺、乌利替尼、长春瑞滨、芦可替尼、奥希替尼和顺铂) 对 FOXP3-AS1 表达水平高的 AML 患者表现出良好的反应。

结论 我们的候选方法将 FOXP3-AS1 确定为具有潜在免疫相关作用的 AML 生存预后指标。我们对 FOXP3-AS1/DNMT1 串扰的初步观察值得更深入的研究, 这可能为 AML 中基于表观遗传的免疫治疗方法铺平道路

PO-0773

LncRNA TTTY15 在急性髓系白血病中的表达及其预后分析

张露璐、闫玉洁、李娜、胡平、陈旭、李章志
十堰市太和医院

目的 探讨中长链非编码 RNA Y 染色体相关睾丸特异性转录本 15 (TTY15) 的表达与急性髓系白血病(AML)患者临床特征及预后的关系。

方法 收集 2023 年 02 月至 2024 年 02 月于本院就诊的 50 例初治 AML 患者和 26 例对照组患者的骨髓标本, 收集年龄、性别、白细胞计数、乳酸脱氢酶 (LDH)、FAB 分型、ELN 预后分层、细胞遗传学改变、分子生物学标志等临床特征。采用实时荧光定量 PCR (RT-qPCR) 方法检测 LncRNA TTTY15 表达量, 根据其表达水平中位数将 AML 患者分为高表达组($\geq 16.44, n=25$)和低表达组($< 16.44, n=25$); 采用 Kaplan-Meier 方法、COX 回归模型对数据进行统计学分析。

结果 AML 患者 LncRNA TTTY15 表达水平较对照组增高 ($P < 0.05$)。单因素分析显示, LncRNA TTTY15 高表达组中男性、LDH 升高、ELN 预后分层预后不良组、ECOG 评分 ≥ 2 分、N/KRAS 突变阳性与低表达组的差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。多因素分析显示, 男性、ECOG 评分 ≥ 2 分、N/KRAS 突变阳性与 LncRNA TTTY15 高表达显著相关 ($P < 0.05$)。Kaplan-Meier 生存曲线分析显示, LncRNA TTTY15 低表达患者的生存时间改善有统计学意义 ($P < 0.05$); 与未发生 N/KRAS 突变患者相比, N/KRAS 突变患者的生存时间缩短 ($P < 0.05$)。

结论 LncRNA TTTY15 在 AML 患者骨髓中表达, 其低表达可显著延长患者生存时间, 故 LncRNA TTTY15 可作为预测 AML 患者预后不良的潜在分子标志。

PO-0774

1 例急性髓系白血病 MLL-AF10 基因阳性伴大面积皮肤浸润至硬结、破溃、渗液行造血干细胞移植的护理

白雪丹

河北燕达陆道培医院

目的 总结 1 例大面积皮肤浸润的高危急性髓系白血病伴 MLL-AF10 基因阳性，行异基因造血干细胞移植术的护理。急性髓系白血病 MLL-AF10 基因阳性恶性程度较高，预后不好，入院时患者骨髓呈复发状态，除肺部感染外，全身约 63% 皮肤伴有肿瘤细胞浸润，表现为硬结、破溃、渗黄色分泌物，经过及时有效的药物控制及精心的皮肤护理，患者顺利进入移植仓，在全身皮肤不完整的情况下，安全度过细胞“0”期，达到一个长期生存的状态。

方法 1、采用“北京 方案”进行单倍体造血干细胞移植是治疗预后不良 AML 的一种安全、有效的方法。

2、皮肤护理：（1）进入移植仓前有效的皮肤清洁及创面感染控制，保证患者顺利进入移植仓。

（2）进入移植仓后通过 MDT 进行实时诊治，制定有效预防皮肤感染的护理计划使患者度过细胞“0”期，皮肤创面愈合，顺利出仓。

3、患者在移植后的第一个 100 d，供体 T 细胞侵入宿主组织，可导致器官功能障碍，主要累及皮肤、胃肠道和肝脏，护理人员及时、有效的观察患者有无 aGVHD 的临床表现，能预见性的及时给与处理，降低并发症的发生率及严重程度。

4、MLL-AF10 基因阳性急髓白血病一类高危、难治白血病，患者及患者家属对病情不完全了解，同时患者在无菌仓内，家属不能近距离陪伴，患者孤独感加重，对疾病未知也充满恐惧，这些都会引起患者情绪波动，对预后恢复造成不良影响，综合护理干预有效改善造血干细胞移植患者焦虑抑郁的心理状态，降低并发症的发生率，从而提高移植成功率。

结果 患者在皮肤不完整的情况下顺利出仓，通过综合护理干预及有效观察移植期间移植植物抗宿主病的情况，患者在移植 100 天内没有发生严重 aGVHD，全身皮肤创面约 90 天全面愈合，心理情绪稳定，更好的配合治疗，现患者移植后 4 年，已回归社会。

结论 MLL-AF10 融合基因阳性髓外浸润急髓白血病虽然恶性程度高，但造血干细胞移植是治疗的有效手段，本案例中患者通过 MDT 进行实时诊疗，制定了有效预防伤口感染的护理计划，结合心理护理干预，使患者顺利出院，现患者移植后近 4 年，本病复查一切正常。

PO-0775

Identification of a m6A-immune-related risk model for pre-dicting prognosis, immune microenvironment, and drug re-sponses in Acute Myeloid Leukemia

Lijie Wang¹, Yanliang Bai²

1. Henan University People's Hospital and Henan Provincial People's Hospital, 9 Zhengzhou 450003, Henan Province, China.

2. Zhengzhou University People's Hospital and Henan Provincial People's Hospital, Zhengzhou 450003, Henan Province, China.

Objective The role of N6-methyladenosine (m6A) modification in immune infiltration and chemotherapy responses has not been fully understood in acute myeloid leukemia (AML).

Methods To examine the interaction of m6A modification and immune infiltration, especially on the prognosis and treatment responses in AML, we utilized the TCGA database to determine the

expression of m6A regulators and immune-related genes by unsupervised clustering. And WGCNA analysis was used to identify the modules and hub genes most relevant to the m6A methylation and immune-related gene cluster. Hub gene risk score was constructed by least absolute shrinkage and selection operator (LASSO) Cox regression analyses, and was validated in an external cohort from the Gene Expression Omnibus (GEO, GSE23143) database. Tumor microenvironment (TME), immune checkpoint and HLA family genes, and treatment response prediction analysis were conducted in the high- and low- groups. The expression of hub genes and immune check point genes were verified by Real-time quantitative PCR (RT-qPCR) in de novo AML patients.

Results 3 m6A regulator clusters and 2 immune-related gene clusters were identified in 132 AML samples. 8 hub genes were identified to have high correlations with prognostic values, as well as with m6A methylation and immune infiltration. A risk model with 2 genes (EHBP1L1 and ZNF385A) was established by LASSO regression. The multifactorial COX regression model consisted of hub gene risk score and age was visualized as a nomogram and the prognostic prediction ability of the nomogram is satisfactory. External validation by GSE23143 confirmed the prediction ability of the risk model. TME analysis showed that monocytes and Treg cells were positively correlated with risk score. 19 immune checkpoints genes and 17 HLA family genes were significant positively correlated with risk scores. "OncoPredict" package in R language to predict the drug sensitivity by IC50, showed that the high-risk group may respond better to Cytarabine and Venetoclax. TIDE analysis showed that the TIDE scores were significantly higher in high-risk group, which suggested that patients in the high-risk group were less likely to benefit from ICI treatment. RT-qPCR validations revealed the significance of prognosis and risk stratification about ZNF385A. The noticeable trend of EHBP1L1 was observed. In addition, the accurately predictive capability of the risk model has been validated by clinical samples. Therefore, the risk model enables a quantitative evaluation of disease severity and progression risk in AML patients, based on their clinical and biological characteristics.

Conclusion To conclude, we constructed a risk score model based on the m6A-immune-related genes to predicting patient survival, TME, and drug candidates. This precise prediction not only informs treatment decisions but also guides the selection of chemotherapy regimens, overall improving patient outcomes.

PO-0776

PD-1 单抗联合阿扎胞苷和 HAG 方案治疗复发 难治性急性髓系白血病：一项前瞻性、单臂、II 期临床研究

蔡成森、王如菊、徐晓燕、梅仁、顾骋圆、韩悦
苏州大学附属第一医院

目的 评估 PD-1 单抗联合阿扎胞苷和 HAG 方案治疗复发难治性急性髓系白血病 (R/R AML) 的疗效及安全性。

方法 本研究为前瞻性、单臂、II 期临床研究，纳入 2020 年 12 月到 2023 年 8 月我院收治的符合入组标准的 R/R AML 患者，在挽救治疗后可进行异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT)。

结果 20 名患者入组，男 14 例和女 6 例，中位年龄为 55 (34.5~64.5) 岁。1 疗程的总反应率 (ORR) 为 75.0% (15/20)，2 疗程 35.0% (7/20) 的患者达到完全缓解 (CR) 或血细胞计数不完全恢复的完全缓解 (CRi)。治疗前外周血 T 淋巴细胞上 PD-1 低表达的患者有较好的治疗反应。主要不良事件是血液学毒性，未发生 5 级不良事件。

结论 PD-1 单抗联合阿扎胞苷和 HAG 方案是 R/R AML 的一种可行且相对安全的治疗选择，值得进一步研究。

PO-0777

Efficacy and Infectious Complications of Venetoclax plus HMAs for AML/MDS: A Systematic Review and Meta-analysis

Yanliang Bai, Yuqing Chen

Zhengzhou University People's Hospital and Henan Provincial People's Hospital, Zhengzhou 450003, Henan Province, China.

Objective The combination of Venetoclax (VEN) and hypomethylating agents (HMAs) has shown the potential for deep and lasting remissions in elderly or medically unfit AML/MDS patients. However, the treatment brings prolonged myelosuppression, elevates incidence of infection, and extends hospital stays. Given these findings, gaining a better understanding of the efficacy and infectious complications associated with VEN+HMAs treatment in AML/MDS is imperative.

Methods In this meta-analysis, following PRISMA guidelines, a systematic search was conducted across PubMed, Embase, Cochrane Library, and Web of Science databases until May 2023, encompassing English articles. Inclusion criteria focused on patients with AML or MDS treated with venetoclax (VEN) plus azacitidine (AZA) or decitabine (DEC). Primary outcomes included complete remission (CR) rate, supplemented by overall response rate (ORR), median overall survival (OS), and grade 3-4 adverse events frequency. Exclusion criteria comprised non-original research, alternative populations/treatments, data unavailability, and low-quality literature. Data extraction and statistical analysis were conducted by two independent authors using pre-established methods and R software. Random-effects model, Cochran's test, I² statistics, and NOS and Cochrane risk assessment evaluated heterogeneity and research quality.

Results A total of 485 articles were initially retrieved, with 122 duplicates removed. Following thorough screening, 18 studies meeting inclusion criteria were included in the meta-analysis. Treatment response, assessed through complete remission (CR) and overall response rate (ORR), was evaluated across 18 studies involving 1398 AML or MDS patients treated with VEN + HMAs. Random-effects model showed that the pooled overall CR rate was 50%, and the ORR rate was 66%. Subgroup analyses showed that the CR rate of de novo AML patients (55%) was higher than that of refractory/relapse-AML (R/R-AML) (42%) and MDS patients (43%). ORR rate of de novo AML patients (53%) was higher than that of R/R-AML (43%) and MDS patients (43%). The pooled overall infectious complications rate of febrile neutropenia, pneumonia, and infection was 44%, 37%, and 47%, respectively. Subgroup analyses showed that the febrile neutropenia rate of R/R-AML patients (85%) was higher than that of de novo AML (47%) and MDS patients (33%). The response rates exhibited by de novo AML patients are notably higher when contrasted with those of R/R-AML and MDS patients. Furthermore, the propensity for febrile neutropenia is higher within the cohort of R/R-AML patients.

Conclusion We carried out a systematic review and meta-analysis to investigate the efficacy, safety, and infectious complications of combining VEN with HMAs in AML or MDS populations. However, there remains a requirement for additional randomized controlled studies to further assess this study.

PO-0778

西达苯胺联合化疗治疗复发难治急性髓系白血病效果观察

白俊俊、宋庆林
焦作市人民医院

目的 观察西达苯胺联合化疗治疗复发难治性急性髓系白血病（R/RAML）的临床疗效

方法 收集 2017 年 1 月至 2020 年 1 月焦作市人民医院采用地西他滨联合预激方案诱导治疗失败的 5 例 R/RMM 患者，在此基础上联合西达苯胺，分析其疗效及不良反应。

结果 1 疗程后，4 例患者达完全缓解，1 例未缓解，主要不良反应为骨髓抑制及感染，无治疗相关死亡发生。

结论 西达苯胺联合化疗治疗 R/RMM 患者短期疗效良好，远期疗效仍需积累更多的病例进一步观察。

PO-0779

贝林妥欧单抗桥接异基因造血干细胞移植 治疗 高危急性 B 淋巴细胞白血病

康慧珠、王如菊、周萌、顾骋圆、刘跃均、林志洪、陈君、韩悦
苏州大学附属第一医院

目的 为提高高危急性 B 淋巴细胞白血病的预后及生存，探索贝林妥欧单抗桥接异基因造血干细胞移植治疗高危急性 B 淋巴细胞白血病的临床疗效和安全性。

方法 59 例高危急性 B 淋巴细胞白血病患者，均获得完全血液学缓解，并且具有以下特征之一：高危细胞遗传学（参考 2023 版 NCCN 指南）或 MRD 阳性或原发难治病人或目前处于 CR1 以上的血液学缓解。均有强烈异基因移植意愿，有合适 HLA 配型供体且体检合格，以 1:1 比例随机入实验组及对照组。实验组：贝林妥欧单抗第 1 到 3 天给予 9ug/日持续 24 小时输注。第 4 到 14 天给予 28ug/日持续 24 小时输注。第 15 天开始行 BUCY 为基础的清髓性异基因造血干细胞移植。对照组：直接给予 BUCY 为基础的清髓性异基因造血干细胞移植。

结果 分析实验组 29 例以及对照组 30 例病人基线特征，两组在年龄、性别、治疗线数、供体类型、回输细胞数量、移植后造血重建时间方面均无差异。81.25%（13/16）MRD 阳性病人经过 14 天贝林妥欧单抗应用后 MRD 转阴。实验组较对照组显示出潜在的生存优势，OS(HR 0.32,95%CI 0.08-1.18, p=0.133)和 PFS(HR 0.39,95%CI 0.12 to 1.29, p=0.151)。移植后 II-IV 度 aGVHD 发生率两组分别为 17.2%(5/29)和 40.0%(12/30),p=0.054。

结论 短程贝林妥欧单抗桥接异基因移植治疗高危急性 B 淋巴细胞白血病可能会提高总体生存，并可能改善 II-IV 度 aGVHD 发生率。

PO-0780

系列未明的急性白血病 1 例报道并文献复习

李威
河南省人民医院

目的 分析 1 例系列未明的急性白血病（Acute Leukemia of Ambiguous Lineage, ALAL）患者的临床及实验室资料，结合文献复习，提高对该病的认识。

方法 分析河南省人民医院 2024 年 05 月 50 日收治的 1 例系列未明的急性白血病患者的临床特征及诊疗经过，并进行相关文献复习。

结果 患者，女，69 岁，因乏力、发热入院。结合患者入院后骨髓细胞形态学、流式细胞术及分子生物学检测等辅助检查结果，最终诊断为：系列未明的急性白血病。确诊后，排除化疗禁忌，给予患者维奈克拉联合地西他滨联合化疗方案。患者治疗过程中出现胸、腹水和心包积液以及多种并发

症，于 2024 年 05 月 25 日转入中心 ICU。

结论 系列未明的急性白血病诊断有赖于免疫表型分型，流式细胞术是确定诊断的首选方法，但是需结合细胞形态、组化染色及分子生物学。此类疾病缺乏特定的临床特征，目前尚无统一的治疗方案，预后较差，需要对预后因素及个体化治疗进行更多的研究。

PO-0781

费城染色体阳性急性淋巴细胞白血病诱导治疗中低纤维蛋白原血症的发生率及其转归

冯俊、张路、张炎、曹欣欣、蔡华聪、陈苗、杨辰、毛玥莹、沈恺妮、魏冲、段明辉、朱铁楠、张薇、周道斌、李剑

中国医学科学院北京协和医院

目的 成人 B 细胞型急性淋巴细胞白血病 (acute lymphoblastic leukemia, ALL) 患者治疗期间发生低纤维蛋白原血症 (Hypofibrinogenemia, HF) 并不少见，主要与门冬酰胺酶应用有关。但是，近期我们在未应用门冬酰胺酶的费城染色体阳性急性淋巴细胞白血病 (Philadelphia-positive ALL, Ph+ ALL) 患者的诱导治疗也观察到了多例 HF。因此，本研究的目的是评估 Ph+ ALL 患者在接受酪氨酸激酶抑制剂 (tyrosine kinase inhibitor, TKI) 联合弱化疗的诱导治疗中纤维蛋白原 (fibrinogen, FBG) 水平的变化，并探讨与疾病及治疗的相关性。

方法 我们回顾性分析了 2012 年 1 月至 2024 年 3 月在我院应用不含门冬酰胺酶的 TKI 联合弱化疗治疗的 48 例 Ph+ ALL 患者诱导期 FBG 水平的变化。HF 定义为低于 1.5g/L。

结果 48 例患者的中位年龄为 52 岁 (20-80)，白细胞中位数为 $22.4 \times 10^9/L$ ，骨髓原始细胞中位数为 88% (24-98)，P190 型占比为 47.9%。基线 FBG 中位水平为 2.32g/L (1.17-6.06)，基线凝血酶原时间及活化部分凝血活酶时间正常。31 例患者 (64.6%) 诱导期出现 HF。FBG 开始下降的中位时间是 TKI 联合弱化疗后 4 天 (1-14)，在中位第 6 天 (1-14) 达 FBG 最低值，中位最低值是 0.97 (0.4-1.41)，中位下降至基线 67% (39-91%)；在中位第 9 天 (2-31) FBG 可恢复至正常。FBG 最低值 <0.5 g/L、0.5-1.0 及 1.0-1.5g/L 的例数分别为 5 例 (16.1%)、11 例 (35.5%) 及 15 例 (48.4%)。FBG 小于 1g/L 的 16 例患者均接受了血浆输注，10 例输注了纤维蛋白原，无大出血事件发生。单因素分析中，年龄小于 40 岁及骨髓原始细胞大于 80% 与 HF 有关 ($p < 0.05$)，而与性别、BCR/ABL 基因类型、白细胞水平、ISTH DIC 评分及 TKI 类别无关。HF 与诱导缓解率无关。

结论 Ph+ ALL 患者接受 TKI 联合弱化疗诱导治疗期间的 HF 发生率较高，但并不伴随出血事件，不影响治疗结局。

PO-0782

CEBPA 突变患者合并 MDS 突变对预后的影响

艾子奇、张赞翔、朱勇梅、李军民

上海交通大学附属瑞金医院

目的 基于 VAF 水平讨论具有 CEBPA 突变的 AML 患者中，CEBPA 不同突变位点及合并 MDS 相关突变对预后的影响以及克隆演化模式。

方法 选取 195 名自 2019 年 5 月至 2023 年 5 月于瑞金医院治疗的初发时具有 CEBPA 突变的 AML 患者。患者初发时均行 NGS 测序，MRD 阴性定义为流式细胞学检测骨髓样本中异常细胞 $<0.1\%$ ，随访截止至 2024 年 5 月。对本研究的数据使用 R 进行分析。

结果 195 名患者中 120 名男性, 75 名女性, 平均年龄 50 岁 (IQR: 37-59 岁)。具有 CEBPA-bZIP 区突变的患者共 141 例, 其生存显著优于非 bZIP 突变组 (OS:p=0.023,EFS:p=0.018); 为讨论 CEBPA 突变与 MDS 相关突变共同作用, 根据是否具有 CEBPA-bZIP 突变及是否合并 MDS 突变对患者进行分组, 其中 CEBPA-bZIP(+)/MDS(+)/23 例, CEBPA-bZIP(+)/MDS(-)/118 例, CEBPA-bZIP(-)/MDS(+)/23 例, CEBPA-bZIP(-)/MDS(-)/31 例; CEBPA-bZIP 突变患者是否合并 MDS 突变对生存无显著影响(OS:p=0.56,EFS:p=0.41)。因为 NGS 测序无法提示突变是否共存于同一细胞, 我们根据 CEBPA 与 MDS 突变间 VAF 差值对分组进行优化。差值越大, 同时拥有两类突变的细胞在肿瘤细胞中占比越少。选择不同差值进行测试, 最终认为当 VAF 差值大于 20%时, 突变之间共同作用减弱。对于初发时合并有 MDS 突变的 CEBPA-bZIP 患者, 优化后有了显著提高 (OS:p=0.12,EFS:p=0.13)。

结论 CEBPA-bZIP 突变 AML 患者预后良好, 是否合并 MDS 基因突变未影响预后。采用 NGS 测序无法明确突变 CEBPA 与 MDS 相关基因突变是否发生在同一细胞上, 联合 VAF 分析能更好提示多突变间有无相互作用。

PO-0783

50 例急性淋巴细胞白血病患者使用培门冬酶药物过敏反应调查

于程程、赵玲莉、党亚新
深圳市儿童医院

目的 分析深圳市儿童医院血液肿瘤科急性淋巴细胞白血病(ALL)患儿接受培门冬酶(PEG-Asp)治疗后发生的药物不良反应(ADR),探讨其发生类型及特点,为其安全使用提供理论依据。

方法 问卷调查方式, 对患有急性淋巴细胞白血病的 50 名患儿进行问卷调查, 在深圳市儿童医院血液肿瘤科治疗的 50 例 ALL 患儿,回顾性收集患儿接受 PEG-Asp 治疗后发生过敏的类型、严重程度及使用门冬酰胺酶替代治疗,采用相应统计学方法进行统计分析。

结果 本研究中无不良反应 37 例 (74%), 13 例过敏 (26%), 过敏类型包括:

1.临床表现:风团样皮疹伴痒感、喉头水肿伴呼吸困难、心率呼吸加快、血压下降、咳嗽、呕吐, 腹痛、发热, 其发生率: 风团样皮疹伴痒感 10 例次(76.92%)、喉头水肿伴呼吸困难 5 例次(38.46%)、心率呼吸加快 2 例次(15.38%)、血压下降 1 例次(7.69%)、咳嗽 2 例次(15.38%)、呕吐 4 例次(30.76%)、腹痛 1 例次(7.69%)、发热 1 例次(7.69%);

2.过敏时间: 用药期间过敏 3 例 (26.07%)、用药后 24h 内 6 例 (46.15%)、用药后 24-48h 内 3 例 (23.7%)、用药后 48-72h 内 1 例 (0.76%)、用药后 72h 以上 0 例 (0%);

3.PEG-Asp 过敏后不在使用该药物 (100%);

4.门冬酰胺酶替代 PEG-Asp 13 例次(100%)。

结论 1.ALL 患儿接受 PEG-Asp 治疗过敏率较高, 主要的过敏反应有高风团样皮疹伴痒感、喉头水肿伴呼吸困难、心率呼吸加快、血压下降、咳嗽、呕吐。经过及时对症支持治疗后大多数可恢复正常 2.ALL 患儿接受 PEG-Asp 治疗后大多数过敏严重程度较轻,但发生一旦过敏反应也可危及生命,需紧急治疗。

3.ALL 患儿接受 PEG-Asp 治疗后过敏反应一般发生在 3 天内,随后逐渐呈下降趋势。

4.患儿 PEG-Asp 过敏后会选用门冬酰胺酶替代治疗。

PO-0784

Identification of a prognostic gene signature for Relapsed/Refractory Acute Myeloid Leukemia based on altered circulating CircRNA profiles

Honggang Guo, Yuqing Chen

Zhengzhou University People's Hospital and Henan Provincial People's Hospital, Zhengzhou 450003, Henan Province, China.

Objective Relapsed/refractory acute myeloid leukemia (R/R-AML) has dismissal prognosis due to chemo-resistance. Circular RNAs (circRNAs) have shown emerging roles in chemo-resistance in various cancers including hematology malignancies. However, the potential roles of circRNAs in AML progression and drug resistance remain largely undetermined.

Methods In this study, circulating circRNAs expression profiles were analyzed among R/R-AML, de novo AML and healthy controls (HC) by human circRNA Array. Bioinformatic analysis was carried out to explore the differentially expressed-circRNAs (DE-circRNAs). GO, KEGG pathway analysis, and circRNA-miRNA-mRNA network analysis were conducted to identify the potential biological pathways involved in R/R-AML. Finally, the UALCAN database was employed to assess the prognosis of different target DE-circRNAs-related mRNAs.

Results 48 DE-circRNAs were upregulated, whereas 27 DE-circRNAs were downregulated in R/R-AML samples. Up-regulated DE-circRNAs in R/R-AML samples were mainly enrichment in the biological process and pathways of cell migration, microRNAs in cancers, Rap1 and Ras signaling pathways. Randomly selected 6 DE-circRNAs to further explore their relationships with R/R-AML. The GO and KEGG pathway analysis of the 6 candidate DE-circRNAs-related target mRNAs were mainly involved in regulation of signal transduction and also in Ras signaling pathway. By overlapping our RNA-sequencing results of differentially expressed genes (DEGs) in R/R-AML samples with the candidate DE-circRNAs-predicted target mRNAs, we identified 68 overlapping targeted mRNAs. By UALCAN database analysis, we finally identified that AML patients with 6 upregulated DE-circRNA-related genes (ECE1, PI4K2A, SLC9A6, CCND3, PPP1R16B, and TRIM32) and 1 downregulated gene DE-circRNA-related genes (ARHGAP10) which might indicate a poor prognosis.

Conclusion This study revealed the overall alterations of circRNAs in R/R-AML. DE-circRNAs and their related genes might be used as potential early, sensitive and stable biomarkers for AML diagnose, R/R-AML monitoring, and even provide novel treatment targets for R/R-AML.

PO-0785

EV11 阳性 AML 患者的临床特征及治疗经过

吴亚楠、蔡奕峰、毛琰杰
南通大学附属医院

目的 探讨 EV11 阳性 AML 患者的临床特征、治疗方案、治疗现状及生存情况。

方法 收集 1 例成人 EV11(+)AML 患者的临床资料, 评估其临床特征、治疗方案、治疗现状及生存情况。

结果 患者因“心悸乏力盗汗 10 天, 发热 6 天”就诊, 最高体温达 38.2℃, 入院后查血常规: 白细胞计数 $2.1 \times 10^9/L$, 中性粒细胞计数 $0.49 \times 10^9/L$, 红细胞计数 $2.09 \times 10^{12}/L$, 血红蛋白 70.0g/L, 血小板计数 $155.0 \times 10^9/L$, 网织红细胞 0.33%, 网织红细胞计数 $0.007 \times 10^{12}/L$, 血沉: 95.0mm/h。贫血系列: 血清铁蛋白 1773.9ng/ml, 红细胞生成素 724.36mIU/ml。肝功能: 门冬氨酸氨基转移酶 32U/L, 丙氨酸氨基转移酶 54U/L, 碱性磷酸酶 211U/L, 乳酸脱氢酶 477U/L, 白蛋白 39.4g/L。

免疫球蛋白、ENA+ANA 系列、BNP、心肌标志物、43 种融合基因检测、降钙素原、粪常规、乙型肝炎病毒核酸定量、巨细胞病毒核酸定量、BCR-ABL 融合基因、肾功能、凝血象均正常。外周血细胞形态学分析：原始细胞 12%。

（外送）外周血原始髓细胞约 28.8%，MPN 相关基因检测：JAK2 V617F 阳性，骨髓涂片：未见原始细胞（血稀）。免疫分型：原始细胞约 15.0%，骨髓活检：急性白细胞；骨髓纤维化。FISH 结果为：EVI1 重排阳性 62%；细胞遗传学示：所分析 1 个细胞为 46, XY, t(3;3)(q21;q26)不完全核型。检测结论：46, XY, t(3;3)(q21;q26),inc。二代测序：检测到 SF3B1 突变。于 03-06 予阿扎胞苷 D1-7+维奈克拉 D1-28 治疗。03-22 复查外周血细胞原始细胞 3%；03-28 外周血细胞原始细胞 2%；04-04 外周血细胞原始细胞 2%。04-11 开始加用米托蒽醌+阿糖胞苷强化疗。04-26 外周血未见原始细胞；04-28 骨髓细胞中 CD117+/CD34+ /CD13+/CD33+的原幼细胞约占 3.95%；髓象所见：见到原幼细胞约占 2.5%。04-28 复查 FISH 结果为：EVI1 重排阳性 80%；于 05-08 行异基因造血干细胞移植（父供子-半相合），预处理方案为改良 BuCy 方案。干细胞输注 20 天后造血重建，骨髓相未见原始细胞，复查 FISH 结果为：EVI1 重排阴性；查 STR 示：移植后供体细胞嵌合率为 98.9%。06-07 复查骨髓象示：未见原始细胞。

结论 综上所述，EVI1 是 AML 的独立危险因素，在 CR1 期行异基因造血干细胞移植，可显著改善这类患者的预后，带来较好的临床治疗效果。该病人至此，移植后骨髓形态学持续缓解，MRD 持续阴性，FISH 检测 EVI1 重排持续阴性。因此对所有初诊的 AML 患者进行全面的融合基因及突变基因的检测是非常重要的。

PO-0786

儿童急性单核细胞白血病血清差异蛋白分析

于润红

河南省人民医院/郑州大学人民医院

目的 应用基于同位素标记的相对和绝对定量技术(iTRAQ)筛选和鉴定急性单核细胞白血病（AML-M5）与正常儿童的血清差异表达蛋白。

方法 收集 AML-M5 及健康体检儿童血清标本各 20 例，采用基于 iTRAQ 的蛋白质组学方法进行筛选、鉴定及生物信息学分析；对差异表达蛋白 S100A8、LRG1 及 SPARC 应用 ELISA 进一步验证。

结果 与正常儿童血清比较，AML-M5 患儿血清中检测出 84 种差异表达倍数大于 1.2 倍的蛋白质（ $P < 0.05$ ），其中 26 种蛋白表达上调，58 种蛋白表达下调；IPA 生物信息学分析显示这些差异表达蛋白主要参与心血管疾病、细胞间信号传导和交互作用、组织发育、代谢疾病及血液病等相关的生物学功能；参与的主要信号通路包括急性期反应信号、LXR/RXR 激活、补体系统、动脉粥样硬化信号及凝血系统等通路。ELISA 验证结果显示 S100A8 与 LRG1 蛋白高于对照组，SPARC 蛋白低于对照组，与蛋白质组学筛选和鉴定的结果一致。

结论 血清中筛选出的差异蛋白 S100A8、LRG1 及 SPARC 是值得进一步研究的儿童 AML-M5 候选血清标志物。

PO-0787

Clonal evolution defines risk stratification for central nervous system leukemia in adult acute lymphoblastic leukemia

Jia Li, Junjie Chen, Wang Qiang, Hongsheng Zhou
Hematology department

Objective It is well established that central nervous system leukemia (CNSL) is an adverse prognostic factor in acute lymphoblastic leukemia (ALL), yet whether prognostic heterogeneity reside in CNSL is less addressed. Therefore, we aimed to develop potential risk classification for CNSL.

Methods We conducted a cohort study in PDT-ALL-2016 pediatric-inspired cohort (N=494). Flow cytometry (FCM) and next-generation sequencing (NGS) were tested on paired bone marrow (BM) and cerebrospinal fluid (CSF).

Results The 5-year OS of 437 non-CNSL patients was 62.3% and 33.7% in 57 CNSL patients ($P<0.001$). 57 CNSL patients were divided into 3 groups. The 5-year OS was 48.9% in patients with concordant FCM and NGS, which were defined as non-clonal evolutionary CNSL, a standard-risk subgroup, while the 5-year OS was 30.2% in patients with discordant FCM or NGS and isolated CNS relapse ($P<0.05$), which were defined as clonal evolutionary CNSL, a high-risk subgroup. Furthermore, the mean times of lumbar punctures to achieve complete remission (CR) in CSF was 4.14 in clonal evolutionary CNSL, comparing to 1.62 in non-clonal evolutionary CNSL ($P<0.05$).

Conclusion Based on the evidence of clonal evolution, we develop a risk stratification for CNSL for the first time.

PO-0788

Venetolax plus azacitidine is effective maintenance therapy after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation in patients with intermediate/high-risk acute myeloid leukemia

Caixia Wang, Liangliang Wu, Shiyi Pan, Xiaowei Chen, Ming Zhou, Ruiqing Zhou, Wei Zhou, Tingfen Deng, Shunqing Wang
Guangzhou First People's Hospital

Objective Relapse after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) in patients with intermediate/high-risk acute myeloid leukemia (AML) remains a major cause of treatment failure and associated poor outcomes. Evidence regarding the venetolax plus low-dose azacytidine (VEN+AZA) as a prevent relapse therapy for patients with intermediate/high-risk AML after allo-HSCT is scarce.

Methods We retrospectively evaluated the outcome of VEN+AZA ($n=23$) as maintenance therapy to prevent relapse after allo-HSCT for patients with intermediate/high-risk AML enrolled from January 2020 to April 2023, and compared with patients not received any anti-AML therapy as maintenance therapy after allo-HSCT as control group ($n=59$) (September 2013 - April 2023) in our center. All patients in VEN+AZA group received VEN (200mg/d, on day 1 to 28) and AZA (100mg/d, on day 1 to 5) from 3 months after transplantation. The cycle interval was 1 months, and there were 9 cycles. Patients in the history cohort were not received any anti-AML therapy as maintenance therapy after allo-HSCT. The cumulative incidence of relapse was estimated using

competing-risk methods. The probabilities of survival outcomes were calculated according to the Kaplan-Meier method and compared using the long-rank test.

Results The median age of patients in the VEN+AZA group (36 years, [range, 16-63]) compared with control group (35 years, [ranges, 13-57], $p=0.706$). No significant differences were observed in baseline data, including sex, risk stratification, donor-recipient relationship between two groups. Compared with the control group, the cumulative incidence of relapse was significantly lower in the VEN+AZA group ($8.7\pm 6.0\%$ vs. $37.3\pm 6.4\%$, $p=0.029$) after transplantation. Overall survival (OS) at three years was better with VEN+AZA group ($94.1\pm 5.7\%$) than control group ($61.3\pm 7.0\%$, $p=0.045$). Nonrelapse mortality (NRM) at three years in VA group ($82.4\pm 12.1\%$) was also significantly superior to control group ($46.5\pm 7.1\%$, $p=0.034$).

Conclusion Our data indicate that patients with intermediate/high-risk AML after allo-HSCT received VEN+AZA therapy decreases the relapse rate, and yields better OS and NRM. The role of VEN+AZA as a potential treatment to prevent relapse in intermediate/high-risk AML should be considered.

PO-0789

PGRN 在急性髓系白血病中的表达及临床意义

张平平、施晓琦、陈艳、何志旭
遵义医科大学附属医院

目的 分析 PGRN 在急性髓系白血病 (AML) 中的表达及在诊断和治疗中的潜在意义

方法 通过 GEPIA 网站分析 PGRN 基因在常见肿瘤及 AML 中的表达情况, 基于 UALCAN 数据库对 PGRN 在 AML 中 FAB 分型、FLT3-ITD 基因突变、PML-RAR α 融合基因、年龄、性别、种族的亚型分析, 通过 OncoPrint 网站绘制 PGRN 基因表达与 AML 患者生存周期相关曲线, 通过 ELISA 比较 PGRN 在正常儿童组和急性髓系白血病患者组中的表达情况。

结果 PGRN 的差异性表达分析发现, PGRN 在乳腺癌、膀胱癌、肾上腺皮质癌、弥漫大 B 细胞淋巴瘤、肾乳头状细胞癌、头颈部鳞状细胞癌、弥漫大 B 细胞淋巴瘤等多种肿瘤中存在高表达。并且与正常组中相比 AML 组中 PGRN 的表达明显增高, 差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)。通过 UALCAN 数据库获得急性髓系白血病 TCGA 数据, FAB 分型中, AML 总例数 171, 其中以 M1 ($n=42$)、M2 ($n=39$)、M3 ($n=16$)、M4 ($n=35$)、M5 ($n=18$)、M6 ($n=2$)、M7 ($n=3$), 其中 M1、M3、M4、M5 中 PGRN 表达明显增高、M5 增高最为显著, 差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)。在不同种族中, 患者 PGRN 的表达在白种人与黑种人之间相比差异具有统计学意义 ($P < 0.01$)。但是 FLT3-ITD 基因突变、PML-RAR α 融合基因、年龄、性别均无统计学意义 ($P > 0.01$)。生存分析发现, AML 中 PGRN 高表达组患者总体生存率明显低于低表达组 ($P=0.02$)。ELISA 分析发现: AML 患儿组相较于正常对照组 PGRN 的表达明显增高。

结论 PGRN 在 AML 高表达, 参与急性髓系白血病的发生发展, 并且与患者预后明显相关, PGRN 可能为治疗急性髓系白血病提供潜在的治疗靶点。

PO-0790

Wild-type IDH2 is a metabolic vulnerability for potential targeted therapy of acute myeloid leukemia

Peiting Zeng, Yiqing Li, Liping Ma, Danian Nie
Sun Yat-sen Memorial Hospital

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is the type of leukemia with the highest incidence and

the worst prognosis in adults, whose treatment still faces great difficulties and challenges. Isocitrate dehydrogenase-2 (IDH2) is a mitochondrial enzyme that catalyzes the metabolic conversion between isocitrate and alpha-ketoglutarate (α -KG) in the TCA cycle. IDH2 mutation is considered an oncogenic event in AML due to the generation of "onco-metabolite" 2-hydroxyglutarate. However, the role of wild-type IDH2 (wt-IDH2) in AML remains unknown, despite patients with it suffer worse clinical outcome than those harboring mutant type. Here, we intended to evaluate the potential effect of wt-IDH2 on the viability and proliferation of AML cells in vitro and in vivo, to investigate the underlying mechanisms, and to figure out whether it could be an effective therapeutic target for AML therapy.

Methods IDH2 expression in AML cell lines and patient samples was evaluated by RT-qPCR, western blotting and database analyses. The role of wt-IDH2 in AML cell survival and proliferation was tested using genetic knockdown and pharmacological inhibition in AML cells and animal models. Metabolomic analysis and transcriptomic analysis were performed to reveal the underlying mechanisms.

Results We found that wt-IDH2 was overexpressed in AML, and showed pro-tumor activity in leukemia-associated biological models in vitro and in vivo. Metabolomic analyses revealed an active IDH2-mediated reductive TCA cycle that facilitated lipid synthesis in AML cells. Importantly, pharmacological inhibition of IDH2 showed significant therapeutic effect in mice inoculated with AML cells with wt-IDH2.

Conclusion Wt-IDH2 is an essential molecule for AML cell survival and proliferation by mediating the reductive TCA cycle that promotes the conversion of α -KG to isocitrate to remodel fatty acid metabolism, and could be a potential therapeutic target for AML.

PO-0791

BRD 抑制剂对白血病巨核细胞系 CHRF-288-11 的影响

陈伟、高雯暇、赵欢欢、李护君
徐州医科大学附属医院

目的 探讨溴结构蛋白(BRD)抑制剂 OTX015 对白血病巨核细胞系 CHRF-288-11 增殖、凋亡和细胞周期的影响。

方法 采用 Cell titer-Glo 法检测经 0、0.001、0.003、0.01、0.03、0.1、0.3、1、3、10 及 30 μ mol/L 浓度 OTX015 共培养后 CHRF-288-11 细胞活性, 绘制 IC50 曲线; 采用台盼蓝拒染法计数 CHRF-288-11 细胞活力, 绘制增殖曲线。以 0.1% DMSO 组为阴性对照, 采用流式细胞术 AnnexinV-FITC/DAPI 双染法检测不同浓度 OTX015 处理 24、48 和 72 小时后 CHRF-288-11 细胞凋亡情况, 采用 EDU/DAPI 双染后流式细胞术检测不同浓度 OTX015 处理 24、48 和 72 小时后 CHRF-288-11 细胞周期变化。Western blot 检测 OTX015 共培养 24、48 和 72 小时后 BRD2、BRD3 和 BRD4 蛋白表达。

结果 Cell titer-Glo 法检测 OTX015 对 CHRF-288-11 细胞 IC50 为 0.81 μ mol/L, 其对 CHRF-288-11 细胞增殖抑制能力具有浓度依赖性。以不同浓度 OTX015 处理后, CHRF-288-11 细胞的早期凋亡率、晚期凋亡率和总凋亡率均明显高于 DMSO 组, 且随 OTX 剂量增加, 该差异在 IC50 浓度时具有统计学意义 ($P<0.05$)。细胞周期检测结果显示, 经 OTX015 处理后 CHRF-288-11 细胞 S 期比例明显降低, G1 和 G2 期细胞比例增加, 且具有剂量相关性, 在 IC50 浓度时具有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 溴结构蛋白抑制剂 OTX015 对白血病巨核细胞系 CHRF-288-11 细胞具有抑制增殖、促进凋亡和诱导细胞周期阻滞能力。

PO-0792

PD-1 抑制剂替雷利珠单抗联合 HMA+HAG 治疗老年 AML 的前瞻性临床研究

姚蓝、李紫璇、殷华、谢岱蓉、姜雨婷、洪梅、吴秋玲
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 急性髓系白血病（AML）是一种影响老年人的疾病，尽管如此最有效地治疗这类患者仍不明确。本项目旨在探索地西他滨联合替雷利珠单抗加小剂量化疗，方案在老年 AML 中的安全性和有效性，尝试新的安全性可控、疗效更好的临床方案，使更多患者获益。

方法 入组 2020 年 11 月日起至 2022 年 10 月日武汉协和医院收治的 13 例老年初治 AML 患者，诱导方案为静脉注射阿扎胞苷（75mg/ m²·d，频率，第 1-7 天）或地西他滨（20mg/ m²·d，频率，第 1-5 天）；高三尖杉酯碱（1 mg/ m²·d，频率，第 1-7 天）；阿糖胞苷（10mg/m²，皮下注射，每 12 小时一次，第 1-7 天）；长效 G-CSF（6mg，第 1 天）；替雷利珠单抗（200mg/d，第 8 或第 6 天）。当中性粒细胞计数达到 20x10⁹/L 时，停止使用 G-CSF。维持治疗方案为阿扎胞苷（75mg/ m²·d，频率，第 1-7 天）+替雷利珠单抗（200mg/d，第 8 天）或地西他滨（20mg/ m²·d，频率，第 1-5 天）+替雷利珠单抗（200mg/d，第 6 天）。随后，评估了血液学反应和毒性。使用 Kaplan-Meier 法分析生存预后，并使用 log-rank 检验进行比较。所有研究数据的统计分析由软件 SPSS 22.0 完成，p < 0.05 则具有统计学差异。

结果 老年初治 AML 患者中，10 名男性，3 名女性，中位年龄为 64（50.0~78.0）。CR 率为 61.54%（8/13），另有 3 例 NR（23.08%），2 例 PR（15.385%），中位生存期（OS）为 13 个月。主要不良反应中，骨髓抑制 8 例（61.54%），感染发生 5 例（38.46%），其中重症肺炎 2 例（15.385%），胃肠道反应 1 例（恶心伴或不伴呕吐，0.08%），心脏反应（心慌胸闷）2 例（15.385%），经对症治疗后好转。

结论 替雷利珠单抗联合 HMA+HAG 治疗老年 AML 疗效较好，总体缓解率较高，且耐受性良好，不良反应少。

PO-0793

氟达拉滨或克拉屈滨联合白消安和阿糖胞苷预处理方案相较基于改良 BUCY 的预处理方案未能使难治复发急性髓系白血病患者获得更优的生存结局

姜姗
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 伊达比星或地西他滨强化改良白消安和环磷酰胺（mBUCY）预处理方案对急性髓系白血病（AML）患者的疗效已得到验证。氟达拉滨或克拉屈滨联合白消安和阿糖胞苷（FBA/CBA）可以在一定程度上增强抗白血病作用。然而，对于复发难治 AML（RRAML）患者，基于 mBUCY 的强化预处理方案是否优于 FBA/CBA 尚不明确。本研究旨在评估 FBA/CBA 是否比基于 mBUCY 的预处理方案可提供 RRAML 患者更好的生存获益。

方法 回顾性分析 2013 年 1 月至 2022 年 12 月于华中科技大学同济医学院附属协和医院接受同种异体造血干细胞移植（allo-HSCT）的 106 例 RR AML 患者，依据预处理方案分别分为基于 mBUCY 组（n=69）和 FBA/CBA 组（n=37）。使用 SPSS 26.0 和 R 4.2.2 进行数据分析。使用 Kaplan-Meier（KM）曲线分析无白血病生存期（LFS）和总生存期（OS）。使用竞争风险模型和

Fine-Gray 检验评估累计复发率 (CIR)、非复发死亡率 (NRM) 和移植物抗宿主病 (GVHD)。
结果 两组间的 OS 没有统计学差异, 基于 mBUCY 组与 FBA/CBA 组 3 年 CIR 分别为 24.5% (95%CI, 23.9-25.2) vs 57.8% (95%CI, 56.4-59.3), $P < 0.001$; 3 年 LFS 分别为 54.2% (95%CI, 42.9-68.4) 和 25.7% (95%CI, 14.5-45.5), $P = 0.016$ 。两组患者在 NRM 和 GVHD 方面无显著差异。

结论 与接受 FBA/CBA 方案的患者相比, 接受基于 mBUCY 的预处理方案的 RR AML 患者的移植后复发率显著降低。尽早行 allo-HSCT 以及维持一定水平的 cGVHD 可能会增加生存获益。

本研究由国家自然科学基金面上项目 (批准号: 82370220) 资助。

PO-0794

成人急性淋巴细胞白血病自发缓解后复发 1 例

谢婷、杨永公

南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 急性白血病患者未进行有效的抗白血病治疗而获得完全缓解, 在全世界范围内均鲜见报道。现报道本科室收治的 1 例成人急性淋巴细胞白血病自发缓解病例。

方法 病例报告: 患者毛某某, 男性, 63 岁, 于 2020-09-08 无明显诱因出现昏睡无力, 伴有胸闷不适, 当时未测体温, 次日凌晨出现发热, 体温 39℃, 无明显咳嗽、咳痰, 至我院就诊。既往有高血压、2 型糖尿病史, 血压、血糖控制可。入院后查血常规: WBC $0.7 \times 10^9/L$, N 0, Hb 117g/L, PLT $103 \times 10^9/L$; PCT 21.58ng/ml; 血气分析提示 I 型呼衰; 胸部 CT 示两肺炎症伴实变; 给予无创呼吸机辅助呼吸, 收住我院 ICU。予亚胺培南、利奈唑胺、卡泊芬净抗感染治疗, 复查血常规三系有下降趋势, 行骨髓穿刺活检术, 骨髓细胞学: 淋巴细胞明显增多, 以原始淋巴细胞为主; 骨髓 FISH: BCR/ABL 阴性; 染色体: 46, XY[20]; 白血病常见融合基因阴性; 骨髓活检: 造血组织增生低下, 幼稚淋巴细胞比例增高 (MF-0 级)。诊断明确为急性淋巴细胞白血病。经积极抗感染后患者肺部感染明显好转, 体温正常。

结果 09-27 转入我科后复查两次骨穿: 骨髓细胞学、流式、染色体均正常, Ph-like ALL 相关 33 种融合基因筛查阴性; 白血病融合基因筛查阴性; ALL 相关 46 种基因突变分析: NTRK3 基因突变。在我科巩固抗感染期间患者血常规逐渐恢复正常, 予出院。2020-11-20 患者再次出现发热, 血常规: WBC $2.73 \times 10^9/L$, N $2.36 \times 10^9/L$, Hb 119g/L, PLT $203 \times 10^9/L$; 复查骨髓细胞学: ALL 复发; 骨髓流式: 占有核细胞 65.40% 的异常幼稚细胞群体, 表达 CD19, CD10, CD38, cTdT, CD45, 部分表达 CD81, CD22, 不表达 CD34, CD58, CD13/CD33, CD20, CD123; 骨髓活检: 骨髓 B 淋巴母细胞白血病/淋巴瘤 (B-ALL/LBL); 染色体正常; 白血病 43 种融合基因筛查阴性; Ph-like ALL 相关 33 种融合基因筛查阴性; 骨髓二代测序: WT1 基因多处突变, PAX5 及 KRAS 基因突变。12-02 开始 VDLP 方案化疗, 化疗后复查骨穿提示白血病达 CR2。后患者拒绝进一步治疗。

结论 成人白血病自然缓解罕见报道, 大多病例有输血和抗感染史, 感染多为肺炎和菌血症, 其机制可能为感染刺激了免疫系统, 免疫细胞产生的细胞因子如白介素、干扰素、肿瘤坏死因子等对白血病细胞有杀伤作用。但此类患者中位缓解期通常较短, 仅有数月, 大多数会出现复发。

PO-0795

1 例急性淋巴细胞白血病患者 非计划性拆港术后伤口感染的护理体会

杨云舒
深圳市儿童医院

目的 总结 1 例急性淋巴细胞白血病患者完全植入胸壁式输液港发生注射座感染及导管异位后导致输液港非计划性拆港及胸壁皮肤、皮下、真皮组织坏死的原因分析及护理对策。

方法 一例急性淋巴细胞白血病患者输液港发生导管异位，输液外渗及注射座粪肠球菌、耐甲氧西林金黄色葡萄球菌感染，经多学科综合分析后，对患儿行输液港取出术及周围皮肤组织清创术，术后予生理盐水冲洗脓腔，利用银离子敷料及银离子藻酸盐抗菌辅料填塞，局部敷料覆盖，每日造口护士行换药。

结果 结果患儿输液港处皮肤恢复良好，置入 PICC 后继续化疗，无相关并发症。

结论 植入胸壁式输液港的植入和拆除及维护应全面评估患儿情况，提出对应的护理对策，避免患儿发生多次感染，减少并发症的发生

PO-0796

35 例伴 EVI 高表达急性髓细胞白血病的临床特性分析

杜依纹、龚玉萍
四川大学

目的 EVI1 异常高表达与急性髓系白血病(AML)的临床预后不良相关，目前对 EVI1 高表达的 AML 的临床特征和突变特征的了解有限，此次为探索 EVI1 高表达 AML 患者的临床特征及预后

方法 回顾性分析 2018 年至 2023 年四川大学华西医院血液科住院初诊伴有 EVI 高表达的 AML 患者的临床资料

结果 我们分析了 35 例伴 EVI1 异常高表达的 AML 患者，包括女性 20 例，男性 15 例，中位年龄为 48 岁（19~79 岁）。其中新诊断的 AML 患者 25 例，复发 AML 患者 10 例，中位年龄分别为 49 岁（19 ~ 79 岁）和 47.5 岁（39 ~ 69 岁）。这些患者正常核型最常见（31.4%），伴 MLL 重排 12 例（34%），MECOM 重排 1 例（2.9%），NUP98 重排 2 例（5.7%）。80%（7/35）EVI1 高表达 AML 患者合并有其他基因突变，合并信号通路基因突变包括 NRAS（20%）、KRAS（17.1%）、NF1（14.3%）、FLT3（14.3%）最常见，其次是表观遗传基因突变包括 DNMT3A 14.3%、TET2 5.7%、ASXL1 5.7%，伴 TP53 突变 14.3%。在已知信息中，这些 EVI1 高表达 AML 患者合并 NRAS 突变位点有 p.G13A、p.G12S、p.G16Ap.G16H，KRAS 突变位点主要有 p.G13A、P.G12A、p.G13C。初诊患者首次诱导方案包括“3+7”方案标准化疗及维奈克拉、索拉菲尼等靶向药物联合化疗，但总体缓解率（ORR）仅达 17%（4/24），首次缓解后复发率高达 75%（3/4），一年累积复发发生率为 57.1%（4/7），中位生存期分别为 11 个月（1~69 个月），1 年生存率为 38.6%。

结论 这些数据反映了 EVI1 高表达 AML 的极度不良预后及其可能对于化疗药物的耐药性，有待寻求新的治疗方案。

PO-0797

175 例初诊 AML 患者的临床特征和疗效分析

杜依纹、龚玉萍
四川大学

目的 分析在华西医院血液内科住院的初诊急性髓系白血病的临床、遗传分子生物学特征和化疗方案及疗效。

方法 收集 2022 年 1 月 1 日至 2022 年 12 月 31 日在华西医院血液内科住院的急性髓系白血病患者，分析他们的临床特征、遗传学分子生物学特征及化疗方案及疗效。

结果 1.共收集到 AML 住院患者 252 例，其中初诊患者 175 人，男性 86 人，女性 89 人，中位年龄 43.5 岁（14~84 岁）；2.初诊急性早幼粒细胞白血病 52 例，以女性患者为主（男 21，女 31），中位年龄 40 岁（14~66 岁），血常规显示三系减低，中位血红蛋白浓度、血小板计数、白细胞计数分别为 89g/L（39~108g/L）、 $18 \times 10^9/L$ （ $5 \sim 146 \times 10^9/L$ ）、 $3.27 \times 10^9/L$ （ $0.47 \sim 66.44 \times 10^9/L$ ）；细胞遗传学表现为 t（15；17）/PML::RARA，部分同时伴有 CEBPA 突变（19%）及 +8（13%）。3.初诊非急性早幼粒细胞白血病患者 123 例，男性 67 例，女性 58 例，中位年龄 47 岁（14~84 岁），外周血以贫血及血小板减少为突出表现，白细胞计数稍高于正常值，中位血红蛋白浓度、血小板计数、白细胞计数分别为 73g/L（40~143g/L）、 $28.5 \times 10^9/L$ （ $1 \sim 200 \times 10^9/L$ ）、 $10.56 \times 10^9/L$ （ $0.35 \sim 167.76 \times 10^9/L$ ）。骨髓涂片中位原始细胞比例为 60%（22%~91.5%）；流式为 64%（10.5%~95%）。FAB 分型以 M1/2（57%，70/123）和 M4/5（39%，48/123）为主，M0，M6 和信息不详无法分类分别占 1.6%，1.6%，0.8%。染色体核型以正常核型为主（30%），复杂核型、inv（16）、t（8；21）和 MLL 重排分别占 13%，7%，7%和 4%。基因突变以 FLT3（22%）、IDH2（18%）、NPM1（15%）、TP53（12%）、DNMT3A（8%）突变为最多见，其次为 KIT、IDH1、RUNX1、BCOR 突变各占 7%，TET2、U2AF1、STAG2 及其他突变发生率相对较少。inv（16）常伴随 NRAS、KIT、FLT3 突变，MLL 重排常伴 EVI1 高表达及 TP53 突变，FLT3 突变常伴 NPM1、KIT 及 CEBPA 双突变。治疗上以“3+7”化疗方案为主（54%），另有维奈克拉单药方案、维奈克拉联合蒽环类抗生素+阿糖胞苷的 3+7 方案、维奈克拉联合去甲基化药物治疗方案。HA 方案和 HA 联合维奈克拉及去甲基化药物治疗的总体缓解率可达 65%，IA 方案及 IA 方案联合治疗总体缓解率达 63%，而 DA 方案化疗总体缓解率仅约 50%。

结论 AML 异质性大，常规化疗效果不佳，需要根据其分子遗传学特性采用新型靶向治疗。

PO-0798

Daratumumab 治疗 CD38+复发/难治急性白血病的临床疗效及安全性

张玉兰、郭荣
郑州大学第一附属医院

目的 探讨 Daratumumab 治疗 CD38+复发/难治急性白血病的疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2019 年 1 月-2024 年 5 月在郑州大学第一附属医院经 Daratumumab 治疗的 15 例复发/难治急性白血病的临床资料。

结果 所有患者在治疗前骨髓/髓外异常原始/幼稚细胞均表达 CD38。所有患者均接受中位次数 2（1-6）次 Daratumumab 治疗。其中 12（80%）例患者采用 Daratumumab 联合化疗，1（6.67%）例采用 Daratumumab 联合全反式维甲酸治疗，2（13.33%）例采用 Daratumumab 单药治疗。Daratumumab 治疗后 13（86.67%）例 CD38 表达转阴/明显减少。6（40%）例患者获得完全缓解

(CR), 5 (33.33%) 例患者获得部分缓解 (PR), 4 (26.67%) 患者未缓解 (NR), 总体有效率为 73.33%。中位总生存期为 7 (1-22) 个月。其中有 6 例为移植/CART 后未缓解/复发的患者, Daratumumab 治疗后 4 例患者获得了 CR/PR。11 例 Daratumumab 治疗有效的患者中, 5 例患者在距第一次使用 Daratumumab 后复发, 中位复发时间为 92 (31-219) 天, 其中 3 例患者经化疗、CART、Daratumumab 等治疗后再次完全缓解。

结论 Daratumumab 单药或联合化疗可降低复发/难治急性白血病患者肿瘤负荷, 延长患者生存期, 或可为移植/CART 后复发/难治急性白血病患者带来新的希望。

PO-0799

CD9 在急性髓细胞白血病中的表达水平及临床意义

张亚平、陆伟、尤学芬
南通大学附属医院

目的 急性髓细胞白血病 (AML) 是一种高度异质性的血液系统肿瘤, 其治疗和预后受到多种因素的影响。细胞表面抗原 CD9 是四次跨膜蛋白超家族中的一员, 通过调节细胞黏附、迁移、增殖和凋亡等多种细胞生物学过程, 在多种肿瘤中发挥重要作用, 但在 AML 中的作用机制尚不明确。本研究旨在探索 CD9 在 AML 各亚型中的表达情况, 以及与 AML 患者的临床特征和其它细胞抗原的相关性, 进一步深入了解 CD9 在 AML 中的临床意义。

方法 收集我院诊断明确的初治 AML 患者的临床特征以及骨髓标本, 并通过流式细胞技术检测包含 CD9 抗原在内的多种细胞抗原的表达水平。根据 CD9 的表达水平分为三种模式: 阴性、连续性阳性 (荧光强度由弱到强)、强阳性。分析患者的临床特征和检测指标与 CD9 的相关性。应用 GraphPad Prism 10.0 进行统计分析, P 值小于 0.05 有统计学意义。

结果 共入组 34 例初治 AML 患者, 男性 21 例 (CD9 阴性 5 例、连续阳性 10 例、阳性 6 例); 女性 13 例 (CD9 阴性 1 例、连续阳性 7 例、阳性 5 例); 中位年龄 61 岁 (19-81 岁)。应用流式细胞术区分 AML 亚型: 包括 M0 (1 例)、M1 (1 例)、M2 (9 例)、M3 (经典型 5 例、M3v 型 2 例)、M4/M5 (14 例)、M4Eo (1 例)、MPAL 1 例; 其中 CD7 阳性 AML 有 5 例。CD9 表达阴性 (6 例)、连续性阳性 (17 例)、强阳性 (11 例)。CD9 阴性和连续性阳性的 AML 中, 各亚型比例 (除外 M3) 无显著差异。CD9 的强阳性表达和 M3 型白血病呈显著相关 ($P < 0.05$), 7 例 M3 患者 (包括经典型及变异型) 均表现为 CD9 强阳性, HLR-DR 表达阴性。而其他 4 例 CD9 强阳性患者包括 M1、M2、M5、MPAL 各一例, 除 MPAL 外, 其余亚型白血病细胞均表达 HLA-DR; 且 4 例患者的 cMPO 均为少数细胞弱表达状态。CD9 与 AML 白血病细胞其它表面抗原的表达水平之间未发现存在相关性。

结论 本研究结果显示 CD9 在不同亚型的 AML 中表达水平存在差异, 特别显著的是在 M3 亚型中 CD9 表达明显增加。与 M3 亚型 AML 不同的是, CD9 强阳性的其它 AML 亚型表现为 HLR-DR 阳性, 且 cMPO 低表达, 提示 CD9 与 AML 的发病机制、白血病细胞停滞阶段及细胞功能密切相关。

PO-0800

病例报告: 以肺栓塞为首发表现且合并有 PROC 致病基因突变的急性早幼粒细胞白血病 (APL) 一例

张菁倩、吴耀辉、胡俊斌、牟时代、艾丽莎、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 急性早幼粒细胞白血病 (APL) 存在复杂的凝血异常, 常合并弥散性血管内溶血 (DIC) 和原

发性纤溶亢进，临床上以出血为主要表现，而血栓事件则相对较为少见。通过病例分析和文献复习总结 APL 静脉血栓栓塞的流行病学数据，探索 APL 血栓形成的可能机制。

方法 报告一例以肺栓塞为首发表现并且合并有 PROC 致病基因突变的急性早幼粒细胞白血病，通过文献查阅总结归纳相关信息。

结果 患者为 44 岁男性，以咳嗽咳痰为首发症状，抗感染治疗无效，治疗期间出现血象异常，肺部 CT 提示肺部感染，肺动脉 CTA 提示多发性肺栓塞，骨穿确诊 APL，异常早幼粒 82.5%，t(15;17)，PML/RARa 17.96%。血栓二代测序提示 PROC 致病基因突变，分别为 PROC L62P 和 PROC R189W。

结论 推断该患者血栓发生是由于 APL 发病急骤，初始阶段外周血征象并不明显，而体内已处于 APL 作用下的血栓前状态，加上患者具有 PROC 致病基因突变，本身存在一种内在的促凝状态，血栓风险进一步升高，继而形成静脉血栓栓塞。现有报道的 APL 血栓形成事件大多缺乏对于血栓形成倾向的系统实验室筛查，无法明确判断 APL 血栓形成与遗传性血栓形成倾向的明确关系，有待进一步研究。

PO-0801

90 例复发急性髓系白血病患者的基因突变克隆演变分析

李昱瑛、杨艳萍、谭业辉、高素君
吉林大学第一医院

目的 探讨急性髓系白血病 (AML) 复发后基因突变克隆演变情况及其临床意义。

方法 回顾分析 2018 年 1 月至 2022 年 6 月于吉林大学第一医院首次诊断、治疗缓解并出现复发的 AML 患者，将初诊和复发时均进行了二代测序 (NGS) 基因突变检测的 90 例患者纳入研究，分析复发后基因突变克隆演变模式、治疗对克隆演变的影响以及克隆演变对再治疗反应和预后的影响。

结果 90 例患者基因突变演变模式中，获得组、丢失组、混合组、稳定组比例大致相当 (22.22%，26.67%，32.22%，18.89%)；<60 岁应用去甲基化治疗患者获得组中更少见 (P=0.026)，提示去甲基化治疗后克隆演变多为非线性模式，诱导化疗、持续缓解时间、末次化疗距复发时间等对克隆演变无显著影响。NPM1 (P=0.028)、FLT3-ITD (P=0.006)、NRAS (P<0.001)、GATA2 (P<0.001)、KIT (P=0.004)、PTPN11 (P=0.012) 等基因在复发前后变化差异有统计意义。84 例复发患者接受再诱导治疗，四种克隆演变模式 CR 率 (57.89%，54.55%，38.41%，41.18%，P=0.497) 及生存期 (4.77 月，9.83 月，3.7 月，7.73 月，P=0.5049) 无显著差异。复发后存在 NPM1 (P=0.004)、NRAS (P<0.001)、PTPN11 (P=0.0107) 突变的患者生存期显著下降；存在 FLT3-ITD (P=0.15) 患者生存期有下降趋势。

结论 AML 复发后基因突变较初诊时具有显著性变化；获得组、丢失组、稳定组及混合组四种演变模式对再治疗缓解率、整体生存率未见显著影响。复发后存在 NRAS、NPM1、PTPN11 基因突变的患者生存率降低。

PO-0802

基于机器学习对急性髓系白血病差异高危基因的识别及其敏感药物的研究

吴凤霞、王信峰
南通大学附属医院

目的 旨在基于机器学习 (ML) 技术识别和探索急性髓系白血病 (AML) 中的差异高危基因 (DHRGs)，

并针对所选 DHRGs, 探究其敏感的药物, 以此探索 AML 的发病机制及更有效的治疗方法。

方法 基于癌症基因组图谱 (TCGA), 收集 mRNA 表达谱、突变注释数据和拷贝数变异数据, 并进行回顾性分析。使用 limma 包识别 AML 和正常人的差异表达基因 (DEGs)。使用 survival 包确定 AML 的高风险基因。利用基因组变异分析确定 AML 和正常人样本、高低危风险亚型间不同的标志性通路。通过单基因 Cox 回归分析和 LASSO 算法构建预后风险评分模型。用皮尔逊相关分析计算 miRNA 与 DHRGs 间的共表达。并对药物敏感性和所选基因的表达水平进行相关性分析。

结果 本研究共发现 80 个 DHRGs, 其拷贝数变异、甲基化状态与 AML 患者的总生存期 (OS) 有显著关联。低高危组的预后存在显著差异。此外, 还发现包括卡铂在内的前 5 种药物对 AML 的 DHRGs 显著影响。

结论 本研究利用多个数据库和临床数据确定了一组可用作 AML 患者预后评估和治疗标志物的 DHRGs, 建立最佳预后模型, 分析潜在药物, 为 AML 临床诊疗提供新思路。

PO-0803

PLA2G4A 抑制剂联合 PD-1 增强 AML 免疫治疗的疗效

赵俊梅

河南省肿瘤医院

目的 急性髓性白血病 (acute myeloid leukemia, AML) 患者中, 目前仍缺乏基于 PD-1/PD-L1 阻断的免疫治疗在 AML 中的应用的系统证明。因此, 迫切需要识别驱动肿瘤免疫抑制的分子, 并根据免疫检查点抑制剂的获益对患者进行分层。

方法 1) 应用 TCGA 大数据分析 PLA2G4A (Phospholipase A2 Group IVA) 在 AML 中的预后价值; 2) 在 AML 细胞系中, 联合 PLA2G4A 抑制剂和 PD-1, 观察细胞凋亡水平; 3) 构建 PLA2G4A 过表达/敲低 AML 小鼠模型, 检测骨髓中免疫细胞的数量; 4) 联合 PLA2G4A 抑制剂和 PD-1 观察 AML 小鼠生存期及抗肿瘤治疗的疗效。

结果 1) 通过 TCGA 大数据分析发现, PLA2G4A 是 non-M3 AML 的独立预后因子, 与较短的 OS 相关;

2) 在细胞系 C1498/MLL-AF9 中, 联合 PLA2G4A 抑制剂和 PD-1 促进细胞凋亡;

3) 检测 PLA2G4A 过表达的 AML 小鼠骨髓细胞, 发现 CD4⁺、CD8⁺T 细胞及自然杀伤 (NK) 细胞的浸润均减少, 而 PLA2G4A 敲低能够增强 T 细胞浸润;

4) 联合 PLA2G4A 抑制剂和 PD-1 增强了 AML 小鼠对 PD-1 免疫疗法的敏感性, 使小鼠生存期明显延长, 具有显著的肿瘤抑制作用。

结论 PLA2G4A 具有作为免疫治疗效果的预测生物标志物潜力, 同时, PLA2G4A 为提高 AML 免疫治疗的疗效提供了一个有前景的靶点。

PO-0804

CART 桥接异基因造血干细胞移植成功治疗一例 复发难治性 Ph⁺伴 T315I 突变急性淋巴细胞白血病

何志鹏、占文琪、黄先豹、李菲

南昌大学第一附属医院

目的 酪氨酸激酶抑制剂 (TKI) 治疗 Ph⁺ALL 在该领域取得了巨大进展, 并显示出比传统方案显著提高的总生存率 (OS)。其复发仍在继续, 而且仍然具有挑战性。故本文旨在探讨费城染色体阳性急性淋巴细胞白血病 (Ph⁺ALL) 患者继发 T315I 突变的临床特征及治疗预后。

方法 收集南昌大学第一附属医院收治的 1 例 Ph+ALL 患者的临床资料，并复习相关文献

结果 该例患者以腰痛起病，三系减少，合并 BCR/ABL (P190) 阳性，经 1 疗程诱导化疗达到完全缓解，联合达沙替尼靶向治疗，缓解 4 月后出现疾病复发，伴有 T315I 突变，进行强化疗 3 疗程未缓解，加普纳替尼 45mg/天联合 VICP 方案化疗再次达到完全缓解，流式 MRD 阳性合并中枢神经系统白血病，故进行 CD19-CART 加鞘注药物治疗，骨髓流式 MRD 及脑脊液 MRD 均转阴性。3 个月后桥接异基因造血干细胞移植 (Allo-SCT)，移植后随访 40 月，复查骨髓持续完全缓解状态，BCR/ABL (P190) 及 T315I 突变均阴性。

结论 CART 桥接 Allo-SCT 联合普纳替尼可为复发难治性 Ph+伴 T315I 突变 ALL 患者带来长期较好的预后，甚至对合并中枢神经系统白血病患者也可以实现持续完全缓解状态。

PO-0805

m5C 修饰调节因子在急性髓系白血病发生发展中的相关作用机制研究进展

吴凤霞、王信峰、刘海燕
南通大学附属医院

目的 旨在探究 m5C 修饰调节因子在急性髓系白血病 (AML) 发生发展中的作用机制，为 AML 临床诊疗提供新思路。

方法 基于癌症基因组图谱 (TCGA)，收集 17 种 m5C 调节因子的表达谱、突变注释数据和拷贝数变异数据。通过单基因 Cox 回归分析和 LASSO 算法构建预后风险评分模型，利用 GSE12417 和 GSE37642 数据集进行风险模型验证，继而用 RT-qPCR 验证。用 Wilcoxon 检验比较不同 m5C 群组、高低危组间免疫细胞浸润的差异。用皮尔逊相关分析计算 miRNA 表达与 m5C 调节因子间的相关性。并进行药物敏感性的相关性分析。

结果 本研究阐明 m5C 调节因子在 AML 中的表达和基因变异，发现多数 m5C 调节因子存在差异表达，并与疾病预后相关。某些 m5C 调节因子的甲基化状态会影响 AML 患者的生存。两种 m5C 修饰亚型和高低危组在免疫浸润及预后上存在显著差异。还发现大多数 m5C 调控因子与 AML 中 miRNA 的表达及许多药物的 IC50 值相关 ($P < 0.001$)。

结论 全面探讨 m5C 调控因子的分子特征，构建 AML 预后模型，并对 m5C 在 AML 发生发展中的作用机制提出了新的见解，为精准治疗 AML 提供新思路。

PO-0806

盐酸米托蒽醌脂质体联合阿糖胞苷一线诱导治疗初诊 AML 疗效与安全性分析

符才波、吴肖志军、周威伦
海南医学院第一附属医院

目的 探讨盐酸米托蒽醌脂质体联合阿糖胞苷(MA)方案一线诱导治疗初诊 AML 的安全性和有效性。

方法 我们对海南医学院第一附属医院 10 例初治 AML 患者进行了单中心回顾性分析，这些患者在 2023 年 9 月至 2024 年 5 月期间接受了至少一个周期 MA 方案诱导化疗。根据 2016 年修订的 WHO 标准确诊为 AML 的年龄在 18 岁及以上的患者符合入选条件。采用复合完全缓解率(CRc)和总缓解率(ORR)评价疗效，根据不良事件通用术语标准(CTCAE) 5.0 版评估不良事件。

结果 本研究共纳入 10 例患者，中位年龄 52.5 岁 (33-66 岁)，男性 7 人 (70%)，女性 3 人

(30%)。70%的患者(7/10)进行了基因测序, ASXL1 是最常见的突变基因, 占 30%(3/7), 其次是 STAG2、KRAS(28.5%), KIT(14.2%)、CSF3R(14.2%)、SETBP1(14.2%)、IDH2(14.2%)、IDH2(14.2%)、NRAS(14.2%)、EZH2(14.2%)、RUNX1(14.2%)。完成疗效评估共 9 例, 1 例 NA。其中 7 例 CR, 1 例 PR, 1 例 PD。ORR 为 88.8%, CR 为 77.7%, 7 例患者均在 1 个周期治疗达 CR。常见的 3/4 级不良事件包括中性粒细胞计数减少(80%)、血小板减少(70%)、贫血(50%)、发热性中性粒细胞减少(40%)、肺部感染(10%)。

结论 从本中心数据显示盐酸米托蒽醌脂质体联合阿糖胞苷一线诱导治疗初诊 AML 患者有效率高, 患者耐受性可, 毒性可控, 是初诊 AML 患者一线诱导治疗可选择方案, 需更多大样本数据进一步验证。

PO-0807

生物信息学分析急性髓系白血病中 抗原加工和呈递机制相关预后基因的作用机制

贲宇

南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 鉴定急性髓系白血病 (acute myeloid leukemia, AML) 中抗原加工和呈递机制 (antigen processing and presenting machinery, APM) 相关预后基因, 构建预后风险模型并验证。

方法 1) 筛选差异基因; 2) 预后基因的鉴定; 3) GSEA 功能富集及 Friends 分析; 4) 免疫浸润分析; 5) 免疫相关分析; 6) 药物敏感性分析

结果 在训练集 1 (GSE24395) 筛选得到 6 个预后基因, C12orf5、CRIP1、HCK、RTN4、CAP1、FNDC3B。在 Age、Gender、FAB subtype 不同分组中, 筛选到独立预后因子为 Age 和风险评分。免疫评分、基质评分、ESTIMATE 评分、肿瘤纯度在低风险组间均存在显著性差异。进行小分子抗肿瘤药物的药物响应 (IC50) 预测, 排名第一的药物 CI.1040 是一款靶向 MEK 激酶的抑制剂, 排名第 9 的是 Axitinib。

结论 鉴定到 APM-RGs 相关的预后基因, 探究其与免疫浸润、免疫治疗、抗肿瘤药物响应等的关系, 为深入研究急性髓系白血病的分子机制及预后预测提供思路。

PO-0808

诱导化疗早期外周血流式细胞 MRD 检测指导下 干预治疗对急性髓系白血病缓解率的影响

谭业辉、戚舜尧、杨艳萍、戴伊奇、高素君

吉林大学第一医院

目的 评估化疗诱导治疗急性髓系白血病患者 (AML) 基于第 7 天外周血流式细胞检测可测量残留疾病 (MRD) 指导下早期干预治疗的疗效和安全性。

方法 初治 AML 患者 (非急性早幼粒细胞白血病), 给予标准“7+3”诱导化疗, 在治疗第 7 天应用流式细胞检测外周血 MRD 情况, 对 MRD≥1%患者进行早期干预治疗, 其中 FLT-ITD 患者, 应用吉瑞替尼 80mg, d8-21 口服, FLT3-ITD 阴性, MRD≥1%且<10%的患者给予维奈克拉 400mg 每日, d8-14 口服, MRD≥10%的患者, 给予维奈克拉 400mg, d8-21 口服, 阿扎胞苷 75mg/m², d1-7 皮下注射, 化疗结束后 21-28 天行骨髓评估疗效。以同期化疗第 7 天外周血流式细胞 MRD≥1%未干预患者作为对照组, 同时收集血细胞恢复时间和不良反应情况。

结果 12 名未干预患者的中位年龄 39.5 (15-57) 岁, ELN 高危组 4 例 (33%)、中危组 2 例 (17%), 低危组 6 例 (50%); D7MRD 中位数 3.695 (1.21-49.54) %; 11 名早期干预患者中位年龄 35 (14-59) 岁, 高危组 5 例 (45%)、中危组 5 例 (45%)、低危组 1 例 (10%), D7MRD 中位数 12.69 (1.45-79.33) %, 其中 MRD \geq 10% 的患者有 6 人 (55%)。两组临床特征差异无统计学意义。干预组中使用吉瑞替尼治疗的有 3 人, 其余 8 人均接受维奈克拉 \pm 阿扎胞苷治疗。干预组复合缓解率 (CR+CRi+MLFS) 较非干预组显著升高 (9/11, 82% vs 4/12, 33%, $P=0.0361$)。干预组中性粒细胞绝对计数 (ANC $> 500/\mu\text{L}$) 和血小板 ($>50 \times 10^9/\text{L}$) 的中位恢复时间分别为 26 日和 24 日, 未干预组分别为 22 日和 21 日。两组血液学和非血液学不良反应比较差异无显著性。

结论 基于诱导化疗第 7 天外周血流式细胞 MRD 指导下早期干预治疗可显著提高 MRD 阳性患者诱导缓解率, 同时无显著增加不良反应。

PO-0809

AML 中 FAT1 突变改善维奈克拉联合方案的疗效、预后

龚玉萍

四川大学华西医院

目的 目前 AML 中 FAT1 基因突变的作用尚未完全清楚。本研究旨在探讨 FAT1 基因突变对使用维奈克拉联合方案治疗 AML 的影响。

方法 研究利用来自国际癌症基因组协作组 (ICGC) LAML-KR 队列和我中心 2019 年 1 月至 2023 年 12 月收治的 108 例 AML 患者的数据, 分析了 FAT1 基因突变在 AML 患者中的特点、临床和分子遗传学特征, 并评估了 FAT1 突变对使用维奈克拉联合方案治疗效果和预后的影响。

结果 在 LAML-KR 队列中 ($n = 205$), FAT1 基因非同义突变率约为 6% (13/205), 与野生型相比, FAT1 突变型患者中 P53、DNMT3A、FLT3、NPM1 基因突变率显著增高 ($p < 0.05$)。在 Venetoclax-AML 队列中 ($n = 108$), FAT1 基因非同义突变率约为 13% (14/108), 仅 P53 基因突变在 FAT1 突变型中更为显著 ($p < 0.01$)。在 LAML-KR 队列和 Venetoclax-AML 队列中, 与野生型相比, FAT1 突变型患者对初次诱导化疗有更佳疗效, 但生存优势差异不显著 ($p > 0.05$)。值得注意的是, 在 Venetoclax-AML 队列中, P53 突变阳性患者中 FAT1 突变型患者对初次诱导化疗的疗效更佳, 且 PFS 有改善的趋势 ($p = 0.1381$)。

结论 AML 中 FAT1 突变型患者相较于野生型, 在使用维奈克拉联合方案的初次诱导治疗中表现出更佳疗效, 且可能对 P53 突变阳性患者的治疗效果和预后有所改善。

PO-0810

1 例急性红白血病病例报道

宗亚楠、陈绍倩

郑州大学第一附属医院

目的 总结急性红白血病 (AEL) 的临床特点及生物学表现, 提高临床医生 AEL 的识别能力。

方法 回顾性分析 1 例 AEL 患者的病例资料, 结合相关文献及新修订的国际分类, 总结 AEL 的临床特点及生物学表现。

结果 该患者以乏力为主要临床表现, 骨穿涂片示原始、早幼红细胞占 58%, 可见双核、三核幼红细胞; 融合基因阴性; 白血病基因突变: TP53、ASXL1、EZH2 阳性; 染色体核型: 43-46, -3, add(3)(q21), del(4)(q31), del(5)(p13), add(7)(p15), del(7)(q32), add(9)(q34), del(9)(q22), -

11,add(12)(p13),-14,-15,del(17)(q21),+21,add(21)(q22)(cp20)。给予“CAG+维奈克拉+地西他滨”方案化疗 1 周期，病情未缓解，持续骨髓抑制且血小板输注无效，后患者家属要求自动出院。

结论 AEL 是一种起病迅速、恶性程度高、较罕见的急性髓系白血病,治疗上仍无统一标准。

PO-0811

IKZF1 缺失通过影响 CD19 异常剪切介导 CAR19 耐药

蔡梓红¹、骆栢维¹、何柏林¹、王娜²、刘启发¹、李鹏⁴、陈苏宁³、黄亮²、周红升¹

1. 南方医科大学南方医院

2. 华中科技大学同济医学院附属同济医院

3. 苏州大学附属第一医院血液科

4. 中科院广州生物医药与健康研究院

目的 越来越多的证据表明，CAR-T 治疗耐药不仅受效应细胞相关因素的影响，也受靶细胞因素影响。之前的研究已经表明 IKZF1 缺失(IKZF1^{Del})导致 B-ALL 的不良结局，但尚未在 CAR T 细胞疗法的背景下进行过研究。因此，有必要探讨 IKZF1^{Del}对接受 CAR19 治疗的患者预后价值的影响。

方法 在此我们纳入了三个中心的接受 CAR19 治疗的 188 名患者分析 IKZF1^{Del}的影响；同时，我们分析了其中两个中心的 66 例 IKZF1^{Del}的难治复发 B-ALL 患者的预后。使用 phyre2，基于同源建模方法，对肿瘤细胞上 CD19 蛋白质三级结构进行预测；同时使用 ZDOCK 解析 CD19 与 CAR 接后的蛋白互作分析，基于以上蛋白互作对，使用 PDBePISA 量化溶剂化自由能增益。

结果 CAR19 队列中共包含 38 名 IKZF1^{Del}患者（20.2%），其无事件生存时间（EFS）相较非缺失组更差（1 年 EFS: IKZF1^{Del} 27.8 ± 12.4% V.S IKZF1^{WT} 53.6 ± 6.1% (P=0.011)）；在多因素 Cox 回归模型中（包括 ph 状态，免疫表型，染色体核型等因素），IKZF1^{Del}仍与较差的 EFS 相关。在 IKZF1^{Del}难治复发 B-ALL 队列中，接受 CAR19 治疗患者 EFS 与其他挽救治疗措施患者相当（P=0.63），CAR19 治疗不能有效改善 IKZF1^{Del}患者的不良预后。

同时我们初步探究了其中机制，发现 IKZF1^{Del}患者中 CD19 内含子 2 滞留水平更高，导致终止密码子不恰当的在内含子 2 区域提前出现，蛋白转录停止，CD19 结构异常，与 CAR19 结合力下降，但这需要进一步实验验证。

结论 在接受 CAR19 治疗的 B-ALL 患者中，IKZF1 缺失是一种潜在的有效预测预后的肿瘤固有生物标志物，可指导临床风险分层和临床试验设计，并辅助临床选择合适治疗方案。

PO-0812

AML 伴 t(8;21)变异易位基因组学异常的特征分析

韩冰冰、聂彦博、张虹、杨少斌

见康华美医学实验室

目的 分析 AML 伴 t(8;21)(q22;q22.1)变异易位患者的临床和实验室特征，并进一步探讨 AML 伴 t(8;21)变异易位与经典易位基因组学异常的差异。

方法 对 2015 年 06 月至 2023 年 09 月期间天津见康华美医学诊断中心 AML 伴 t(8;21)变异易位患者与经典易位患者的临床基本信息进行回顾性分析，并对其形态、染色体核型结果进行详细分析。利用 NGS 技术对 52 个 AML 相关基因突变谱及相关通路进行了分析，并统计了基因组异常之间的相关性。

结果 共收集 71 例 AML 伴 t(8;21)变异易位患者，中位年龄 43(5-88)岁，男女比例 39:32，FAB 分型 M2 为主(19.72%)，变异易位主要累及 1,17,2,3,11 号染色体；单纯变异易位 31 例，40 例伴有额外染色体异常，主要包括 -Y 或-X(46.5%)，+4(4.23%)，del(9q)(4.23%)等；复杂核型(CK)占

(9.86%)。39 例变异易位和 207 例经典易位患者的基因组分析结果显示主要突变 KIT(46.15%vs53.14%)、NRAS(23.08%vs17.87%)、ASXL2(15.38%vs16.91%)、FLT3(15.38%vs12.08%)发生率均无统计学差异。然而, ZBTB7A 突变在变异易位中的发生率(17.95%)明显高于经典易位(3.38%)($P=0.013$)。相关性分析发现, 在变异易位中 ASXL1 与 del(9q), ASXL2 与 KRAS, FLT3 与 MGA 突变可能共发生; 经典易位中, IDH1/2 与 CK、ASXL2 与 CCND2 突变可能共发生; 在经典易位中, KIT 和 NRAS 突变可能存在互斥。信号通路富集富集结果显示, 变异与经典易位的突变多富集于信号转导、染色质修饰和转录调控通路。

结论 AML 伴 t(8;21)变异易位主要累及 1,17,2,3,11 号染色体, 并额外伴有性染色体缺失和+4, del(9q), 具有更高的 ZBTB7A 基因突变率; 基因与染色体的共存或互斥可能为进一步明确诊断和治疗方案提供依据。

PO-0813

血液病患者中孤立性 15 号染色体三体的临床价值探讨及其局限性

李建伟

天津金域医学检验实验室有限公司

目的 本文旨在深入研究并探讨血液病患者中出现的孤立性 15 号染色体三体现象的临床意义与应用价值, 同时揭示其在诊断和治疗过程中的局限性。

方法 通过对本实验室孤立性 15 号染色体三体的数据进行分析, 并对现有文献的系统回顾。

结果 孤立性 15 号染色体三体在血液病患者中的出现并无明显特异性, 均为老年患者。

结论 孤立性 15 号染色体三体在某些特定类型的血液疾病如骨髓增生异常综合症(MDS)或急性白血病中具有一定关联性, 但其作为独立的预后指标或治疗靶点的临床价值依然有限, 并且可能与年龄增长有关系。

PO-0814

沙利度胺、来那度胺和泊马度胺抗急性髓系白血病作用比较及机制研究

崔玉、李冬贝、米瑞华、陈琳、程诚、魏旭东

郑州大学附属肿瘤医院

目的 比较沙利度胺、来那度胺和泊马度胺对 AML 细胞的诱导凋亡作用和对免疫细胞功能的调节作用, 并探讨其作用机制, 以期免疫调节药物在 AML 中的应用提供理论依据。

方法 通过体外实验观察沙利度胺、来那度胺和泊马度胺对 AML 细胞增殖、凋亡、细胞周期和线粒体膜电位的影响。采用 Western blotting 和实时定量 PCR(qPCR)检测凋亡、周期、CRBN 及相关通路分子表达变化, 观察沙利度胺、来那度胺和泊马度胺对 NK 细胞、T 细胞和树突状细胞(DC)表型和亚群变化的影响。此外, 利用 CRBNi39v 小鼠和鼠源 AML 原代细胞建立 AML 模型, 体内观察沙利度胺、来那度胺和泊马度胺的抗 AML 作用及对免疫细胞的影响。

结果 沙利度胺、来那度胺和泊马度胺均可抑制 AML 细胞的增殖, 促进 AML 细胞凋亡, 上调 AML 细胞中 CRBN 的表达, 下调 CK1 α 、IKZF1、VEGFA 的表达。此外, 我们的研究表明这三种免疫调节药物均可上调 NK92-M1 细胞表面 CD56、NKG2D 和 CD107a 的表达, 上调 DC2.4 及小鼠 BMDC 细胞表面 CD86、CD83 和 MHCII 的表达, 使 Treg、CD4+T 细胞比例及 CD4+/CD8+T 比

值减少, CD8+T 细胞占比增加, 并能显著增强 T 细胞和 NK 细胞的靶细胞杀伤功能。体内实验表明沙利度胺、来那度胺和泊马度胺均能有效抑制小鼠体内 AML 细胞的增殖, 增强 T、NK 和 DC 细胞的免疫功能, 延长荷瘤小鼠的生存时间。体内和体外实验均显示泊马度胺和来那度胺上述作用均强于沙利度胺。

结论 沙利度胺、来那度胺和泊马度胺均能促进 AML 细胞的凋亡, 减轻 AML 小鼠肿瘤负荷, 延长生存, 并能够显著增强 T、NK 和 DC 细胞的免疫功能, 其中泊马度胺和来那度胺的作用明显强于沙利度胺。

PO-0815

VHAGA 方案治疗不适合 3+7 方案化疗的急性髓系白血病临床观察

卢英豪^{1,2}、刘萍^{1,2}、李艳菊^{1,2}、黄懿^{1,2}、张燕^{1,2}、王季石^{1,2}

1. 贵州医科大学附属医院
2. 贵州省血液病研究所

目的 探讨 VHAGA 方案对高危、复发、难治或 unfit 急性髓系白血病患者临床疗效, 观察造血功能恢复时间及治疗不良反应。

方法 回顾性分析我院行 VHAGA 方案治疗的 33 例急性髓系白血病患者的病例资料: 急性髓系白血病 M0 型 1 例, 急性髓系白血病 M1 型 2 例, 急性髓系白血病 M2 型 11 例, 急性髓系白血病 M4 型 10 例, 急性髓系白血病 M5 型 8 例, 急性髓系白血病 M6 型 1 例; 高危患者 11 例, 难治患者 7 例, 复发患者 5 例, 复发/难治患者 4 例, unfit 患者 6 例; 具体治疗方案: 高三尖杉酯碱 1~2mg/m² d1~7 天, 阿糖胞苷 10mg/m² q12h d1~14 天, G-CSF 5~10μg/kg/d d0~14 天, 阿扎胞苷 75mg/m² d4~10 天, 维奈克拉 100mg d1, 200mg d2, 400mg d3~14。化疗第 14 天做骨髓细胞学评估, 若骨髓原始细胞低于 5%, 给予造血支持治疗, 若骨髓原始细胞在 5~20%之间, 继续口服维奈克拉 400mg 至 28 天, 同时给予促进造血治疗, 第 28 天再做骨髓细胞学评估, 若骨髓原始细胞低于 5%, 等待造血恢复, 若骨髓原始细胞≥5%, 行造血干细胞移植或换用其它方案化疗; 若 14 天评估骨髓原始细胞≥20%, 行造血干细胞移植或换用其它方案化疗。同时观察患者外周血三系恢复、感染发生、肝肾功能损害、心功能损害、口腔黏膜炎发生等情况。

结果 33 例患者均成功完成至少 1 个疗程该方案治疗, 无治疗相关死亡病例, 中位随访时间 23 (1~36) 个月, 患者获得骨髓细胞学完全缓解率 90.90% (30/33), 2 例为部分缓解, 1 例没有缓解, 治疗反应率为 100% (33/33), 发生感染发热的比率为 63.64% (21/33), 无严重感染、肝肾功能损害、心功能损害、严重口腔黏膜炎等严重并发症发生。达到骨髓细胞学完全缓解的患者中, 中性粒细胞大于 0.5G/L 的中位时间为化疗结束后 9 (3~21 天), 血小板大于 20 G/L 的中位时间为化疗结束后 10 (3~21 天)。

结论 VHAGA 方案是治疗不适合 3+7 方案化疗的急性髓系白血病患者有效方法, 造血恢复快, 化疗不良反应可控。

PO-0816

SRSF2P95H 调控的 lncRNA 的替代剪接和表达在慢性髓性白血病的作用研究

陈怡琳¹、黎纬明²

1. 郑州大学第一附属医院

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 SRSF2 突变在慢性粒细胞白血病 (CMML)、骨髓增生异常综合征 (MDS) 等血液系统恶性肿瘤中很常见, 可能会导致疾病的发展并成为潜在的治疗靶点。lncRNA 可与 SRSF1 和 SRSF2 等剪接因子相互作用, 影响它们的剪接能力, 从而导致下游基因的剪接异常, 促进疾病进展。本研究拟探究 SRSF2 突变异常调控 lncRNAs 导致慢性髓性白血病 (CML) 发生发展的作用机制。

方法 本研究结合 SRSF2 突变和非突变 RNA-seq (GSE71299)、HITS-clip 数据 (GSE 111900) 和 CML 患者的临床数据 (GSE10026), 分析 SRSF2P95H 突变导致的 lncRNA 异常表达和剪接, 并推测其在 CML 致癌过程中可能的分子机制和作用。

结果 研究发现 SRSF2P95H 突变会导致 lncRNA 在 CML 中的差异表达和差异剪接。此外, 我们还发现 SRSF2P95H 突变可通过直接结合 lncRNAs 来调控 lncRNAs 的异常剪接, 并通过调控转录因子的替代剪接来调控 lncRNAs 的异常表达。另外, SRSF2P95H 突变也可能通过降低结合能力来下调 NFE4 的表达。本研究发现了三个关键的 lncRNA, 即 MALAT1、TUG1 和 NFE4。

结论 SRSF2P95H 突变会诱导一连串的 lncRNAs 调控事件, 这为研究 CML 的分子机制和治疗靶点提供了潜在的基础。

PO-0817

MICA 基因多态性与大颗粒淋巴细胞白血病相关性研究

朱焕玲¹、林志美²

1. 四川大学华西医院

2. 成都大学附院

目的 初步探讨 MICA 基因多态性与大颗粒淋巴细胞白血病的发病有无相关性; 分析 MICA 基因多态性与 LGLL 患者临床特征之间有无相关性。

方法 采用 PCR-SSP 方法检测 2012 年 9 月至 2014 年 12 月期间在四川大学华西医院血液内科门诊及住院的大颗粒淋巴细胞白血病患者以及同时间段体检中心健康体检者的 MICA 基因多态性, 同时收集所有大颗粒淋巴细胞白血病患者相关临床资料并进行随访。分析比较 MICA 基因多态性与大颗粒淋巴细胞白血病患者发病及临床表现有无相关性。所有数据采用 SPSS 17.0 软件进行统计分析, 以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结果 1、通过 PCR-SSP 方法检测 MICA 基因多态性, LGLL 组和正常对照组均发现 16 个等位基因, 等位基因分布前三均为 MICA*010 (29%vs27.3%)、MICA*008 (27%vs21.8%)、MICA*002/020 (19%vs18.2%)。所检测到的 16 个 MICA 等位基因分布在 LGLL 患者组与正常健康对照组之间无统计学差异;

2、100 例 LGLL 患者临床资料分析结果显示: LGLL 以淋巴细胞增多就诊最常见, 占 53% (53/100), 其次是中性粒细胞减少和贫血, 分别占 50% (50/100) 和 30% (30/100)。8% (8/100) 表现为淋巴细胞减少。最常见伴发免疫性疾病为纯红再生障碍性贫血占 25% (25/100)。其中 T-LGLL 较 NK-LGLL 更多以淋巴细胞增多就诊, 分别为 56.3% (45/80) 和 40% (8/20), 但此差异无统计学意义。二者之间其他临床特点的分析提示同样的结果。

3、通过 PCR-SSP 方法检测 MICA 基因多态性, 分析所有 LGLL 患者临床表现、实验室检查结果

及随诊结果，发现 MICA 等位基因分布在合并 PRCA 的 LGLL 患者与未合并 PRCA 的 LGLL 患者之间无统计学差异；MICA 等位基因分布在合并中性粒细胞减少的 LGLL 患者与未合并的中性粒细胞减少的 LGLL 患者之间无统计学差异。

结论 1、MICA 基因多态性与 LGLL 发病无明显相关性。

2、MICA 基因多态性与 LGLL 患者临床是否合并 PRCA、中性粒细胞减少无明显相关。

PO-0818

抑制 ID1 表达对急性髓系白血病耐药细胞的影响

陈清振

贵州医科大学附属医院

目的 本研究的目的是确定分化抑制剂 1 (ID1) 的异常高表达是否通过激活磷酸戊糖途径 (PPP) 赋予阿糖胞苷对 AML 的耐药性。

方法 在两种阿糖胞苷耐药细胞系 THP1 和 U937 中检测到比亲本细胞株 ID1 的异常高表达。将慢病毒 shRNA 或对照 shRNA 引入两种阿糖胞苷耐药细胞系中。在体外和体内评估 ID1 对细胞增殖、细胞凋亡和化疗耐药性的影响。探讨了 ID1 诱导 AML 增殖和阿糖胞苷耐药的分子信号转导机制。

结果 ID1 在阿糖胞苷耐药的 AML 细胞中上调 ($P < 0.05$)，促进 AML 细胞增殖和阿糖胞苷耐药。

沉默 ID1 在阿糖胞苷耐药的 AML 细胞系中的表达可抑制细胞增殖并使阿糖胞苷耐药细胞致死。

结论 抑制 ID1 的表达可以提高细胞对阿糖胞苷的敏感性，其逆转耐药性的作用可能与代谢表型的改变有关。

PO-0819

罕见病例报告：以多处溶骨性病变为首表现急性髓系白血病

艾利莎、吴耀辉、胡俊斌、张菁倩、牟时代、胡豫

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 急性髓系白血病的临床表现通常包括乏力、反复发热和出血。髓系肉瘤发生率较低，约 0.8-10.4%。溶骨性病变常见于多发性骨髓瘤或骨转移的前列腺癌和肺癌，在 AML 患者中并不常见。本文通过一例罕见病例报道，强调在面对多发性溶骨性病变和全血细胞减少的患者时，也应将 AML 纳入鉴别诊断。

方法 本文报告 1 例以左上臂肿块、多发性溶骨性病变和全血细胞减少为首表现，最终确诊为 AML 的病例，并通过文献复习总结诊治经验。

结果 患者为 66 岁男性，因左上肢肿块压痛和病理性骨折就诊于骨科，PET/CT 提示多处溶骨性病变伴软组织占位，提示恶性肿瘤。骨穿刺初步考虑淋巴系统肿瘤，后经左肱骨切开活检确诊为髓系肉瘤。期间，患者因反复高热和全血细胞下降转至血液科，考虑 MM，完善骨髓细胞学和免疫分型检查。患者因呼吸衰竭和神志模糊转入重症监护，考虑噬血细胞综合征，经调整抗生素和对症治疗无效，最终因呼吸循环衰竭死亡。后续骨髓细胞学和流式检测结果回报确诊为 AML。

结论 溶骨性病变在 AML 中较罕见，但在出现全血细胞减少时仍需考虑 AML 的可能。由于 AML 合并溶骨性病变的预后极差且进展迅速，尽早完善外周血涂片、骨穿等检查对于明确诊断和避免延误治疗至关重要。

PO-0820

与核心结合因子相关性急性髓系白血病 不良预后相关的基因组学特征

余顺杰、杨森、胡利娟、段文冰、赵婷、秦亚溱、王亚哲、赖悦云、石红霞、唐菲菲、孙于谦、贾晋松、王婧、卢晟晔、江浩、许兰平、王昱、张晓辉、黄晓军、江倩
北京大学人民医院

目的 探索与核心结合因子相关性急性髓系白血病（CBF-AML）预后相关的基因组学特征。

方法 采用 Cox 回归模型，回顾性分析 2017 年 1 月至 2023 年 12 月北京大学人民医院收治的 CBF-AML 病例诊断时基因组学特征、临床参数、细胞遗传学和分子学特征以及治疗中微小残留病（MRD），探索与无事件生存期（EFS）、无复发生存期（RFS）和总生存期（OS）的相关性。

结果 本研究共纳入 325 例 CBF-AML 患者，其中 201 例伴 RUNX1::RUNX1T1，124 例伴 CBF::MYH11。在 RUNX1::RUNX1T1 组中，3 年 EFS、RFS 和 OS 率分别为 38% (95%[CI], 30, 46%)、65% (57, 73%) 和 77% (69, 85%)。多因素分析显示，KDM6A 突变与较短的 EFS (HR= 2.2 [95% CI 1.0, 4.8], p = 0.037)、RFS (HR = 3.2 [1.4, 7.3], p = 0.007) 和 OS (HR = 4.7 [1.7, 12.9], p = 0.003) 显著相关; KIT D816 突变与较短的 RFS 显著相关 (HR = 2.2 [1.1, 4.4], p = 0.017); 而 ASXL1 突变与较长的 EFS 显著相关 (HR = 0.4 [0.2, 0.8], p = 0.014)。在 CBF::MYH11 组中，3 年 EFS、RFS 和 OS 率分别为 37% (25, 49%)、70% (60, 81%) 和 83% (74, 92%)。多因素分析显示，突变数量增加与较短的 EFS (HR = 1.2 [1.0, 1.3], p = 0.036) 和 OS (HR = 1.3 [1.0, 1.6], p = 0.048) 显著相关; FLT3-ITD 突变与较短的 OS 显著相关 (HR = 9.1 [1.7, 49.1], p = 0.011)。此外，在 RUNX1::RUNX1T1 组中，年龄增加、非强化诱导化疗和首次巩固治疗后 MRD 水平降低 < 3 log 预测较短的 EFS、RFS 或 OS; 在 CBF::MYH11 组中，较高的血小板计数与较好的 EFS、RFS 或 OS 相关。

结论 KDM6A 突变和 KIT D816 突变是伴 RUNX1::RUNX1T1 AML 患者预后不良的因素；基因突变数量增加和 FLT3-ITD 突变是伴 CBF::MYH11 AML 患者预后不良的因素。

PO-0821

低血小板计数、非强化化疗和 IKZF1 突变与 CEBPA-bZip 突变的急性髓系白血病患者预后不良相关

余顺杰、杨森、胡利娟、段文冰、赵婷、秦亚溱、王亚哲、赖悦云、石红霞、唐菲菲、孙于谦、贾晋松、王婧、卢晟晔、江浩、许兰平、王昱、张晓辉、黄晓军、江倩
北京大学人民医院

目的 探索与 CEBPA-bZip 突变急性髓系白血病（AML）患者预后相关的临床和基因组特征。

方法 采用 Cox 回归模型，回顾性分析 2017 年 1 月至 2023 年 12 月北京大学人民医院收治的 CEBPA-bZip AML 病例诊断时基因组学特征、临床参数、细胞遗传学和分子学特征，探索与无事件生存期（EFS）、无复发生存期（RFS）和总生存期（OS）的相关性。

结果 本研究共纳入 199 例伴有 CEBPA-bZip 突变的 AML 患者。173 例患者接受强化化疗(高三尖杉酯碱-阿糖胞苷-盐酸阿克拉霉素 [HAA, n = 51] 方案和伊达比星-阿糖胞苷 [IA, n = 122]) 方案，以及大剂量阿糖胞苷为基础的巩固治疗方案，26 例患者接受非强化化疗方案(低剂量阿糖胞苷为基础或维奈克拉+阿扎胞苷方案)。3 年的 EFS、RFS 和 OS 率分别为 48%(95%[CI], 40, 56%)、54%(45, 63%) 和 79%(71, 87%)。多因素分析显示，血小板计数 < 30×10⁹/L 与较差的 EFS (HR = 2.0 [1.2, 3.2], p = 0.004)、RFS (HR = 2.6 [1.5, 4.4], p = 0.001) 和 OS (HR = 2.6 [1.2, 5.6], p = 0.018) 显著

相关; IKZF1 突变 (HR = 3.4 [1.7, 7.0], $p = 0.001$ 和 HR = 4.2 [2.0, 8.6], $p < 0.001$) 和非强化化疗 (非强化化疗 vs. HAA 方案, HR = 7.0 [2.9, 17.1], $p < 0.001$; 非强化化疗 vs. IA 方案, HR = 2.8 [1.5, 5.4], $p = 0.002$; IA 方案 vs. HAA 方案, HR = 2.3 [1.1, 4.6], $p = 0.022$; 非强化化疗方案 vs. HAA 方案, HR = 9.3 [3.2, 26.8], $p < 0.001$; 非强化化疗 vs. IA 方案, HR = 2.8 [1.3, 5.8], $p = 0.007$; IA 方案 vs. HAA 方案, HR = 2.9 [1.2, 6.7], $p = 0.015$) 与较差的 EFS 和 RFS 显著相关。

结论 血小板计数 $< 30 \times 10^9/L$ 、IKZF1 突变和非强化化疗与 CEBPA-bZip 突变 AML 患者预后不良相关。

PO-0822

成人急性淋巴细胞白血病中枢复发的影响因素

梁海梅、周红升
南方医科大学南方医院

目的 探讨成人急性淋巴细胞白血病 (ALL) 中枢复发的影响因素。

方法 回顾性分析南方医科大学南方医院血液科 2006 年 1 月至 2021 年 12 月期间诊断的 ALL 患者 1005 人的临床资料, 其中排除 67 名原发的中枢神经系统白血病 (CNSL) 患者, 以中枢复发为结局, 直接纳入所有变量进行单、多因素分析。

结果 单因素分析发现: 发病时高白细胞状态 ($OR=2.47, P<0.001$)、LDH $\geq 600 IU/L$ ($OR=3.16, P<0.001$) 是中枢复发的高危因素。采用儿童样方案 ($OR=0.62, P=0.038$)、移植 ($OR=0.49, P=0.001$) 显著减少中枢复发。多因素分析发现: 发病时高白细胞状态 ($OR=3.15, P<0.001$)、LDH $\geq 600 IU/L$ ($OR=3.88, P<0.001$)、复杂核型 ($OR=2.45, p=0.04$) 是中枢复发的高危因素。采用儿童样方案 ($OR=0.6, P=0.037$)、移植 ($OR=0.5, P=0.003$) 显著减少中枢复发 (表 1)。

结论 发病时高白细胞状态、LDH $\geq 600 IU/L$ 、复杂核型是成人 ALL 中枢复发的高危因素, 而采用儿童样方案、移植可以显著减少中枢复发。

PO-0823

无法缓解的复发/难治急性 B 淋巴细胞白血病 一站式 CART 桥接移植诊治策略

罗成娟、汤燕静、罗长纓、黄小航、林宇辰、覃霞、朱华、李本尚、陈静
上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心

目的 针对极端难治, 疾病处于未缓解状态的儿童 B-ALL, 且无法获得有效自体 CART 细胞患者, 采用一站式移植预处理减负, 进行非编辑的异体 CAR-T 细胞, 衔接无预处理的同一供体的造血干细胞移植治疗。

方法 以清髓性预处理作为 CART 前的白血病减负及免疫功能清除; 以非体外编辑的异体 CART 重获免疫杀伤作用、清除白血病细胞; 再无缝桥接无预处理的同一供体造血干细胞移植以获得快速造血重建。

结果 自 2020 年 10 月-2024 年 3 月共 29 例多次复发/难治未缓解儿童 B-ALL 纳入本研究, 除 2 例年龄小于 3 岁患者采用减低强度 (TBI 3GY, -7d, CTX60mg/kg, -6d, BU4mg/kg, -5d~-4d, MEL 140mg/m², -3~-2d, Fludarabine160mg/m², -5~-2d,) 预处理外, 其余病人均采用以 TBI 为主 (TBI12GY, -7d~-5d, Fludarabine160mg/m², -5~-2d, CTX120mg/kg, -4d~-3d) 的清髓预处理

方案,于 0d 回输 CART 细胞,待 CRS 高峰期过去后,直接输注供体造血干细胞,全相合同胞供者(n=6)采用未经任何处理的干细胞,单倍体供者(n=21)及不全相合无关供者(n=2)采用体外去除 TCR $\alpha\beta$ +细胞移植以减轻 GVHD。除 14 例 CD19 靶点丢失采用 CD22-CART 治疗,其余病人均接受 CD19/CD22 双靶点 CART 细胞治疗。

所有病人入组前经历了 2-5 次复发、除 1 例病人入组前未接受过 CART 治疗外,其余 28 例入组前接受过 1-4 次 CART 治疗,入组前平均幼稚比例 65.8% \pm 24.6%,中位年龄 9.4 (1.5-17.7) 岁,存活病人中位随访 13.7 (3-43.7) 月,中位死亡时间 2 月 (9 天~8 月),平均输注 CART 细胞数 (4.85 \pm 2.45) \times 10⁶/kg, CD34+细胞数 6.79 \pm 2.56 \times 10⁶ /kg, CART 到移植中位间隔时间为 12 (7~15) 天。8/29 例(27.6%)患儿经预处理后 MRD 转阴,16/29 (55.2%) CART 后至移植前 MRD 转阴,到移植后 1 月,仅 1 例未达 CR。28/29 (96.6%) 例患儿发生了 CRS,75%达 3 级以上,2 例合并 ICANS,无 CRS 相关死亡。除 3 例在移植前死于感染外,22/26 (84.6%) 例的患者在移植前出现急性移植物抗宿主病 (aGVHD),3 度以上占 5/26 (19.2%) 例。除移植前死亡患者外,其余患者在移植前供者 T 细胞均达到完全嵌合状态。几乎所有病人移植期间均出现了不同病原体尤其是病毒感染。至末次随访,复发 5 例,死亡 12 例,放弃 1 例,2 年总体生存率 (OS) 为 53.2% \pm 10.4%,EFS 为 43.5% \pm 10.1%

结论 一站式非编辑的异体 CART 桥接造血干细胞移植治疗为极端难治/复发 B-ALL 提供了生存机会,治疗过程中的 CRS 及 GVHD 基本可控,但面临更严重的感染风险。

PO-0824

湖北地区慢性髓系白血病合并乙肝的治疗策略探讨

余甜¹、黎纬明²、余涛¹

1. 三峡大学附属仁和医院

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科

目的 统计湖北省地区 CML 患者中 HBVr 的发病情况,分析相关的危险因素,判断其危险分层,综合评价 TKI 的肝毒性,综合给出适宜的管理策略。

方法 通过湖北省慢性髓系白血病协作组“慢粒学院”APP,选取从 2006 年 10 月至 2023 年 10 月的接受 BCR-ABL1 TKI 治疗的 CML 患者。50 例乙肝表面抗原阳性患者和 58 例乙肝核心抗体阳性患者作为第一部分研究对象,分析 TKI 相关的 HBVr 情况。249 例肝功能异常者和 580 例肝功能正常者作为第二部分研究对象,比较不同 TKI 的肝毒性差异。使用二元 Logistic 回归分析得出 HBV 再激活的危险因素。应用 Kaplan Meier 法计算 HBVr 累积发生率。采用卡方检验探究不同情况下预防性抗病毒治疗的必要性及不同 TKI 的肝毒性差异。使用秩和检验比较 TKI 与乙肝导致的肝功能异常在其对应指标上的差异。

结果 (1) 经单因素 logistic 回归分析,糖尿病 (P=0.037)、HBsAg 阳性 (P=0.01)、抗-HBs 阴性 (P=0.002)、肝纤维化 (P=0.035) 与 HBVr 的发生呈正相关。多因素分析显示,糖尿病 (P=0.029) 是 CML 患者发生 HBVr 的独立危险因素。(2) HBsAg 阳性患者 HBVr 率为 24%; HBsAg 阴性患者 HBVr 率为 5.17%。HBsAg 阳性患者在 6 月、12 月、18 月、2 年、5 年的累积再激活率分别为 6.21%、12.91%、15.2%、17.56%、27.98%,而 HBsAg 阴性患者分别为 0、1.96%、1.96%、4.76%、7.65%,两组之间具有统计学差异 (P=0.014)。(3) 在 86 例没有进行预防性抗病毒患者中,抗-HBs 阳性组在 6 月、12 月、18 月、2 年、5 年的累积再激活率分别为 1.85%、3.94%、6.4%、6.4%、6.4%,而抗-HBs 阴性组分别为 7.41%、15.46%、15.46%、23.91%、40.41% (P=0.0005)。(4) 在 50 例接受 TKI 治疗的 HBsAg 阳性患者中,预防性抗病毒与未进行预防的患者导致 HBVr 的风险存在统计学差异;而在 58 例 HBsAg 阴性患者中两种治疗选择无明显差别。(5) 药物性肝损组和乙肝相关肝损组在丙氨酸转氨酶 (P=0.003)、天冬氨酸转氨酶 (P<0.001)、 γ -谷氨酰转肽酶 (P=0.025) 水平上有统计学差异,且乙肝组更高。(6) 尼

洛替尼导致肝功能异常的风险显著高于其他 3 种 TKI

结论 TKI 的使用会增加 HBVr 发生的风险，所有接受 TKI 治疗的患者要常规筛查乙肝血清学及肝功能。HBsAg 阳性的 CML 患者属于高危风险，需要进行预防性抗病毒治疗；HBsAg 阴性的患者属于中危风险，需密切监测乙肝血清学状态和肝功能。抗-HBs 阴性的患者，尤其合并 HBsAg 阳性，建议接种乙肝疫苗加强针。就肝毒性不良反应而言，不建议优先选择尼洛替尼治疗 CML。

PO-0825

慢性髓性白血病的骨髓组织病理学及遗传学特点分析

蒋孟、杨利群

成都华银医学检验所有限公司

目的 探讨慢性髓性白血病（CML）的骨髓组织病理学、临床及遗传学特征，为提高诊断准确性提供依据。

方法 收集 2021 年 3 月至 2024 年 5 月之间共 188 例初诊 CML 患者的骨髓活检，对其临床资料、病理学特征、细胞遗传学、分子遗传学及荧光原位杂交（FISH）进行回顾性分析。

结果 188 例初诊 CML 患者以白细胞升高为主，中性粒细胞百分比升高，多数伴有血小板升高。188 例患者中有 79 例提供了脾脏肿大病史，有 52 例（65.8%）有脾脏肿大。骨髓增生相对年龄明显活跃或极度活跃，粒系显著增生，以中、晚幼粒细胞为主，红系显著减少，巨核细胞增多，胞体偏小，核分叶减少，呈非单圆核的“侏儒”样巨核细胞。188 例中有 2 例为急变期，其余 186 例均为慢性期。7 例患者同时行染色体核型分析、分子检测及 FISH 检测，结果一致，均为阳性。89 例患者同时行染色体核型分析和分子检测，其中 86 例（96.6%）检测结果一致，均为阳性；其余 3 例分子检测结果为阳性，染色体核型分析为正常核型。6 例患者同时行染色体核型分析和 FISH 检测，检测结果一致，均为阳性。有 2 例患者同时行分子检测和 FISH 检测，其中 1 例 FISH 检测结果为阳性，分子检测结果为阴性。

结论 骨髓活检具有直观、全面等优点，对 CML 的诊断十分重要，骨髓染色体核型分析、分子检测和 FISH 对 CML 具有诊断性意义，三者互为补充，应联合检测提高 CML 诊断率。

PO-0826

急性髓系白血病中糖代谢相关基因表达分析

丁梅

山东第一医科大学附属省立医院

目的 急性髓性白血病(AML)是造血干细胞异常克隆性增殖的血液系统恶性肿瘤。目前，在恶性肿瘤的发病机制中，代谢异常，尤其是葡萄糖代谢已成为一个重要的研究方向之一，在多种恶性肿瘤细胞的代谢途径研究中发现了不同的表达与生存的相关性。本研究通过分析葡萄糖代谢相关(GMR)基因表达情况，探讨糖代谢异常与 AML 发病机制及其与患者临床指标的相关性。

方法 从 GEO 数据库下载 AML 患者的临床信息和基因表达信息，通过基因集富集分析(GSEA)获得 GMR 差异基因表达数据集。收集 AML 患者骨髓血标本 58 例，以健康供者外周血单个核细胞为对照。通过定量 RT-PCR 方法检测 GMR 相关基因 POGlut1、HK1、HK2、HK3、PKM、IDHA、VDAC1、VDAC2、VDAC3、PFKL 在 AML 和健康供者中的表达情况。

结果 与健康供者单个核细胞相比，AML 患者中 GMR 相关基因 POGlut1、HK1、HK2、HK3、PKM、IDHA、VDAC1、VDAC2、VDAC3、PFKL 的表达量明显升高 ($p < 0.05$)；然而，AML 病例之间具有明显变异性，且与主要临床特征（白细胞计数、危险度分层、骨髓原始细胞比例）无明显相关性。

结论 AML 患者存在糖代谢相关基因表达的改变，糖酵解反应有可能在 AML 疾病机制中具有重要的意义，可能为临床治疗提供新的靶点和方向。

PO-0827

PARD3 高转录水平—成人普通 B 系急性淋巴细胞白血病复发的潜在独立危险因素

徐衍

郑州大学第一附属医院

目的 探讨 PARD3 (Par-3 Family Cell Polarity Regulator) 在成人普通 B 系急性淋巴细胞白血病 (Common-B-cell acute lymphoblastic leukemia, Common-B-cell ALL) 患者中的预后意义。

方法 收集自 2014 年 1 月至 2017 年 10 月期间郑州大学第一附属医院收治的具有完整临床和实验室数据的初诊成人 Common-B-cell ALL 患者 87 例，对其随访直至死亡、失访或 2019 年 3 月。应用实时定量聚合酶链反应(real-time quantitative polymerase chain reaction, RQ-PCR)方法检测骨髓单个核细胞中 PARD3 的转录水平。Kaplan-Meier 用于无复发生存 (relapse free survival, RFS) 分析，并进行 log-rank 检验，Cox 比例风险回归模型进行多因素分析。应用后退法将 $P>0.1$ 的变量逐渐剔除， $P<0.05$ 为具有统计学意义。

结果 87 例初诊成人 Common-B-cell ALL 患者 PARD3 的中位转录水平为 37.31% (0~755.33%)。以 PARD3 转录水平的中位值将所有 Common-B-cell ALL 分为两组：PARD3 高转录组和 PARD3 低转录组，对其进行预后分析。分析显示，PARD3 高转录组的 5 年 RFS 显著低于 PARD3 低转录组 (50% vs. 89%, $P=0.003$, 图 1)。为进一步明确 PARD3 对成人 Common-B-cell ALL 预后的影响，将以下因素纳入多因素分析：年龄 (≥ 35 岁 vs. <35 岁)、BCR/ABL (+ vs. -)、治疗方案 (仅化疗 vs. 移植)，以及初诊时 PARD3 的转录水平 (高 vs. 低)。Cox 分析结果显示：PARD3 高转录水平 (HR=3.21 [1.04~9.80]; $P=0.041$) 以及仅接受化疗治疗 (HR=3.81 [1.55~9.37]; $P=0.004$) 是成人 Common-B-cell ALL 复发的独立危险因素。

结论 PARD3 高转录水平可能是成人普通 B 系急性淋巴细胞白血病复发的潜在独立危险因素，可能在分层诊断和预后评估中发挥一定作用。

PO-0828

PARD3 在急性白血病中的异常转录水平可能与长链非编码 RNA PARD3-AS1 的调控相关

徐衍

郑州大学第一附属医院

目的 前期研究发现 PARD3 (Par-3 Family Cell Polarity Regulator) 在成人 B 系急性淋巴细胞白血病 (B-cell acute lymphoblastic leukemia, B-cell ALL) 患者的骨髓单个核细胞中转录水平升高，本研究旨在探索初诊成人急性白血病患者骨髓单个核细胞及相关细胞系中长链非编码 RNA PARD3-AS1 (PARD3 antisense RNA 1) 的转录水平，并探讨两者相关性。

方法 纳入在郑州大学第一附属医院收治的 30 例初治成人 B-cell ALL 患者、13 例初治成人急性髓系白血病 (Acute myelocytic leukemia, AML) 患者，以及 13 例健康供者骨髓样本。同时纳入 6 个急性白血病细胞系 BV-173、SUP-B15、BALL-1、Nalm6、Kasumi-6 和 HEL。以 ABL1 为内参基因，应用实时定量聚合酶链反应(real-time quantitative polymerase chain reaction, RQ-PCR)方法

检测 PARD3 与 PARD3-AS1 的转录水平。应用 Spearman 法分析 PARD3 与 PARD3-AS1 转录水平的相关性

结果 PARD3 与 PARD3-AS1 在初治成人 B-cell ALL 患者骨髓单个核细胞中的中位转录水平分别为 20.39% (0.10~122.67%) 和 0.27% (0~6.37%)，相关系数为 0.65， $P<0.001$ ；在初治 AML 患者骨髓单个核细胞中的中位转录水平分别为 0.86% (0.1~10.03%) 和 0.18% (0.03~0.71%)，相关系数为 0.59， $P=0.03$ ；在健康供者骨髓单个核细胞中的中位转录水平分别为 6.04% (0.73~11.57%) 和 0.28% (0.04~4.58%)，相关系数为 0.52， $P=0.06$ 。PARD3 与 PARD3-AS1 在白血病细胞系中的转录水平分别为 0.29% (0~0.63%) 和 33.32% (0~630.8%)，相关系数为 0.89， $P=0.03$ 。

结论 PARD3 在急性白血病细胞中的转录水平与长链非编码 RNA PARD3-AS1 呈正相关，其可能受 PARD3-AS1 的调控从而在急性白血病的病理机制中发挥一定作用。

PO-0829

低深度基因组测序检测拷贝数变异评估 AML 患者预后的多中心临床试验

朱尊民¹、宋庆林²、李玉华³、翁建宇⁴、魏旭东⁵、邢宏运⁶、常银银⁷、李曼倩⁷、闫素素⁷、涂士春⁷、宋永平⁸

1. 河南省人民医院
2. 焦作市人民医院
3. 南方医科大学珠江医院
4. 广东省人民医院
5. 河南省肿瘤医院
6. 西南医科大学附属医院
7. 河南申友医学检验所有限公司
8. 郑州大学第一附属医院

目的 拷贝数变异(CNA)是急性髓系白血病(AML)诊断和预后评估的重要因素。本研究旨在探究全基因组低深度测序(sWGS)用于 CNA 检测的性能表现，分析 AML 中常见 CNA 类型及其在患者预后评估中的作用。

方法 本研究为正在进行的多中心临床试验，目前收集郑州大学第一附属医院等 7 家医院收治的 43 例年龄 ≥ 18 岁的初诊 AML 患者的临床资料和骨髓样本(2023.11-2024.03)。通过 sWGS 检测样本中的 CNA，与核型分析结果进行比较，探索 sWGS 用于 CNA 检测的灵敏度和特异性，以及与核型分析的一致性。通过 GISTIC 分析确定显著变异的基因组区域，结合基因突变和融合基因检测结果，探究 AML 中 CNA、基因突变和融合基因的相关性及对患者预后判断的影响。

结果 sWGS 对 CNA 检测的特异性为 97.5%，灵敏度为 85.7%，与核型分析一致性为 97.3%。43 例患者中有 23 例(53.5%)存在 CNA。在染色体水平，5、7、8、11 和 Y 染色体存在较高变异频率。在染色体臂水平，常见扩增区域包括 5p15.33 (TERT)、6q27、7p22.2 (CARD11)、7q36.1 (EZH2、KMT2C)，常见缺失区域包括 3q29 (MUC4、TFRC)和 18p11.32。CNA、基因突变和融合基因相关性分析显示，del(5q)的发生常伴高危基因突变；复杂核型患者常伴 del(7q)/-7、TP53 突变等高危异常。

结论 sWGS 对 CNA 的检测有较高的敏感性，且与核型分析一致性高。CNA、基因突变和融合基因三者密切相关，但需要更多数据分析三者的关系及预后相关性。

PO-0830

急性早幼粒细胞白血病新型融合基因 ANKRD34C-RARA 的鉴定陈悦¹、潘梦格²、陈兰昕²、彭苗新²、刘真瑜²、方怡然²、杜颖²、杨永公²、许佩佩²

1. 江苏大学鼓楼临床医学院

2. 南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 1 位 30 岁男性患者因“皮肤瘀斑 1 月余，牙龈出血 7 天”入我院就诊。行血常规、凝血功能、骨髓穿刺、骨髓涂片及流式细胞术免疫表型等检查，临床诊断急性早幼粒细胞白血病（APL），予全反式维甲酸联合三氧化二砷的治疗。使用 PML-RARA 双色双融合探针进行 FISH 分析，检测到 PML-RARA 的融合，阳性信号的百分率高达 92%。染色体核型分析发现不仅仅有 15 和 17 号染色体易位，具体确定核型为 46, XY, t(1;3)(q12;p24), t(4;8)(p16;p12), t(15;17;22)(q24;q21;q13)[1]/46,XY[19]，并非目前所认知的融合基因。考虑到有 RARa 基因重排异常的可能，对该病人外周血进行转录组（mRNA）测序，发现一种新的融合基因---ANKRD34C-RARA，因此，对 ANKRD34C-RARA 融合基因进一步分析，探究该新型融合基因与 APL 发病关系。

方法 通过免疫荧光实验，探索 ANKRD34C-RARA 融合蛋白在 APL 细胞内的分布；进行免疫共沉淀实验，检测 ANKRD34C-RARA 是否可以与自身结合形成同源二聚体，并与 RXRA 结合形成异源二聚体。免疫印迹、WB 等方法探索 ANKRD34C-RARA 促 APL 细胞增殖机制。

结果 免疫荧光实验结果显示 ANKRD34C-RARA 融合蛋白在细胞核内分布；在全反式维甲酸作用下，ANKRD34C-RARA 融合蛋白表达下调。免疫共沉淀结果发现 HA 标记的 ANKRD34C-RARA 可以被 FLAG 标记的 ANKRD34C-RARA 免疫共沉淀，同时，RXRA 可以被 FLAG 标记的 ANKRD34C-RARA 免疫共沉淀。这表明 ANKRD34C-RARA 可以与自身结合形成同源二聚体，并与 RXRA 结合形成异源二聚体。我们在单核细胞中表达了空载体及 HA 联合 FLAG 标记的 ANKRD34C-RARA，并研究了下游靶点，结果表明 ANKRD34C-RARA 融合基因可以激活 PI3K-AKT 信号通路中的关键分子 AKT，推测可能通过 PI3K-AKT 相关通路以及激活抗细胞凋亡能力来促进白血病的细胞的增殖能力。此外，在经过了 ATRA 作用后，免疫印记显示 BCL-2、p-ERK 上调，CDK9、p-AKT 下调，p-STAT3 没有变化，这表明 ATRA 可能抑制 ANKRD34C-RARA 诱发的单核细胞中的信号转导。

结论 确定了 ANKRD34C-RARA 是另一种新的 RARA 融合基因，其与 APL 发生发展密切相关。且本研究证明可通过多种检测技术手段验证 ANKRD34C-RARA 融合基因，并通过研究其发病机制为寻求有效的治疗方法提供思路，从而为 APL 进一步分型和精准治疗提供实验支持及理论依据。

PO-0831

TKIs 联合去甲基化药物（阿扎胞苷）治疗进展期慢性髓系白血病的多中心临床研究

杨竺铭、洪振亚

华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 评估酪氨酸激酶抑制剂（tyrosine kinase inhibitors, TKIs）联合去甲基化药物阿扎胞苷±小剂量化疗在治疗急变期（blast phase, BP）及加速期（accelerated phase, AP）慢性髓系白血病（chronic myeloid leukemia, CML）患者的疗效以及安全性。

方法 本研究共纳入 41 名患者（CML-BP 患者 27 名，CML-AP 患者 14 名）。阿扎胞苷按 75mg/m²的剂量在每周期的第 1 到 7 天给药，根据患者的 BCR-ABL 激酶区突变等选择合适的 TKIs，每周共 28 天。是否加用低剂量化疗取决于患者一个周期治疗后的反应情况。

结果 由于 6 名患者治疗不满 1 周期，或仅治疗 1 周期就更换了治疗方案或放弃治疗退组，最终纳入统计的患者共 35 例。共有 27 名患者（77.1%）达到了主要血液学缓解（major hematological response, MaHR），其中 18 名患者（51.4%）达到了完全血液学缓解（complete hematological response, CHR），9 名患者（25.7%）无白血病证据（no evidence leukemia, NEL）。完全细胞遗传学缓解（complete cytogenetic response, CCyR）和部分细胞遗传学缓解（partial cytogenetic response, PCyR）率分别为 46.2%和 3.8%。早期分子学缓解（early molecular response, EMR, 3 个月内 BCR-ABL IS \leq 10%）、MR2.0（6 个月内 BCR-ABL IS \leq 1%）、主要分子学缓解（major molecular response, MMR, 12 个月内 BCR-ABL IS \leq 0.1%）和分子学无法检测（undetectable minimal disease, UMD, 12 个月内在可扩增 ABL1 转录本水平下无法检测到 BCR-ABL1 转录本）率分别为 9.1%、6.1%、12.1%和 9.1%。中位无进展生存期（progression-free survival, PFS）为 8.3 个月。中位总体生存期（overall survival, OS）为 9.0 个月，达到血液学缓解的患者的总体生存期显著高于未达到血液学缓解的患者（OS 未达到 vs 4.1 个月， $P<0.05$ ）。21 名患者出现了 3 级以上的血液学不良反应（adverse events, AEs），占总体的 51.2%，其中，22.0%的患者出现了中性粒细胞缺乏，17.1%的患者出现了血小板减少，12.2%的患者同时出现了中性粒细胞缺乏以及血小板减少。

结论 总体而言，TKIs 联合阿扎胞苷 \pm 低剂量化疗对于进展期的 CML 患者是一种耐受性良好且有效的治疗方案，为桥接造血干细胞移植治疗提供了机会。

PO-0832

急性髓系白血病患者应用维奈克拉联合阿扎胞苷门诊维持治疗的疗效和安全性分析

聂子元、李霄雨、李梦瑶、张晓红、李金澳、湛颖、张晓蕾、任金海、郭晓玲
河北医科大学第二医院

目的 探讨 AML 患者在门诊接受维奈克拉联合阿扎胞苷治疗的疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2021 年 7 月至 2024 年 5 月于河北医科大学第二医院血液内科门诊接受 VA 方案（维奈克拉 400mg d1-28，阿扎胞苷 100mg d1-7；如合并唑类，维奈克拉减至 100mg/d，同时根据患者耐受性调整给药天数）维持治疗的 AML 患者，所有患者前期经住院 VA 方案诱导获得完全缓解或伴血液学不完全恢复（CR+CRi）后入组。不良事件（AEs）按照 CTCAE5.0 进行分级，采用 Kaplan-Meyer 法进行生存分析。

结果 共纳入 29 例患者，其中男性 15 例（51.7%），中位年龄 62（30-85）岁。初治 AML17 例（58.6%），复发/难治 AML12 例（41.4%）；原发 AML23 例，继发 AML3 例，复发急性早幼粒细胞白血病（APL）3 例。中位随访 11.9（2-35.1）个月，中位治疗 6（2-24）个周期，1 年总生存（OS）率、无复发生存（RFS）率分别为 96.6%、76.2%。最常见的 AE 为血液学 AE，3-4 级中性粒细胞减少的发生率为 34.5%（10/29），3-4 级血小板减少的发生率为 31.0%（9/29）。51.7%（15/29）的患者阿扎胞苷给药时长减至 5 天，维奈克拉中位给药时长 14（7-28）天，第 1、2、3 周期维奈克拉的平均给药剂量分别为 311 \pm 139.60mg、285 \pm 151.91mg、311 \pm 138.42mg。

结论 本研究表明，维奈克拉联合阿扎胞苷在门诊治疗是可行的。但本研究仍存在局限性，未来有待开展多中心前瞻性研究以进一步探索门诊治疗在中国医疗环境下的可行性。

PO-0833

数字 PCR 和高深度 NGS 方法在儿童 AML/ALL 患者中 MRD 监测的比较性研究

曹静¹、刘嵘¹、郭素娟²、梁超²、温继微²

1. 首都儿科研究所附属儿童医院

2. 迪安诊断血液事业部

目的 比较数字 PCR (ddPCR) 与高深度 NGS 方法检测儿童 AML/ALL 患者 MRD 基因水平的差异性、相关性和一致性。

方法 收集 2021 年 5 月至 2024 年 5 月期间, 在首都儿科研究所附属儿童医院就诊的 AML 和 ALL 患者的骨髓标本, 纳入患者至少获得完全细胞遗传学反应 (CCyR), 监测时间点包括诱导治疗后、移植/巩固治疗后、维持治疗期间。同时采用 ddPCR 和高深度 NGS (平均测序深度 200wX) 方法检测致病基因已知位点的表达水平, 采用 Kruskal-Wallis 检验、Kendall 秩相关性分析、Cohen's Kappa 分析比较两种方法检测结果的差异性、相关性、一致性。

结果 51 例儿童 AML/ALL 患者的 102 对骨髓样本分别采用 ddPCR 与高深度 NGS 方法检测致病基因的表达水平。除无检测数据外, ddPCR 的阳性检出率为 19%, 高深度 NGS 的阳性检出率为 78%, 两种方法检测结果有统计学差异 ($P < 0.01$), 差异集中分布在 NGS 结果 $\leq 0.1\%$ 的低频基因突变水平。两种方法检测结果具有低度相关性 ($r = 0.255$, $P < 0.05$), 但随着分子缓解程度加深, 这种相关性逐渐减弱甚至消失。目前数据分析表明, 两种方法检测结果的一致性不高 ($P > 0.05$, Kappa = 0.0285)。

结论 ddPCR 与高深度 NGS 在儿童 AML/ALL 患者 MRD 基因水平的监测中具有一定的差异性和相关性, 高深度 NGS 相较于 ddPCR 具有更高的灵敏度和检出率, 可能更适合深度缓解的儿童 AML/ALL 患者 MRD 监测, 为指导后续治疗提供依据。

PO-0834

β -AR 在急性 T 淋巴细胞白血病上的表达及临床意义

徐艳朋、罗艳、张平平、陈艳、何志旭

遵义医科大学附属医院

目的 明确 T-ALL 患儿白血病细胞上 β -AR 的表达情况, 并分析 β -AR 对 T-ALL 患儿危险度及预后的影响。

方法 应用 GEPIA、TCGA、TIMER 等数据库分析白血病等 31 种恶性肿瘤上 β -AR 三个亚型 $\beta 1$ -AR、 $\beta 2$ -AR 及 $\beta 3$ -AR 的表达及其与肿瘤患者预后的关系。其次, 收集 2019 年 1 月至 2022 年 12 月于遵义医科大学附属医院住院治疗的儿童 T-ALL 初诊、缓解及非血液系统疾病的患儿的临床资料及骨髓标本, 采用 Western blot 检测 β -AR 蛋白的表达。此外, 将 T-ALL 患儿的临床资料分类, 分析不同 β -AR 亚型与 T-ALL 患儿危险度及预后的关系, 及其对 T-ALL 患儿预后的影响。

结果 1) 数据库分析提示: 急性髓系白血病 (AML) 上 $\beta 2$ -AR 为高表达, 而 $\beta 1$ -AR 及 $\beta 3$ -AR 为低表达, 且三个 β -AR 亚型对 AML 患者的生存率均无显著影响; 但检索结果未见 ALL 上 β -AR 的相关表达数据。2) T-ALL 初诊组中 β -AR 三个亚型 $\beta 1$ -AR、 $\beta 2$ -AR、 $\beta 3$ -AR 蛋白均异常高表达, 与对照组及 T-ALL 缓解组比较, 差异具有统计学意义 ($P < 0.05$); 而对照组与 T-ALL 缓解组间比较, 三个 β -AR 亚型表达的差异均无统计学意义 ($P > 0.05$)。3) $\beta 3$ -AR 与 T-ALL 患儿的危险度及预后正相关, $\beta 3$ -AR 的异常高表达是 T-ALL 患儿高危及预后不良的危险因素。

结论 T-ALL 患儿白血病细胞上存在 β -AR 的异常高表达, 且 β -AR 表达水平的下降可作为 T-ALL 患儿缓解的指标。此外, $\beta 3$ -AR 异常高表达是 T-ALL 患儿发生高危及预后不良的独立危险因素。

PO-0835

伯基特样的 B 细胞急性淋巴细胞白血病的特征分析

钱宇、金洁

浙江大学医学院附属第一医院

目的 伯基特白血病/淋巴瘤(Burkitt leukemia/lymphoma, BL)是一种高度侵袭性的血液系统恶性肿瘤,其特点是细胞含有丰富的嗜碱性细胞质和脂滴空泡,具有成熟的 B 细胞免疫表型。而一些 B 细胞急性淋巴细胞白血病(B-ALL)在形态上与 BL 相似,但具有不成熟的 B 细胞免疫表型。在本研究中,我们旨在探讨这些“BL 样 B-ALL”患者的分子和临床特征。

方法 对浙江大学第一附属医院 B-ALL 患者的分子及临床特点进行分析。对 BL 样的 B-ALL 进行 RNA-seq 分析,研究细胞空泡形态的机制。

结果 我们分析了 71 例骨髓涂片表现为 burkitt 形态的 B-ALL 患者,其中 22 例存在 IDH1 突变。在 221 例 B-ALL 患者中,BL 样患者的 OS 和 EFS 明显短于其他患者(中位 567 天 vs 未达到,中位 238 天 vs 480 天; $P=0.0082, 0.0350$)。对 27 例 BL 样 B-ALL 患者的 RNA-seq 数据进行 GSEA 分析,与 31 例非 BL 样 B-ALL 患者相比,脂肪酸代谢途径显著富集。此外,我们分析了 251 例 B-ALL 患者诊断时的血清甘油三酯(TG)、总胆固醇(TC)、低密度脂蛋白-胆固醇(LDL-C)、高密度脂蛋白-胆固醇(HDL-C)水平,其中 62 例 BL 样 B-ALL 患者的 TG 和 TC 水平显著升高($p=0.0006, p=0.0040$),而两组之间 LDL-C 和 HDL-C 水平无显著差异。我们还追踪了一名 IDH1 突变的 BL 样患者,发现缓解期 IDH1 突变和 burkitt 形态消失,而该基因突变和形态在患者疾病复发时再次出现。在 221 例 B-ALL 患者中, IDH1 突变 B-ALL 患者的 EFS 较其他 B-ALL 患者显著缩短($p=0.0199$)。

结论 IDH1 突变的 B-ALL 表现为伯基特样的 B-ALL。BL 样的 B-ALL 患者脂质代谢水平较高,预后较差。

PO-0836

基于急性髓系白血病单细胞转录组肿瘤微环境预后评分模型的构建和验证

缪佩文、钱申贤

杭州市第一人民医院(浙江大学医学院附属杭州市第一人民医院)

目的 在单细胞层面探索急性髓系白血病(Acute Myeloid Leukemia, AML)肿瘤微环境转录组的异质性,并建立预后评分模型,从而更好地了解 AML 预后不良的机制,并为复发/难治性 AML 患者开发新的治疗策略提供理论依据。

方法 从 GEO 数据库中下载 8 例 AML 患者和 4 例健康献血者的单细胞测序数据,基于已知的免疫相关细胞生物标志物,通过 PCA 主成分分析和 UMAP 进行细胞注释和聚类分析,确定免疫细胞簇间的差异基因表达,并对免疫细胞功能状态、差异基因和差异 marker 进行了后续的功能分析。根据 Cell-Cell Interaction Database 数据库和 TRRUST v2 数据库分别构建了配体受体互作网络图和免疫细胞多因子网络,对得到的网络 hub 基因进行注释和富集分析,并采用单因素 Cox 和 LASSO 回归分析,筛选预后相关基因,构建预后风险评分模型。通过对 TCGA 和 GEO 数据库的验证集进行 Kaplan-Meier 生存分析和受试者工作特征(ROC)曲线分析来评估预后模型的预测效能,并采用定量逆转录聚合酶链反应法检测风险基因 ETS2 在临床标本中的表达水平。

结果 分析 12 例骨髓免疫细胞的测序数据,共获得 18251 个单细胞,发现和注释了 34 个簇和 8 个细胞亚群。基于差异基因,免疫细胞 marker 基因和受配体关系对构建多因素调控网络共获得了 333 个 hub 基因,通过 COX 单因素回归分析获得 74 个预后相关基因。LASSO 回归分析筛选并最终构建了 10 个关键预后基因(TWIST1、TGFB1、SOCS1、RFXANK、MYB、MMP14、IL2RA、

ETS2、CCL5、ABCA1)的 AML 预后评分模型。根据预后评分模型将 AML 患者分为高、低危组,前 3 个预后相关基因 (CCL5,ETS2,IL2RA)的 Kaplan-Meier 生存分析显示高危组患者总生存期 (OS)均低于低危组 ($P<0.05$)。在 TCGA 和 GEO 验证集中,两套数据均呈现了显著的结果 (TCGA: $P=1.76e-09$, ROC 均值大于 0.8; GSE71014: $P=0.00044$, ROC 均值大于 0.6),表明预后模型具有较好的预测能力。AML 患者临床样本的 RT-qPCR 数据提示 ETS2 在耐药组与敏感组的表达量存在显著差异 ($P=0.0097$),生存分析提示与 ETS2 低表达患者相比,ETS2 高表达的 OS 更短 ($P<0.05$)。

结论 1、利用公共数据库的单细胞转录组构建了基于 10 个基因 (TWIST1、TGFB1、SOCS1、RFXANK、MYB、MMP14、IL2RA、ETS2、CCL5、ABCA1)的 AML 预后模型。2、通过独立数据集和临床标本验证该预后模型能较好的预测 AML 患者的生存,从而指导患者的预后。3、基于该 AML 预后模型,发现 CCL5、ETS2 和 IL2RA 提示不良,其中 ETS2 可能是很有前途的预后生物标志物。

PO-0837

维奈克拉联合多药化疗治疗初诊未明系列 急性白血病的疗效及安全性分析

罗婷、方怡然、刘文洁、孙倩、徐佩、洪鸣、钱思轩
江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院)

目的 探讨维奈克拉联合多药化疗治疗初诊未明系列急性白血病(ALAL)患者的疗效及安全性。

方法 回顾 21 年 6 月至 24 年 3 月在江苏省人民医院治疗的 13 例 ALAL 患者,其初始诱导均以维奈为基础联合多药化疗,其中 VAA+P (维奈+去甲基药物+阿柔比星+醋酸泼尼松)治疗 8 例, V+IA (维奈+伊达比星+阿糖胞苷)5 例, FLT3 突变联合 FLT3 抑制剂, Ph+联合酪氨酸激酶抑制剂。

结果 13 例中 T/髓-MPAL 4 例, B/髓-MPAL 7 例, ALAL-NOS 2 例。其中 4 例 B/髓-MPAL Ph+, 3 例 FLT3 突变。第二次巩固前评估疗效: CR 率 100%。随后 1 例放弃治疗, 5 例巩固治疗后无病生存, 7 例 (7/13) allo-HSCT。13 例患者 75%位生存时间为 10 个月, 12 个月累积生存率为 57.7%, 确诊之日起大于 1 年随访患者的 12 个月 OS 率为 66.7% (6/9)。所有患者有 3 级或 4 级血液学毒性, 包括中性粒细胞减少和血小板减少。所有患者诱导治疗后造血功能恢复且无致死性大出血; 无肿瘤溶解综合征及神经系统不良反应; 无 3 级及以上脏器不良反应 (治疗前基础病除外)。

结论 维奈联合多药化疗治疗初诊 ALAL 疗效肯定且不良反应可耐受。

PO-0838

维奈克拉联合阿扎胞苷治疗急性系列不明白血病 (acute leukaemias of ambiguous lineage, ALAL) 的疗效及安全性分析

黄斯漫^{1,2,3,4}、张彤彤^{1,2,3,4}、万超玲^{1,2,3,4}、周海侠^{1,2,3,4}、徐明珠^{1,2,3,4}、钱崇生^{1,2,3,4}、李正^{1,2,3,4}、戴海萍^{1,2,3,4}、吴德沛^{1,2,3,4}、薛胜利^{1,2,3,4}

1. 国家血液病临床研究中心
2. 江苏省血液病研究所
3. 苏州大学附属第一医院
4. 苏州大学血液与骨髓移植研究所

目的 评价维奈克拉联合阿扎胞苷治疗急性系列不明白血病的有效性和安全性。

方法 根据第五版世界卫生组织造血系统肿瘤诊断标准，纳入 2023 年 5 月至 2024 年 4 月在苏州大学第一附属医院初诊 ALAL 患者，入组患者接受维奈克拉 100mg 第 1 天，200mg 第 2 天，400mg，第 3 天至第 21 天，口服联合阿扎胞苷（75mg/m²/d，第 1 天至第 7 天，皮下注射）方案诱导治疗，Ph 阳性患者同时口服酪氨酸激酶抑制剂治疗，疗效评估参照 2023 年 NCCN 指南，使用 SPSS 26.0 软件进行统计学分析，采用 Kaplan-Meier 法进行生存分析。

结果 研究共纳入 8 例患者，其中男性 5 例，女性 3 例。患者中位年龄 46.5（13~66）岁。3 例急性未分化型白血病，3 例急性 Ph 阴性 T/髓系白血病，1 例急性 Ph 阳性 B/髓系白血病，1 例急性 Ph 阴性 B/髓系白血病，中位随访时间为 7.5（1~28）个月。经过一个周期诱导治疗，3 例（42.86%）获得 CR，5 例（62.5%）获得 CRi，总体反应率（ORR）为 100%。7 例继续接受原方案巩固治疗，4 例患者持续处于缓解状态并行 allo-HSCT，2 例患者复发，1 例行 CAV 方案挽救性化疗后死亡，1 例行原方案治疗。以移植为删失，中位 OS 及 EFS 均未达到。治疗过程中，治疗相关的 3-4 级的血液学不良反应为粒细胞减少（54.5%）、血小板减少（18.2%）、贫血 18.12%，无治疗相关的 3-4 级的非血液学不良反应发生，无治疗相关的死亡发生。

结论 维奈克拉联合阿扎胞苷方案治疗 ALAL 安全有效，可作为用于异基因造血干细胞移植前的桥接治疗方案。为 ALAL 患者的治疗提供了新的思路和视角。

PO-0839

HDAC9 在 MLL 基因重排阳性急性髓系白血病中的临床意义

周雨彤、金洁
浙江大学医学院附属第一医院

目的 MLL 基因重排阳性急性髓系白血病（MLL-rearranged acute myeloid leukemia, MLL-r AML）约占成人 AML 的 5%-10%，是恶性程度高、预后差的 AML 亚型，五年总生存率低于 25%。由于 MLL-r AML 的发病率较低和异质性较高，目前尚无专门批准用于 MLL-r AML 的靶向疗法。基因分析显示 MLL-r AML 具有由 MLL 融合蛋白驱动的独特基因表达谱，需要不同的治疗策略。因此，揭示 MLL-r AML 的分子特征，从而应用于 MLL-r AML 患者的个性化治疗是亟待解决的问题。

方法 （1）利用转录组测序检测我院 248 例初治 AML 患者（包括 20 例 MLL-r AML 患者和 228 例非 MLL-r AML 患者）HDAC9 的表达水平。同时收集病人的临床资料，分析 HDAC9 mRNA 表达水平与 MLL-r AML 患者年龄、性别、外周血白细胞数（White blood cell, WBC）、血红蛋白量（Hemoglobin, HB）、血小板计数（Platelet counts, PLT）、骨髓原始细胞比例和 FAB 分型等临床特征的关系。

(2) 对患者进行生存随访, 将患者按中位分法分为 HDAC9 高低表达组, 采用 Kaplan-Meier 方法和对数秩检验评估与 HDAC9 表达相关的总生存期 (Overall survival, OS)。

结果 (1) 与非 MLL-r AML 相比, HDAC9 在 MLL-r AML 中有更高的表达水平。

(2) HDAC9 高表达组的 MLL-r AML 患者的 OS 低于 HDAC9 低表达组。HDAC9 高低表达组的 AML 患者 OS 没有差异。

结论 HDAC9 在 MLL-r AML 中特异性高表达, 且与预后不良呈正相关。HDAC9 有望成为 MLL-r AML 中的分子标志物。

PO-0840

Exploring Methionine Deficiency and Venetoclax Synergy in Overcoming Acute Myeloid Leukemia (AML) Resistance

Xuening Li¹, Wei Liu², Jia-Min Guo³, Gan Zhou¹, Shan Cao¹

1. 临床药理研究所

2. Department of Hematology, Xiangya Hospital, Central South University, Changsha

3. Irell & Manella Graduate School of Biological Sciences, Beckman Research Institute, City of Hope, Duarte, CA, USA

Objective Acute Myeloid Leukemia (AML) is a hematologic malignancy with poor prognosis, and current treatment options have limited efficacy. Methionine, an essential amino acid, plays a significant role in the metabolism of tumor cells. Venetoclax, a BCL-2 inhibitor, has been utilized in the treatment of AML. However, some AML cells develop resistance to Venetoclax, limiting its clinical effectiveness. This study aims to investigate the impact of methionine deficiency on AML cells and the synergistic effect of its combination with Venetoclax, with the goal of providing new strategies for overcoming Venetoclax resistance and the treatment of AML.

Methods AML cells with different sensitivities (Venetoclax-sensitive and resistant strains) and hematopoietic stem cells (HSCs) from healthy individuals were cultured in vitro and divided into the following treatment groups: normal medium, methionine-deficient medium, Venetoclax alone, and the combination of methionine deficiency and Venetoclax. The effects of these treatments on AML cells and HSCs were evaluated using cell viability assays, apoptosis detection, and Western blot analysis.

Results Our results demonstrate that methionine deficiency significantly reduced the proliferation of AML cells. The combination of methionine deficiency and Venetoclax significantly decreased the viability of AML cells, with a more pronounced effect on Venetoclax-resistant cells. Methionine deficiency did not have a significant impact on HSCs. Additionally, the apoptosis rate of AML cells in the combined treatment group was significantly increased, with a marked upregulation in the expression levels of the apoptosis-related proteins cleaved PARP and cleaved caspase-3.

Conclusion This study indicates that methionine deficiency can significantly reduce the viability of AML cells and that its combination with Venetoclax has a synergistic effect, markedly inhibiting cell survival and increasing apoptosis. This synergistic effect is particularly pronounced in Venetoclax-resistant cells, highlighting a novel approach to overcoming drug resistance. Our findings provide new insights into the treatment of AML, suggesting that regulating the methionine metabolism pathway may be a potential strategy to overcome Venetoclax resistance and enhance the effectiveness of AML therapy.

PO-0841

索拉非尼在 FLT3 野生型细胞系中协同维奈克拉凋亡作用及逆转维奈克拉耐药性的机制探究

罗婷、方怡然、刘文洁、孙倩、徐佩、洪鸣、钱思轩
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 探究索拉非尼在 FLT3 野生型细胞系中协同维奈克拉凋亡作用及逆转维奈克拉耐药性的机制。

方法 CCK8 法检查索拉非尼在四株 FLT3 野生型细胞系中的抑制细胞增殖作用及协同维奈克拉促进细胞凋亡作用；低浓度维奈克拉诱导耐药 FLT3 野生型细胞株；通过非靶向代谢组学测定亲本株诱导耐药后发生的细胞内代谢重编程，表现为糖酵解抑制、磷酸戊糖途径及谷胱甘肽通路代谢增强；WB、细胞增殖实验、胱氨酸摄取实验等进一步验证索拉非尼可通过靶向 SLC7A11 抑制 xCT 转运体对胱氨酸的摄取，部分逆转维奈克拉耐药细胞内的代谢重编程。

结果 索拉非尼在四株 FLT3 野生型细胞系中可单药抑制细胞增殖，协同维奈克拉促进细胞凋亡，在诱导的维奈克拉耐药 FLT3 野生型细胞株中，证明索拉非尼可逆转低剂量维奈克拉的耐药性，亲本株诱导耐药后发生细胞内代谢重编程，表现为糖酵解抑制、磷酸戊糖途径及谷胱甘肽通路代谢增强，索拉非尼可通过靶向 SLC7A11 抑制 xCT 转运体对胱氨酸的摄取，部分逆转维奈克拉耐药细胞内的代谢重编程。

结论 索拉非尼在 FLT3 野生型细胞系中可协同维奈克拉凋亡，诱导的维奈克拉耐药 FLT3 野生型细胞株发生的代谢重编程可被索拉非尼部分逆转。

PO-0842

西达本胺联合维奈克拉抗 IKZF1 缺失急性 B 淋巴细胞白血病的的作用与机制研究

区家旺、邓诗雨、李嘉、刘启发、周红升
南方医科大学南方医院

目的 研究西达本胺联合维奈克拉抗 IKZF1 缺失急性 B 淋巴细胞白血病（IKZF1^{del}B-ALL）细胞的作用与机制。

方法 使用 6 个 B-ALL 细胞系(KZF1^{del}: MUTZ-5, MHH-CALL-4, IKZF1^{wt}: RS4;11, HAL-1, BALL-1) 和 12 个原代 B-ALL 病人标本(IKZF1^{del}8 例, IKZF1^{wt}4 例), 研究西达本胺和维奈克拉联合用药对细胞活力、细胞凋亡和线粒体膜电位(MMP)的影响。Western blotting 检测 Bcl-2 家族蛋白表达及糖代谢相关酶表达的变化。

结果 与 IKZF1^{wt}B-ALL 相比, IKZF1^{del}B-ALL 细胞系和原代病人标本对维奈克拉相对耐药。维奈克拉与西达本胺联合使用时, 观察到显著的协同效应(CI<1)。西达本胺单药并未显著诱导 IKZF1^{del}B-ALL 细胞凋亡和降低细胞 MMP, 但其联合维奈克拉后可显著增加维奈克拉的促凋亡和降低 MMP 作用。在两个 IKZF1^{del}B-ALL 细胞系 MHH-CALL-4 和 MUTZ-5 中, 在蛋白水平上, 维奈克拉上调 Mcl-1 的表达, 而西达本胺下调 Mcl-1 的表达, 联合用药可进一步降低 Mcl-1 的表达。另外, 联合用药可显著下调 Bcl-2 和 Bcl-xl 的表达。对于抗凋亡蛋白 BIM 和 DNA 损伤标志 γ -H2AX, 联合用药可显著上调其表达。对于糖代谢相关酶 PKM,PFKM 和 GLUT1, 联合用药可以显著下调它们的表达。

结论 西达本胺和维奈克拉联合可协同杀伤 IKZF1^{del}B-ALL 细胞, 但仍待对 IKZF1^{del}B-ALL 患者进行临床前试验。

PO-0843

CARMA1 介导 Notch1 激活 NF- κ B 信号影响 T-ALL 细胞增殖

牛铭山、徐开林
徐州医科大学附属医院

目的 分析 CARMA1 基因在 T-ALL 白血病中的表达及对患者预后的影响；研究其对 T-ALL 细胞增殖和 NF- κ B 信号通路的影响。

方法 Western blot 分析 CARMA1 基因在不同类型白血病细胞系；基因芯片分析 CARMA1 的表达和对预后的影响。采用慢病毒 shRNA 沉默 CARMA1 基因，CCK-8 和 EdU 法分析对细胞增殖的影响；流式细胞术分析对细胞周期的影响；NSG 小鼠模型分析对体内增殖的影响；荧光素酶双报告基因法对 NF- κ B 活性的影响。

结果 通过对 AML、B-ALL 和 T-ALL 细胞系检测，发现 CARMA1 蛋白在 T-ALL 细胞中特异性高表达，在原代 T-ALL 细胞中也高表达。通过对 GEO 数据库基因芯片分析，CARMA1 基因在 T-ALL 白血病中高表达，而且 CARMA1 高表达患者的预后显著好于低表达患者（ $P=0.0043$ ）。CARMA1 基因沉默后，SIL-TIL1 阳性的 CCRF-CEM 细胞增殖未观察到显著变化。但是，MOLT-4 和 Jurkat 细胞的生长和增殖活性显著降低；细胞周期阻滞在 G1/S 期。将 CARMA1 基因沉默的 MOLT-4 细胞系通过尾静脉接种到 NSG 小鼠，小鼠的生存期显著延长（ $P<0.001$ ）。CARMA1 基因沉默后，T-ALL 细胞的 NF- κ B 的转录活性显著降低；抑制 CD3/CD28 刺激诱导的 I κ B α 蛋白降解。

结论 在 T-ALL 细胞中，MALT1 和 BCL10 可能为组成型表达，CARMA1 为调节型表达。CARMA1 高表达患者的预后显著好于低表达患者。SIL-TIL1 融合基因阴性的 T-ALL 白血病细胞增殖依赖于 CARMA1 基因的表达。CARMA1 通过激活 NF- κ B 信号途径调控 T-ALL 细胞增殖。

PO-0844

芦可替尼联合维奈克拉及阿扎胞苷治疗伴 JAK1、JAK3、STAT5B 基因突变的难治性 T-ALL 患者 1 例并文献复习

周彤、徐岳一、彭苗新、谢婷、欧阳建、杨永公、陈兵、许佩佩
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 为 JAK-STAT 通路突变的急性淋巴细胞白血病的诊治提供新的思路。

方法 选择 2022 年 4 月收治的 1 例伴 JAK1、JAK3、STAT5B 基因突变的难治性 T-ALL 患者为研究对象。回顾性分析本例患者临床特点、实验室检查、治疗过程及预后，并行文献复习。

结果 该患者行一疗程标准 VDLP 方案诱导化疗未缓解，后予以芦可替尼+维奈克拉+阿扎胞苷治疗一疗程后骨髓 MRD 转阴。并行地塞米松联合依托泊苷胸腔灌注治疗后，患者胸腔积液及纵膈肿块较前明显好转。行异基因造血干细胞移植后随访至 2024 年 1 月，患者病情持续缓解。

结论 难治性 T-ALL 在常规诱导缓解过程中对药物反应敏感性低、整体预后差，且再次诱导缓解率低，3~5 年 OS 率小于 10%，中位生存时间仅有 2~6 个月。目前对于难治性 T-ALL，尚未有公认有效的化疗方案，异基因造血干细胞移植仍是治疗难治性 T-ALL 的最有效的手段。本例患者经标准 VDLP 方案诱导治疗一疗程后未缓解，通过应用芦可替尼联合维奈克拉及阿扎胞苷，成功使骨髓 MRD 转阴。芦可替尼作为 JAK1/2 抑制剂，通过调控靶基因的表达，参与细胞增殖分化免疫调控过程从而抑制细胞的增殖。研究发现 JAK1 基因在淋巴样细胞前体增殖、存活和分化中发挥促进作用，该基因突变的 ALL 患者预后较差，对常规的 ALL 治疗方案具有耐药性，因此认为 JAK 抑制剂很可能成为新型靶向抗白血病药物。另一方面，芦可替尼作为广谱的细胞因子抑制剂，可通过抑制免疫细胞产生的多种细胞因子，从而影响细胞凋亡、分化、细胞周期等多种生理和病理过程，使 JAK1、JAK2 介导的炎症细胞因子水平下调，起到降低细胞因子的作用，从而降低 T-ALL 患者的炎症水平，

缓解病情。BCL-2 抑制剂维奈克拉在一些临床前研究中提示,可能对早期前体 T-ALL、Ph 阳性及 Ph 样 ALL 有效。研究表明,STAT5B 对 BCL-2 抑制剂敏感,可以有效抑制 STAT5B 基因突变,BCL-2 抑制剂可能为 T-ALL 患者的新型候选疗法。为难治性 T-ALL 的治疗中提供了新的治疗思路。此外芦可替尼和维奈克拉之间具有协同作用。目前临床上尚未有芦可替尼联合维奈克拉及阿扎胞苷治疗难治性 T-ALL 的相关报道,为 JAK1、JAK3、STAT5B 突变的患者提供了新的诊疗思路。综上所述,在标准 VDLP 方案对难治性 T-ALL 疗效不佳的情况下,本例患者使用芦可替尼联合维奈克拉及阿扎胞苷治疗取得显著疗效,这为难治性 T-ALL 的治疗提供了新思路。随着免疫学、遗传学及分子生物学技术的进步,对 T-ALL 的发病机制的研究更为深入,靶向治疗的使用有望提高难治性 T-ALL 患者的疗效。

PO-0845

CD74+ LAMs 抑制 AML 中的 T 细胞免疫监视 并促进白血病细胞生长的机制研究

邱果、徐曦、刘启发
南方医科大学南方医院

目的 骨髓免疫微环境在急性髓系白血病 (AML) 复发中起到重要作用,但具体参与细胞类型和机制目前尚不完全清楚。本文旨在探究探索 AML 进展过程中骨髓微环境的异质性,揭示微环境对 AML 复发的影响。

方法 本研究以 13 例配对 AML 患者的单细胞 RNA 测序 (scRNA-seq) 数据为基础,结合 MLL-AF9 诱导和患者源异种移植 (PDX) 的 AML 小鼠模型,揭示与复发 AML 相关的独特白血病相关巨噬细胞 (LAMs) 亚群。

结果 scRNA-seq 结果显示,骨髓中 CD74+巨噬细胞在 AML 复发时增加。AML 数据库的去卷积分析与 AML 患者的不良预后相关。在机制上,CD74+巨噬细胞高水平表达 IL-6,通过 IL-6 依赖途径促进白血病进展和化疗耐药。此外,CD74+巨噬细胞通过表达多种免疫抑制因子,如 PD-L1、TGF- β 1 和 IL-10,抑制 T 细胞的活化。在复发时,CD74 的配体巨噬细胞迁移抑制因子 (MIF) 在白血病细胞和 T 细胞中高表达,而 CD74+巨噬细胞在化疗后对 AML 小鼠体内的骨髓中与 AML 细胞和 T 细胞紧密关联。

结论 本研究揭示了一类与 AML 复发密切相关的独特巨噬细胞亚群 CD74+ LAMs。这些细胞在 AML 复发过程中既促进了白血病的发展,又通过抑制 T 细胞免疫监视来影响 AML 的免疫逃逸。这些发现为进一步研究 AML 复发机制和治疗策略提供了新的线索。

PO-0846

Long-term outcome of children with acute promyelocytic leukemia: a randomized study of the treatment of cytarabine with the combination of all-trans retinoic acid and arsenic trioxide

Yingjin Zhang, Changwen Xue, Xiaofan Zhu, Li Zhang
Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital

Objective The use of cytarabine (Ara-C) in treating acute promyelocytic leukemia (APL) is controversial. This study was conducted to demonstrate the effect of treatment with or without

Ara-C on long-term event-free survival (EFS) or overall survival (OS).

Methods All patients received ATRA+ATO induction therapy, followed by the course of idarubicin (IDA) and ATO, then were randomly allocated to two groups for consolidation therapy, with patients in the DNR group received daunorubicin (DNR), in the DA group received DNR+Ara-C. Maintenance therapy consisted of oral ATRA, 6-mercaptopurine and methotrexate for 1.5 years.

Results 30 patients in DA group and 35 patients in DNR group, all achieved complete remission. At follow-up, there was one death and three relapses in DNR group, compared to none in DA group. There was no statistically significant difference in EFS($P=0.140$) and OS($P=0.398$) between two groups, with EFS being 100% in DA group and $91.4\% \pm 0.047$ in DNR group, and OS being 100% in DA group and $97.1\% \pm 0.028$ in DNR group, but when the samples were doubled, there was a statistically significant difference in EFS with 100% in DA group and $91.4\% \pm 0.033$ in DNR group($P=0.036$). We also found that the use of Ara-C during the induction period had a statistically significant effect on the conversion of PML-RARA fusion gene samples to negative($P<0.0001$). Our study found no prognostic significance of Ara-C, but this may be related to the small sample size.

Conclusion We still recommend the addition of Ara-C during treatment, which has a more positive impact on early remission and late prognosis of patients.

PO-0847

维耐克拉联合阿扎胞苷治疗伴 KIT 突变的 AML1-ETO 阳性 AML 一例并文献复习

吴亚敏、曹海峡
郑州大学第一附属医院

目的 探讨维耐克拉治疗伴 KIT 突变 AML1-ETO 阳性 AML (AE-AML) 的效果。

方法 回顾性分析本院 2023 年 2 月收治的 1 例伴 KIT 突变 AE-AML 患者的临床资料, 并复习相关文献。

结果 患者男性, 22 岁, FAB 分型为 M2, 染色体核型 $t(8;21)(q22;q22)$, 融合基因检测 AML1-ETO 阳性(AML1/ABL 401.2/100), 二代测序示 KRAS、KIT、RUNX1、JAK3 突变。患者采用“DA”方案诱导 1 疗程后未缓解, 改用“阿扎胞苷+维耐克拉”方案后病情仍无明显改善, 遂加用“阿法替尼 100mg qd”治疗, 复查骨穿白血病细胞负荷明显减低。后患者应用“HA+阿法替尼”方案获得完全缓解(CR), MRD 阳性, AML1-ETO/ABL 4.2/100, c-KIT 17 基因阴性。继续该方案巩固 1 疗程后, 患者行异基因造血干细胞移植(HSCT), 达到 MRD 阴性 CR。至 2024 年 5 月 30 日随访截止, 患者 CR 状态, AML1-ETO 阳性, MRD 及 c-KIT 17 基因转阳。

结论 伴 KIT 基因突变的 AE-AML 中部分患者治疗难度大, 单用“阿扎胞苷+维耐克拉”疗效可能较差, 但仍需更多临床数据; 阿法替尼对这类患者的治疗效果可能需要进一步探讨, 期待一些新的治疗方法能改善患者预后。

PO-0848

急性髓系白血病患者肠道菌群特征及代谢组学的相关研究

郝子怡、杨萧天、司叶俊、林国强、张兴霞、张彦明
淮安市第二人民医院

目的 本研究利用 16S rDNA 基因测序技术和 LC-MS/MS 技术分析 AML 患者与健康对照组、AML 患者化疗前后肠道菌群及血清代谢产物的组成和差异, 筛选出 AML 患者差异菌群及代谢产物, 构

建 AML 患者肠道菌群与机体代谢的调控网络，揭示肠道菌群参与 AML 患者代谢的病理生理机制，为 AML 患者采用基于肠道微生态的干预策略提供新的实验支持。

方法 收集 46 例初诊 AML 患者化疗前、化疗后粒细胞缺乏期（中性粒细胞 $<0.5\times 10^9/L$ ）两个时间点及 20 例健康对照组成人的粪便及血清样本，进行 16S rDNA 测序和 LC-MS/MS 检测，通过多元统计分析筛选差异菌群和差异代谢物，并根据 KEGG 数据库对差异代谢物进行功能注释，进一步通过相关性分析研究机体与肠道菌群的共代谢模式，分析对 AML 患者病理生理机制影响较大的肠道菌群和代谢产物及其相互作用。

结果 1. 基于多元统计分析，AML 患者肠道菌群 Alpha 及 Beta 多样性相较于健康对照组显著降低，诱导缓解化疗会进一步降低 AML 患者肠道菌群的丰度及多样性。

2. 基于 LC-MS/MS 代谢组学技术，初诊 AML 患者相较健康对照组共筛选出差异代谢物 430 个；AML 诱导化疗后粒缺期患者相较初诊 AML 组筛选出差异代谢物 226 个。差异代谢物 KEGG 功能富集分析结果显示初诊 AML 患者及粒缺期 AML 患者代谢通路与健康对照组相比均有明显差异。

3. 皮尔森相关性分析显示，AML 患者具有独特的肠道微生物与血清代谢物的调控网络。

结论 本研究揭示初诊 AML 患者与健康人群的肠道菌群结构及代谢产物存在明显差异，诱导缓解化疗会进一步降低初诊 AML 患者肠道菌群的多样性，加重机体代谢紊乱，表明 AML 患者具有独特的肠道菌群与代谢物调控网络。

PO-0849

老年急性髓系白血病（非 M3）60 例临床观察

张振会、郭星、李翠娜、王雪飞、尹旭燕、陈伟、雷秀荣、韩聪慧
石家庄平安医院

目的 观察老年急性髓系白血病（非 M3）的疗效观察及生活质量评价。

方法 回顾性总结 2020.4.1-2023.5.1 住院患者，诊断标准符合血液病诊断及疗效标准（第 4 版 2018），均为急性髓系白血病（APL 除外）患者，男性 34 例，女性 26 例，年龄 61 岁-87 岁，平均年龄 68.5 岁，其中 60-69 岁患者 33 例，70-75 岁患者 19 例，75 岁以上患者 8 例，按照 FAB 分型（M1 2 例，M2 24 例，M4 11 例，M5 20 例，未定类型者 3 例），多合并 ASXL1、RUNX1、DNMT3A、IDH2、FLT3、KIT、U2AF1、TP53 等基因异常。所有患者口服乾坤生血胶囊 5 粒，一日三次，再生胶囊 5 粒，一日三次，自拟祛毒扶正方加减（半枝莲、白花蛇舌草、龙葵、天葵子、重楼、山慈菇、黄芪、当归、太子参、茯苓、山药、补骨脂、女贞子、甘草等），临床辨证加减。根据患者体能状况、脏器功能及治疗意愿分为三组：1). 耐受化疗者，采用 DA 方案（注射用盐酸柔红霉素 40mg/m², d1-3, 阿糖胞苷注射液 100mg/m² d1-6/7）或 AA 方案（注射用盐酸阿柔比星 20mg, d1-5, 阿糖胞苷注射液 100mg/m² d1-6/7）；2). 不适合强化疗者，予预激方案 CAG（阿糖胞苷注射液 20mg/m² d1-14, 注射用盐酸阿柔比星 12mg/m² d1、3、5、7, 重组人粒细胞刺激因子 200ug/m² d1-14），白细胞总数大于 20 $\times 10^9/L$ 时停用；3). 单纯中药治疗组：自拟祛毒扶正方加减。治疗期间对症抗感染及输注血制品支持治疗，停化疗 2 周后复查骨髓，评价疗效。化疗组缓解后，继续常规巩固化疗，复发后或拒绝再次化疗者，予中药维持治疗。

结果 60 例患者中，生存 2 年以上者 26 人，完全缓解者 19 人（31.67%）；生存 3 年及以上者 14 人，均为完全缓解者（23.33%）。化疗后完全缓解或部分缓解者，生活质量明显优于其他治疗组，同时中西医结合治疗，能够减少输注血制品，生存期延长。

结论 对于老年急性髓系白血病（非 M3）患者，按照不同组别采用中西医结合治疗，能够延长生存期，提高生活质量。

PO-0850

穴位贴敷联合埋针治疗急性白血病化疗患者恶心、呕吐的临床观察

郭星、雷秀荣、宋静园、冯芬娟、邢路佳、张琼、于倩、常园园、谢清清、侯葛哲、栗利、张振会
石家庄平安医院

目的 研究穴位贴敷联合埋针治疗在预防急性白血病患者化疗后恶心、呕吐的临床观察。

方法 选择的患者为 2023.3-2024.3 月的收治的急性白血病的患者，研究对象共 50 例，在白血病化疗同时给予预防恶心、呕吐措施，随机分为两组，每组 25 人，对照组：应用格拉司琼止吐；观察组：在对照组的基础上增加穴位贴敷（中药：陈皮、厚朴、木香、枳实）和埋针穴位治疗，选取：（上腕、中腕、下腕、关元、神阙）进行穴位贴敷，将中药贴敷于穴位上保留 4-6h，再去掉穴位贴进行局部擦拭；选取（足三里、三阴交、内关、合谷、脾俞、胃俞）埋针治疗先用酒精进行常规消毒，将揄针刺入穴位内，使揄针留在穴位皮下组织，隔日一次，根据恶心、呕吐分级观察临床疗效。

结果 对照组：无恶心呕吐、纳差、便秘等症状为 0 级 5 人；有恶心症状为 I 级 10 人；出现暂时性呕吐或有轻微纳差、便秘症状为 II 级 7 人；呕吐或纳差、便秘症状严重需干预治疗为 III 级 2 人；难以控制的呕吐、纳差、便秘症状，需经药物干预或干预后相关症状未缓解为 IV 级 1 人。

观察组：无恶心呕吐、纳差、便秘等症状为 0 级 10 人；有恶心症状为 I 级 5 人；出现暂时性呕吐或有轻微纳差、便秘症状为 II 级 4 人；呕吐或纳差、便秘症状严重需干预治疗为 III 级 2 人；难以控制的呕吐、纳差、便秘症状，需经药物干预或干预后相关症状未缓解为 IV 级 0 人。

从两组数据来看，观察组疗效优于对照组。

结论 在应用止吐药基础上增加穴位贴敷联合埋针治疗，对于改善急性白血病患者化疗时恶心、呕吐症状有积极作用。

PO-0851

Bone marrow stromal cells mediate the immune escape mechanism of ALL cells through PI3-K/Akt

Lin Zheng, Chengyun Pan, Jishi Wang
Affiliated Hospital of Guizhou Medical University

Objective Bone marrow stromal cells (BMSCs) originate from embryonic mesenchymal stem cells (MSCs), have multi-directional differentiation potential, and are an important component of the hematopoietic microenvironment. BMSCs regulate the maintenance of HSC and its proliferation and differentiation through different signaling pathways. Morphology and differentiation ability described for the first time that bone marrow stromal cells are fibroblast-like cells, and can be isolated from bone marrow by adherent culture. Through in vitro culture, it is found that BMSCs derived from leukemia patients are significantly different from BMSCs derived from normal healthy individuals in terms of morphology, manifested as slender and irregular, reduced compactness, and cytoskeleton sclerosis. We checked the literature and found that the changes in the hematopoietic microenvironment also had an important effect on the stromal cells. Leukemia-derived BMSCs mainly mediate the drug resistance of leukemia cells through soluble cytokines and intercellular adhesion. At the same time, leukemia cells can also adhere to BMSCs through CXCR4 to protect them from the killing effect of cytotoxic drugs, resulting in tiny residual lesions, leading to Recurrence of leukemia. BMSCs can induce the "G0/G1" block of leukemia cells, leaving them in a relatively resting state, which can escape the killing effect of cytotoxic drugs. BMSCs can also protect leukemia cells by activating pro-survival signaling pathways such

as PI3-K/Akt; or releasing protective molecules such as asparagine, fatty acids or cysteine during chemotherapy. We are currently planning to use the in vitro co-culture model of B-ALL cells and BMSCs to simulate the in vivo microenvironment. BMSCs are cultured alone and normal bone marrow mononuclear cells and BMSCs are co-cultured as controls. To explore the effect of changes in stromal cell microenvironment on the drug resistance mechanism of leukemia.

Methods First of all, from the collected sample cases, it is initially clear that there is a certain correlation between stromal cells and relapsed ALL patients. This phenomenon has also been confirmed by consulting the literature. Therefore, in further experiments, we will regulate the changes in the microenvironment through transfection Correlated lentivirus co-cultivation system to confirm.

Results We found that phosphorylation caused by co-cultivation and phosphorylation inhibited by PI3-K/Akt inhibitors can increase cell apoptosis. But the antagonist used cannot inhibit the protective effect. In order to further explore the molecules involved in the protection mechanism, we used gene chips, protein chips, etc. to detect the changes in gene and protein expression of cells cultured separately and co-cultured under one action .

Conclusion In summary, BMSC can protect ALL cells through multiple signal pathways, such as PI3-K/Akt pathway. These pathways provide new strategies and treatments for breaking the supportive and protective effects of the microenvironment on cells and ultimately eliminating leukemia.

PO-0852

探讨 m5C 甲基化相关调节因子在 t (8; 21) AML 早期复发中的作用

余庆峰

郑州大学第一附属医院

目的 m5C 甲基化修饰作为一种常见的表观遗传学修饰方式, 已被证明在多种实体肿瘤中发挥着重要作用。然而, m5C 甲基化修饰相关分子在 t (8; 21) AML 中的表达水平和功能作用尚不清楚。

方法 我们收集了初诊 t (8; 21) AML 患者的骨髓样本并提取 RNA, 结合 RNA-seq 和 MeRIP-seq 测序技术, 利用基因富集分析来富集差异表达基因的功能途径进而分析探索 m5C 调控分子在 t (8, 21) AML 患者早期复发中的作用。

结果 结果显示在 m5C 结合蛋白 ALYREF 分子在 t (8; 21) AML 中表达上调, 尤其是在早期复发的样本, 联系分析 RNA-seq 和 MeRIP-seq 测序数据显示, 差异甲基化基因和差异表达基因都在 MYC 信号通路中富集, 而 MYC 基因是 ALYREF 的潜在下游靶标。

结论 m5C 相关调控分子 ALYREF 可能通过 MYC 信号通路促进 t (8; 21) AML 患者的早期复发, 这可能为早期复发的 t (8, 21) AML 提供新的预测标志物和新的治疗靶点。

PO-0853

急性白血病鞘内注射的临床护理干预

乔羽

郑州大学第一附属医院

目的 分析急性白血病鞘内注射的临床护理干预。

方法 本次研究中所有纳入样本全部为我院收治的急性白血病鞘内注射患者, 筛选患者的时间设定在 2019 年 7 月至 2020 年 10 月, 最终纳入患者 98 例。研究中在保证小组中样本数量相同的情况

下,将患者随机分为对照组和观察组,随后选择不同护理措施并开展组间对比。

结果 研究中观察组接受护理干预后开展组间对比,两个小组中患者的紧张恐惧程度、头痛头晕程度以及术后并发症发生情况差异明显($P<0.05$)。

结论 急性白血病患者接受鞘内注射治疗的过程中,为患者开展护理干预有助于缓解患者紧张、焦虑等问题,同时避免患者出现各种不良反应,因此值得在临床中进行推广。

PO-0854

12例儿童治疗相关性骨髓增生异常综合征/急性白血病的临床疗效分析及基因图谱

陈霞、竺晓凡

中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 回顾性分析最大规模儿童治疗相关性骨髓增生异常综合征/急性白血病(t-MDS/AL)临床特点、治疗方案、预后及基因图谱。

方法 回顾性地收集并分析了2018年1月1日以来所有诊断为t-MDS/AL儿童患者的临床数据。

结果 (1)共12例患儿确诊t-MDS/AL,男5例,女7例,原发肿瘤发生中位年龄为8岁(范围:1-13岁),继发二次肿瘤的中位年龄为11岁(范围:4-15岁)。1例患者携带TP53胚系突变(诊断Li-Fraumeni综合征),1例患者携带CXCR4胚系突变(诊断WHIM综合征),1例患者携带BCOR纯合突变。所有患者在原发肿瘤确诊后均接受了化疗/放疗,在6~71个月后,12例出现治疗相关性MDS/AL,5例为继发性骨髓增生异常综合征(t-MDS),6例为继发性急性髓系白血病(t-AML),1例为继发性急性淋巴细胞白血病(t-ALL);其中3例t-MDS后期病情进展为AML。(2)2例患者失访,1例为疾病持续未缓解,家属放弃治疗;1例患者为缓解状态下外院行造血干细胞移植,后续情况不详。可随访的10例患者中,1例接受EA方案化疗后部分缓解(PR),后很快再次复发,后放弃治疗。2例应用地西他滨化疗,均未缓解(NR)。1例应用HAD方案化疗, NR。1例应用HAG方案化疗, NR。1例应用地西他滨+CAG方案化疗, NR。1例应用HAG+克拉屈滨方案化疗,完全缓解(CR)。1例应用VIA方案, CR。1例t-ALL应用CCCG-ALL-2015方案中诱导化疗, NR。移植组共6例患者,2例为未治疗下直接移植,3例为NR状态下强行挽救性移植,1例为CR状态下移植,截止随访终点,4例无病生存,1例移植后6个月复发,1例移植后2个月复发,后很快疾病进展。非移植组共4例,1例无病生存,1例持续NR状态,2例死亡。(3)10例患者进行白血病相关融合基因检查,有6例WT1基因阳性,其他:P2RY8-CRLF2融合基因1例,AML1-ETO融合基因2例,MLL-AF9融合基因1例,FLT3-ITD 1例,FLT3-TKD 1例。(4)细胞遗传学,仅2例为正常染色体核型,1例复杂染色体核型,合并重现性遗传学异常如t(8;21)(2例);t(9;11)(1例)者均合并其他染色体核型异常,如45,X,-Y等,其他易见-17。(5)二代测序检测白血病相关热点体细胞突变发现:TP53突变2例,KMT2D突变2例,RUNX1突变2例,NRAS突变2例,FLT3突变2例。

结论 治疗相关血液系统恶性疾病是一类由多因素共同作用的疾病类型。以t-MDS/AML多发,无明显男女差异,既往治疗中使用烷化剂及拓扑异构酶抑制剂或应用放疗者发生率明显增高,传统化疗缓解率,死亡率高。减少化疗方案的重叠,选择新型化疗药物,或者直接、尽快进行造血干细胞移植,移植后可应用小剂量去甲基化药物维持化疗预防复发,可能可改善其预后。

PO-0855

1 例髓过氧化物酶染色阳性的急性 B 淋巴细胞白血病的实验室及临床特点

李墨博、朱尊民

河南省人民医院血液病研究所，河南省血液病理重点实验室，郑州大学人民医院

目的 回顾分析 1 例初诊为 B 系急性淋巴细胞白血病（acute B cell lymphoblastic leukemia, B-ALL）髓过氧化物酶（peroxidase staining, POX）染色为阳性的患者的实验室及临床特点，探讨对急性白血病分型诊断及鉴别诊断的临床价值，旨在减少细胞形态学的误诊率。

方法 本研究对 1 例原幼细胞 POX 阳性率 54% 的急性 B 淋巴细胞白血病 (伴 CD15 部分表达) 进行回顾性分析，将细胞形态学与细胞免疫学、细胞遗传学、分子生物学结果及临床资料相结合。

结果 骨髓细胞形态学：原幼细胞占 96.8%，其胞体大小不等，多呈圆形，核圆形、椭圆形，核染色质细致，核仁 1-3 个，隐显不一；胞浆量少或中等，着蓝色。原幼细胞化学染色：POX 阳性率 54%。流式细胞免疫表型：幼稚细胞占有核细胞的 86.13%，表达 CD34、CD38、HLA-DR、CD123、CD19、cCD79a、CD22、cTdT，部分表达 CD15，不表达 CD117、CD33、CD13、CD11b、CD64、CD14、CD300e、CD10、CD20、CD4、CD8、CD3、CD2、CD7、CD56、cMPO、cCD3、CD5，为异常幼稚 B 淋巴细胞。染色体核型分析：复杂核型。转录组测序（RNAseq）检测出 TP53、CDKN2A、TERT、SETD2 基因突变。于 2022-12-30、2023-02-03 行 VP 方案化疗，于 2023-03-11 给予 VP+大剂量甲氨蝶呤方案化疗。治疗后病情好转出院。经随访知患者出院 5 个月后因感染死亡。

结论 骨髓细胞形态学分析是诊断急性白血病较为快速、有效的手段之一，临床上须结合免疫分型、染色体核型分析和分子生物学检查等新诊断技术对细胞形态学进行补充及完善，以提高临床诊断的准确率，避免误诊。

PO-0856

急性髓系白血病伴浆细胞样树突细胞增生 1 例报告并文献复习

裴智信、宋庆林、赵颖欣、方志宇、张贝、王红霞、白俊俊、古晶晶
焦作市人民医院

目的 进一步了解 pDC-AM 的临床表现、发病机制和治疗方法，为个体化选择治疗方案提供参考。

方法 患者为 70 岁男性，无 MDS/MPN 病史及恶性肿瘤治疗史，因双下肢乏力伴发热入院，行血常规、骨髓穿刺及其他相关检查，诊断为 pDC-AML，细胞遗传学无异常，存在 RUNX1、ASXL1、EZH2、DNMT3A、ZRSR2、FLT3 等基因变异，伴重度肝功能不全、肺部感染。第 1 疗程应用维奈克拉（100mg d1, 200mg d2, 400mg d3-21）联合阿扎胞苷（75mg·m⁻²·d⁻¹, 7 d）方案诱导，第二疗程应用塞利尼索（80mg/周）联合 VA 方案。

结果 第 1 疗程诱导化疗 3 周，+10d 复查骨髓提示无白血病状态（MLFS），但持续性血象低下，合并重症肺炎、消化道出血，治疗后好转。第 2 疗程化疗第 3 天，患者家属放弃治疗并出院，疗效无法评价。

结论 pDC-AML 在临床上极为罕见，应用 VA 方案起效快，安全性较好，适用于无法耐受强化疗的老年患者。靶向 CD123 的药物可能有效，但缺乏相关的研究数据。该类患者完全缓解率低、预后差，仍是临床上亟待解决的问题。

PO-0857

SLC25A21 通过下调 CXCL8 抑制白血病细胞的生长 并与成人急性髓系白血病的预后相关

刘宇、杨璐、王树娟
郑州大学第一附属医院

目的 近年来，靶向线粒体凋亡被认为是治疗急性髓系白血病（AML）的潜在治疗选择。SLC25A21 作为一种氧二羧酸载体，是否为 AML 患者的预后生物标志物却很少被报道。本研究的目的是进一步探讨 SLC25A21 在 AML 进展中的作用、分子机制及其潜在的临床价值。

方法 通过实时定量聚合酶链反应（RT-qPCR）分析骨髓标本中 SLC25A21 的转录水平。主要基因通过 RNA 测序检测。功能研究通过 CCK8、克隆形成、细胞周期、凋亡、活性氧（ROS）和异种移植肿瘤小鼠模型进行检测。

结果 SLC25A21 在成人 AML 中下调，且 SLC25A21 的低表达与 AML 患者的较差预后相关。此外，SLC25A21 的过表达抑制了细胞增殖和细胞周期进程，并通过线粒体凋亡信号通路与凋亡相关。CXCL8 被确定为 SLC25A21 的下游靶标。通过 CXCL8 的过表达可以挽救 SLC25A21 的这些表型。此外，SLC25A21 的过表达显著抑制了异种移植肿瘤的生长。

结论 SLC25A21 在成人 AML 中低表达，而高表达的 SLC25A21 与良好的预后相关。SLC25A21 的过表达通过调控 CXCL8 的表达抑制 AML 细胞的生存和增殖。SLC25A21 是 AML 的潜在预后标志物和治疗靶点。

PO-0858

急性 T 淋巴细胞白血病/淋巴母细胞淋巴瘤 应用培门冬酶后发生肝性脑病 1 例

桑丽娜
郑州大学第一附属医院

目的 观察培门冬酶治疗急性 T 淋巴细胞白血病/淋巴母细胞淋巴瘤的不良反应。

方法 通过回顾性分析郑州大学第一附属医院血液内科 1 例急性 T 淋巴细胞白血病/淋巴母细胞淋巴瘤的临床资料及应用培门冬酶后发生的不良反应。

结果 患者，男，19 岁，因“皮肤瘀斑 1 月”于 2023 年 9 月就诊于郑州大学第一附属医院，初诊查血常规：白细胞 $230.7 \times 10^9/L$ ，骨髓检查符合急性 T 淋巴细胞白血病/淋巴母细胞淋巴瘤，接受“VILP+西达本胺+维奈克拉”方案化疗，化疗后重度骨髓抑制，于 2023-10-18 凌晨高热，血培养：肺炎克雷伯菌、大肠埃希菌，谷丙转氨酶 254U/L，谷草转氨酶 56U/L，总胆红素 65.9umol/L，直接胆红素 46.4umol/L，间接胆红素 19.5umol/L，血氨 171.9umol/L，2023-10-20 夜间出现记忆力、计算力下降，扑翼样震颤阳性，头颅 CT 平扫未见异常，请消化科会诊考虑肝性脑病，给予门冬氨酸鸟氨酸、灌肠等降氨治疗后症状缓解，血氨逐渐恢复正常范围。

结论 培门冬酶不良反应为肝性脑病，监测血氨及肝功可起到预防作用。

PO-0859

小剂量维奈克拉预防急性早幼粒细胞白血病分化综合征

周红、张彦明、万艳、黄赛兰、张兵、杨萧天、司叶俊、张兴霞、林国强
徐州医科大学附属淮安医院

目的 分化综合征(DS)是急性早幼粒细胞白血病(APL)在接受全反式维甲酸(ATRA)或三氧化二砷(ATO)诱导分化期间产生的并发症,症状严重可威胁生命。目前传统预防 DS 的药物如激素、羟基脲等作用有限。我们采用小剂量维奈克拉(VEN),旨在探索其在预防 APL 患者分化综合征中的作用。

方法 分析 5 例在我院接受全反式维甲酸联合三氧化二砷双诱导治疗的初诊 APL 患者,予以超小剂量 VEN 预防分化综合征。VEN 在 3 例低危患者 WBC 首次升高 $\geq 5 \times 10^9/L$ 开始使用,起始剂量 25mg qd,具体用量随 WBC 调节;2 例高危患者因初诊时高白在治疗初加用地塞米松联合 VEN 预防 DS。观察临床表现、疗效及治疗前后相关指标。

结果 1、患者特征:5 例初诊的 APL 患者,男 1 例,女 4 例,中位年龄 29 (26~35) 岁。2 例为高危组(WBC $> 10 \times 10^9/L$),3 例为低危组。5 例患者均以 ATRA/ATO 方案双诱导治疗。5 例患者 VEN 使用时 WBC 中位数为 $7.4 \times 10^9/L$ ($5.17-16.5 \times 10^9/L$),治疗过程中 WBC 最高至中位数为 $17.55 \times 10^9/L$ ($6.58-58.91 \times 10^9/L$),VEN 25-50mg qd,应用总量中位数为 125mg (75mg-325mg)。2、临床疗效和结果:(1) 5 例患者在开始双诱导治疗后均未发生呼吸困难、体重增加、胸腔、心包积液、低血压、肺部浸润等 DS 表现。(2) 4 例患者 WBC 在应用 3 至 7 剂 VEN 后第 4-8 天降至基线水平($4-10 \times 10^9/L$)。诱导治疗前 IL-6、IL-8、IL-10 中位数分别为 3.95pg/ml (3.42-38.47pg/ml)、24.42pg/ml (13.42-97pg/ml)、5.8pg/ml (2.78-9.77pg/ml),应用 VEN 后上述细胞因子恢复至基线水平。1 例患者细胞因子数据未获得。4 例患者在 VEN 应用期间未发生感染,排除感染因素对细胞因子表达水平的影响。(3) 5 例患者在诱导治疗达 28 天时均达到完全缓解。(4) 1 例患者出现轻微肿瘤溶解综合征,对症治疗后缓解;1 例患者因砷剂肝脏毒性致 ALT、AST 分别高至 567.6U/L、498U/L,砷剂中断治疗 10 天,予保肝后重新恢复治疗。其余所有患者未出现明显不良反应。

结论 目前含 VEN 的方案被广泛用于非 APL 的急性髓系白血病,关于 VEN 在 APL 中对 DS 的防治作用尚未见报道。本研究采用超小剂量的 VEN,探索其在预防 APL-DS 中的作用,结果显示超小剂量 VEN 可预防 APL-DS,显著降低炎症细胞因子水平,不良反应发生率低,耐受性好,5 例患者治疗周期结束时均达到 CR。超小剂量 VEN 方案为 APL 患者 DS 的预防提供了一种新的治疗选择,经济实用,简便易行,值得进一步临床推广。由于本研究样本量小,关于 VEN 在预防 APL-DS 中确切疗效和机制,尚需更多的临床样本验证和研究。

PO-0860

DUX4 重排阳性急性 B 淋巴细胞白血病的临床特点及预后的研究

扈小霜、肖佩芳、卢俊、何海龙、胡绍燕、王易
苏州大学附属儿童医院

目的 分析伴有 DUX4/IGH 融合基因阳性的儿童 B-ALL 的临床特征、早期治疗反应及预后,为疾病分类和预后分层提供信息。

方法 2020 年 1 月至 2023 年 12 月苏州大学附属儿童医院初诊,且 DUX4/IGH 融合基因阳性的儿童 B-ALL 患者共有 30 例,回顾性分析患儿的性别、年龄、分子生物学特征、细胞遗传学改变、第 19 天及第 46 天骨髓 MRD 检测结果等信息。随访时间截止到 2024 年 1 月 31 日。

结果 纳入研究的 30 例患儿中,男 13 例,女 17 例,中位年龄 6.54 岁,中位初诊白细胞计数

6.49×10⁹ / L。免疫分型均为 B 淋系表达。

按照 CCCG-ALL 2020 方案，初诊危险度分组为低危组 17 例，占 56.6%，中危组 13 例，占 43.3%，无患儿纳入高危组。根据诱导缓解治疗第 19 天 MRD 水平调整危险度，低危组中 7/17 (41.1%) 例升入中危组，调整后低危组 10 例，占 33.3%，中危组 20 例，占 66.7%。根据诱导缓解治疗第 46 天 MRD 水平再次调整危险度，低危组中 1/10 (10.0%) 例升入中危组。最终化疗方案分组为低危组 9 例，占 30%，中危组 21 例，占 70%，无一例入高危组。

最终，30 例患儿 3 年总生存时间为 100%，3 年无复发生存时间为 93.3%。

结论 尽管早期治疗反应较差，但生存分析结果表明，DUX4/IGH 融合基因阳性的 B-ALL 患儿预后良好，提示 DUX4 重排是儿童 B-ALL 预后良好的指标。

PO-0861

FLT3-ITD 突变阳性复发难治急性髓系白血病的单中心、回顾性研究

李慧颖^{1,2,3}、戴海萍^{1,2,3}、薛胜利^{1,2,3}

1. 国家血液系统疾病临床医学研究中心

2. 江苏省血液研究所

3. 苏州大学附属第一医院

目的 分析 FLT3-ITD 阳性复发难治急性髓系白血病 (R/R AML) 患者的临床特征，探讨 FLT3-ITD 阳性复发患者生存预后因素。

方法 回顾性收集 2017 年 1 月至 2023 年 12 月在苏州大学附属第一医院住院治疗的 FLT3-ITD 阳性 R/R AML 患者临床资料。394 例诊断 FLT3-ITD 阳性 AML 患者，R/R AML 患者 137 例 (34.77%)。二代测序 FLT3-ITD 等位基因比值(AR)>1%为 FLT3-ITD 突变阳性。AML 诊断参照 WHO 2016 标准，危险度分层和疗效评估参照 ELN 2017 标准。完全缓解后 6 个月内复发定义为超早期复发。SPSS 25.0 进行统计学分析，绘制 Kaplan-Meier 生存曲线，采用 log-rank 检验比较生存差异。

结果 共纳入 78 例具有完整随访资料的患者。78 例患者，原发难治 16 例，复发 62 例。超早期复发 50 例，早期复发 4 例，晚期复发 8 例。初诊和复发均伴 FLT3-ITD (DX+RL+) 的患者 50 例 (64.1%)，初诊 FLT3-ITD 阳性而复发 FLT3-ITD 阴性的患者 (DX+RL-) 14 例 (17.95%)，初诊 FLT3-ITD 阴性而复发 FLT3-ITD 阳性的患者 (DX-RL+) 14 例 (17.95%)。DX+RL+组复发患者初诊 FLT3-ITD 中位 AR 值明显高于 DX+RL-组 (1.19vs0.27,P=0.004)。超早期复发患者中，DNMT3A 共突变在 DX+RL-组发生率低于 DX-RL+组 (0%vs80.0%,P=0.006)；NPM1 和 DNMT3A 共突变在 DX+RL+组发生率低于 DX-RL+组 (20.5%vs80.0%,P=0.005)，余共突变无明显差异。68 例 (87.2%) 化疗后复发，10 例 (12.8%) 异基因移植(allo-HSCT)后复发，其中 6 例 (60%) 患者为 DX-RL+。所有 78 例患者，原发难治和复发患者中位 OS 分别为 8.83 和 19.63 个月，差异无统计学意义 (P=0.174)。DX+RL+组联合 DX+RL-组 vsDX-RL+组中位 OS 分别为 20.07 和 15.65 个月(P=0.588)，差异无统计学意义。14 例 DX-RL+组患者中，10 例 (71.4%) 患者在初诊主克隆基础上出现 FLT3-ITD 突变，中位 AR 为 0.20，提示 10 例患者 FLT3-ITD 阳性细胞为克隆演变。4 例 (28.6%) 在初诊主克隆为 FLT3-ITD 阴性，复发时同时检测到 FLT3-ITD 阳性的新克隆，提示这部分患者 FLT3-ITD 阳性克隆为新出现的无关克隆。

结论 复发难治 FLT3-ITD 阳性 AML 患者生存短，预后差。传统化疗模式下，多数 FLT3-ITD 阳性 R/R AML 患者仍为 FLT3-ITD 阳性复发。初诊 FLT3-ITD 阴性仅复发时检测到 FLT3-ITD 阳性 R/R AML 患者应警惕新的异常克隆，DX-RL+患者 FLT3-ITD 存在为移植后复发时，多为过客突变。

PO-0862

GATA2-HOXA10 融合基因阳性急性髓系白血病 1 例报告

熊若兰、张志奇、王庆伟、刘一丹、胡绍燕、李捷
苏州大学附属儿童医院

目的 分析急性髓系白血病 M7 (acute myelogenous leukemia M7, AML-M7) 合并 GATA2-HOXA10 融合基因阳性的临床特点。

方法 回顾性分析 1 例合并 GATA2-HOXA10 融合基因的 AML-M7 患儿临床以及分子遗传学检测结果。

结果 2 岁 8 月女童首次骨髓检查诊断急性 B 淋巴细胞白血病, 伴有 GATA2-HOXA10 融合基因阳性。3 月后复查免疫分型结果示 AML-M7, 基因突变筛查检测到 JAK2、FAT1 突变。采用三轮 HAG 方案化疗, 获得了骨髓形态学缓解, 但融合基因 GATA2-HOXA10 持续阳性。随后行异基因造血干细胞移植治疗, 干细胞成功植入。移植后 2 个月复查骨髓穿刺, 骨髓细胞形态学缓解, MRD $<1.8\times 10^{-4}$, GATA2-HOXA10 阳性, STR: 95.8%, 现外院治疗中。

结论 GATA2-HOXA10 融合基因阳性 AML-M7 少见且预后不佳。

PO-0863

CDKN2A/B 基因重排阳性急性 T 淋巴细胞白血病患者临床分析

熊若兰、张志奇、胡绍燕、李捷
苏州大学附属儿童医院

目的 分析 CDKN2A/B 基因重排阳性急性 T 淋巴细胞白血病 (T-cell acute lymphoblastic leukemia, T-ALL) 患儿的临床资料, 探讨其临床和基因表型特征及预后。

方法 选取 2021 年 1 月至 2023 年 12 月苏州大学附属儿童医院血液科收治的初诊 CDKN2A/B 基因重排阳性的 T-ALL 患者作为研究对象。患儿骨髓涂片行瑞氏-姬姆萨染色, 观察 FAB 分型; 骨髓细胞采用热变性姬姆萨 R 显带技术进行, 观察染色体核型异常情况; 应用流式细胞仪检测免疫分型; 使用 RNA-seq 测序技术检测基因突变及融合基因情况。采用 CCLG-ALL-2018、CCCG-ALL-2020 方案化疗, 随访 5.4 至 29.8 个月, 观察患儿的疗效、复发及生存情况。

结果 16 例 CDKN2A/B 基因重排阳性 T-ALL 患儿中, 男性 12 例, 女性 4 例, 中位数年龄 7.15 (3.50-14.10) 岁。初诊时血常规白细胞中位数值 $111.57 (36.48-520) \times 10^9/L$; 血红蛋白中位数值 $114.50 (88-137) g/L$; 血小板中位数值 $88.50 (33-196) \times 10^{12}/L$ 。所有患者均有淋巴结浸润, 13 例伴随肝脏和脾脏浸润, 均无睾丸和中枢神经系统浸润。所有患者都至少检测到 2 个突变, 中位突变个数 4.5 (2-7) 个。共检测到 42 个基因突变, 其中 NOTCH1 (88%)、FBXW7 (50%)、PTEN (31%)、USP7 (31%) 突变率高。在所检测的融合基因中, MTAP-CDKN2B-AS1 融合基因出现频率较多。共 14 例患者检测到伴随融合基因, SIL-TAL1 出现频次居多。1 年总生存率及无复发生存率分别为 $92.3\% \pm 7.4\%$ 、 $93.3\% \pm 6.4\%$ 。

结论 CDKN2A/B 基因重排阳性急性 T 淋巴细胞白血病患者中, MTAP-CDKN2B-AS1 融合基因出现频率较多, NOTCH1、FBXW7、PTEN、USP7 突变率高。T-ALL 合并 CDKN2A/B 基因重排阳性的患儿诱导缓解率高, 整体预后较好。

PO-0864

单中心 72 例 BCR-ABL1(+)儿童急性淋巴细胞白血病临床分析

张宜渊、卢俊、肖佩芳、王易、李捷、刘虎、郭爱莲、卞馨妮、胡绍燕、何海龙
苏州大学附属儿童医院

目的 回顾性分析 72 例 BCR-ABL1(+)儿童 B 系急性淋巴细胞白血病的临床资料，探讨 BCR-ABL1(+)B-ALL 患儿的临床特征、预后的影响因素、酪氨酸激酶抑制剂的疗效和不良反应，为改善治疗质量提供临床依据。

方法 收集 2015 年 6 月至 2023 年 6 月在苏州大学附属儿童医院确诊为 B 系 ALL，且经 RT-PCR 检出 BCR-ABL1 的 72 例患儿临床资料。采用 SPSS 26.0 统计分析， $P < 0.05$ 表示差异具有统计学意义。

结果 本研究 72 例患儿，男女比例 2.27 : 1，初诊中位年龄为 8.6 岁，中位白细胞计数 $65.82 \times 10^9/L$ 。72 例患儿 3 年 OS 为 $80.1 \pm 5.0\%$ ，3 年 RFS 为 $74.4 \pm 6.0\%$ ，3 年 EFS 为 $68.0 \pm 6.0\%$ 。本组病人共死亡 16 例，复发 15 例，中位复发时间为 22 月，其中单独骨髓复发 10 例，单独中枢神经系统复发 4 例，中枢联合骨髓复发 1 例。

生存分析：多因素 COX 回归分析显示初诊 $WBC > 100 \times 10^9/L$ 组死亡的风险为 $WBC \leq 100 \times 10^9/L$ 组的 6.760 倍 ($P = 0.021$)。初诊 $WBC > 100 \times 10^9/L$ 组发生事件的风险为 $WBC \leq 100 \times 10^9/L$ 组的 5.488 倍 ($P = 0.008$)。

酪氨酸激酶抑制剂：达沙替尼组在第 19 天 MRD $< 1 \times 10^{-4}$ 、第 46 天 BCR-ABL1 阴性、基因转阴时间 < 3 月方面均显著优于伊马替尼组 ($P < 0.05$)，两组间治疗相关不良反应发生率无统计学差异 ($P = 0.243$)。单纯化疗联合达沙替尼组较联合伊马替尼组 3 年 OS、RFS、EFS ($P < 0.05$) 明显提高。

结论 本研究 72 例 BCR-ABL1(+)B-ALL 患儿 3 年 OS 为 $80.1 \pm 5.0\%$ ，3 年 RFS 为 $74.4 \pm 6.0\%$ ，3 年 EFS 为 $68.0 \pm 6.0\%$ 。

初诊 $WBC > 100 \times 10^9/L$ 是 BCR-ABL1(+)ALL 患儿 OS、EFS 的独立危险因素。

达沙替尼组在早期缓解方面优于伊马替尼组，且 OS、RFS、EFS 均明显提高，并未增加治疗相关不良反应发生率。

PO-0865

GALNT11 是位于染色体 7q 上新的 AML 肿瘤抑制基因

邓馨童、刘玉
四川大学华西医院血液内科

目的 目的: 染色体 7 缺失 (-7) 或 7q 缺失 (del(7q)) 在复发耐药和继发性急性髓系白血病 (AML) 中高频发生，且与预后不良紧密相关。染色体 7q 片段包含数千个基因，除 KMT2C 被证明是强有力的肿瘤抑制基因外，其余在 AML 发生发展中的功能尚不明确。本课题在前期发现染色体 7q36 上基因 GALNT11 缺失促进 AML 发生的基础上，进一步揭示其缺失促进 AML 发生发展及耐药的分子机制。

方法 方法: 利用基因编辑技术在小鼠造血干细胞中敲低 Galnt11，尾静脉移植到受体小鼠，根据成瘤情况分析其缺失是否促进 AML 发生。对肿瘤细胞进行转录组学测序，通路富集分析差异表达基因。针对 GALNT11 蛋白糖基转移酶功能，进行 O-GalNAc 特异性糖基化蛋白质组学测序。联合分析转录组和质谱数据，发现 GALNT11 特异性糖基化下游蛋白，进行蛋白免疫印迹比较 GALNT11 敲低对其下游蛋白表达影响。利用免疫沉淀联合质谱分析，预测下游蛋白糖基化修饰位点。进一步对糖基化位点氨基酸进行突变，获得单克隆细胞。添加 DNA 损伤诱导剂，利用彗星拖尾实验和免疫

荧光分析 GALNT11 敲低和糖基化修饰位点突变对细胞 DNA 损伤和响应水平的影响。添加 AML 常规化疗药物阿糖胞苷或 DNA 损伤响应通路相关药物，药物处理 GALNT11 敲低的小鼠 AML 细胞，分析响应情况。

结果 结果: 小鼠 AML 原发成瘤实验中，染色体 7q 上基因 GALNT11 敲低显著促进小鼠 AML 发生，缩短小鼠存活时间。肿瘤细胞转录组学分析发现，DNA 损伤响应通路基因在 GALNT11 敲低组显著下调。O-GalNAc 特异性糖基化蛋白质谱测序发现 GALNT11 下游 DNA 损伤响应关键蛋白——ATM。蛋白免疫印迹实验中，GALNT11 敲低后 ATM 蛋白水平降低；同时 ATM 糖基化修饰位点单克隆细胞中 ATM 水平降低。彗星拖尾实验和免疫荧光分析 GALNT11 敲低和 ATM 糖基化位点突变后，细胞的 DNA 损伤积累更多，响应水平更低。相比于对照，GALNT11 敲低的小鼠 AML 细胞对阿糖胞苷更耐药，但对 DNA 损伤修复通路蛋白相关药物显著敏感。

结论 结论: GALNT11 是 AML 中位于染色体 7q 新的肿瘤抑制基因，其缺失通过影响下游蛋白 ATM 糖基化导致细胞 DNA 损伤响应功能受损，利用 DNA 损伤响应通路相关药物可以有效杀伤 GALNT11 缺失的肿瘤细胞。

PO-0866

t(16;21)(p11;q22)/FUS::ERG 阳性急性髓系白血病的基因突变谱和预后分析

董晓燕、鄂成业、李玉龙、商保军、程薇、张琳、朱尊民

河南省人民医院血液病研究所 河南省血液病理重点实验室 河南省干细胞临床应用与关键技术重点实验室 河南省 CAR-T 细胞治疗与转化工程研究中心 郑州大学人民医院血液病研究所

目的 本研究旨在探讨携带 t(16;21)(p11;q22)/FUS::ERG 融合基因的急性髓系白血病 (Acute myeloid leukemia, AML) 患者的临床生物学及预后特征。

方法 回顾性分析 2015 年 12 月至 2023 年 8 月在河南省人民医院收治的 12 例 t(16;21)(p11;q22)/FUS::ERG 阳性 AML 患者的临床和实验室数据，并进行文献复习。

结果 t(16;21)(p11;q22)/FUS::ERG 阳性 AML 占同期初诊 AML 患者的 1.28% (12/935)。患者中男性 9 例，女性 3 例；FAB 分型为 M2 型 9 例，M4/5 型 3 例。7 例患者在诊断时骨髓原始细胞可见空泡形成。所有患者的免疫表型均表达 CD56 和 CD123。染色体核型分析均显示 t(16;21)易位，其中 7 例伴有附加染色体异常。FUS::ERG 融合基因均检测阳性，基因突变情况：PTPN11 50.0% (3/6)、NRAS 36.4% (4/11)、BCOR 22.2% (2/9)、RUNX1 18.2% (2/11)、TET2 18.2% (2/11)、WT1 11.1% (1/9)。汇总国内外文献中基因突变信息，突变率最高的为 PTPN11，占 26.7% (12/45)，其次为 NRAS，占 23.5% (8/34)，其他常见突变基因为 TET2、RUNX1、ASXL1、DNMTA、BCOR 等。本研究中 11 例患者诱导化疗后完全缓解 (CR) 率为 72.7%，复发率为 37.5%；3 例患者接受了造血干细胞移植 (HSCT)，其中 2 例移植后复发/死亡。11 例患者的中位生存期为 15 个月[95%CI (9.092-20.908)]。

结论 t(16;21)(p11;q22)/FUS::ERG 阳性 AML 是一类罕见的具有特定遗传学特征的 AML 亚型，具有出独特的临床生物学和基因表达谱特征，总体预后较差。造血干细胞移植效果可能有限，亟需探索新的靶向治疗方法。

PO-0867

ASCIMINIB (ASC) PROVIDES BETTER EFFICACY AND FAVORABLE SAFETY AND TOLERABILITY VS INVESTIGATOR-SELECTED TYROSINE KINASE INHIBITORS (IS TKI) IN NEWLY DIAGNOSED CHRONIC MYELOID LEUKEMIA (CML) RESULTS FROM THE EAST ASIAN SUBGROUP ANALYSIS OF THE PIVOTAL ASC4FIRST STUDY

Jianxiang Wang¹, Inho Kim², Xin Du³, Sung-Eun Lee⁴, Yu Hu⁵, Yoshikane Kikushige⁶, Qian Jiang⁷, Yi Wang⁸, Su-Peng Yeh⁹, Suning Chen¹⁰, Huanling Zhu¹¹, Tatsunori Goto¹², Akihiro Tomita¹³, Michiko Ichii¹⁴, Hirohisa Nakamae¹⁵, Shruti Kapoor¹⁶, Beini Liu¹⁷, Tong Zhu¹⁷, Naoto Takahashi¹⁸

1. Blood Disease Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences
2. Department of Internal Medicine, Seoul National University Hospital, and Cancer Research Institute, Seoul National University College of Medicine
3. Shenzhen Second People's Hospital
4. Department of Hematology, Catholic Hematology Hospital, Seoul St. Mary's Hospital, College of Medicine, The Catholic University of Korea
5. Huazhong University of Science and Technology, Tongji Medical College, Union Hospital
6. Department of Medicine and Biosystemic Sciences, Kyushu University Graduate School of Medicine
7. Department of Hematology, Peking University People's Hospital
8. Department of Hematology, Provincial People's Hospital, Xi'an
9. China Medical University Hospital
10. The First Affiliated Hospital of Soochow University, Jiangsu Institute of Hematology; Institute of Blood and Marrow Transplantation; Collaborative Innovation Center of Hematology, Soochow University; Key Laboratory of Thrombosis and Hemostasis of Ministry of Health
11. Department of Hematology, West China Hospital of Sichuan University
12. Department of Blood Transfusion/Hematology, Japanese Red Cross Aichi Medical Center Nagoya Daiichi Hospital
13. Fujita Health University School of Medicine
14. Osaka University Graduate School of Medicine
15. Department of Hematology, Osaka Metropolitan University Hospital
16. Novartis Pharmaceuticals Corporation
17. China Novartis Institutes for BioMedical Research Co., Ltd.
18. Department of Hematology, Nephrology, and Rheumatology, Akita University Graduate School of Medicine

Objective CML treatments that improve efficacy without compromising tolerability are needed to enable patients to meet treatment goals. Asciminib (ASC), the first BCR::ABL1 inhibitor to Specifically Target the ABL Myristoyl Pocket (STAMP), demonstrated significantly superior major molecular response (MMR) rates at week 48 and markedly favorable safety and tolerability vs investigator-selected (IS) TKI (imatinib, nilotinib, dasatinib and bosutinib) and vs imatinib (IMA) in patients with newly diagnosed CML in the pivotal phase III study ASC4FIRST (NCT04971226). We present findings from a pre-planned analysis of East Asian patients from ASC4FIRST (data cutoff: 28-Nov-2023).

Methods Adults with CML diagnosed ≤ 3 months before enrollment were randomized 1:1 to receive ASC 80 mg once daily or an IS TKI (standard label doses), stratified by ELTS risk category and prerandomization-selected (PRS) TKI (IMA or second generation [2G] TKIs). Investigators selected PRS TKI based on patient and disease characteristics, and patient preference. The two primary objectives were to demonstrate superiority in MMR rate at week 48 with ASC vs IS TKI and ASC vs IS TKI among patients with IMA as their PRS TKI (ASC^{IMA} vs IS TKI^{IMA}). Secondary objectives included MMR rates at week 48 with ASC vs IS TKI among patients with 2G TKIs as their PRS TKI (ASC^{2G} vs IS TKI^{2G}).

Results Among 405 patients in ASC4FIRST, 138 patients were from East Asian sites and randomized to ASC (n=74: ASC^{IMA}, n=28; ASC^{2G}, n=46) or an IS TKI (n=64: IS TKI^{IMA}, n=26; IS

TKI^{2G}, n=38 [nilotinib, 24/38 {63%}; dasatinib, 10/38 {26%}; bosutinib, 4/38 {11%}]). Median follow-up was 16.6 and 15.7 months with ASC and IS TKIs, respectively. At cutoff date, treatment was ongoing in 85%, 50%, and 84% of patients receiving ASC, IMA, and 2G TKIs, respectively. MMR rate at week 48 (per ITT) was higher with ASC vs IS TKI (64.9% vs 45.3%); ASC^{IMA} vs IS TKI^{IMA} (67.9% vs 30.8%) and ASC^{2G} vs IS TKI^{2G} (63.0% vs 55.3%).

Higher rates of deep molecular responses were achieved with ASC vs IS TKI, ASC^{IMA} vs IS TKI^{IMA}, and ASC^{2G} vs IS TKI^{2G} at week 48: MR^{4.0}, 40.5% vs 18.8%; 46.4% vs 11.5%; 37.0% vs 23.7%, respectively; MR^{4.5}, 18.9% vs 9.4%; 25.0% vs 7.7%; 15.2% vs 10.5%, respectively.

Frequent all-grade adverse events (AEs) for ASC, IMA and 2G TKIs included neutrophil count decreased (30%, 42%, 32%), platelet count decreased (26%, 39%, 27%), white blood cell count decreased (26%, 39%, 27%), anemia (23%, 42%, 19%) and lipase increased (14%, 35%, 8%) respectively. Arterial occlusive event rate was 1%, 0%, and 3%, respectively, and not suspected to be treatment-related. Grade ≥ 3 AEs (39%, 54%, 46%), rates of discontinuation (3%, 15%, 5%) and dose modifications due to AEs (32%, 62%, 57%) were lower with ASC vs IMA and 2G TKIs.

Conclusion ASC4FIRST demonstrated significantly superior efficacy and excellent safety and tolerability for ASC vs IS TKIs and vs IMA in patients with newly diagnosed CML. Efficacy and safety profiles in East Asian patients were consistent with those from the global population.

PO-0868

MDH1 通过抑制 p53 泛素化抑制 AML 发病

吴博文

浙江大学医学院附属第一医院

目的 探究 MDH1 在急性髓系白血病中的作用及机制

方法 对初发 AML 病人进行转录组测序, 利用 WGCNA 算法进一步挖掘 MDH1 基因。利用 qPCR 及 Western Blot 验证 MDH1 的表达。应用慢病毒转染构建 MDH1 过表达及沉默细胞系, 并利用 MTT 法、流式细胞数等方法检测 MDH1 对 AML 细胞系的增殖、周期、凋亡和耐药等功能的影响。利用 NSG 小鼠研究 MDH1 对 AML 细胞系体内增殖的影响。利用 RNA-Seq、Co-IP 等技术研究 MDH1 发挥功能的可能机制。

结果 WGCNA 算法表明, MDH1 表达和 AML 病人初诊时 WBC 计数呈负相关。进一步验证发现, 相对于正常样本, MDH1 在 AML 的表达下调, 与数据库中相符, 提示 MDH1 在 AML 中可能起到抑癌效果。体外实验证实, 过表达 MDH1 抑制 AML 细胞增殖, 阻滞细胞周期于 G1 期, 并增加对化疗药物如阿糖胞苷、多柔比星的敏感性, 沉默 MDH1 则起到相反效果。RNA-Seq 表明, MDH1 可能通过调控 p53 通路发挥功能。进一步研究发现, MDH1 通过绑定于 p53 的 DNA 结合区域, 抑制 p53 和 MDM2 的结合, 抑制 p53 泛素化降解。

结论 MDH1 通过抑制 p53 泛素化降解, 在 AML 中发挥抑癌作用。

PO-0869

维奈克拉、阿扎胞苷联合粒细胞刺激因子 治疗急性髓系白血病的疗效及安全性研究

杨萧天¹、陈娟²、林国强¹、郝子怡¹、司叶俊¹、张兴霞¹、张兵¹、王力¹、万艳¹、黄赛兰¹、姜惠然¹、张彦明¹1. 徐州医科大学附属淮安医院 淮安市第二人民医院
2. 泗阳县中医院

目的 探讨维奈克拉、阿扎胞苷联合粒细胞刺激因子联合方案（Venetoclax, Azacitidine and G-CSF, VAG）在初诊急性髓系白血病（acute myeloid leukemia, AML）中的疗效及安全性。

方法 回顾性分析淮安市第二人民医院 2022 年 1 月-2023 年 9 月收治的 25 例新诊急性髓系白血病患者，采取 VAG 方案（阿扎胞苷 75 mg/m² d1-7, Venetoclax 100 mg d1、200 mg d2、400 mg d3-28, G-CSF 50-600ug/d, d1-28 根据血象调整）治疗。观察主要终点为总反应率 ORR、复合完全缓解率 CR+CRi 及药物安全性，并做亚组分析。

结果 结果 ① 25 例患者中位年龄 51.7（18-79）岁，ORR 100%，CR+CRi 率 88%，≥60 岁患者 11 人，CR+CRi 率 81.8%，18-60 岁患者 14 人，CR+CRi 率 92.9%；② CR+CRi 患者中 MRD-占比 90.1%；③ ELN 低危组 CR+CRi 率 100%，中危组 CR+CRi 率 87.5%，高危组 CR+CRi 率 81.8%；M5 型 CR+CRi 率 75%；④ 基因亚组分析显示，DNMT3A、STAG2、NPM1、FLT3-ITD CR+CRi 率为 100%，TET2 为 66.7%，SRSF2 为 60%，ASXL1、BCOR、RUNX1 均为 50%，NRAS 为 25%；⑤ VAG 治疗期间平均粒缺时间 9.75 天，血小板 <20×10⁹/L 时间为 5.33 天，平均输注红细胞 7.7U，血小板 5U；⑥ 未发生治疗相关死亡，1 例发生肿瘤溶解综合征，经对症治疗好转后继续治疗；最常见的 3 级及以上不良反应为粒细胞减少（38%），粒细胞减少伴发热（23%），血小板减少（38%），贫血（38%）。

结论 对于初诊年轻及老年 AML 患者，VAG 方案均有效且获得更高的 MRD-缓解率，不良事件发生率低且可控，骨髓抑制时间段且更少的血制品需求，为年轻及老年初治 AML 患者提供了治疗选择。

PO-0870

化疗序贯预处理异基因造血干细胞移植治疗高危 及复发难治性急性白血病的疗效及安全性分析

周亚雯、康志杰、李玉姣、王莹、黄亚男、赵越、杨岩、闫金松
大连医科大学附属第二医院

目的 探讨化疗序贯预处理异基因造血干细胞移植治疗高危及复发难治性急性白血病（Relapsing and refractory acute leukemia, R/R AL）的疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2014 年 1 月至 2022 年 12 月在大连医科大学附属第二医院血液科住院治疗的 79 例接受异基因造血干细胞移植的高危及复发难治性急性白血病患者的疗效及安全性，主要研究终点为总生存（OS, Overall survival）、无病生存（DFS, Disease-free survival），次要研究终点为化疗序贯预处理的安全性及非复发死亡（NRM, no relapse mortality）。

结果 接受化疗序贯预处理异基因造血干细胞移植的 79 例高危及 R/R 急性白血病患者中，高危 48 例，R/R 31 例。移植后中位随访时间为 4.05（0.25 ~9.79）年，截至 2024 年 3 月 18 日，52 例（65.82%）患者存活，27 例（34.18%）患者死亡，无失访。预计 1 年 OS 和 DFS 分别为 86.10% 和 71.10%，3 年 OS 和 DFS 率分别为 67.80%和 65.40%。在序贯预处理期间 74 例（93.67%）患者出现消化道不良反应，53 例（67.09%）患者出现周身乏力，28 例（35.44%）患者出现发热或

感染。27 例死亡患者中，12 例（44.44%）死于复发，15 例（55.56%）为非复发死亡，其中 9 例死于感染，4 例死于 TMA，1 例死于爆发性心肌炎，1 例死于 PTLT。

结论 化疗序贯预处理异基因造血干细胞移植治疗高危及复发难治性急性白血病，具有较好的疗效和安全性。

PO-0871

骨髓增生异常相关基因突变对年轻急性髓系白血病患者疗效及预后的影响分析

董晓燕、邬成业、李玉龙、商保军、程薇、张琳、朱尊民

河南省人民医院血液病研究所 河南省血液病理重点实验室 河南省干细胞临床应用与关键技术重点实验室 河南省 CAR-T 细胞治疗与转化工程研究中心 郑州大学人民医院血液病研究所

目的 本研究旨在探讨骨髓增生异常相关基因突变（Myelodysplasia-related gene mutations, MDS-R gene mutations）对年轻（<60 岁）急性髓系白血病（Acute myeloid leukemia, AML）患者疗效和预后的影响。

方法 回顾性分析 2020 年 6 月 1 日至 2023 年 12 月 31 日河南省人民医院收治的 279 例年轻 AML 患者的临床资料，根据 ICC 指南，将携带 ASXL1、BCOR、EZH2、RUNX1、SF3B1、SRSF2、STAG2、U2AF1 和 ZRSR2 任一突变阳性的患者定义为 MDS-R 基因突变组，并比较该组与 MDS-R 基因突变阴性组患者的临床特征、基因突变谱、疗效及预后。

结果 ①279 例年轻 AML 患者中 MDS-R 基因突变组 84 例（30.1%），其中位白细胞（WBC）计数（ $8.645 \times 10^9/L$ ）、外周血和骨髓原始细胞比例（35.0%、46.6%）均显著低于 MDS-R 基因突变阴性组（ $16.92 \times 10^9/L$ 、54.0%和 62.8%），P 值分别为 0.003、0.001 和 <0.001。②在 MDS-R 基因突变组中，ASXL1（45.2%）和 RUNX1（21.4%）突变率最高，而 NPM1、CEBPA b1p2 突变在该组中的发生率（8.3%和 6.0%）显著低于对照组（26.2%和 13.8%， $P=0.001$ ， $P=0.037$ ）。PHF6 突变在 MDS-R 基因突变组中的发生率（6.0%）显著高于对照组（0.0%）， $P=0.002$ 。③MDS-R 基因突变组的完全缓解（CR）率为 82.6%，低于 MDS-R 基因突变阴性组（96.4%）， $\chi^2=13.080$ ， $P<0.001$ ，且 MDS-R 基因突变是 CR 的独立危险因素[OR=0.154（95% CI 0.050-0.474）， $P=0.001$]。④MDS-R 基因突变组 2 年总生存（OS）率和无事件生存（EFS）率分别为 61.6%和 47.1%，显著低于 MDS-R 基因突变阴性组（84.0%和 56.4%），P 值分别为 0.007 和 0.043。多因素分析结果显示 MDS-R 基因突变是 OS[HR=2.515（95% CI 1.207-5.241）， $P=0.014$]和 EFS[HR=2.058（95% CI 1.193-3.550）， $P=0.009$]的独立不良预后因素。

结论 MDS-R 基因突变与年轻 AML 患者的不良预后相关，对 AML 的危险度分层、疗效评估及预后判断具有重要临床意义。

PO-0872

智慧化护理管理系统对血液疾病患者跌倒的应用

赵菲

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 急性白血病是由于造血干细胞恶性克隆增生导致骨髓和其他造血组织中原始细胞大量积累。这些异常细胞不能分化成成熟的血细胞，从而影响正常的血液功能。典型症状包括发热、乏力、出血倾向等，严重时可出现贫血、感染等症状。不同类型的急性白血病可能有不同的临床表现。因此急性白血病患者存在一定恐惧心理，而出现轻生的念头，在患病之后对家人及朋友的心理造成一定

负担,对疾病比较恐惧缺乏安全感,化疗过程中外貌、形象的改变造成一定的自尊心压力。因此帮助患者、鼓励患者树立战胜疾病的信心。让家属与患者多沟通,及时了解患者的心理状态。鼓励患者保持乐观、积极的心态是临床关注的重点。本文的目的在于探讨智慧化护理管理系统在初发急性白血病患者化疗后跌倒中的效果。

方法 对我院 84 例初发急性白血病患者,实施智慧化护理管理干预。比较护理前后情绪疲乏分析、身体疲乏分析、心理疲乏分析、活力、焦虑及术后跌倒率。

结果 经智慧化护理管理之后,患者情绪疲乏分析、身体疲乏分析、心理疲乏分析、焦虑低于护理之前而活力高于护理之前,两组之间比较具有统计学意义($P<0.05$)。

结论 化疗后的细胞抑制期是跌倒发生的危险期,通过对住院患者实施综合护理干预降低了患者身体和心理的疲乏,增加了患者对抗疾病的信心。智慧化护理管理是在常规护理的基础上形成和发展起来的,增加了多种护理细节和内容,强调了病人的预防意识和配合度,整合了护理措施,为患者制定有针对性、系统性、全面性的护理计划,可有效改善预后,有助于形成良好的护患关系。

PO-0873

AdipoR1 表达对成人急性 B 淋巴细胞白血病患者预后的影响

杨璐、王树娟
郑州大学第一附属医院

目的 近年来急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 患者的疗效得到显著提高,仍有 50% 的患者无法长期生存,寻求新的治疗靶点是非常有必要的。AdipoR1 基因在肿瘤中扮演抑癌基因的角色,但在 B-ALL 中的作用尚未报道。本研究探讨 AdipoR1 对 B-ALL 患者预后的影响。

方法 通过分析 TCGA 数据库研究 AdipoR1 对 B-ALL 患者预后的影响。收集本单位 30 例初诊 B-ALL 患者及 6 例健康供着骨髓样本,采取了 mRNA 提取、cDNA 逆转录及 RQ-PCR 等方法进行了 AdipoR1 mRNA 水平的检测,分析 AdipoR1 在初诊 B-ALL 患者骨髓的表达水平及对预后影响。

结果 在 TCGA 数据库中,根据 AdipoR1 中位表达水平将 B-ALL 患者分为低表达与高表达组,发现 AdipoR1 高表达患者的总体生存率显著好于低表达患者 ($P=0.005$)。在本单位的数据中,30 例 B-ALL 患者的 AdipoR1 mRNA 水平显著低于健康供者的表达水平 (446.4% [范围: 94.0-2689.0%] vs. 1877.0% [范围: 884.2-2917.0%], $P=0.0003$)。其中,11 例 Ph 阳性患者的骨髓 AdipoR1 mRNA 水平显著低于 19 例 Ph 阴性患者 ($P=0.0033$)。在 26 例可进行疗效评估患者,22 例 (84.6%) 患者达到完全缓解 (CR),达到 CR 组患者的 AdipoR1 mRNA 水平显著高于未达 CR 患者的水平 (446.4% [范围: 94.0-2689.0%] vs. 150.2% [范围: 117.8 -988.3%]), $P=0.064$)。对患者中位随访 8 个月 (范围: 0-33 个月),其中在 23 例达到 CR 的患者中,11 例患者复发 (47.8%),复发组患者的 AdipoR1 mRNA 水平低于未复发组患者 ($P=0.29$)。利用 ROC 曲线根据患者的 AdipoR1 mRNA 水平对进行分组,以 420.0%为界值,进行无复发生存率 (RFS) 分析显示: AdipoR1 低表达组 ($n=10$) 的 RFS 率低于 AdipoR1 高表达组 ($n=13$) ($P=0.11$)。

结论 AdipoR1 低表达可能是 B-ALL 患者不良预后的因素,仍需更多的样本及延长随访时间进行进一步研究。

PO-0874

中国慢性粒单核细胞白血病的临床特征和预后分析

董培源、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 提高对慢性粒单核细胞白血病 (CMML) 临床特征的认识

方法 回顾性分析武汉同济医院 2012-2018 年共 39 例 CMML 患者的临床特征和预后分析。

结果 39 例 CMML 患者中，中位年龄为 58 岁（22-81 岁）。根据 WHO 分型，2 例为 CMML-0，18 例为 CMML-1，19 例为 CMML-2。24 例 CMML 为正常核型，最常见的基因突变是 DNMT3A(22.58%)、TET2(22.58%)、NPM1(19.35%)和 SRSF2（19.35%）。DNMT3A 突变与外周血原始细胞计数相关。中位随访时间为 10 个月（1-68 月），1 年整体生存率为 23.7%。初诊外周血白细胞计数 $\geq 10 \times 10^9/L$ 和 TP53 突变的患者预后较差。

结论 初诊外周血白细胞计数 $\geq 10 \times 10^9/L$ 和 TP53 突变是 CMML 的不良预后因素。DNMT3A 突变与外周血原始细胞计数呈正相关。目前的 CMML 治疗预后较差，仍需探究更有效的治疗方案。

PO-0875

CD19 CAR-T 与贝林妥欧单抗治疗复发/难治性 B 细胞急性淋巴细胞白血病患者疗效和安全性比较

王柯馨^{1,2,3,4}、江松福⁵、胡永仙^{1,2,3,4}、黄河^{1,2,3,4}

1. 浙江大学医学院附属第一医院骨髓移植中心，浙江 杭州
2. 浙江大学医学中心良渚实验室，浙江 杭州
3. 浙江大学血液学研究所，浙江 杭州
4. 浙江省干细胞与细胞免疫治疗工程实验室，浙江 杭州
5. 温州医科大学附属第一医院，浙江 温州

目的 比较以 CD19 为靶点的嵌合抗原受体（CAR）T 细胞和贝林妥欧单抗（blinatumomab）治疗复发/难治性 B 细胞急性淋巴细胞白血病（B-ALL）患者的临床疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2020 年 2 月至 2023 年 8 月共 106 例复发/难治 B-ALL 患者（CAR-T 组 61 例，blinatumomab 组 45 例）的临床资料，比较两组患者的治疗效果和毒性。

结果 两组患者的性别、年龄、前期治疗线数以及是否有髓外病变无显著差异，但 CART 组患者的治疗前肿瘤负荷显著高于 blinatumomab 组（ $P=0.002$ ）。CAR-T 组的客观反应率（ORR）为 96.6%，显著高于 blinatumomab 组的 77.8%（ $P=0.008$ ）。平均 10 个月的随访时间内，两组患者的总生存期（OS）和无白血病生存期（LFS）没有统计学差异。然而，亚组分析显示，对肿瘤负荷较高的患者（治疗前骨髓 MRD $>20\%$ ）而言，CD19 CAR-T 细胞治疗的完全缓解率（CR）显著高于 blinatumomab 疗法（70.6% vs. 33.3%， $P=0.007$ ），并且能够获得更长的生存期（ $P=0.023$ ）。对于肿瘤负荷较低（治疗前骨髓 MRD $\leq 20\%$ ）的患者来说，两种疗法的 CR 率和 OS 相似。此外，两组患者总的不良反应发生率相似，但 CAR-T 组中肿瘤负荷较高的患者发生严重细胞因子释放综合征（CRS）的几率高于 blinatumomab 组（ $P=0.005$ ）。两组患者中严重免疫效应细胞相关神经毒性综合征（ICANS）的发生率相似。

结论 对于肿瘤负荷较高的患者来说，CD19 CAR-T 细胞治疗获益更大；对于肿瘤负荷较低的患者来说，贝林妥欧单抗也是一个好的选择。

PO-0876

Hsa-circ-0002360 吸附 miR-145-5p 调控 IL-6R 在抑制 MDS 和 AML 疾病进展中的机制研究

邓发滑¹、韦四喜¹、黄海¹、王季石²、胡华丽¹、廖德仲³、章亚明²、郭鹏翔⁴、禄婷婷¹

1. 贵州医科大学附属医院临床检验中心

2. 贵州医科大学附属医院血液科

3. 贵州医科大学地方病与少数民族疾病教育部重点实验室

4. 贵州省人民医院血液科

目的 血液肿瘤一直以来都是严重威胁公共健康的一大难题，近年来白血病患者死亡率都无明显下降，环状 RNA 作为调节肿瘤进展的分子在血液肿瘤中取得了一些进展。本研究通过系列实验探究环状 RNA hsa-circ-0002360 在 MDS 及 AML 细胞系中的作用和机制，旨在阐明 hsa-circ-0002360 对血液肿瘤的治疗的潜在意义。

方法 采用 RT-qPCR 检测 hsa-circ-0002360 在 MDS 及 AML 患者外周血表达水平；利用 CCK-8 和流式细胞术检测 hsa-circ-0002360 对 SKM-1 及 Kasumi-1 细胞增殖及凋亡的影响；利用生物信息学分析 hsa-circ-0002360 下游靶 miRNA 及 mRNA，采用 RT-qPCR 及双荧光素酶报告系统验证 hsa-circ-0002360 与靶基因间相互作用关系，使用 Western blot 检测下游通路蛋白表达情况；采用裸鼠异种移植瘤模型验证 hsa-circ-0002360 对 Kasumi-1 细胞成瘤能力的影响。

结果 RT-qPCR 显示 MDS 和 AML 患者中 hsa-circ-0002360 显著下调。敲除 hsa-circ-0002360 可抑制 MDS 和 AML 细胞的凋亡，同时促进细胞增殖，上调则促进细胞凋亡并抑制增殖。进一步的生物信息学分析提示，hsa-circ-0002360 能够吸附 miR-145-5p 降低其表达，从而影响下游靶 mRNA IL-6R 表达水平，并通过 AKT/NF- κ B 信号通路影响 Kasumi-1 及 SKM-1 细胞的增殖及凋亡。RT-qPCR 及双荧光素酶报告实验结果表明，hsa-circ-0002360 能够吸附 miR-145-5p 从而增加 IL-6R 表达，此外，Western blot 结果也表明 hsa-circ-0002360 通过吸附 miR-145-5p 影响下游 IL-6R/AKT/NF κ B 信号通路。

结论 hsa-circ-0002360 可通过 hsa_circ_0002360/miR-145-5p/IL-6R/AKT/NF- κ B 信号通路抑制 Kasumi-1 及 SKM-1 细胞增殖、促进细胞凋亡，是潜在影响 MDS 及 AML 治疗的关键分子之一。

PO-0877

一例 CML 慢性期出现孤立性中枢急变患者的诊治经过病例报道

李俊颖、张波、郭涛

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 孤立的中枢神经系统（CNS）急变在慢性粒细胞白血病（CML）患者中较罕见，我们回顾并随访了一位患者的诊治经过，并进行归纳和总结，旨在为今后同类型患者的诊疗提供参考。

方法 收集并整理了起病至今该患者病历资料，包括基本临床特征、实验室检查数据、影像学资料、治疗经过及疗效评价。

结果 65 岁女性患者，于 2023 年 3 月确诊为 CML（BCR/ABL P210 阳性），口服伊马替尼 400mg/d 治疗 3 个月评估达完全血液学缓解、BCR/ABL IS 4.170%、ABL1 激酶区突变阴性，但随后因伊马替尼不耐受更换为达沙替尼治疗；起病 7 个月时患者开始出现头痛，随后出现意识障碍，此时颅脑 CT 及 MRI 未见明显异常，骨髓评价仍达完全血液学缓解、BCR/ABL IS 1.826%，但脑脊液（CSF）细胞学见大量幼稚细胞，流式细胞术示 CSF 样本中 78.72% 为表型异常 B 系幼稚细胞，实时荧光定量 PCR 示 CSF 样本中 BCR/ABL IS 42.428%，荧光原位杂交示 CSF 样本中 t(9;22)(q34;q11.2) 阳性；综合以上结果判断患者出现中枢急淋变，并根据 CSF ABL 激酶区突变结

果（E255K）选择奥雷巴替尼治疗，联合规律腰椎穿刺+鞘内注射治疗，患者临床症状迅速改善，起病 5 周后患者 CSF 流式转阴，7 周后复查评估 CSF BCR/ABL IS 0%，随访至今原发病控制可。
结论 孤立性 CNS 急淋变在 CML 中罕见，基于脑脊液 ABL 激酶区突变结果，我们对该患者应用了鞘内注射联合口服奥雷巴替尼的治疗，疗效可，无明显副作用，生存质量满意，可为后续此类患者的治疗提供参考。

PO-0878

CNN 结合迁移学习的白血病细胞形态学诊断

邱雪冰

武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 研究利用卷积神经网络(convolution neural network, CNN)结合迁移学习，建立骨髓细胞显微图像和单一白细胞图像的分类模型，实现对白血病细胞形态学的快速、高效、准确诊断。

方法 采集 AML、ALL、CML 与健康人的骨髓细胞显微图像，构建数据集 Data-1。采集 AML 四类亚型(M2, M3, M4 和 M5)的骨髓细胞显微图像，构建数据集 Data-2。然后应用 GoogleNet, ResNet 和 DenseNet 建立原始 Data-1 和预处理后的 Data-1 分类模型，其中基于预处理 Data-1 的 DenseNet 模型分类效果最优，预测准确率为 74.8%。应用 GoogleNet, ResNet 和 DenseNet 建立原始 Data-2 和预处理后的 Data-2 分类模型，其中基于预处理 Data-2 的 DenseNet 模型分类效果最优，预测准确率为 70.4%。

结果 在基于完整骨髓细胞显微图像的白血病细胞形态学分类诊断中，微调 DenseNet 模型预测总准确率最高，达到 95.2%，其中正常组、AML、ALL 和 CML 的预测准确率分别为 90%、99%、97% 和 95%。在基于完整骨髓细胞显微图像的 AML 细胞形态学分型诊断中，微调 DenseNet 模型预测总准确率最高，达到 93.5%，其中 M2、M3、M4 和 M5 的预测准确率分别 91%、90%、93% 和 100%。

结论 基于 CNN 结合迁移学习的白血病细胞形态学诊断是可行的，且该方法相比传统人工镜检方法具有快速、准确、客观等优点。

PO-0879

相较于成人方案，儿童样方案可改善成人急性淋巴细胞白血病合并原发中枢神经系统白血病的预后

梁海梅、周红升

南方医科大学南方医院

目的 儿童样方案可以改善成人急性淋巴细胞白血病（ALL）的生存，但能否改善合并原发中枢神经系统白血病（CNSL）的预后，尚未报道。本研究探讨相较于成人方案，儿童样方案能否改善成人 ALL 合并原发 CNSL 的预后，以及能否减少中枢复发。

方法 回顾性分析南方医科大学南方医院血液科 2006 年 1 月至 2021 年 12 月期间诊断的 ALL 患者 1023 人的临床资料，将患者分为成人方案队列和儿童样方案队列。

结果 1023 名 ALL 患者中，共 59 名患者存在原发 CNSL，成人方案队列 35 例，儿童样方案队列 24 例，两组患者基线特征均无显著统计学差异。在中位随访时间 42.48 月后，对于原发 CNSL，儿童样方案队列总体生存率（OS）及无事件生存率（EFS）显著优于成人队列（3 年 OS, 38.2% VS 14.26%, P=0.044, 图 1；3 年 EFS, 37.1% VS 12.42%, P=0.039, 图 2）。在成人方案队列中，69

名患者（11.27%）出现中枢复发；儿童样方案队列中 29 名患者（7.06%）出现中枢复发,显著低于成人方案队列（ $P=0.032$ ）。

结论 相较于成人方案，儿童样方案可改善成人 ALL 合并原发 CNSL 的预后，并减少中枢复发。

PO-0880

单中心三代 TKI 时代慢性髓系白血病急变期患者的临床特征及治疗转归

何哲柔、刘晓力、王蔷、周璇、范志平、孙竞、刘启发、许娜
南方医科大学南方医院

目的 分析在三代 TKI 时代，CML-BP 患者临床特征及不同治疗方法的疗效及预后。

方法 回顾性分析 2016 年 1 月~2023 年 6 月南方医科大学南方医院 41 例 CML-BP 患者的临床资料及不同治疗下的预后；进一步分析 21 例行移植的患者的资料、GVHD 发生率、临床疗效及预后影响因素。

结果 (1)41 例 CML-BP 患者，21 例接受异基因造血干细胞移植，20 例患者选择其他治疗方式，包括：泊那替尼、奥雷巴替尼、达沙替尼+干扰素及 TKI 联合化疗。(2)21 例接受移植的患者均在移植前回到慢性期，其中获得 CP1 占 28.6%，CP2 占 61.9%，CP3 占 9.5%。移植前 91.5% 的患者使用了 ≥ 2 种 TKI，且有 47.6% 的患者使用了三代 TKI（泊那替尼 6 例，奥雷巴替尼 4 例）。(3)41 例 CML-BP 患者的中位随访时间为 14（2~70）月，移植组与非移植组的 1 年 OS 率为 88.9% vs 35.0%（ $P=0.0002$ ），3 年 OS 率为 76.2% vs 10.0%（ $P<0.0001$ ），移植组显著高于非移植组。(4)21 例移植后 1 年累积复发率为 42.9%，其中髓外复发占 55.6%。1 例患者为分子学复发，单用奥雷巴替尼治疗；余 8 例为血液学复发，1 例单用奥雷巴替尼治疗，1 例采用泊那替尼联合化学药物治疗序贯 DLI，4 例采用泊那替尼联合化疗，2 例采用奥雷巴替尼联合化疗；经过抢先/挽救性治疗后复发组 3 年 OS 率为 53.3%。(5)100 天 aGVHD 累积发生率为 42.9%，III-IV 度 aGVHD 发生率为 4.8%。1 年重度 cGVHD 发生率为 9.5%。(6)移植组中，3 年 OS 率、DFS 率以及 GRFS 率分别为 76.2%、56.4%、37.0%；患者年龄、移植前疾病状态、移植前 TKI 使用情况、EBMT 评分、aGVHD、cGVHD、HLA 相合均与 OS 无关，cGVHD 是移植患者 DFS 独立保护因素。

结论 在三代 TKI 时代，急变期患者预后较差，allo-HSCT 仍是 CML-BP 推荐治疗选择，CML-BP 移植后复发率较高，但经抢先/挽救治后仍有较高的生存率。cGVHD 是 CML-BP 患者 DFS 的独立保护因素。

PO-0881

Clinical features and prognostic factors in adult acute myeloid leukemia patients with FLT3-ITD and CEBPA gene co-mutation

Rong hui Zhang¹, Rong rong Pei^{2,3,4}

1. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University
2. Central-China Branch of National Center for Cardiovascular Diseases, Central-China Hospital
3. National Center for Cardiovascular Diseases
4. Fuwai Central China Cardiovascular Hospital

Objective To investigate the clinical characteristics and prognosis in adult acute myeloid leukemia (AML) patients with FLT3-ITD and CEBPA double-mutated (CEBPAdm) co-mutation.

Methods Clinical data and prognostic factors were retrospectively analyzed in adult AML patients with FLT3- ITD and CEBPAdm co- mutation at The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University from January 2016 to September 2018.

Results Among 599 non- acute promyelocytic leukemia (APL) patients, 268 received gene mutation detection, who were divided into 4 groups including 19 FLT3-ITD positive (FLT3- ITD +) and CEBPAdm positive (CEBPAdm +) cases (group A), 84 FLT3- ITD + and CEBPAdm- cases (group B), 95 FLT3-ITD- and CEBPAdm+ cases (group C), 70 double negative mutation cases (group D). Gender, platelet count, FAB classification, induction treatment regimen and fusion gene mutation were comparable among four groups ($P>0.05$), while age onset, peripheral white blood cell (WBC) count, hemoglobin, percentage of blasts in peripheral blood, percentage of blasts in bone marrow, complete remission rate (CR1 rate) after the first induction chemotherapy, the relapse rate, the median progression-free survival (PFS) time, and median overall survival (OS) time were significantly different between groups ($P<0.05$). When compared in pairs, gender, age onset, hemoglobin, platelet count, FAB classification in group A were not statistically different compared to group B, C and D ($P>0.05$), while patients in group A had higher WBC count, blasts in peripheral blood, minimal residual disease (MRD) in bone marrow. The CR1 rates of group A, B, C, and D were 50.0%、32.4%、59.8%、39.0% respectively ($P=0.003$), and the relapse rates were 55.6%、50.0%、21.1%、40.0% ($P<0.001$). As to survival, the median OS in each group was 6.25, 3.0, 15.5, 10.5 months respectively ($P<0.001$), and the median PFS was 5.0, 4.0, 10.0, 6.7 months ($P=0.032$).

Conclusion Adult AML patients with FLT3-ITD and CEBPAdm comutation have a higher leukemia load and low CR1 rate, which translates into poor prognosis with high relapse rate and short survival time.

PO-0882

Targeting ID1 to promote senescent cell death transformation and reverse AML venetoclax resistance

Yue You¹, Jiaxin Xu¹, Yan Pan², Ye Hua³, Jun Qian⁴, Yangjing Zhao^{1,4}

1. School of Medicine, Jiangsu University

2. Department of Laboratory Medicine, Lianshui County People's Hospital

3. Institute of Oncology, Affiliated Hospital of Jiangsu University, Jiangsu University

4. Department of Hematology, Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

Objective Venetoclax (ABT-199) is an oral, selective antagonist of B-cell lymphoma 2 (BCL-2) and can induce mitochondria-mediated apoptosis. Venetoclax was approved by the FDA in 2018 and has advanced the treatment options for acute myeloid leukemia (AML) patients, especially older patients. However, the prevalent use of venetoclax comes with a new challenge of resistance, particularly in the relapsed/refractory setting. Understanding the mechanisms of venetoclax resistance is pivotal to developing novel and effective strategies for drug combination regimens for AML patients. In this study, we aimed to provide laboratory evidence for targeting the inhibitor of DNA binding 1 (ID1) as an effective antitumor strategy to overcome venetoclax resistance in our venetoclax-resistant AML cell model.

Methods By gradually increasing concentration after a continuous induction of venetoclax, we established two venetoclax-resistant AML cell lines from their parental cell lines, MV4-11 and SKM-1. Morphological observation, cell proliferation, cell cycle, apoptosis, and SA- β -Gal assays were conducted to evaluate the characteristics of venetoclax-resistant cell lines. The transcriptome sequencing data of venetoclax-resistant cell lines and the Gene Expression Omnibus (GEO) dataset (GSE125403) were comprehensively analyzed by bioinformatics methods to obtain the candidate genes for overcoming drug resistance. The elevated gene

expression of ID1 was confirmed using the real-time qPCR and western blot analyses. Venetoclax-resistant cell lines were transduced with CRISPR/Cas9 lentivirus that specifically knockout ID1 to reverse drug resistance. The synergistic antitumor effects of venetoclax with ID1 specific inhibitor AGX51 were evaluated by CCK8 and cell apoptosis assays.

Results We successfully established two venetoclax-resistant AML cell lines (MV4/Ven and SKM/Ven) by continuous exposure of parental cell lines (MV4/Par and SKM/Par) to graded concentrations of venetoclax. Compared with parental cell lines, resistant cell lines showed increased size, more irregular shape, more intracellular granules, and a smaller nucleocytoplasmic ratio. Venetoclax treatment induced apoptosis and cell-cycle arrest in G0/G1 phase in MV4/Par and SKM/Par cells. However, resistant cell lines showed strong resistance to apoptosis induced by venetoclax with high levels of cell senescence, cycle arrest in G2/M phase, downregulation of the proliferation-associated protein PCNA, and the upregulated expression of phosphorylated STAT3 and DNA damage molecule H2AX. Transcriptome analyses demonstrated that ID1 has significantly increased gene expression in both venetoclax-resistant AML cell lines, which was validated in mRNA and protein levels. Moreover, ID1 mRNA expression increased gradually in venetoclax-resistant cell lines with the resistance index becoming higher during the resistance induction process. ID1 depletion markedly inhibited cell proliferation in venetoclax-resistant cell lines and restored the drug sensitivity to apoptosis induction. ID1 gene silencing upregulated expression of pro-apoptotic genes and further increased the accumulation of AML cells in cycle arrest in G2/M phase as well as high levels of cell senescence. Importantly, after ID1 gene silencing, venetoclax-resistant AML cell lines transformed from senescence state into cell death process in combination with venetoclax treatment. Consistent with the ID1 knockout results, the combination of venetoclax with the ID1 inhibitor AGX51 exhibited synergistic antitumor effects to inhibit cell proliferation and induce apoptosis.

Conclusion These results clearly suggest that ID1 depletion sensitized AML venetoclax-resistant cells to venetoclax in a synergistic fashion to enhance proliferation arrest and cell death. Targeting ID1 can reverse venetoclax resistance in AML by promoting senescent cell death transformation, and can be a promising therapeutic strategy for restoring sensitivity to venetoclax.

PO-0883

Fit-AML 接受 VEN-HMA 方案疗效及生存分析

张露丹、隋京辰、颜晓菁、潘登
中国医科大学附属第一医院

目的 老年急性髓系白血病（AML）传统诱导治疗方案有效率低，早期死亡率高，为探讨有效的治疗措施，本研究回顾性分析本中心初诊时可耐受标准剂量化疗（Fit）的 AML 患者接受维奈克拉联合去甲基化药物（VEN-HMA）方案治疗后的疗效及生存情况，探索影响治疗反应及生存时间的预测因素。

方法 本研究收集了 75 例 2020 年 3 月至 2024 年 4 月期间在中国医科大学附属第一医院就诊并应用 VEN-HMA 方案治疗的初诊 Fit-AML 患者的临床资料，评估患者的治疗反应及生存情况，所有患者用药期间不良反应均已评估。

结果 1、Fit-AML 患者治疗反应评估：在接受 VEN-HMA 治疗后，CR/CRi 率为 73.3%，52.0% 的患者获得微小残留病变评估阴性（MRD）；2、Fit-AML 患者远期生存情况：总体中位生存时间为 15 个月，中位无复发生存时间为 7 个月；3、本研究中 ≥ 60 岁的患者有 57 例（76%）， ≥ 60 岁的患者早期死亡率为 8.8%；4、按照 ELN 2022 预后分层，将患者分为预后良好组 20 例、预后中等 18 例、预后不良组 37 例，不同危险度分层患者的短期疗效无明显统计差异（ $P = 0.979$ ），CR/CRi 率在预后良好组为 75.0%（15/20），预后中等组 72.2%（13/18），预后不良组 72.9%（27/37），但在生存分析中有统计学意义（ $P = 0.007$ ）。

结论 VEN-HMA 方案在本中心 Fit-AML 患者中具有较好的疗效，在预后不良的患者中更具优势。

PO-0884

一项多中心回顾性研究：急性髓系白血病和急性淋巴细胞白血病 患者合并新型冠状病毒奥密克戎变异株感染的临床特征分析

魏旭东、王琳
河南省肿瘤医院

目的 血液系统恶性肿瘤的死亡率极高，同时感染新冠肺炎的患者的这种风险进一步加剧。尽管专家共识和相关指南为血液系统恶性肿瘤并发新冠肺炎患者提供了治疗建议，但我们对中国急性白血病并发新冠肺炎感染患者的临床特征的了解仍然有限。因此，本研究旨在观察和分析中国急性白血病患者感染新冠肺炎的临床特点和死亡率。此外，我们旨在评估可能导致患者死亡率增加的因素。

方法 回顾性分析 2022 年 12 月 1 日至 2023 年 1 月 31 日河南省新冠肺炎感染急性白血病患者的临床特点、治疗方案和患者死亡率。通过 COX 风险回归分析来分析影响患者死亡率的主要因素。

结果 在排除 15 例骨髓增生异常综合征和淋巴瘤患者后，本研究共纳入 100 例急性白血病伴新冠肺炎感染的患者。患者中位年龄为 49.5 岁（58%为男性，42%为女性）。急性髓系白血病（AML）患者占 76%，急性淋巴细胞白血病（ALL）患者占 24%。86%的患者无症状或症状轻微；35%的患者接受了抗生素治疗，25%接受了抗病毒治疗。我们首次分析了影响新冠肺炎急性白血病（AL）患者核酸 CT_值≤36 天数的因素。重症患者和死亡患者的天数明显延长。在接受抗生素治疗的伴有中性粒细胞减少症患者中，天数明显延长，而在接受抗病毒治疗和推迟原发病治疗的患者中，天数明显降低。所有患者都进行了三个月的随访，总死亡率为 6%。尽管多变量分析显示没有死亡相关因素，但单变量分析显示中性粒细胞减少是影响新冠肺炎患者死亡率的主要因素。

结论 大多数急性白血病合并新冠肺炎奥密克戎变异株感染的患者症状轻微，但合并中性粒细胞减少症患者的死亡风险增加。因此，当急性白血病患者感染新冠肺炎时，适当延迟化疗或减少剂量可能会降低死亡风险。此外，早期应用抗病毒药物可缩短新冠肺炎 AL 患者新冠肺炎核酸 CT 值≤36 的天数，这可能会进一步降低重症或死亡患者的比例。

PO-0885

TKI 血药浓度监测指导下的剂量调整 对 CML 疗效、安全性和生活质量的影响

何哲柔、张庆、周璇、王蕾、刘晓力、许娜
南方医科大学南方医院

目的 本研究分析 TDM 指导下 TKI 剂量调整对 CML-CP 患者治疗疗效、不良反应以及生活质量的影响，这种个体化治疗模式有望改善 CML 管理并提高患者的生存质量。

方法 收集 2016 年 1 月~2023 年 6 月南方医科大学南方医院初诊为 CML-CP 并接受 TKIs 治疗的 370 例患者的临床资料，根据是否接受治疗浓度监测分为 TDM 组与对照组，比较两组患者的疗效、不良反应及生活质量。

结果 (1)TKIs 药物谷浓度个体间差异大，基于 TDM 进行剂量调整后，伊马替尼、尼洛替尼的患者间变异性降低，达沙替尼的变异性变化不大。(2)伊马替尼队列（n=126）中，TDM 组与对照组相比，3 月最佳反应率、6 月最佳反应率、12 月最佳反应率差异均无统计学意义（P>0.05）；尼洛替尼队列（n=137）中，TDM 组与对照组的 3 月最佳反应率、6 月最佳反应率、12 月最佳反应率差异均无统计学意义（P>0.05）；达沙替尼队列（n=107）中，TDM 组的 12 月 MMR 率、12 月 MR4.0 率均显著高于对照组（P=0.003，P=0.017，P=0.038）。(3)伊马替尼队列中液体潴留（30.2%）最常见，尼洛替尼队列中皮疹（24.1%）最常见，达沙替尼队列中胸腔积液（22.4%）

最常见，不良反应多为 I/II 级；伊马替尼队列中，TDM 组 III/IV 不良反应总发生率显著低于对照组（1.5% vs 13.6%， $P=0.012$ ），TDM 组的全级血小板减少、全级液体潴留、III/IV 级中性粒细胞减少的发生率均显著低于对照组（ P 均 <0.05 ）；尼洛替尼队列中，TDM 组全级不良事件总发生率显著低于对照组（84.7% vs 96.9%， $P=0.019$ ），各类别不良反应中，全级中性粒细胞减少、全级胆红素升高、QT 间期延长的发生率，TDM 组较对照组低（ $P=0.042$ ， $P=0.023$ ， $P=0.022$ ）；达沙替尼队列中，TDM 组的全级不良反应发生率、III/IV 级不良反应发生率均明显低于对照组（ $P=0.043$ ， $P=0.029$ ），其中 TDM 组全级中性粒细胞减少、全级血小板减少、全级胸腔积液的发生率均低于对照组（ P 均 <0.05 ）。(4)生活质量评价中，精神负担、日常生活影响得分较高。在症状负担、日常生活影响领域，TDM 组较对照组得分低（ $P=0.008$ ， $P=0.024$ ）。

结论 CML 患者的 TKI 血浆谷浓度个体差异大，基于 TDM 剂量调整是使用伊马替尼、尼洛替尼和达沙替尼治疗的患者达到目标治疗浓度的临床可参考工具之一，为患者提供个体化治疗，在确保疗效的同时，减少不良反应，进而提高患者的生活质量。

PO-0886

DDX21 在超级增强子驱动的 IGF2BP2 和 IGF2BP3 调控下促进急性髓细胞白血病进展

赵燕春、金洁

浙江大学医学院附属第一医院

目的 本研究从探索超级增强子和 m^6A 甲基化修饰在 AML 中的潜在联系出发，首先明确超级增强子相关的 m^6A 关键酶 IGF2BP2 和 IGF2BP3，接着证明这两个 m^6A 关键酶对靶基因 DDX21 的调控过程，最后阐明 DDX21 在 AML 中的生物学功能以及具体的下游机制通路，为制定更为积极有效的 AML 治疗策略提供理论依据。

方法 首先，分析 GEO 数据集的染色质免疫沉淀测序数据，寻找超级增强子相关的基因。接着，通过甲基化 RNA 免疫沉淀实验、RNA 免疫沉淀实验和荧光素酶报告实验等探讨 m^6A 结合蛋白 IGF2BP2 和 IGF2BP3 对 DDX21 的作用机制。随后，通过体内外功能阐明 DDX21 在 AML 中的作用。最后，采用共免疫沉淀实验、RNA 转录组测序和 ChIP 实验等探索 DDX21 的下游机制。

结果 1.在 AML 中，123 个超级增强子相关的基因被发现，其中筛选出两个 m^6A 关键酶 IGF2BP2 和 IGF2BP3。作为超级增强子标记，H3K27ac、H3K4me1 和 BRD4 在 IGF2BP2 和 IGF2BP3 的超级增强子区域高富集，且能够被 BRD4 抑制剂 JQ1 所干扰。在功能上，超级增强子能够增强 IGF2BP2 和 IGF2BP3 的转录活性。此外，无论是 JQ1 的抑制剂干预还是敲低 BRD4 的基因干预均能下调 IGF2BP2 和 IGF2BP3 的表达。

2.DDX21 是 IGF2BP2 和 IGF2BP3 的靶基因。在机制上，IGF2BP2 和 IGF2BP3 能够分别识别并结合 m^6A 甲基化修饰的 DDX21，增强其 mRNA 稳定性。此外，JQ1 处理和 BRD4 敲低也能减少 DDX21 的表达。

3.相比于正常对照，DDX21 在 AML 患者中的表达更高，且 DDX21 高表达的患者有更差的总体生存时间。在体外，敲低 DDX21 能够抑制 AML 细胞的增殖，促进 AML 细胞的凋亡，并导致 AML 细胞的细胞周期阻滞。在体内，沉默 DDX21 能够减少受试小鼠中的 AML 肿瘤负荷，并延长其生存时间。

4.DDX21 能够招募转录因子 YBX1 与 ULK1 结合，两者协同促进 ULK1 的表达。而 ULK1 能够进一步增强 AML 细胞的增殖，阻碍 AML 细胞的凋亡，并加快 AML 细胞的细胞周期转变。此外，敲低 ULK1 可以部分逆转 DDX21 过表达带来的肿瘤促进作用。

结论 在 AML 中，SE-IGF2BP2/IGF2BP3-DDX21-ULK1 调控轴的异常失调发挥重要的作用。本研究在探索超级增强子与 m^6A 甲基化修饰之间的交互作用中发现了新的内在联系，同时也阐明了

IGF2BP2 和 IGF2BP3 对 DDX21 的共同调控机制以及 DDX21 在 AML 中的潜在功能，为寻找新的 AML 治疗靶点奠定了理论基础。

PO-0887

基于网络药理学探讨莪术逆转人白血病多药耐药作用机制

李灵犀

贵州中医药大学第二附属医院

目的 研究莪术逆转人白血病多药耐药 (multidrug resistance, MDR) 的作用机制。

方法 基于权威的中药系统药理学技术平台 (TCMSP)，以口服生物利用度 (OB) 和类药性 (DL) 筛选莪术的主要活性成分及其靶点。从 GeneCards 数据库中检索与人白血病多药耐药 (MDR) 相关的靶点，将莪术的作用靶点与 MDR 相关靶点取交集，以筛选出莪术逆转 MDR 的潜在活性成分及其靶点。借助 Cytoscape 3.10.2 软件，构建莪术活性成分与其作用靶点的网络，以鉴定关键化合物。接着，利用 String 平台构建所选靶点的蛋白质相互作用网络 (PPI)，进一步明确关键靶点。最后，使用 Metascape 在线分析平台对靶点基因进行 GO 富集分析和 KEGG 通路分析。

结果 基于权威的中药系统药理学技术平台 (TCMSP)，以口服生物利用度 (OB) 和类药性 (DL) 筛选莪术的主要活性成分及其靶点。从 GeneCards 数据库中检索与人白血病多药耐药 (MDR) 相关的靶点，将莪术的作用靶点与 MDR 相关靶点取交集，以筛选出莪术逆转 MDR 的潜在活性成分及其靶点。借助 Cytoscape 3.10.2 软件，构建莪术活性成分与其作用靶点的网络，以鉴定关键化合物。接着，利用 String 平台构建所选靶点的蛋白质相互作用网络 (PPI)，进一步明确关键靶点。最后，使用 Metascape 在线分析平台对靶点基因进行 GO 富集分析和 KEGG 通路分析。

结论 初步研究了莪术逆转 MDR 的作用机制，莪术具有多种成分和多个作用靶点的特性，可以通过作用于多个靶点、涉及多条通路来发挥逆转 MDR 的作用。

PO-0888

7 例伴 t(6;9)(p23;q34)/DEK::NUP214 急性髓系白血病报道及文献复习

程建超、孙媛、王晓英

北京海思特医学检验实验室

目的 本研究旨在分析急性髓系白血病 (Acute myeloid leukemia, AML) 伴 t(6;9)(p23;q34)/DEK::NUP214 患者的实验室特点并复习相关文献。

方法 对 7 例伴 t(6;9)(p23;q34)/DEK::NUP214 的 AML 患者进行骨髓形态学、流式免疫学、细胞遗传学及分子生物学检测，并复习国内外相关文献。

结果 结果 t(6;9) 易位主要见于 FAB-M2, 占 3 例, M5 2 例, M4 1 例, AML 未分型 1 例, 中位年龄 58 岁 (51~67 岁), 患者骨髓细胞形态学均提示增生极度活跃; 初诊染色体皆具有 t(6;9) 易位, 6 例为纯合阳性, 1 例嵌合核型为 46,XX,t(6;9)(p23;q34)[19]/46,XX[1]; 融合基因提示 DEK::NUP214 阳性; 流式细胞术提示原始细胞均高表达 CD13 和 CD33, 其中 2 例同时表达 HLA-DR、CD38 和 CD117。该 2 例患者完全缓解后染色体核型显示为正常核型, 复发时染色体均提示具有 t(6;9) 易位同时伴有其他染色体异常, 核型结果分别为: ① 46,XX,del(9)(q22)[5]/46,XX,t(5;15)(q35;q15),t(6;9)(p23;q34)[4]/46,XX[11] ② 46,XY,t(6;9)(p23;q34)[7]/46,sl,del(15)(q15q22)[4]/47,sdl,+4[9]。

结论 伴 t(6;9)(p23;q34)/DEK::NUP214 是 AML 中一种较为罕见的再现性异常，染色体及 DEK::NUP214 融合基因的检测有助于疾病的诊断及疗效的监测。

PO-0889

非静脉用药治疗 unfit-AML：CDK6 抑制剂与 BCL2 抑制剂的联合应用

刘丹¹、李晓莉¹、白丽云¹、姜家乐¹、陈苏宁^{1,2,3,4}、马骁^{1,2,3,4}

1. 苏州弘慈血液病医院
2. 苏州大学附属第一医院
3. 江苏省血液研究所
4. 国家血液系统疾病临床医学研究中心

目的 细胞周期依赖性激酶（CDK）6 抑制剂在实体瘤中验证有效，BCL2 抑制剂在急性髓系白血病（AML）中也显示出良好疗效。对于不适合静脉用药的 unfit-AML 患者，临床需求未满足。鉴于这两种药物均为口服药物，本病例报告初步探讨 CDK6 抑制剂和 BCL2 抑制剂联合治疗 unfit-AML 患者的新策略，以期满足这一临床需求。

方法 患者，女性，77 岁，合并重度抑郁症，因乏力就诊。血常规：WBC $8.02 \times 10^9/L$ ，HB 69g/L，PLT $249 \times 10^9/L$ 。骨髓形态：原幼细胞占 15%。免疫分型：10.4% 的幼稚细胞群体，髓系表达。染色体：47,XX,+8；多重 PCR 和基因突变阴性。诊断为骨髓增生异常综合征（MDS-IB-2，IPSS-M 1.01 分 高危）。予 VA 方案化疗（阿扎胞苷 $75\text{mg}/\text{m}^2 \times 3$ 天联合 BCL2 抑制剂 $100\text{mg} \times 14$ 天）并联合唑类药物。+15 天复查骨髓形态：原始细胞占 42%，未缓解。诊断为 AML-MRC，VA 方案再诱导达缓解。2023 年 6 月接受 CDK6 抑制剂（ $125\text{mg}/\text{d}$ ，第 1-10 天）和 BCL2 抑制剂（ $100\text{mg}/\text{d}$ ，第 1-10 天）联合治疗，每 28 天一个疗程。

结果 随访 12 个月，共 11 个疗程，仅第一疗程出现 I 级骨髓抑制经支持治疗好转，2024 年 4 月复查骨髓形态显示骨髓增生低下，未见原始细胞；微小残留病（MRD） $< 1.0 \times 10^{-4}$ ；血常规：WBC $5.12 \times 10^9/L$ ，HB 137g/L，PLT $273 \times 10^9/L$ 。处于无病生存状态。

结论 研究结果表明，对于不适合静脉用药的 unfit-AML 患者，CDK6 抑制剂联合 BCL2 抑制剂方案提供了一种新的潜在治疗选择。

PO-0890

儿童 t(8;21)阳性急性髓系白血病基因组特征及预后的相关研究

张雯、扈小霜、朱灵灵、卢俊、何海龙、肖佩芳、胡绍燕、王易
苏州大学附属儿童医院

目的 研究 t(8;21)阳性 AML 患儿临床资料，探究影响预后和复发的相关因素。

方法 收集 2018 年 2 月至 2023 年 3 月在我院经 MICM 确诊的 58 例患儿，行回顾性分析和二代测序检测。K-M 曲线分析生存趋势，对总生存时间（OS）及无复发生存时间（RFS）Log-rank 检验进行分析，COX 比例风险模型行多因素分析。

结果 本研究纳入男性 25 例（43.1%），女性 33 例（56.9%）；24 例（42.9%）合并染色体异常；37 例（66.1%）存在 KIT 突变，17 号外显子占比最高，最多的密码子为 D816V，占 56.7%；两次诱导治疗后完全缓解率分别为 81.0% 和 67.2%。单因素分析显示突变个数 ≥ 4 个的 OS 缩短（ $P=0.030$ ）；KIT-D816V 突变的 OS 及 RFS 均缩短（ $P=0.044$ ； $P=0.002$ ）；女性的 RFS 缩短（ $P=0.018$ ）。多因素分析显示女性、KIT 突变、KIT-D816V 阳性是 RFS 的独立危险因素。经两次

诱导治疗后, MRD 阳性的 OS 及 RFS 更差 ($P=0.03$; $P=0.017$), 融合基因转录本下降小于 3 个 log 值的 RFS 更差 ($P=0.04$), OS 无差异。

结论 在 58 名 t(8;21)阳性 AML 患儿中, 96.6%合并基因突变, 最多是 KIT 突变, NRAS 突变次之, 功能分类中信号通路激活突变最多, 其次为表观遗传修饰突变。突变个数 ≥ 4 个、KIT-D816V 阳性、两次诱导治疗后 MRD ≥ 0.001 均为 OS 不利因素, 上述三种因素及融合基因转录本下降水平 < 3 个对数值均为 RFS 不利因素。诱导 II 后 MRD $\geq 0.1\%$ 是 OS 独立危险因素, 女性、KIT 突变和 KIT-D816V 阳性改变是 RFS 独立危险因素。

PO-0891

髓外浸润儿童急性髓系白血病的临床特点及预后相关研究

李威亚、白炎亮
河南省人民医院

目的 髓外浸润 (extramedullary infiltration, EMI) 在儿童急性髓系白血病 (acute myeloid leukemia, AML) 中的治疗效果尚存争议, 而造血干细胞移植 (stem cell transplantation, SCT) 和吉妥珠单抗 (GO) 治疗对 EMI 患者的影响研究有限。

方法 我们从 TARGET 数据库中纳入了 713 名儿童 AML 的临床数据, 并分析了在初诊及复发时出现 EMI [包括中枢神经系统白血病 (CNS) 和/或髓系肉瘤 (MS)] 的患者的临床特点并进行预后分析。

结果 共有 123 名患者在初诊时表现出 EMI, 64 名患者在复发时出现 EMI。EMI 与年龄 ≤ 2 岁、M5 形态学、异常核型以及 KMT2A 基因重排有关。高白细胞和复杂核型在复发时表现出 EMI 的患者中更为普遍。此外, 初诊时为 EMI 的患者中出现 FLT3 ITD-/NPM1+基因突变的比率较低, 而复发时出现 EMI 的患者中 FLT3 ITD 的突变率较低。诊断时出现 EMI 的患者在第一疗程诱导治疗的完全缓解率较低, 复发率较高。初诊时出现 EMI 是影响无事件生存期和总生存期的独立危险因素。对于复发患者, 复发时出现 EMI 的患者与未出现 EMI 的患者之间的总生存期无统计学差异。然而, 与复发时出现 CNS-/MS+的患者相比, 复发时出现 MS+/CNS-的患者的总生存期更差。此外, 对于初诊时出现 EMI 的患者, 行 SCT 和未行 SCT 的患者之间的无事件生存期及总生存期无统计学差异, 而 GO 治疗的患者比未行 GO 治疗的患者有更长总生存期的趋势。

结论 初诊时出现 EMI 是影响儿童 AML 生存期的独立危险因素, GO 治疗具有改善初诊时出现 EMI 患者生存期的潜力。

PO-0892

整体护理干预在急性白血病化疗后患者的应用效果

黄乐乐
郑州大学第一附属医院

目的 观察急性白血病在整体护理干预下化疗后骨髓移植期的应用效果

方法 选择我院 2022 年 8 月至 2023 年 8 月急性白血病患者 46 例, 以上患者均符合急性白血病的诊断标准。将两组患者随机分为两组, 及, 观察组 23 例, 实验组 23 级, 其中对照组采取常规护理措施, 实验组采用整体护理干预, 比较两组化疗后骨髓抑制期的护理效果。

结果 实验组在运用整体护理干预后发生的不良反应比观察组低, 有差异统计学意义。

结论 整体护理干预运用于急性白血病患者化疗后骨髓抑制期中, 有效提高患者对护理的满意度, 降低不良反应的发生率

PO-0893

急性髓系白血病复发伴皮肤浸润 1 例报道并文献复习

谭业辉、戴伊奇
吉林大学第一医院

目的 提高对以皮肤改变为临床表现的急性髓系白血病的临床特征、治疗及预后的认识。

方法 回顾性分析吉林大学第一医院肿瘤中心血液科收治的 1 例急性髓系白血病复发伴皮肤浸润患者的临床资料，分析其临床特征及转归。

结果 (1) 患者女，53 岁，急性髓系白血病诊断明确，1 疗程诱导化疗后疾病缓解，后因未规律治疗，周身皮肤出现灰红色、突起于皮肤表面的斑丘疹，复查骨穿提示疾病复发；(2) 皮肤病理提示真皮弥漫致密肿瘤细胞浸润，细胞异型明显，考虑白血病皮肤浸润可能；(3) 治疗：给予患者盐酸米托蒽醌脂质体注射液联合阿糖胞苷的化疗方案再诱导治疗，化疗第 7 天外周血髓系残存结果回报，可见 33.72% 异常髓系原始细胞，给予患者序贯阿扎胞苷联合维奈克拉方案治疗 14 天，患者皮疹逐渐消退，复查骨穿提示疾病缓解。

结论 以皮肤改变为临床表现的急性髓系白血病，疾病呈高侵袭性，预后不佳，复发率高，异基因造血干细胞移植是一种重要的治疗策略，盐酸米托蒽醌脂质体及维奈克拉用于急性髓系白血病复发伴皮肤浸润的治疗值得进一步研究。

PO-0894

MDS 相关基因突变对低危急性髓系白血病预后的影响

张露露¹、孙洁²、翟志敏¹、朱园园²

1. 安徽医科大学第二附属医院
2. 浙江大学附属第一医院

目的 根据 2022 年欧洲白血病网 (ELN) 成人急性髓系白血病 (AML) 的危险分层，AML 伴骨髓增生异常相关基因突变归类为不良预后组。然而，骨髓增生异常相关基因突变在低危 AML 中的意义尚不清楚。

方法 我们回顾性分析了 221 例成人初发低危 AML 患者的临床资料，所有患者诊断时须有二代测序，其中根据 2022 年 ELN 指南进行危险度分层。

结果 共有 47 例 AML 患者 (21.3%) 携带骨髓增生异常相关基因突变。携带骨髓增生异常相关基因突变者年龄较大 (中位年龄 57 vs 49)、白细胞计数较低，共突变模式不同，合并 TET2、MPL 和 ETV6 突变者更多，但与 CSF3R、JAK3、ASXL2、MUC16 和 CSMD1 突变相互排斥。是否伴随骨髓增生异常相关基因突变对患者的缓解率和复发率无影响。骨髓增生异常相关基因突变对总生存、无事件生存和无白血病生存均没有影响。但 ≥2 个骨髓增生异常相关基因突变患者的无事件生存和无白血病生存结局明显较差。

结论 这项回顾性研究表明，在低危 AML 中，发生骨髓增生异常相关基因突变并不罕见，对患者的生存预后没有显著的不利影响，研究结果支持最近 ELN 2022 关于这些标志物如果与有利风险的 AML 亚型同时出现不应作为不良预后指标的建议，但该研究发现骨髓增生异常相关基因突变的数量对预后有明显影响。目前的分类和预后系统还没有很好的认识这一点，强烈提示 AML 的风险分类需要进一步细化。

PO-0895

HAV 方案作为一线诱导方案治疗初治成人 AML 的临床研究

卢文艺、陈香丽、张文荟、臧玉柱、白炎亮、陈玉清、姜丽、邢妍妍、刘渊博、朱尊民
河南省人民医院

目的 维奈克拉联合去甲基化药物的靶向治疗方案在初治老年或不适合强化疗的急性髓系白血病（AML）患者中可达到 70%左右的完全缓解率，与高三尖杉酯碱联合可进一步增强其抗白血病作用。本研究旨在探索高三尖杉酯碱联合阿扎胞苷、维奈克拉（HAV）治疗初治成人 AML 的安全性及有效性。

方法 本研究回顾性分析了 2021 年 1 月至 2023 年 12 月于我院采用 HAV 方案诱导治疗的初治 AML 患者，所有病人均接受了高三尖杉酯碱（2mg/d, d1-7），阿扎胞苷（75mg/m²/d, d1-7）及维奈克拉（100mg d1, 200mg d2, 400mg d3-14）方案诱导化疗。主要研究终点为诱导 1 周期的复合缓解率 cCR (CR+CRi)，次要研究终点为 EFS, OS 和不良反应。

结果 研究共纳入分析了 24 例初治成人 AML 患者，中位年龄为 62 岁（范围：28-82 岁），其中 ELN2022 风险分层预后良好组 3 人、预后中等组 11 人、预后不良组 10 人。经 HAV 方案诱导 1 周期后 cCR 率为 95.8%，MRD-CR 率为 62.5%。安全性分析显示，大于等于 3 级的不良反应包括中性粒细胞缺乏 23 例（95.8%），血小板减少 22 例（91.7%），贫血 11 例（45.8%），发热伴中性粒细胞缺乏 23 例（95.8%），肺炎 7 例（29.2%），无治疗相关死亡发生。中位随访时间为 221 天，1 年 OS 率为 90% (95%CI: 76.9%-100%) 及 1 年 EFS 率为 72.4% (95%CI:51.6%-93.2%)。

结论 HAV 方案对于新诊断急性髓系白血病患者是一种有效且安全的诱导治疗方案，可达到较高的完全缓解率，为初诊成人 AML 患者提供了新的有效治疗策略。

PO-0896

ACLY 调控慢性淋巴细胞白血病细胞中的脂代谢并促进其发生发展

王嫻、张娅、胡欣婷、田箜、卢丽妍、王欣
山东第一医科大学附属省立医院

目的 探究 ATP-柠檬酸裂解酶（ACLY）在慢性淋巴细胞白血病中对脂代谢的调控并促进肿瘤细胞增殖的作用机制。

方法 本研究中使用油红 O 染色、BODIPY 染色实验方法检测细胞内脂质含量，使用 Annexin V-PE/7AAD 法，PI/RNase 法对细胞凋亡和周期进行检测，CCK-8 实验检测细胞增殖情况，蛋白免疫印迹对蛋白进行含量检测，动物模型的荷瘤情况使用动物活体成像进行检测。

结果 脂质染色显示 CLL 细胞中的脂质含量显著增加。qRT-PCR 结果显示调控脂肪生成的关键酶 ACLY 在 CLL 患者中表达显著升高（健康供体 vs. CLL 患者，2.873±3.482 vs. 45.32±116.5，p=0.0489）。生存分析提示 ACLY 高表达与 CLL 患者的不良预后密切相关（总生存率，HR=7.349，95%CI: 1.837-29.4，p=0.0239）。ACLY 敲减细胞增殖活性明显降低，调亡细胞比例明显增多，细胞周期阻滞于 G0/G1 期（p<0.05）。BODIPY 染色结果显示在补充油酸（OA）后，脂质生成的抑制作用几乎完全消失且加入 OA 后，细胞增殖的抑制作用被逆转。最后对 ACLY 抑制剂 BMS-303141 的治疗效果进行评估，体外试验显示细胞增殖的减少呈剂量依赖性。此外，动物活体成像显示 BMS-303141 能显著延缓 CLL 异种移植小鼠的疾病进展。

结论 本研究首次发现了 ACLY 在 CLL 细胞中的异常高表达，并与总生存率下降相关。ACLY 通过

调控 CLL 细胞中的脂质代谢改变了 CLL 细胞的生存信号，为 ACLY 成为 CLL 的潜在治疗靶点提供了理论依据。

PO-0897

细胞起源对 MLL::AF9 重排白血病的的影响及机制研究

李之珩、李易真、杨晨唯、张永平、吴怡隽、潘健、陈子兴、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 白血病的高度异质性为临床精准分层和治疗带来挑战。起源细胞的类型是肿瘤异质性的重要原因。本研究拟在造血干细胞祖细胞（HSPC）中探究不同起源白血病的表型差异及机制，揭示细胞起源对白血病异质性的影响。

方法 借助 CRISPR-Cas9 在人 CD34+HSPC 细胞中导入 t(9;11)，观察 MLL::AF9 对造血干细胞(HSC)，多能祖细胞(MPP)和单能祖细胞(Progenitor)的转化能力。体外利用克隆形成实验，长期起始实验（LTC-IC），体内通过 NSG 移植模型评估不同起源白血病细胞的差异。转录组测序及 CUT&RUN 鉴定细胞起源特征基因谱。

结果 MLL::AF9 可以转化 HSC，MPP 和 Progenitor 群体为 AML 细胞。HSC 来源的 AML 细胞可长期维持克隆形成能力，而 MPP 和 Progenitor 来源的 AML 细胞只能短期形成克隆。LTC-IC 实验显示 HSC 来源 AML 细胞中具有更高比例的 LTC-IC。体内实验发现 HSC 来源的 AML 细胞在 NSG 小鼠中最早起始白血病，MPP 次之，progenitor 小鼠起病最晚。机制研究发现 HSC 来源的 AML 高度富集白血病干细胞(LSC)特征。CUT&RUN 实验鉴定了细胞起源特异性的基因集，其中 HSC 来源 AML 的自我更新显著依赖 CDC5L 和 TAF1 基因。高表达 HSC 起源基因与 AML 患者的不良预后相关。

结论 白血病可以起源于 HSC、MPP 以及 Progenitor 细胞。HSC 起源的白血病中 LSC 具有长期自我更新能力，因此恶性程度最高。干细胞起源的 CDC5L 和 TAF1 基因是 HSC 来源白血病所必需的。高表达 HSC 起源基因与临床 AML 预后不良相关。

PO-0898

低水平初诊血小板计数与儿童急性 B 淋巴细胞白血病的高复发风险相关

李之珩¹、王玲珍²、蔡骄阳³、郭爱莲¹、高举⁴、于洁⁵、竺晓凡⁶、李志光⁷、江华⁸、鞠秀丽⁹、翟晓文¹⁰、王宁玲¹¹、蒋慧¹²、杨良春¹³、胡群¹⁴、金润铭¹⁵、潘凯丽¹⁶、方拥军¹⁷、吴学东¹⁸、梁昌达¹⁹、Cheng Cheng²⁰、沈树红³、孙立荣²、胡绍燕¹

1. 苏州大学附属儿童医院
2. 青岛大学附属医院
3. 上海儿童医学中心
4. 四川大学华西第二医院
5. 重庆医科大学附属儿童医院
6. 中国医学科学院血液学研究所
7. 香港中文大学医院
8. 广州市妇女儿童医疗中心
9. 山东大学齐鲁医院
10. 复旦大学附属儿科医院
11. 安徽医科大学第二附属医院
12. 上海市儿童医院
13. 中南大学湘雅医学院
14. 武汉同济医院
15. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
16. 西北妇女儿童医院
17. 南京市儿童医院
18. 南方医科大学
19. 江西省儿童医院
20. St Jude Children's Research Hospital

目的 初诊血小板计数与儿童急性淋巴细胞白血病（ALL）预后的相关性尚不明确。本研究旨在探讨初诊血小板计数对儿童 ALL 预后的影响。

方法 回顾性分析 2014 年 12 月 31 日至 2019 年 12 月 30 日中国儿童癌症研究组 ALL-2015 临床试验（CCCG-ALL-2015, ChiCTR-IPR-14005706）纳入的 7640 例新诊断 ALL 患儿，以初诊血小板计数 $50 \times 10^9/L$ 为临界值，分析初诊血小板计数水平（iPLT）对 ALL 患儿的无事件生存率（EFS）和累计复发风险（CIR）的影响。

结果 在 6916 名 B-ALL 患者中，iPLT $< 50 \times 10^9/L$ 的患者的 EFS 显著低于 iPLT $\geq 50 \times 10^9/L$ 的患者（76.6% vs 84.7%； $P < 0.001$ ）。iPLT $< 50 \times 10^9/L$ 的 B-ALL 患者的 5 年 CIR 和 CNSL 复发风险显著高于初始血小板计数高的患者（CIR: 17.92% vs 12.03%， $P < 0.001$ ；CNSL: 3.35% vs 1.53% $P < 0.001$ ）。竞争风险模型显示 iPLT $< 50 \times 10^9/L$ 是 B-ALL 复发（HR, 1.48; 95%CI, 1.27-1.72; $P < 0.001$ ）和 CNSL 复发（HR, 1.79; 95%CI, 1.21-2.66; $P = 0.004$ ）的独立预测因素。对于 iPLT $< 50 \times 10^9/L$ 的复发 B-ALL，造血干细胞移植，CART 或桥接疗法可大大提高复发后的生存率。在 724 例儿童急性 T-ALL 中，未观察到初诊血小板计数与预后的显著相关性（ $P > 0.05$ ）。

结论 低水平初诊血小板计数是儿童 B-ALL 复发的独立预测因素。造血干细胞移植和免疫疗法能有效改善初始血小板计数低的复发 B-ALL 的预后。本研究揭示了血小板计数在儿童 B-ALL 中的预后意义，为早期识别高复发风险患者提供了标志物。

PO-0899

改良 Hyper-CVAD 方案治疗成人 Ph 阴性急性淋巴细胞白血病的疗效和安全性

兰惠玲、周合冰
首都医科大学附属北京潞河医院

目的 探索改良 Hyper-CVAD 方案治疗成人 Ph 阴性 ALL 患者的疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2013 年 6 月至 2023 年 6 月在我院血液科确诊并应用改良 Hyper-CVAD 方案治疗的 20 例初治 Ph 阴性 ALL 患者的临床资料。改良 Hyper-CVAD 方案中诱导治疗采用 VDCLP 方案，强化巩固治疗交替应用 A 方案（VDCLD）和 B 方案（HD-MTX、Ara-C、DEX、VP-16），维持治疗口服 6-MP 和 MTX，维持期间定期予 A、B 方案强化化疗，总的治疗时间为 3-4 年。

结果 CR 率为 100%，5 年 OS 率和 5 年 DFS 率分别为 44% 和 28%，60 岁以上患者的 3 年 OS 率和 3 年 DFS 率分别为 50% 和 38%。治疗第 3 月和 6 月时 MRD < 0.01% 组截止随访结束均未达中位 OS，MRD ≥ 0.01 组的中位 OS 分别为 12 月、18 月，P 值分别为 0.001、0.034。持续 1 年未复发患者中，治疗 3 月时 MRD < 0.01% 的比例高于复发患者（81.8%，11.1%，P=0.005）；1 年内 MRD 持续 < 0.01% 的比例高于复发患者（36.4%，11.1%，P=0.006）。

诱导治疗期间，观察到的 3 级及以上的不良反应用于骨髓抑制和感染，老年患者与年轻患者在不良反应用于因不良反应中断或推迟化疗的发生率上的差异均无统计学意义。

结论 改良 Hyper-CVAD 方案治疗成人 Ph 阴性 ALL 的整体疗效和耐受性较好，老年患者也可获得较好的生存，MRD 低水平与更好的长期生存与低复发风险密切相关。

PO-0900

突破经济障碍：为低收入 AML 患者寻找成本效益高的治疗方案

吕国庆、吕文婷
新乡医学院第一附属医院

目的 急性髓系白血病（AML）是一种治疗成本高昂的疾病，尤其对于低收入患者。本研究旨在探讨 AML 低收入患者的特征及预后因素，并评估这一人群治疗策略的成本效益。

方法 回顾性分析了 2020 年 1 月至 2022 年 12 月期间确诊的 182 例低收入非 M3 型 AML 患者，分析其临床特征及预后因素，并与 TCGA AML 队列数据进行比较。

结果 在低收入患者队列中，M5 和 M2 最为常见。所有低收入患者均选择化疗而非造血干细胞移植（HSCT）。独立的预后因素包括年龄、WBC 计数、APTT、CR 和预后风险分层（P<0.05）。低收入患者的中位 OS 显著低于 TCGA HSCT 亚组（12.1 个月对比 27.4 个月，P<0.05），特别是高风险亚组（9.3 个月对比 12.2 个月，P<0.05）。值得注意的是，年轻低收入患者（<60 岁）的 OS 较 TCGA 队列差（14.2 个月对比 49.8 个月，P=0.016），尤其是高危 TCGA HSCT 亚组（11.2 个月对比 26.4 个月，P<0.05）。然而，低收入患者实现 CR 后的 OS 与 TCGA HSCT 亚组相比没有显著差异（18.0 个月对比 27.4 个月，所有 P>0.05）。河南省低收入患者的直接住院成本显著低于美国和英国的成本，表明成本效益高的治疗策略可以带来相似的结果。

结论 低收入 AML 患者，尤其是年轻高危亚组（<60 岁），与 TCGA 数据中接受 HSCT 的患者相比，其预后显著较差。实现 CR 可能是改善低收入 AML 患者预后的关键因素。应为低收入 AML 患者考虑成本效益策略。

PO-0901

骨髓靶向的工程化白血病细胞递药系统联合饥饿疗法和乏氧激活疗法治疗 AML 的作用研究

左华芹、谢晓艳、何斌、孙梅
江苏省苏北人民医院

目的 化疗目前仍是急性髓系白血病（AML）的主要治疗方法，但化疗的毒副作用严重限制了其应用。本研究采用工程化白血病细胞（Ghost）共载葡萄糖氧化酶（GOx）和乏氧激活前体药物替扎拉明（TPZ），构建一种骨髓靶向递药、联合饥饿和乏氧激活疗法治疗 AML 的载药体系（GOx-TPZ@Ghost）。

方法 用不同辐射剂量的放疗序贯液氮冷冻处理白血病细胞，用 SEM、CCK-8 等方法筛选出既无增殖活性又能保持完整细胞形态的工程化细胞作为载体。采用活体成像、HPLC 测定其骨髓归巢及靶向递药能力。通过免疫组化检测 AML 细胞及骨髓的乏氧情况。通过活体成像、HE 染色和小鼠生存情况等评价疗效和安全性。

结果 经 6Gy 辐照序贯液氮冷冻处理的白血病细胞既无增殖活性，又能保持细胞完整形态，具有与正常细胞相似的骨髓归巢能力。GOx-TPZ@Ghost 组的骨髓 TPZ 药物浓度是游离组的 5 倍。GOx-TPZ@Ghost 中的 GOx 迅速氧化葡萄糖，产生饥饿效应，同时消耗氧气，加剧骨髓乏氧，激活 TPZ，显著抑制白血病细胞生长（ $P < 0.01$ ）。和游离的药物相比，GOx-TPZ@Ghost 显著减少 AML 小鼠的肿瘤负荷，提高生存率（ $P < 0.05$ ），且不引起主要脏器功能和病理改变（ $P > 0.05$ ）。

结论 GOx-TPZ@Ghost 载药体系可实现骨髓靶向递药，从而提高疗效并减轻毒副作用，联合饥饿疗法和乏氧激活疗法，有望为 AML 提供治疗新策略。

PO-0902

基于孟德尔随机化研究方法探讨炎症因子与急性髓系白血病的因果关联

周艳群、黄礼明
贵州中医药大学第二附属医院

目的 急性髓系白血病（acute myeloid leukemia,AML）病因与发病机制不明，循环炎症因子（circulating inflammatory factor levels, CIFL）与多种肿瘤性疾病关系密切，而 CIFL 是否影响 AML 发病尚不清楚。因此本研究通过两样本双向孟德尔随机化的（Mendelian randomization,MR）研究方法探索 CIFL 与 AML 发病风险的因果关联。

方法 使用 41 种 CIFL 的全基因组关联研究（genome-wide association study, GWAS）数据作为暴露，AML 的 GWAS 数据作为结局，进行单变量 MR 分析，以评估 CIFL 与 AML 发病之间的因果关系；随后进行反向 MR 分析，以评估 AML 是否影响 CIFL；最后进行多变量 MR 分析，确定与 AML 发病具有独立遗传关联的 CIFL。

结果 较高水平的血小板衍生因子 BB、白介素-16、皮肤 T 细胞吸引趋化因子、巨噬细胞炎性蛋白-1 α （macrophage inflammatory protein-1 α ,MIP-1 α ）是 AML 发病的危险因素，MIP-1 α 是 AML 发病的独立危险因素。

结论 本研究首次通过双向 MR 研究揭示了 CIFL 与 AML 之间的因果关系，从遗传学角度鉴定了 CIFL 对 AML 的影响，提示我们临床上可以通过调控相关炎症因子来预防和治疗 AML。

PO-0903

肠道菌群与急性髓系白血病发病风险： 两样本双向孟德尔随机化研究

周艳群、赵世波、黄礼明
贵州中医药大学第二附属医院

目的 急性髓系白血病 (acute myeloid leukemia,AML) 病因与发病机制不明, 肠道菌群(intestinal flora,IF)与多种肿瘤性疾病关系密切, 而 IF 是否影响 AML 发病尚不清楚。因此本研究通过两样本双向孟德尔随机化的 (Mendelian randomization,MR) 方法探索 IF 丰度与 AML 发病风险的因果关联。

方法 IF 丰度以及 AML 全基因组关联数据集分别来自 MiBioGen 联盟以及 FinnGen 数据库。方差逆加权方法作为主要分析方法, 以 Weighted median 检验补充, Cochran's Q 检验评估异质性, MR-随机化多效性残差和异常值(MR-PRESSO)检测是否存在离群值, MR-Egger intercept 检验评估是否存在水平多效性。

结果 遗传决定的较高丰度的小杆菌属 (P=0.034,OR=4.373,95% CI:1.329-14.392)、韦荣球菌科 (P=0.009,OR=2.029,95% CI:1.839-3.866)、毛螺科 UCG008 属 (P=0.034,OR=3.827,95% CI:1.107-13.228) 与较高的 AML 发病风险相关; 较高丰度的瘤胃球菌科 (P=0.042, OR=0.176,95% CI:0.033-0.939)、消化球菌科 (P=0.025,OR=0.168,95% CI:0.035-0.803) 与较低的 AML 发病风险相关。

结论 本研究首次通过双向 MR 研究揭示了 IF 丰度与 AML 之间的因果关系, 从遗传学角度鉴定了 IF 丰度对 AML 的影响, 提示在临床上可以通过补充有益菌、调控有害菌的生长来预防和治疗 AML。

PO-0904

减剂量化疗早期联合贝林妥欧单抗一线治疗成人 Ph-急性 B 淋巴细胞白血病疗效和安全性分析

李晨莹、王华锋、周一乐、周德、金洁
浙江大学医学院附属第一医院

目的 探索减剂量化疗早期联合贝林妥欧单抗一线治疗年轻成人 Ph-急性 B 淋巴细胞白血病疗效和安全性。

方法 这是一项针对年轻成人 Ph-急性 B 淋巴细胞白血病的单中心回顾性研究, 共纳入了 2023 年 4 月至 2024 年 4 月于浙江大学医学院附属第一医院治疗的新诊断 Ph- B-ALL 患者 8 例。患者接受了减剂量的 VD/IP 方案 (长春地辛、柔红霉素/去甲氧柔红霉素、地塞米松, d1) 联合 2 周贝林妥欧 (9ug d2-8, 28ug d9-15) 的诱导治疗方案, 28 天为 1 周期。收集患者临床特征、实验室结果和生存随访数据, 评估减剂量化疗早期联合贝林妥欧单抗一线治疗的疗效和安全性。

结果 8 例患者中 5 例为男性, 中位年龄为 45 岁 (范围, 18-59 岁), 中位白细胞计数为 $3 \times 10^9/L$ (范围, $0.79-33.08 \times 10^9/L$)。CD20+ 患者占 3 例, 且 7 例 (7/8, 87.5%) 预后评估为高危组。其中 7 例患者在本方案诱导后达到完全缓解, 1 例患者为骨髓缓解伴血象不完全恢复, 在维奈克拉联合贝林妥欧单抗 2 周巩固后获得 MRD 阴性。目前 8 例患者中有 5 例完成异基因造血干细胞移植并随访观察, 截止目前 8 例患者均未出现复发。诱导治疗期间, 有 3 例患者出现了 3 级的 CRS 后均恢复, 其中 2 例为发热, 1 例为肝酶升高。主要血液学和非血液学毒性表现为中性粒细胞减少和肺炎。

结论 减剂量化疗早期联合贝林妥欧单抗诱导方案能安全有效治疗年轻成人 Ph- B-ALL，有望克服不良遗传改变。

PO-0905

相较于成人方案，儿童样方案可以改善未移植的成人急性淋巴细胞白血病的预后

梁海梅、周红升
南方医科大学南方医院

目的 移植可以改善急性淋巴细胞白血病（ALL）的预后，然而对于全程未移植的成人 ALL，儿童样化疗方案是否也改善预后呢？本研究探讨相较于成人方案，儿童样方案能否改善未移植的成人（ALL）的预后。

方法 纳入南方医科大学南方医院血液科 2006 年 1 月至 2021 年 12 月期间诊断的成人 ALL 因各种原因未能接受移植的患者 427 人，将患者分为成人方案和儿童样方案队列，回顾性分析两组的临床资料。成人方案队列纳入≥14 岁的，于 2006 年 1 月至 2015 年 12 月诊断的 ALL 患者 283 人，所有患者接受 Hyper-CVAD 方案治疗。儿童样方案队列纳入 2016 年 1 月至 2021 年 12 月诊断的 ALL 患者 144 人，所有患者均接受 PDT-ALL-2016 方案化疗。

结果 两组患者的基线特征均无显著的统计学差异。在中位随访时间 42.48 月后，儿童样方案队列的 5 年生存率（OS）及无事件生存率（EFS）均显著优于成人队列（5 年 OS,45.8% VS 25%, $P<0.0001$ ，图 1；5 年 EFS,45.3% VS 16.6%, $P<0.0001$ ，图 2）。

结论 相较于成人方案，儿童样方案可以改善未移植的成人 ALL 的预后。

PO-0906

PAD 抑制剂 BB-CI-A 通过诱导内质网应激杀伤 AML 细胞

孙燕泥、李辉
中国人民解放军陆军军医大学第一附属医院

目的 急性髓细胞性白血病（AML）是一种高度异质性和复发性的血液恶性肿瘤。尽管新型化疗药物不断涌现，AML 患者的完全缓解（CR）仍不尽如人意。因此，发现新的治疗靶点或药物对于治疗 AML 至关重要。DNA 甲基化和组蛋白修饰等表观遗传变化在 AML 中起着至关重要的作用。瓜氨酸化酶（PAD）是一类组蛋白去甲基化酶，其中 PAD2 和 PAD4 的表达在 AML 患者中被证明升高，这表明 PAD 可能在 AML 的发展或维持中发挥潜在作用，有可能成为新的治疗靶点。

方法 在体外用泛 PAD 抑制剂 BB-CI-Amidine（BB-CI-A）和 PAD4 特异性抑制剂 GSK48 分别处理 AML 细胞，通过 CCK8、流式细胞术检测细胞增殖和凋亡，通过检测 qPCR 及 WB 实验检测 ER-stress 和凋亡通路相关基因和蛋白变化。

结果 BB-CI-A 可以有效伤 AML 细胞，但 GSK484 的作用并不明显。我们发现 BB-CI-A 可以激活内质网（ER）应激反应，表现为磷酸化的 PERK（p-PERK）和 eIF2 α （p-eIF2 α ）增加。由于 ER 应激的激活，BB-CI-A 有效诱导了 AML 细胞的凋亡。

结论 我们的研究表明，PAD2 在维持 ER 稳态和预防凋亡中起作用。

PO-0907

PRMT1 靶向 ACSL1 调控 AML 细胞铁死亡敏感性的机制研究

周立昕、贾晓晴、刘纪锋、姚琪、陈洁平、李辉
中国人民解放军陆军军医大学第一附属医院

目的 急性髓系白血病(acute myeloid leukemia, AML)是一种死亡率极高的血液系统恶性肿瘤。开发新的 AML 治疗靶点或药物迫在眉睫。铁死亡是一种由铁依赖性脂质过氧化所驱动的调节性细胞死亡形式,已成为 AML 治疗的新方法。多种表观遗传因子参与调控铁死亡。PRMT1 是一种重要的表观遗传调控因子,在白血病发生过程中发挥重要作用。然而,PRMT1 是否参与 AML 中铁死亡的调控尚不清楚。本研究旨在阐明 PRMT1 在铁死亡调控中的潜力及其潜在的分子机制。

方法 采用 CCK-8 法检测细胞活力。通过流式细胞术检测细胞死亡、脂质过氧化和 Fe²⁺水平。利用 CRISPR / Cas9 对特定基因进行敲除。建立皮下移植瘤模型,评价 GSK3368715 与 RSL3 联合用药的体内抑瘤效果。此外,利用纳米孔测序技术进行转录组分析,并采用 qRT-PCR 和 western blotting 检测差异基因表达。利用 CUT&Tag 技术对 H4R3me2a 和 H3R17me2a 的分布进行了探究。

结果 GSK3368715 显著降低铁死亡诱导剂 RSL3 和 FIN56 处理后的细胞活力,并显著增加脂质过氧化和细胞 Fe²⁺水平。这种作用在很大程度上被铁死亡抑制剂所阻断,包括 Fer-1、Lip-1 和 DFO。此外,PRMT1 敲除细胞表现出与 GSK3368715 处理组相似的表型。GSK3368715 和 RSL3 的联合使用显著抑制了体内肿瘤的生长。机制上,GSK3368715 和 PRMT1 敲除均可上调 ACSL1,ACSL1 通过增加脂质过氧化而发挥促进铁死亡的作用。此外,GSK3368715 降低了 H4R3me2a 在全基因组和 ACSL1 启动子区域的丰度。

结论 我们的研究结果证明了 PRMT1 在铁死亡中的未知作用,并表明 PRMT1 抑制剂和铁死亡诱导剂的组合在 AML 治疗中具有潜在的应用价值。

PO-0908

儿童样方案联合维奈克拉治疗成人 Ph 阴性急性淋巴细胞白血病的疗效与安全性研究：前瞻、单臂、单中心临床研究的早期结果分析

弓晓媛、房秋云、顾闰夏、周春林、刘凯奇、林冬、李艳、魏述宁、张广吉、刘云涛、宫本法、李寿芸、王颖、邱少伟、刘兵城、王迎、魏辉、秘营昌、王建祥
中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 探讨儿童样方案联合维奈克拉治疗成人 Ph 阴性急性淋巴细胞白血病(ALL)的疗效与安全性。

方法 对 2022 年 10 月 1 日-2024 年 03 月 01 日就诊于我中心接受儿童样方案联合维奈克拉诱导治疗的 130 例成人初诊 Ph 阴性 ALL 患者的基线资料、诱导疗效及生存情况进行分析。

结果 本研究纳入成人初诊 Ph 阴性 ALL 连续病例共 130 例。男性 77 例(59.2%),女性 53 例(40.8%),中位年龄 32(14~66)岁。B-ALL 97 例(74.6%),T-ALL 33 例(25.4%)。根据分子学特征分组,B-ALL 中 Ph-like 9 例,ZNF384-r 15 例,MLL-r 9 例,E2A/PBX1 9 例,MEF2D-r 3 例,ETV6/RUNX1 2 例,PAX p80R 2 例,PAX5-r 1 例,DUX4-r 3 例。ETP-ALL 14 例,占 T-ALL 的 42.4%。诱导死亡 7 例(5.4%),诱导死亡患者中位年龄 46(27~59)岁,诱导后获得完全缓解(CR)的患者 119 例(91.5%,119/130),诱导后 CR 患者的流式 MRD(敏感度 10-4)转阴率为 69.7%(83/119),较未联合维奈克拉诱导的 IH-2014 方案诱导后流式 MRD 转阴率提高了约 20%。诱导后 CR 患者同时具有流式 MRD 以及 NGS-MRD(敏感度 10-6)匹配数据患者 56 例,流式 MRD 转阴率 67.9%,NGS-MRD 转阴率为 25%。中位随访时间 11.6 个月,1 年总

生存率为 91.3%。诱导治疗周期 3 级以上不良事件主要为血液学毒性、感染以及便秘。

结论 儿童样方案联合维奈克拉治疗成人 Ph 阴性急性淋巴细胞白血病安全性良好，患者耐受性可，显示了较高的 CR 率和流式 MRD 转阴率，短期疗效高于既往历史对照水平。

PO-0909

中性粒细胞诱捕网在急性白血病患者血浆中的表达及临床意义

施青青、陈祉悦、孙幸、倪军、顾健、吴蔚
江苏省苏北人民医院

目的 探讨急性白血病患者血浆中中性粒细胞诱捕网（NETs）的表达特征及其与临床血液指标、细胞因子及凝血指标的相关性研究。

方法 选取 2022 年 1 月~2023 年 12 月江苏省苏北人民医院血液科收治的 AML 患者 80 例，根据疾病的进展分为初诊组（26 例）、化疗缓解组（24 例）、化疗未缓解组（20 例）、复发组（10 例），另选取同期 10 名体检健康志愿者（对照组）。采集各组一般资料及临床血液指标，通过流式细胞术检测患者外周血中 IL-5、IFN- α 、IL-2、IL-6、IL-1 β 、IL-10、IFN- γ 、IL-8、IL-17、IL-4、IL-12、TNF- α 细胞因子水平，全自动血凝分析仪测定 TT、PT、APTT、FIB 及 D-D 的水平，采用 Pico Green 荧光染料定量分析血浆中 ds DNA 水平。比较各组间 NETs 的表达差异，采用 Spearman 相关分析患者血浆 NETs 与细胞因子和凝血指标的相关性，评估 NETs 在 AML 进展、肿瘤易栓及炎症反应中的应用价值。

结果 AML 各组患者血浆中 NETs 的表达显著高于对照组（ $P<0.05$ ），其中化疗缓解组显著低于其他各组（ $P<0.05$ ），初诊组、化疗未缓解组、复发组三组之间无显著差异（ $P<0.05$ ）；患者血浆 NETs 水平与 PLT、IL-8、D-D 呈正相关（ $P<0.05$ ），与其他指标无显著相关（ $P<0.05$ ）。

结论 NETs 可能通过参与肿瘤炎症易栓，促进肿瘤进展，可作为 AML 诊断及进展的标志物。

PO-0910

早期化疗联合 14 天贝林妥欧单抗治疗第 46 天微小残留病阳性的儿童 B 细胞急性淋巴细胞白血病的安全性及疗效分析

薛长文、张赢今、陈玉梅、邹尧、刘芳、陈晓娟、郭晔、杨文钰、竺晓凡、张丽
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 分析 14 天贝林妥欧单抗治疗接受中国儿童肿瘤协作组急性淋巴细胞白血病 2020 方案（CCCG-ALL-2020）化疗第 46 天微小残留病（MRD）阳性的 B 细胞急性淋巴细胞白血病（B-ALL）患儿的安全性及近期疗效。

方法 前瞻性研究，以 2022 年 5 月至 2024 年 1 月接受 14 天贝林妥欧输注治疗的接受 CCCG-ALL-2020 方案化疗第 46 天 MRD 阳性（ $\geq 0.01\%$ ）的 26 例 B-ALL 患儿作为研究对象，收集并分析早期化疗联合 14 天贝林妥欧治疗的临床及实验室资料。

结果 26 例患儿中男 16 例（62%），女 10 例（38%），中位入组年龄为 5.99（1.58~15.43）岁。治疗前骨髓微小残留病为 0.055（0.01~2.50）%。贝林妥欧单抗 14 天输注前，20 例（77%）患儿接受诱导治疗，6 例（23%）患儿接受诱导+早期强化治疗。输注中，19 例（73%）患儿发生不良反应，2 例发生（8%）3 级不良反应，分别为严重的肢端麻木 1 例、严重肝功能损伤 1 例。输注后，所有患儿均达到 MRD $<0.01\%$ ，中位 MRD 转阴时间：92.5（73~133）天。患儿中位随访时间为 394（109~724）天，总生存率、无事件生存率为 100%，1 例患儿在后续化疗中复查 MRD $>0.01\%$ ，截止随访未复发。贝林妥欧单抗输注中及之后 CD8+ T 细胞的绝对计数从基线时的平均

368.5 /uL 增至第 14 天的 673.05/uL、第 21 天的 843.69/uL。

结论 早期化疗联合 14 天贝林妥单抗治疗儿童 B-ALL 具有较好的临床疗效和安全性。输注结束后 1 周 T 细胞衰竭并不明显，提示抗肿瘤效应延长。

PO-0911

21 例 BPDCN 和 pDC-AML 患者的临床病例分析

杨晋军、余泓彬、邹超瑜、丁虹、张昕、吴侯
四川大学华西医院血液科

目的 浆细胞样树突状细胞（pDC）是产生天然 I 型干扰素的主要树突状细胞，pDC 及其前体细胞的肿瘤性扩增导致浆细胞样树突状细胞瘤（BPDCN），而成熟 pDC 的克隆扩增在急性髓系白血病（AML）中的作用尚未得到充分研究。BPDCN 作为独立疾病和最近新发现的 pDC-AML 的异同，这几年受到血液界关注和探索。

方法 回顾性总结分析华西医院血液内科收治的 BPDCN 和 pDC-AML 患者。收集患者的性别、年龄、白细胞、血小板、血红蛋白、乳酸脱氢酶、骨髓涂片及流式、染色体、融合基因、预后基因突变、病理、中枢浸润、髓外包块、治疗、疗效、生存时间等。

结果 截止到 2024 年 5 月 28 日，本研究共纳入 10 例 BPDCN 和 11 例 pDC-AML 患者。其中男性占 66.67%，中位年龄为 57 岁。白细胞为 $14.36 \pm 14.50 \times 10^9/L$ ，血红蛋白为 $102.62 \pm 26.75 g/L$ ，血小板为 $89.67 \pm 99.20 \times 10^9/L$ ，乳酸脱氢酶为 $439.60 \pm 498.48 IU/L$ ；染色体正常患者占 81.25%（13/16）；融合基因阴性患者占 80%（8/10），2 例患者检测到融合基因 MLL-AF9 和 KMT2A-PTD；常见的基因突变为 RUNX1/RUNX1T1（29.41%，5/17）、FLT3/FLT3-ITD/FLT3-TKD（29.41%，5/17）、DNMT3A（23.53%，4/17）、RAS（23.53%，4/17）、BCOR（17.65%，3/17）、ASXL1（17.65%，3/17）、TET2（17.65%，3/17）；ELN-2017 预后分层中危组占 80%（12/15），高危组占 20%（3/15）；中枢白血病占 15.79%（3/19），髓外包块（包括面部、颈部、淋巴结、乳腺、肺、胃体、肝脏、皮肤及软组织、骨骼）占 55%（11/20）。使用含去甲基化药物或维奈克拉治疗的患者占 72.22%（13/18），21.05%（4/19）患者进行 allo-HSCT；CR 率为 62.5%（10/16），CR+PR 率为 68.75%（11/16）；死亡率为 23.81%（5/21），4 例患者死于疾病进展，1 例死于新冠肺炎；mOS 为 26.4 个月；4 例进行 allo-HSCT 患者中，3 例目前仍然存活，1 例死于新冠肺炎，3 例存活患者中有 2 例生存时间超过 3 年。

结论 RUNX1 和 FLT3 突变是 BPDCN 和 pDC-AML 中最常见的体细胞改变，维奈克拉、去甲基化药物、allo-HSCT 在 BPDCN 和 pDC-AML 患者中显示出良好的疗效。

PO-0912

NUP98 融合的成人急性髓系白血病患者的临床和遗传特征分析

李霞、金洁
浙江大学医学院附属第一医院

目的 研究 NUP-98 融合 AML 患者的临床特征、遗传学特征及预后。

方法 收集 NUP-98 融合的 AML 患者的临床基线数据及生存时间，分析 NUP-98 融合的 AML 的临床特点及预后。通过 NGS 及 RNA-seq 检测分析患者的分子遗传特征。

结果 在本研究中，我们收集了 20 例合并 NUP-98 融合的 AML 患者，包括 NUP98::NSD1，NUP98::HOXA9，这两种融合占到了 65%，其他融合还有 NUP98::CMPK1，NUP98::DDX10，NUP98::HHEX，NUP98::HOXA13，NUP98::NSD3，NUP98::PMX1，NUP98::PRRX2。通过

NGS 检测, 常见的共突变基因为 FLT3-ITD 突变, 比例为 11/20(55%)。患者一个疗程后的总 CRc (CR+CRi) 为 75%。中位随访时间 28 个月, 中位 OS 未达到。合并 FLT3-ITD 突变患者与非合并 FLT3-ITD 突变患者的生存期无显著差异。同种异体造血干细胞移植组 OS 优于非同种异体造血干细胞移植组($p=0.003$)。

结论 NUP-98 融合的 AML 患者整体预后较差, 移植可以改善患者的预后。

PO-0913

A sandwich treatment of finite-duration venetoclax-azacitidine plus decitabine priming with cytarabine followed by umbilical cord blood infusion in unfit elderly patients with untreated AML: A single-center pilot study

Li Ye, Xie Mixue, Xu Gaixiang, Mei Chen, Hu Chao, Zhou Xiping, Ren Yanling, Ma Liya, Yang Chunmei, Qian Jiejing, Jin Jie, Tong Hongyan

Department of Hematology, the First Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine, Hangzhou, People's Republic of China

Objective Continuous venetoclax-azacitidine (VA) therapy is currently the major intervention for elderly unfit acute myeloid leukemia (AML) patients. However, the treatment accrues a large economic burden and enhances associated complication prevalence. Following remission, moderate chemotherapy with finite-duration VA could achieve comparable efficacy to infinite-duration VA. Additionally, umbilical cord blood (UCB) transfusion following chemotherapy improves clinical safety for elderly patients. Therefore, this single-center pilot investigation presents a "sandwich" approach, a finite-duration VA and decitabine priming with intermediate-dose cytarabine followed by UCB infusion.

Methods We included elderly AML patients who underwent the "sandwich" intervention between March 2021 and June 2022. Induction regimen was VA. Consolidation therapy involved intravenous decitabine (15-20 mg/m² for 3-5 consecutive days, from day 1-3 or day 1-5), intermediate-dose cytarabine (1.0 g/m² at q12 h for 2 consecutive days, on day 4-5 or day 6-7), with subsequent UCB infusion (1.5±25%×10⁷/kg) on day 7 or 9. Finally, we conducted finite-duration VA as the maintenance therapy. Our endpoints included complete remission (CR) rate, duration of response (DOR), overall survival (OS), and safety.

Results We analyzed 8 patients with a median follow-up of 29.3 months (range: 17.8-34.1 months). Based on the European LeukemiaNet (ELN) risk classification, 5 out of 8 participants were at adverse risk. The CR rate with minimal residual disease (MRD) negativity was 100%. The median VA cycle number prior to disease relapse was 4 (ranging between 4-8). No patients experienced relapse throughout intervention. The median DOR was 12.5 months (ranging between 8.1-29.6 months), with 1- and 2-year DOR rates of 75% and 25%, respectively. The median OS was 31.2 months (ranging between 17.8-34.7 months), with 1- and 2-year OS rates of 100% and 75%, respectively. Hematological and non-hematological toxicities remained manageable during the consolidation phase.

Conclusion We demonstrated acceptable DOR and prolonged OS using the "sandwich" intervention, which included finite-duration VA plus decitabine priming with intermediate-dose cytarabine and subsequent UCB infusion, relative to infinite VA treatment duration. Given these results, this strategy has great value in managing unfit untreated-AML elderly patients.

PO-0914

高白细胞急性白血病患者早期死亡相关因素分析

袁和锐
贵州省人民医院

目的 高白细胞急性白血病（hyperleukocytic acute leukemia, HAL）是一种以白细胞急剧增多为特征的急性白血病，通常预后较差，治疗挑战较大。本研究旨在探讨 HAL 的临床特征、诊断方法、治疗方案及其对患者预后的影响，以期为临床提供更有效的治疗策略和管理建议。

方法 本研究回顾性分析了我院自 2015 年至 2024 年期间收治的 135 例 HAL 患者的临床资料。研究内容涵盖患者的年龄、性别、诊断时白细胞计数、染色体及基因突变情况、治疗方案及其疗效和不良反应。数据通过统计学方法进行分析，以比较不同治疗方案对患者预后的影响。

结果 纳入 135 例 HAL 患者，早期死亡患者 36 例，非早期死亡患者 99 例。与非早期死亡组比较，早期死亡组初诊白细胞计数（WBC）、凝血酶原时间（PT）、国际标准化比值（INR）、谷丙转氨酶、天门冬氨酸氨基转移酶、乳酸脱氢酶，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。发生早期死亡的 36 例患者中，14 例患者死于出血，其中颅内出血 13 例，消化道出血 1 例。多因素 logistic 回归分析显示，高白细胞计数、凝血酶原时间延长是发生早期死亡的独立危险因素。

结论 HAL 患者的临床表现和预后受多种因素影响，包括高白细胞计数、染色体异常及基因突变情况。早期、有效的进行降白细胞预处理能够显著提高患者的完全缓解率和生存率。

PO-0915

慢性髓系白血病治疗后继发骨髓增生异常综合征、凝血功能异常一例

王奎、孙慧
西部战区空军医院

目的 通过 1 例慢性髓系白血病（CML）经酪氨酸激酶抑制剂（TKI）治疗后出现骨髓增生异常综合征（MDS），伴凝血功能障碍，经治疗病情稳定，探讨 CML 患者继发 MDS、凝血功能异常的发病机制，以指导进一步的治疗策略。

方法 2010 年 09 月诊断为 CML 慢性期（CML-CP），予以伊马替尼，耐药，于 2013-02 月更换达沙替尼，出现不耐受，2014-03 月更换尼洛替尼，2015 年 6 月 BCR-ABL 基因转阴，定期复查，均处于完全分子生物学反应（MMR）缓解状态。2018 年 11 月出现皮肤瘀斑，查 APTT 57s，VIII 活性：3.5%，VIII 因子抗体：0.59BU，骨髓检查：原始粒细胞占 10%，BCR/ABL 基因（P210）：0.000%。诊断为：骨髓增生异常综合征（MDS-EB2）、慢性髓系白血病（CP 期）、凝血功能异常（获得性血友病？）、皮下血肿，予以纠正凝血异常，泼尼松抗炎等治疗，症状逐渐缓解，凝血指标恢复正常。后续予以尼洛替尼、阿扎胞苷多个疗程，病情好转

结果 CML 治疗后继发 MDS、凝血功能异常，经积极治疗及规律随访，病情稳定

结论 本例 CML 患者先后经多种 TKI 靶向治疗后获得完全分子生物学反应（MMR）缓解状态，治疗后第 8 年出现病情变化，合并 MDS-EB2，予以 TKI 及去甲基化治疗，病情得到控制。

PO-0916

基于不同分类标准的髓系肿瘤实验室诊断及预后相关因素分析

丁静、李会丹、张春玲、王小蕊、刘伟玲、蔺丽慧、邱慧颖
上海市第一人民医院

目的 基于诊断标准的更新，探讨髓系肿瘤 2022 新版 WHO 和 ICC 标准对于本中心患者的适用性，验证骨髓原始细胞百分比对于髓系肿瘤分类的实验诊断价值，并分析髓系肿瘤患者的预后影响因素，以期为临床优化诊疗方案提供参考。

方法 收集 2016 年至 2022 年就诊于上海市第一人民医院的髓系肿瘤共 236 例，包括骨髓增生异常肿瘤（56 例）和急性髓系白血病（180 例）。依据更新的国际共识和分类标准将患者分为：组 1，原始细胞<10%；组 2，10%≤原始细胞<30%；组 3，原始细胞≥30%；组 2 分为亚组 2A（10%≤原始细胞<20%）和亚组 2B（20%≤原始细胞<30%）。分析临床基本特征和实验室诊断结果的组间差异，并通过 COX 回归模型探索预后相关影响因素。

结果 髓系肿瘤中组 2 与组 1 的临床基本特征和实验室检查结果相似，而与组 3 差异较大；2A、2B 两亚组间除了外周血白细胞数和染色体核型外基本无差异。SF3B1 突变与低原始细胞百分比相关，TP53 突变与高龄、复杂核型等不良因素相关。对于髓系患者整体，原始细胞百分比高、治疗强度低和 TP53 基因突变为生存的不良影响因素，而异基因造血干细胞移植可改善预后。组 2 男性死亡风险高于女性，组 3BCOR 基因突变型患者的死亡风险更高。

结论 2022 WHO 分类更适用于本中心患者；将原始细胞百分比作为连续性数据纳入 COX 回归模型的统计学效能大大优于作为分类数据纳入 Log-rank 检验；骨髓原始细胞百分比高、治疗强度低和 TP53 基因突变导致预后不良，而异基因造血干细胞移植可改善临床预后，SF3B1 和 TP53 基因突变患者的临床特征差异显著。

PO-0917

8p11 骨髓增殖综合征研究进展

吕梦瑶、李锋
南京中医药大学金陵临床医学院血液科

目的 8p11 骨髓增殖综合征（8p11 myeloproliferative syndrome, EMS）或干细胞白血病/淋巴瘤综合征（stem cell leukemia / lymphoma syndrome, SCLL），是一种起源于多能造血干细胞的血液系统恶性肿瘤。该病罕见，由 1992 年 Abruzzo 首次描述，至今全世界仅报道一百余例。2022 年 WHO 造血与淋巴组织肿瘤分类将其命名为“FGFR1 重排相关的伴有嗜酸细胞增多和酪氨酸激酶融合基因的髓系/淋系肿瘤（MLN-TK）”。现就 EMS 的分子生物学特征、发病和进展机制、临床表现和治疗等的研究进展作一综述。

方法 分子生物学特征：所有病例均在分子水平上存在染色体异常，包括染色体易位、插入和倒位，截至目前共鉴定出 18 个伙伴基因，其中最常见的伙伴基因是 ZMYM2。TPR-FGFR1 为本研究小组首先鉴定和报道，至今国内外报道 TPR-FGFR1 的 EMS 共 5 例。

发病和进展机制：EMS 主要发病机制是由定位于髓系和淋巴系细胞 8 号染色体短臂（8p11）上的成纤维细胞生长因子受体 1（fibroblast growth factor receptor 1, FGFR1）与伙伴基因相互易位生成新融合基因，并诱导 FGFR1 胞内部分二聚化并激活 FGFR1 酪氨酸激酶，进而激活下游 PLC-γ、STAT、PI3K、ERK、MAPK 和 NF-kappaB 通路等多条信号转导途径，促进细胞增殖，抑制凋亡，导致细胞恶性转化。

结果 临床表现：EMS 患者临床表现通常为骨髓增生性肿瘤伴淋巴瘤母细胞淋巴瘤，伴或不伴嗜酸性粒细胞增多，多在 1-2 年内转化为急性髓性白血病或 T 淋巴细胞白血病，少部分转化为 B 淋巴细胞

白血病或双表型白血病。

结论 治疗: 目前公认的唯一治愈 EMS 的方法是异体造血干细胞移植 (HSCT)。但由于干细胞供体稀缺、配型困难、经济成本大等, 大多数人会在移植前死于疾病进展, 因此需要寻找有效的靶向药物如酪氨酸激酶抑制剂 (TKI) 或多靶点联合疗法, 为未能移植的患者提供新的、有效的治疗选择。小分子 TKIs 靶向生长因子受体激酶中的 ATP 结合裂缝, 与 ATP 竞争, 并与 TK 受体激酶裂结合, 抑制激酶活性及其下游细胞内信号级联反应, 从而抑制癌基因的增殖和转化潜能。根据 TKI 对 FGFR 的靶向选择性将其分为非选择性和选择性, 目前, 最有前景的是针对 FGFR 家族的选择性 TKI。

PO-0918

Comprehensive molecular characterization of methionine metabolism across hematological malignancies

Zi jun Xu, Xiang-mei Wen, Ji-chun Ma, Yu Gu, Ye Jin, Pei-hui Xia, Di Yu, Jing-dong Zhou, Jiang Lin, Jun Qian
Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

Objective Methionine metabolism is a key metabolic process that mediates a nexus of cellular functions and is increasingly identified as an indispensable component for cancer development. Recent studies have provided novel and exciting findings showing that methionine metabolism could enhance the tumor-initiating capability of cancer stem cells (CSCs) while impairing the tumor-suppressive function of CD8+ T cells through regulating epigenetic reprogramming. As previous studies focused on a certain cancer type or a certain regulator, a comprehensive characterization of multiple methionine metabolism-related regulators (MRGs) across cancers-especially blood cancers-is still lacking. However, the limited availability of well-curated data for pan-hematopoietic cancers provides challenges in performing such investigations.

Methods Here, we curated genome-wide omics data comprising more than 10,000 samples across diverse hematopoietic cancer types as well as 18 single-cell RNA-seq (scRNA-seq) datasets comprising >380,000 cells from seven hematologic malignancies and our epigenomic resource, aiming to uncover the (epi)genomic, transcriptomic, immuno-oncological, and clinical landscape of methionine metabolism-related regulators (MRGs) in pan-hematopoietic cancers.

Results We observed that acute myeloid leukemia (AML) had the highest overall alterations frequencies, followed by acute lymphoblastic leukemia (ALL) and myelodysplastic syndrome (MDS). Using Hemap, we observed lineage- and cancer-type-specific expression patterns of MRGs. Using meta-analyses, we showed that the most significant prognosticators were DNMT3B, IL4I1, and EZH2 in AML, DLBCL, and MM, respectively. We also developed a methionine score that defines stemness features and immunosuppressive microenvironment in hematologic malignancies. This score could predict immunotherapy responses and treatment outcomes with pan-cancer applicability.

Conclusion Collectively, our results introduced a computational framework for studying regulators of metabolism in blood cancers and paved the road for future analyses.

PO-0919

基于临床实践的血液专科临床药师培训模式建设

周密¹、杨梦婕¹、朱增燕¹、姚艳华²、范俊杰²、李捷²、肖佩芳²、卢俊²、黄莉莉³、柏振江⁴、胡绍燕²

1. 苏州大学附属儿童医院药剂科
2. 苏州大学附属儿童医院血液肿瘤科
3. 苏州大学附属儿童医院检验科
4. 苏州大学附属儿童医院重症医学科

目的 2005年，中国医院协会药事专委会受国家卫生部委托开始开展临床药师培训工作。近二十年来已经建立了多个培训专业，培养了几万名临床药师。血液内科专业临床药师培训起步较晚，2021年才正式启动培训需求调研和大纲编写等工作。作为大纲编写单位之一和首批血液内科临床药师国家培训基地，为进一步完善培训工作，建立专业化的培训基地师资队伍，进行了积极的探索。

方法 依托国家临床药师培训平台、血液内科国家临床重点专科建设单位、苏州大学儿科临床医学院等教学资源，制定个性化的培训大纲，涵盖培训目标、轮转计划、培训内容和指标要求、考核方案等制度。以临床实践、过程考核、理论考核、案例考核、床旁问诊考核等方式完成一年期全脱产临床药师培训任务。

结果 共2个批次6名来自全国多省份的学员进入培训。培训期间轮转化疗、普通血液、血液移植、HICU、微生物室、TDM实验室等部门。以急性淋巴细胞白血病、再生障碍性贫血、造血干细胞移植、血友病、地中海贫血为核心病种，通过床旁教学、药历撰写、药学查房、病例讨论、文献阅读报告、多学科会诊等临床实践工作，深入学习掌握血液病患者药学监护的专业知识和临床技能。以“反思贴”等工具帮助学员构建临床药学思维和职业自画像，使其能够独立开展血液内科药学服务工作。学员培训期间撰写的论文参加 St. Jude/PIDS、中华医学会血液病学年会等国际、国内会议交流并发表。

结论 血液内科临床药学工作对学员和带教师资的专业能力、技术水平有较高要求。医师、药师联合教学的模式有助于帮助学员系统全面建立血液病患者药学服务能力，建立职业定位，服务广大患者。

PO-0920

76例伴有 TP53 突变急性髓系白血病基因突变与临床特征分析

谭业辉、刘彤、杨艳萍、林海、刘秋菊、孙京男、高素君
吉林大学第一医院

目的 探讨 TP53 突变急性髓系白血病的突变特征，分析基因突变特点与临床特征的关系，以及对生存的影响。

方法 回顾性分析 2015 年 12 月至 2023 年 10 月期间于吉林大学第一医院血液科住院的急性白血病患者，纳入经二代测序明确伴有 TP53 突变患者，对 TP53 突变位点、突变个数、频率、突变类型、伴随突变等特征及其与临床特征关系、诱导治疗缓解率和生存情况进行分析。

结果 76 例患者中，共检出 87 个 TP53 突变位点，其中 10 例患者存在 2 个以上突变。66 例单突变的患者中，突变位于 DBD 区、VAF \geq 50%、多打击中患者伴有复杂核型、单体核型比例分别高于非 DBD 区突变、VAF $<$ 50%、非多打击突变患者，差异均具有统计学意义。DBD 区突变患者、多打击突变患者诱导治疗缓解率分别低于非 DBD 区患者、单打击突变患者，伴有 NPM1 突变的患者缓解率高于其他患者，差异均具有统计学意义。错义突变患者、伴有 NPM1 突变患者中位生存时间分别长于非错义突变、无 NPM1 突变患者；多打击突变患者中位生存时间短于单打击突变患者，伴有复杂核型患者较非复杂核型中位生存期短，差异均有统计学意义。

结论 TP53 突变位于 DBD 区、VAF \geq 50%、存在多打击突变的患者中常伴有复杂核型及单体核型；

突变位于 DBD 区、存在多打击突变患者的缓解率低；多打击突变、伴有复杂核型、单体核型对生存期产生不利影响，错义突变、伴有 NPM1 对生存期产生有利影响。

PO-0921

行 Car-T 治疗的血液恶性肿瘤患者报告结局影响因素的系统评价

李孟璇

四川大学华西医院（四川省国际医院）

目的 对行 Car-T 治疗的血液恶性肿瘤患者报告结局相关影响因素进行系统评价。

方法 检索 Web Of Science、PubMed、MEDLINE、EmBase、The Cochrane Library，检索时间为建库至 2023 年 2 月 7 日，提取作者、国家、发表时间、研究对象、样本量、健康领域、测量工具和相关影响因素。

结果 共检索到文献 307 篇，最终纳入 5 篇，研究主要集中在 2020 年至 2022 年，研究方法采用病例对照研究、队列研究、纵向研究、横断面研究，研究对象有复发性难治性多发性骨髓瘤、B 细胞非霍奇金淋巴瘤、复发/难治性急性淋巴细胞白血病或慢性淋巴细胞白血病等患者，涉及领域有健康相关质量、副作用、认知领域等，其影响因素有一般人口学因素和疾病相关因素。

结论 行 Car-T 治疗的血液恶性肿瘤患者报告结局相关影响因素有一般人口学因素（年龄、受教育程度）和疾病相关因素（焦虑、抑郁、疲劳恶病质等）。

PO-0922

成人 T 细胞淋巴瘤/白血病的单细胞转录组特征和 RGS13 基因参与疾病发展的分子机制研究

罗璐婷^{1,2}、刘婉莹^{1,2}、杨嘉婕^{1,2}、陈艳欣²、胡建达^{2,3}

1. 福建医科大学附属第二医院血液科

2. 福建医科大学附属协和医院血液科

3. 福建医科大学精准医学研究院

目的 成人 T 细胞淋巴瘤/白血病（ATLL）是由 I 型人类 T 细胞白血病病毒（HTLV-I）感染人引起的恶性肿瘤。侵袭型 ATLL 患者预后极差，致死率高。本研究通过比较 ATLL 患者、HTLV-I 病毒携带者及健康志愿者的单细胞转录组特征差异，寻找 ATLL 治疗新靶点，以期为临床诊疗和改善患者预后提供指导。

方法 本研究首先对 3 例 ATLL 患者、3 例 HTLV-I 病毒携带者和 3 例健康志愿者的新鲜外周血标本进行单细胞转录组测序（scRNA-seq），并进行聚类分析、拟时序分析和差异基因表达分析。接着在 ATLL 细胞株中沉默和过表达 RGS13 基因，并观察 ATLL 细胞增殖、周期和凋亡等细胞生物学功能的变化。通过高通量虚拟筛选和细胞毒性实验筛选靶向 RGS13 的小分子抑制剂并进行体外验证。

结果 9 例样本的单细胞测序数据共获得 82977 个细胞，经降维聚类分析得到 35 个细胞亚群。HTLV-I 病毒携带者和 3 例健康志愿者的细胞亚群分布相似，而 ATLL 患者的细胞亚群与前两者存在显著差异，其中 CD4⁺中央记忆 T 细胞亚群（cluster 4、8、10、11、13 和 15）在 ATLL 患者组中显著富集，比例高于 HTLV-I 携带者和健康志愿者，提示可能为肿瘤性 CD4⁺T 细胞。拟时序分析提示 CD4⁺中央记忆 T 细胞亚群在 ATLL 患者中显示出显著的异质性和不同的方向性。差异基因表达分析及进一步的 qPCR 验证发现 RGS13 基因在 ATLL 患者中表达最高，显著高于 HTLV-I 携带者与健康志愿者。体外细胞实验结果显示，在 ATLL 细胞株（MT-4）中沉默 RGS13 基因能够抑

制细胞增殖，在 ATLL 细胞株 (C8166) 中过表达 RGS13 基因具有相反的效果，主要是通过阻滞细胞周期实现的。基于高通量虚拟筛选的靶向 RGS13 基因的小分子抑制剂 AZD4320 可抑制 ATLL 细胞株的体外增殖，且和临床常用的化疗药物阿霉素具有协同效应。

结论 ATLL 患者的单细胞转录图谱提示 CD4⁺中央记忆 T 细胞亚群在 ATLL 患者中显著富集，且 RGS13 基因高表达。体外细胞实验发现 RGS13 基因能够促进 ATLL 细胞的增殖。AZD4320 可以抑制 ATLL 细胞株的体外增殖，且和阿霉素具有协同效应。

PO-0923

探索伴有 RUNX1::RUNX1T1 融合基因急性髓系白血病中 肿瘤反应性 T 细胞的标志

梅怡晗、刘钰、刘文兵、陈曼玲、刘晓雨、王尚尚、牟峻黎、邢海燕、唐克晶、田征、饶青、王敏、邱少伟、顾闰夏、王建祥
中国医学科学院北京协和医学院

目的 基于 T 细胞的免疫治疗在实体瘤中取得了理想的疗效，促使人们开始致力于利用 T 细胞治疗急性髓系白血病 (AML)。然而，AML 骨髓微环境中 T 细胞功能状态、肿瘤反应性 T 细胞的特征及其独特分子标志尚未明确。在本研究中，我们以伴有 RUNX1::RUNX1T1 融合基因的初诊 AML 患者为例，在单细胞水平解析其骨髓 T 细胞特征并探索肿瘤反应性 T 细胞的标志。

方法 我们收集了 5 例伴有 RUNX1::RUNX1T1 融合基因的初诊 AML 患者骨髓 T 细胞进行单细胞转录组及单细胞 TCR 测序，并将其与已公开的 20 例健康供者骨髓 T 细胞单细胞数据整合。基于 STARTRAC-like 算法，从肿瘤富集指数、克隆扩增指数、增殖指数和 TCR 信号通路激活情况识别肿瘤反应性 T 细胞。通过 CD33 CAR-T 和靶细胞共培养模型、IFN- γ 释放实验等进行进一步验证。并且通过反卷积方法，在 42 例 RUNX1::RUNX1T1 融合基因阳性的 AML 患者的转录组数据中进行验证。

结果 通过单细胞转录组分析，我们将 CD8⁺ T 细胞分为 9 个亚群。基于 STARTRAC-like 算法，将不同亚群分为肿瘤反应性 T 细胞和旁观者 T 细胞。和实体瘤不同，AML 的肿瘤反应性 T 细胞主要为终末效应 T 细胞，且并未表现出显著的耗竭分子如 PD-1 的上调，而是以衰老样细胞毒性 T 细胞的特征，并伴有 NK 细胞相关分子的上调。和旁观者 T 细胞相比，ADGRG1 分子在肿瘤反应性 T 细胞中特征性上调，提示其可能可以作为 AML CD8⁺肿瘤反应性 T 细胞的分子标志。为了进一步验证该假说，我们以 CD33 CAR-T 和 MOLM13 模拟肿瘤反应体系，发现只有与 CD33⁺ MOLM13 共培养时才会出现 ADGRG1 显著上调，单纯 CD3/CD38 磁珠刺激或者与 CD33⁻的 K562 细胞共培养时 ADGRG1 表达无明显改变。通过分选 AML 患者骨髓 ADGRG1⁺/CD8⁺ T 细胞和对应患者 CD34⁺ 肿瘤细胞共培养，可以发现 ADGRG1⁺CD8⁺ T 细胞释放 IFN- γ 显著升高。通过反卷积分析 42 例 AML 患者转录组信息，我们发现难治/复发 AML 患者初诊时骨髓 ADGRG1⁺CD8⁺ T 细胞比例显著降低 ($p = 0.0048$)，提示初诊时较低的 ADGRG1⁺CD8⁺ T 细胞比例可能与较差的预后相关。

结论 我们的研究结果表明 AML 患者骨髓 CD8⁺ T 细胞具有与实体瘤不同的独特的转录组特征。我们发现 ADGRG1 可作为 AML 肿瘤反应性 T 细胞的标志，有助于以更简单的方式富集肿瘤反应性 TCR 并进一步促进免疫治疗。

PO-0924

Next-generation-sequence-based gene mutation detection and its clinical significance in patients with acute myeloid leukemia

Jifeng Yu, Weijie Cao, Lijie Han, Yingmei Li, Haizhou Xing, Xia Zhang, Wenliang Tian, Danfeng Zhang, Yongping Song, Zhongxing Jiang
The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

Objective In this study, we sought to investigate the differences in molecular gene mutations between different types of AML patients and the response of those newly diagnosed AML patients to induction chemotherapy.

Methods We retrospectively evaluated 274 non-M3 AML patients. A next-generation sequencing assay covering 43 genes was used to investigate recurrently mutated genes. The mutational status of the fusion genes was determined by real-time PCR. Clinical follow-up was done based on the patient's most recent hospital visits. Correlation analysis was done based on different groups classified into different categories.

Results For 274 AML patients, the median age at diagnosis was 45-years-old (range 16–81 years). 231 patients were 59 years of age or younger, with a median age of 41 years. Forty-three patients were 60 years of age or older, with a median age of 69 years (range 60–81 years).

At least one non-synonymous gene mutation was detected in 233 (85%) AML patients. The median number of gene mutations was two (range 0–8 in AML patients). Compared to the 59-year-old or younger AML patients, there was a significantly higher incidence of gene mutations in the 60-year-old and older AML patients ($p < 0.01$). Older AML patients had significantly higher frequency mutations of ASXL1 (23.3% vs. 13.9%, $p < 0.05$), TP53 (11.6% vs. 1.7%, $p < 0.05$), IDH2 (18.6% vs. 4.3%, $p < 0.05$), and CEBPA (21.2% vs. 14%, $p < 0.05$).

Moreover, among 11 AML patients with no gene mutation who received the DA regimen as induction chemotherapy, 8 patients (73%) achieved CR after 1 course of induction treatment. Meanwhile, among 21 patients with one or more gene mutations who received DA induction chemotherapy, only 12 patients (57%) achieved CR after one course of induction treatment. Among 13 AML patients with no gene mutation who received the IA regimen as induction chemotherapy, 11 patients (84.6%) achieved CR after one course of induction chemotherapy. Meanwhile, among 34 patients with one or more gene mutations who received IA induction therapy, only 25 patients (73.5%) achieved CR after one course of induction treatment. (84.6% vs. 73.5%, $p = 0.442$). More data needs to be collected regarding the significance of each individual gene fusion in relation to induction chemotherapy.

Conclusion Older AML patients had a lower incidence of favorable cytogenetics and higher frequencies of unfavorable gene mutations that are associated with poor prognosis compared to younger patients. AML patients with no gene mutation had a better chance of achieving CR when treated with DA and IA regimens as induction chemotherapy.

PO-0925

以阴囊肿胀为首发表现的急性双表型白血病（高危）1例

陈艳才、杨溯、王琳、罗宇、罗建伟、何大海、王麟
成都市郫都区中医医院

目的 探讨双表型急性白血病治疗方案。

方法 患者，邱某某，男，32岁，职员。患者8+月前(2023.07.13)患者因“左侧阴囊坠胀痛10天”入

住我院泌尿外科，入院后血常规:白细胞 109.33x10⁹/L，中性粒细胞 21.14x10⁹/L，淋巴细胞数 57.20x10⁹/L，单核细胞 29.50x10⁹/L，结合骨髓象、FCM、染色体、FISH 等诊断：急性双表型白血病[BAL、BCR:ABL1 P210+)t(9;22)]，患者接受 CEAD 第一疗程化疗后 PR，2023.08.01 开始第二疗程化疗，采用伊马替尼+DAD 方案治疗，2023.08.23 复查骨髓:骨髓符合急性双表型白血病缓解象，FCM 未检测免疫表型异常的原始/幼稚细胞，达到 CR。2023.08.28 行鞘内注射;2023.08.30 开始第 3 疗程化疗，继续接受伊马替尼+DAD 方案治疗，2023.09.26 开始第 4 疗程化疗，伊马替尼+ADA 方案治疗，FCM 检测到约 1.12%异常原始/幼稚髓系细胞。BCR::ABL1 P210 阳性。2023.10.24 开始第 5 疗程化疗，DAD+伊马替尼方案治疗，2023.11.20 开始第 6 疗程继续该方案化疗，2023.12.20 开始第 7 疗程化疗，中剂量阿糖胞苷+伊马替尼方案治疗，24.1.23 开始第 8 疗程化疗，大剂量阿糖胞苷+伊马替尼方案治疗，2024.2.21 开始第 9 疗程化疗，DA+伊马替尼方案治疗，2024.3.19 骨髓骨髓象提示，粒红两系增生活跃。原始粒细胞 1%，早幼粒细胞 0.5%。幼稚淋巴细胞 2%。单核细胞 10%。骨髓 FCM 未检测到明显免疫表型异常的原始/幼稚细胞。2024.3.21 开始第 10 疗程化疗，大剂量阿糖胞苷+伊马替尼方案治疗，化疗间歇期患者化疗间歇期持续给予“干白沙”方案维持治疗，患者 2024 年 5 月 3 日因故于间歇 40 天后再次住院，骨髓报告：有核细胞增生明显活跃，粒系异常增生占 ANC52.5%，其中原始粒细胞占 ANC17%，可见幼稚淋巴细胞占 ANC5.5%；FCM 检测到异常原始/幼稚髓系细胞占有核细胞总数约 25.52%，另检测到约 1.72%原始/幼稚 B 淋巴细胞，提示患者病情复发，遂给予 DA（柔红霉素 50mgd1-3+阿糖胞苷 300mgd1-5）再诱导化疗。

结果 患者于 2024 年 5 月 29 日做骨穿，骨髓及 FCM 达到 CR。

结论 急性双表型白血病患者达到完全缓解后应积极接受造血干细胞移植。对不愿接受造血干细胞移植的患者，应定期、接受巩固治疗，间歇期可给予“干白沙”，即使病情复发，再诱导后仍然可能达到完全缓解。值得临床借鉴和参考。

PO-0926

氟达拉滨联合地西他滨及阿糖胞苷再诱导缓解 老年难治/复发性急性白血病 1 例

陈艳才、杨溯、王琳、罗宇、罗建伟、何大海、王麟
成都市郫都区中医医院

目的 探讨复发/难治老年急性白血病治疗方案。

方法 患者杨**，女，70 岁。5 个月前，血常规:白细胞 61.12x10⁹/L，血红蛋白 94.0g/L，血小板 38.0x10⁹/L，骨髓像：有核细胞增生极度活跃，粒系异常增生占 90.5%，其中原始粒细胞占 ANC71.5%，早幼粒细胞比例占 ANC11.5%，其中 POX 染色:原始细胞阳性率 89%，酯酶双染:a-NBE 阴性，AS-DNCE 44%，FCM:提示为急性髓系白血病，检测到异常原始幼稚髓系细胞占有核细胞总数约 46.8%。骨髓活检:符合急性髓系白血病。染色体:分析 20 个分裂相细胞，未见异常。AML1:ETO 阴性。CBFβ 基因阴性。骨髓涂片符合 AML 骨髓象，结合临床、查体、实验室检查等，诊断：AML-M2a，遂予以口服羟基脲降低肿瘤负荷;经过 DA、DA、DA、DA、EAC5 疗程化疗，患者没有达到完全缓解，第 6 疗程采用氟达拉滨联合地西他滨及阿糖胞苷化疗，化疗间歇期予以改良的“干白沙”方案维持治疗。

结果 FDA 方案治疗或做骨髓检查，涂片及 FCM 均提示，患者获得完全缓解。

结论 将氟达拉滨与地西他滨及阿糖胞苷联用组合成化疗方案诱导治疗复发/难治急性髓系白血病，值得临床使用。

PO-0927

基于转录组分子分型发掘 t(8;21)型 AML 新治疗靶点 IKZF2

刘钰^{1,2}、刘文兵^{1,2}、梅怡晗^{1,2}、国承彩^{1,2}、刘晓雨^{1,2}、饶青^{1,2}、顾闰夏^{1,2}、邱少伟^{1,2}、王敏^{1,2}、王建祥^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所），血液与健康国家实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室
2. 天津医学健康研究院

目的 t(8;21)染色体异常是 AML 中最常见的细胞遗传学异常之一，有近 40% 的患者出现治疗后复发，且患者间异质性明显。本研究我们基于转录组分析对 t(8;21)AML 进行分子分型，旨在发现新治疗靶点，清除白血病干细胞（LSC），改善患者预后。

方法 首先对本中心 42 例 t(8;21) AML 患者基因表达数据进行聚类分析，随后将不同分型同预后及突变特征整合分析，进一步应用 scRNA-seq 寻找关键亚群，挖掘分子靶点，最后通过患者原代细胞及小鼠模型验证并阐释调控机制。

结果 基于基因表达特征分析，我们在 t(8;21) AML 中发现了三类不同的分子亚型，其中一组（命名为 C1）所对应的患者 KIT-D816 及 FLT3-ITD 突变率更高，化疗反应及远期预后更差，提示该分类方法能够很好地反映 t(8;21) AML 患者的异质性。

为阐明 C1 内在特征，我们对 5 例分类为 C1 的 t(8;21) AML 患者进行了 scRNA-seq 测序分析，并发现 C1 特征基因主要分布于造血干细胞样（HSC-like）亚群，呈现细胞静息和分化阻滞等特征。我们进一步挖掘到 HSC-like 亚群核心调控分子 IKZF2，其在 t(8;21) AML 患者的表达显著高于其它亚型，体内外实验证实 IKZF2 富集于 LSC 亚群，敲除 IKZF2 能够抑制 LSC 累积，促进细胞分化，提示其可作为 t(8;21) AML 治疗靶点。

结论 建立了基于转录组的 t(8;21) AML 分型策略，发现治疗新靶点 IKZF2，有助于清除 LSC，改善 t(8;21)AML 预后。

PO-0928

Evaluation of SLC25A37 as a prognosis biomarker and therapeutic target of acute myeloid leukemia by integrating TCGA and GEO datasets

Yang Li, Jiang Lin, Xiang-mei Wen, Zi-jun Xu, Ying Xu, Wen-bo Zhang, Jun Qian, Jichun Ma
江苏大学附属人民医院

Objective Solute carrier family 25 member 37 (SLC25A37) affects tumor growth by regulating the transport of substances, but its role in acute myeloid leukemia (AML) remains unclear.

Methods In the present study, The Cancer Genome Atlas (TCGA) and Gene Expression Omnibus (GEO) databases were used to analyze the effect of SLC25A37 expression on the prognosis of AML.

Results Four GEO datasets were utilized to analyze differentially expressed genes (DEGs), and least absolute shrinkage and selection operator (LASSO) analysis was used to establish a prognostic risk model to further screen genes. TCGA data were used to analyze the influence of the DEGs on the prognosis of AML patients, which obtained the SLC25A37 target gene. SLC25A37 gene expression was significantly decreased in AML versus normal samples. Low SLC25A37 expression was an independent risk factor affecting the prognosis of AML. The machine learning model was established by the random forest method, which included SLC25A37 expression level as an important feature, and the area under the receiver operating characteristic (ROC) curve for 1-year and 3-year overall survival (OS) was 0.65 and 0.85,

respectively. In addition, SLC25A37 expression was positively correlated with B cells, CD8 T cells, cytotoxic cells, and immune checkpoints. SLC25A37 was also related to sensitivity to drugs, including pracinostat and selumetinib. Moreover, methylation degree and SLC25A37 expression were negatively correlated. Further, 12 miRNAs were predicted to regulate SLC25A37 gene expression.

Conclusion SLC25A37 may be useful as a predictor of poor prognosis and a potent therapeutic target in AML.

PO-0929

急性 B 淋巴细胞白血病复发关键基因的筛选及验证

王静、陈艳
遵义医科大学附属医院

目的 运用生物信息学分析，筛选儿童急性 B 淋巴细胞白血病复发相关的关键基因，以便研究后续治疗靶点。

方法 我们使用生物信息学方法鉴定了复发和未复发 (≥ 3 年) 性 B-ALL 患者的差异表达基因(DEGs), 同时结合 TARGET 数据库, 检索转录组和临床数据。对 B-ALL 患者的 mRNA 表达谱进行单因素 Cox 分析, 分离出有预后的核心基因($p < 0.05$)。Kaplan-Meier 分析检验核心基因与复发及总生存期(OS)之间的关联。将其分为复发基因组, 未复发基因组, 低生存期组, 结合前期差异表达基因 (DEGs), 使用 Venn Diagram 对该四个组取交集, 获得关键基因。以确定潜在的预后生物标志物。验证筛选的关键基因的表达, 并评估其在儿科 B-ALL 患者中的临床意义。

结果 共鉴定出 2266 个 DEGs, 其中 718 个基因上调, 1548 个基因下调。交集获取关键基因 25 个, 其中 ZFP36L1 为上调差异倍数最高 [$\log_2(FC) = 2.039$ 、 $p < 0.05$]。随后的验证显示, ZFP36L1 在复发患者较未复发患者在初诊时的基因及蛋白表达均存在差异。

结论 ZFP36L1 在 B-ALL 中可作为复发预后的潜在生物标志物。在 B-ALL 患者疾病发生发展及预后中具有重要意义, 有望成为 B-ALL 防治新靶点。

PO-0930

基于生物信息学对急性淋巴细胞白血病关键基因的筛选

王静、陈艳
遵义医科大学附属医院

目的 运用生物信息学分析, 筛选与儿童急性 B 淋巴细胞白血病发病相关的关键基因, 以便研究后续治疗靶点。

方法 我们使用生物信息学方法鉴定了复发和未复发 (≥ 3 年) 性 B-ALL 患者的差异表达基因(DEGs), 同时结合 OMIM 数据库查询下载 ALL 疾病致病基因和易感基因, 用 Venn Diagram 取交集, 获得 9 个关键基因。验证筛选的关键基因的表达, 并评估其在儿科 B-ALL 患者中的临床意义。

结果 共鉴定出 2266 个 DEGs, 其中 718 个基因上调, 1548 个基因下调。交集获取关键基因 9 个, 分别为显著上调的 AFF4, TXNIP, HHEX, ZBTB16 和 EIF4A1, 以及显著下调的 ABCB10, ABCC5, RANBP17 和 MTAP。验证显示, AFF4 在复发患者较未复发患者在初诊时的基因及蛋白表达存在差异。

结论 AFF4 在 B-ALL 中可作为复发预后的潜在生物标志物, 为儿童 B-ALL 的危险分层提供参考。为 B-ALL 患者精准治疗靶点提供依据。

PO-0931

维奈克拉联合阿扎胞苷与强化疗用于年轻初诊急性髓系白血病患者的临床效果比较

许雪珠^{1,2}、刘睿^{1,2}、杨若玉^{1,2}、何爱丽^{1,2}、王芳侠^{1,2}

1. 西安交通大学第二附属医院血液内科
2. 西安市血液疾病重点实验室

目的 回顾性分析了本中心使用维奈克拉联合阿扎胞苷、强化疗治疗年轻初诊急性髓系白血病患者的临床疗效及安全性。

方法 纳入 2021 年 1 月至 2023 年 12 月就诊于本中心接受维奈克拉联合阿扎胞苷治疗的 25 例年轻（年龄≤60 岁）初诊急性髓系白血病患者的临床资料，比较分析患者的临床疗效及不良反应，并与接受强化疗的初诊年轻急性髓系白血病患者形成历史对照。

结果 经过两周期诱导缓解，维奈克拉组、强化疗组达到完全缓解的人数分别为 21 例和 19 例，两组间的完全缓解率差异无统计学意义。与强化疗组相比，维奈克拉组能更早达到更深度的缓解（第 1 周期后，强化疗组 MRD 阴性率为 8%，维奈克拉组为 56%， $P=0.0004$ ）。此外，在诱导治疗期间，维奈克拉组相较于强化疗组，对输血依赖性更低（红细胞： $P=0.0269$ ；血小板： $P=0.0054$ ）。维奈克拉组非血液学不良事件发生率显著低于强化疗组（感染： $P=0.0010$ ；胃肠道反应： $P=0.0055$ ）。

结论 维奈克拉联合阿扎胞苷治疗年轻初诊急性髓系白血病患者的疗效不差于传统强化疗方案，且该方案输血依赖性低，不良反应少，耐受性好。

PO-0932

年轻初诊急性髓系白血病患者维奈克拉联合阿扎胞苷与强化疗诱导缓解后桥接异基因造血干细胞移植的疗效分析

许雪珠^{1,2}、刘睿^{1,2}、杨若玉^{1,2}、何爱丽^{1,2}、王芳侠^{1,2}

1. 西安交通大学第二附属医院血液内科
2. 西安市血液疾病重点实验室

目的 回顾性分析了本中心年轻初诊急性髓系白血病患者使用维奈克拉联合阿扎胞苷（VEN+AZA）与强化疗（IC）诱导缓解后桥接异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）的有效性和安全性。

方法 纳入 2021 年 1 月至 2023 年 12 月就诊于本中心采用 VEN+AZA 诱导缓解后直接进行 allo-HSCT 的年轻（年龄≤60 岁）初诊急性髓系白血病患者，比较分析患者的疗效，并与接受 IC 诱导缓解后桥接移植的初诊年轻急性髓系白血病患者形成历史对照。

结果 共有 25 例年轻急性髓系白血病患者在初始诱导缓解阶段采用 VEN+AZA 方案，达到完全缓解后直接进行 allo-HSCT 的有 5 例，中位年龄为 50（36-58）岁，均采用白消安联合环磷酰胺的清髓方案。5 例患者移植后均获得造血重建，中性粒细胞植入时间中位数为 14（12-17）天，血小板植入时间为 20（15-29）天，1 例患者发生 III 级急性移植物抗宿主病（GVHD），3 例患者发生慢性 GVHD。随访时间 2.6~36 个月，中位数 18 个月，5 例患者均存活，1 例有复发倾向。与接受 IC 诱导治疗后桥接 allo-HSCT 的对照组相比，VEN+AZA 组在上述指标方面未见明显差异。但在诱导治疗期间，VEN+AZA 诱导治疗的感染发生率显著低于 IC 组（ $P<0.001$ ）。

结论 接受 VEN+AZA 与 IC 诱导缓解后桥接移植治疗的年轻急性髓系白血病患者，其疗效相似。在诱导治疗期间，VEN+AZA 的感染发生率更低。

PO-0933

CAR-T 细胞治疗桥接异基因造血干细胞移植 治疗复发/难治儿童急性髓系白血病的疗效观察

宗飒、彭智勇、汤浩然、裴艳茹、岳丹、战佳楠、李霞
东莞台心医院

目的 评估 CAR-T 细胞治疗在 R/R AML 患者中桥接 HSCT 的安全性和有效性。

方法 收集 2019 年 11 月至 2023 年 10 月期间，南方春富（儿童）血液病研究院 16 例接受 CAR-T 治疗的 R/R AML 患者，分析 CAR-T 治疗的安全性和有效性，并评估桥接异基因 HSCT 后的生存情况。

结果 患者中位年龄为 9（3-16）岁。9 例患者接受了 CLL1 CAR-T 细胞治疗；2 例患者接受了 CD123 CAR-T 细胞治疗；4 例患者接受 CLL1-CD33 复合 CAR-T 细胞治疗；1 例患者接受了供者来源的异基因 CLL1-CD123 复合 CAR-T 细胞治疗。输注的 CAR-T 细胞中位数为 $0.9 \times 10^6/\text{kg}$ （范围为 $0.35\text{-}2.58 \times 10^6/\text{kg}$ ）。CAR-T 治疗后，患者出现了 1-2 级细胞因子释放综合征，但未出现任何致死事件。在 CAR-T 治疗后 4 周内行骨髓检查，10 例达到形态学和流式 MRD 水平的完全缓解，2 例部分缓解，2 例疾病稳定，2 例疾病进展。患者在 CAR-T 治疗后 1 个月内接受异基因 HSCT。中性粒细胞和血小板植入的中位时间分别为 28 天和 32 天。中位随访时间为 24 个月（范围：3-46 个月），3 年总生存（OS）率、无白血病生存（LFS）率和复发率分别为 62.2%、57.7% 和 33.7%。II-IV 级 aGVHD 的累积发生率为 50%，其中 III-IV 级为 6.2%；cGVHD 的累积发生率为 25%，其中广泛性为 6.2%。

结论 CAR-T 治疗 R/R AML 是安全可行的，且具有非常好的疾病缓解效果，并且在桥接异基因 HSCT 治疗后能够达到较高的无病生存率。

PO-0934

对比成人方案，儿童样方案可以改善急性 淋巴细胞白血病中枢复发的预后

梁海梅、周红升
南方医科大学南方医院

目的 儿童样方案延长了成人急性淋巴细胞白血病（ALL）的生存。然而，对于成人 ALL 中枢复发，儿童样方案与成人方案相比，是否仍能改善预后尚未报道。针对这一问题，本研究探讨相较于成人方案，儿童样方案是否能改善成人 ALL 中枢复发的预后。

方法 回顾性分析南方医科大学南方医院血液科 2006 年 1 月至 2021 年 12 月诊断的 ALL 中枢复发的 96 人的临床资料，将患者分为成人方案队列和儿童样方案队列。成人方案队列纳入 ≥ 14 岁的，于 2006 年 1 月至 2015 年 12 月诊断的 ALL 中枢复发患者 67 人，所有患者接受 Hyper-CVAD 方案治疗。儿童样方案队列纳入 2016 年 1 月至 2021 年 12 月诊断的 ALL 中枢复发患者 29 人，所有患者均接受 PDT-ALL-2016 方案化疗。

结果 两组队列基线特点均无统计学差异。在中位随访时间 42.48 月后，对于 ALL 中枢复发患者，儿童样方案队列的总体生存率（OS）及无事件生存率（EFS）显著优于成人队列（5 年 OS, 42.1% VS 22.0%, $P=0.048$ ，图 1；5 年 EFS, 28.5% VS 6.25%, $P=0.049$ ，图 2）。

结论 相较于成人方案，儿童样方案可以显著改善成人 ALL 中枢复发的预后。

PO-0935

侵袭性 NK 细胞白血病合并噬血细胞综合征一例并文献复习

尹俊杰、张胜楠
新乡市中心医院

目的 侵袭性自然杀伤细胞白血病 (aggressive natural killer cell leukemia, ANKL) 侵袭性强、进展较快、预后差、中位生存期不足 2 个月, 现报告一例 ANKL 合并 HPS 并长期存活患者并对相关文献进行复习。

方法 男, 15 岁, 因“间断发热 10 天, 发现血小板减少 1 天”入院, 入院后诊断为嗜血细胞综合征, DIC, 肝功能衰竭, 重症感染, 给予保肝降酶、血浆置换、静注人免疫球蛋白及美罗培南 (1.0g q8h) 抗感染治疗, 后开始 HLH-04 方案 (依托泊苷 80mg d1, 5; 150mg d 12+甲泼尼龙 40mg bid d1-14) 化疗, 根据骨髓结果诊断为侵袭性 NK 细胞白血病合并噬血细胞综合征。患者肝功、凝血及各项指标好转后, 给予 SMILE 方案化疗, 化疗后微小残留阴性。

结果 给予 SMILE 方案化疗 2 周期, 患者因为经济原因未再行后续化疗或造血干细胞移植, 随访患者 CR 状态 2 年余。

结论 由于 ANKL 发病率较低, 其发病机制、治疗策略及预后因素等方面的研究尚不清楚, 目前尚无统一的治疗标准。结合本例患者早期诊断、及时处理并发症和在初次诊断时使用基于 L-天冬酰胺酶的治疗方案, SMILE 作为缓解后巩固治疗, allo-HSCT 作为最终治愈治疗可能是 ANKL 患者的一种有前景的治疗策略, 但其远期疗效仍待观察, 新的药物和治疗方案也还需进一步探索。

PO-0936

HDAC2 诱导的 DACT3 表观遗传沉默促进急性髓系白血病进展和耐药

蒋端凤¹、莫秋玉¹、邵海刚²、陈宏¹、董敏³、阳洁¹、林文远⁴、谢国然¹、刘畅¹、陈方平²

1. 柳州市工人医院
2. 中南大学湘雅三医院
3. 海南医科大学第二附属医院
4. 桂林医学院附属医院

目的 β -连环蛋白结合拮抗剂 (DACT) 是一种潜在的 Wnt 拮抗剂和肿瘤抑制基因, 但其在急性髓系白血病 (AML) 中的作用尚不清楚。

方法 通过 RNA-seq、qRT-PCR 和 Western Blotting 以及 TCGA 在线数据库分析 142 例 AML 患者骨髓白血病细胞及 6 个 AML 细胞株, 多维分析了 DACT 基因在 AML 中的表达, 并鉴定出 DACT3 是唯一低表达且有差异的 DACT 基因。结合本中心临床数据和在线数据库分析了 DACT3 的临床意义, 通过 CCK8 生长抑制试验、软琼脂克隆形成、流式细胞学、病毒转染或 RNA 干扰的基因敲降及过表达等体内外试验进一步研究了 DACT3 的生物学功能及对阿扎胞苷治疗敏感性的影响。通过双荧光素酶报告试验、细胞免疫荧光明确了 DACT3 的 Wnt/ β -catenin 信号抑制作用。最后通过 CHIP 分析等试验探讨了 DACT3 低表达的可能调控机制。

结果 DACT3 在 AML 患者中显著低表达, DACT3 低表达的患者临床预后较差。此外, DACT3 的低表达与年龄 <60 岁、外周血白细胞计数 $\geq 50 \times 10^9/L$ 、骨髓原始细胞 $\geq 75\%$ 、CEBPA 基因突变、FLT3 突变以及 DNMT3A 突变有关。作为一种 Wnt/ β -catenin 信号抑制剂, DACT3 下调可促进 AML 细胞生长, 并增加对阿扎胞苷诱导的细胞凋亡的抵抗力。组蛋白去乙酰化酶 2 (HDAC2) 通过阻止转录因子 (E2F1) 和 DACT3 启动子之间的结合来抑制 DACT3。在体外和体内 AML 模型中, HDAC2 抑制剂西达本胺恢复了 DACT3 的转录, 并与阿扎胞苷在升高 DACT3、促进细胞凋亡方面

产生协同作用。

结论 DACT3 的低表达可能是 AML 预后不良的生物学标志和潜在的治疗靶点。本研究不仅强调了 DACT3 在 AML 进展和耐药性中的重要作用，而且揭示了 DACT3 的新调控机制，通过靶向 AML 中的 DACT3 失调提供了一种有前景的治疗策略。

PO-0937

SLC7A11 通过精氨酸代谢抑制急性淋巴细胞白血病铁死亡并促进肿瘤免疫逃逸

李佳蒸^{1,2}、蔡青¹、刘婉莹^{1,2}、陈艳欣²、胡建达^{2,3}

1. 福建医科大学附属第二医院，泉州，福建

2. 福建医科大学附属协和医院血液科，福州，福建

3. 福建医科大学精准医学研究院，福州，福建

目的 铁死亡是一种新发现的细胞程序性死亡方式，课题组前期发现铁死亡抑制基因——溶质载体家族 7 成员 11 (SLC7A11) 在急性淋巴细胞白血病 (ALL) 中高表达，但其在 ALL 中的作用和分子机制未明，值得深入探索。

方法 构建 SLC7A11 沉默/过表达的体外 ALL 细胞模型，检测细胞生物学功能的变化，应用转录组学联合代谢组学测序探索下游关键分子及代谢物变化，并通过代谢流检测、透射电镜、免疫细胞共培养、ALL 小鼠模型等分别进行体外和体内验证，还利用单细胞转录组测序、质谱流式 (CyToF) 等进行临床水平验证。

结果 SLC7A11 在 ALL 患者中高表达，促进 ALL 细胞增殖，减少线粒体损伤和脂质过氧化，降低对阿霉素的药物敏感性，不影响 ALL 细胞凋亡和自噬。分子机制上，SLC7A11 通过上调精氨酸合成限速酶精氨酸琥珀酸合成酶 1 (ASS1) 的表达，增加精氨酸含量，降低 ALL 铁死亡水平，同时减少免疫微环境中 NK 细胞的数量，抑制 NK 细胞对 ALL 细胞的杀伤，促进 ALL 免疫逃逸和进展。动物实验证明精氨酸饥饿可以进一步减少 SLC7A11 沉默的 ALL 小鼠的骨髓和外周血的白血病细胞浸润。

结论 SLC7A11 表达上调，增加精氨酸的含量，调控精氨酸代谢，进而抑制铁死亡来促进 ALL 细胞增殖，同时下调 NK 细胞的数量和活性，促进 ALL 免疫逃逸。靶向 SLC7A11 有望成为治疗 ALL 的新靶点。

PO-0938

儿童急性髓系白血病接受异基因造血干细胞移植后融合基因阳性的临床意义

许秀文、熊昊、杨李、陈智、陶芳、李建新、孙鸣、杜宇、王卓、卢文婕
华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院

目的 探讨儿童急性髓系白血病 (AML) 接受异基因造血干细胞移植后融合基因阳性的临床意义

方法 回顾性分析 2016 年 8 月至 2023 年 12 月于我院接受异基因造血干细胞移植治疗的急性髓系白血病的 71 例患儿的临床数据。对初诊存在明确融合基因阳性的患者采用 RT-PCR 方法动态监测融合基因水平，并进行生存分析。随访截至时间 2024 年 4 月 30 日。

结果 71 例患儿中，男 38 例，女 33 例，移植时中位年龄 7.6 (0.75-16.2) 岁，中位随访时 11 月 (2-74) 月，初诊时融合基因阳性者 53/71 例 (74.65%)，融合基因阴性者 18/71 例 (25.35%)。总体

的3年总OS率81.72%。本研究中死亡人数13例，其中复发相关死亡11例，融合基因阳性者10例，持续阳性者2例，其余8例短暂获得分子学缓解的，在移植后2.5（2-7）月融合基因复阳。移植前融合基因阳性的54例患者截至随访日期，死亡7例（12.96%），其余截至随访时间前均存活。7例患者移植后30天融合基因阳性，移植前流式残留持续阳性的2例死亡，其余5例融合基因在移植后3-7个月转阴。

结论 移植后融合基因低水平阳性（分子残留 $<0.2\%$ ），其预后意义取决于融合基因的种类，预后良好的分子基因，如CBF β -MYH11，持续低水平阳性与不良预后并不直接相关，积极采取干预措施如减停免疫抑制剂、去甲基化治疗及供者淋巴细胞回输，分子残留多在移植后1年内转阴，结局预后良好。

PO-0939

Cx43/Rac1 maintains stemness of leukemia stem cells via Akt/GSK3 β pathway

Rui Ji^{1,2}, Huihui An^{1,2}, Xiaoqi Wang^{1,2}, Shijie Yang^{1,2}, Xi Zhang^{1,2,3}

1. Medical Center of Hematology, Xinqiao Hospital, Army Medical University, Chongqing, 400037, China.

2. State Key Laboratory of Trauma and Chemical Poisoning, Chongqing Key Clinical Specialty, Chongqing Key Laboratory of Hematology and Microenvironment, Chongqing, 400037, China.

3. Jinfeng Laboratory, Chongqing, 401329, China

Objective Relapse and drug resistance are the major challenges T-cell acute lymphoblastic leukemia facing, and leukemia stem cells (LSC) are closely related to them. This study revealed the effect and mechanism of Cx43 and Rac1 to leukemia stem cell, and found new treatment target of ALL to improve patients' outcome.

Methods Cx43 and Rac1 genes were overexpressed or knockdown in leukemia cell lines (Hut78 and Jurkat), and the effects of Cx43 and Rac1 on stemness related molecules OCT4, Nanog, Sox2 and Akt/GSK3 β pathway were detected. The role of Cx43 and Rac1 in the stemness maintenance of leukemia cells was verified by cell proliferation, apoptosis and tumor growth experiments.

Results Compared with control group, Rac1 and stemness-related genes significantly increased, and phosphorylation of Akt, GSK3 β and β -Catenin increased ($P<0.05$) as well. In sh-Cx43 and sh-Rac1 groups, the protein and mRNA of Cx43 and Rac1 decreased, stemness-related protein decreased as well, and the phosphorylation of Akt, GSK3 β and β -Catenin also decreased ($P<0.05$). In Cx43 overexpression group, cell proliferation, apoptosis and tumor formation were significantly higher than control group ($P<0.05$), while those decreased in sh-Cx43 and sh-Rac1 groups. The Akt inhibitor MK2206 decreased the phosphorylation of Akt, GSK3 β and β -Catenin and reduced the expression of stemness-related genes. In xenograft mouse model, the volume and weight of tumor were higher in Cx43 over-expression group, and histology staining showed that overexpression of Cx43 promoted leukemic cell infiltration.

Conclusion In leukemia cells, Cx43 and Rac1 can interact to form a complex, Rac1 can promote the stemness of LSC via Akt/GSK3 β , promoting cell proliferation, increasing stemness-related genes. It is suggested that inhibiting Cx43 may be a new treatment target to relapse of ALL and improve the outcome of ALL patients.

PO-0940

Abnormal expression of ATP6V0E2 is involved in acute myeloid leukaemia

Mingqiang Chu, Jun Qian
Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

Objective H⁺-ATPases are composed of multiple subunits, with proteins of the V1 class hydrolysing ATP to provide energy for the transport of H⁺, and proteins of the V0 class forming an integral membrane domain through which H⁺ is transported. ATP6V0E2 encodes an isoform of the H⁺-ATPase V0 e subunit, which is an essential proton pump component. Nevertheless, the expression pattern and clinical implications of ATP6V0E2 in acute myeloid leukaemia (AML) remain poorly defined.

Methods We systemically determined ATP6V0E2 expression with its clinical significance in AML by both public data and our research cohort.

Results By the public data, we identified that low ATP6V0E2 expression was correlated with AML among diverse human cancers. Expression of ATP6V0E2 was remarkably decreased in AML compared with controls, and was confirmed by our research cohort. Further functional studies revealed that ATP6V0E2 exhibited anti-proliferative and pro-apoptotic effects in leukemic cell line THP1.

Conclusion Our findings indicated that ATP6V0E2 underexpression, as a frequent event in AML.

PO-0941

HDAC2 在急性髓系白血病中低表达并与预后不良相关

刘翠
遵义医科大学附属医院

目的 了解急性髓系白血病 (AML) 患者组蛋白去乙酰化酶 2 (HDAC2) 的表达, 探讨 HDAC2 表达水平与患者临床特征及预后的相关性。

方法 1. 选取遵医附医确诊的 AML 初诊患者, 收集临床资料;

2. 取 AML 组和对照组检查剩余骨髓标本, RT-PCR 及 Western Blot 分别检测 HDAC2 的 mRNA 及蛋白的表达水平;

分析 HDAC2 表达水平与患者临床特征及预后的相关性。

结果 1. AML 组 HDAC2 mRNA 和蛋白的表达均明显低于对照组 ($P < 0.05$);

2. FAB 分型: 与对照组比, M2、M5 型患者 HDAC2 表达水平明显降低 ($P < 0.05$); 危险度: 与对照组比, 非高危组、高危组 HDAC2 表达水平均明显降低 ($P < 0.05$); 而与性别、年龄、贫血程度、血小板计数、乳酸脱氢酶、是否基因突变、染色体异常及融合基因异常等无关 ($P > 0.05$);

3. 根据 HDAC2 mRNA 表达水平的中位数将 AML 组分为两组, 生成 Kaplan-Meier 生存曲线, 结果显示: 与高表达组比, HDAC2 低表达组患者 OS 更低 ($P < 0.05$); 多因素 Cox 回归分析, HDAC2 表达量是影响 OS 的独立危险因素。

结论 HDAC2 在 AML 患者存在低表达, 以 M2、M5 型更显著, 其表达量与危险度及预后呈负相关, 是 OS 的独立危险因素。

PO-0942

N-WASP 在急性髓系白血病中低表达并与预后预后相关

刘翠

遵义医科大学附属医院

目的 寻找预测急性髓系白血病 (Acute myeloid leukemia, AML) 患者预后的新指标, 以更好地评估 AML 患者病情严重程度、监测病程发展并优化治疗方案。

方法 使用 TCGA 的数据分析 N-WASP 共表达的基因及其与临床特征的关联, 探讨 N-WASP 及其共表达的基因在 AML 中的作用。

结果 N-WASP 在 AML 样本中的表达水平显著低于正常对照, 并且 N-WASP 的低表达与 FAB 亚型分布 ($P=0.041$, M2 和 M4 多见)、融合基因 RUNX1-RUNX1T1 ($P=0.004$)、染色体异常如 t(8;21) 和 del(7q) / 7q- (P 分别为 0.004 和 0.001) 显著相关。单变量和多变量 Cox 回归分析表明, N-WASP 低表达、高年龄 (≥ 60 岁)、DNMT3A 和 TP53 基因突变是 OS 的独立危险因素。此外, 我们发现 FNIP1、CLIP1、RICTOR、BRAF 是 N-WASP 共表达正相关基因, 且可调控 mTOR 信号通路。进一步验证了 N-WASP 及其共表达基因在 AML 患者中存在低表达, 且与 AML 预后相关。

结论 N-WASP 在 AML 中存在低表达, N-WASP 表达量可能是预后不良的生物标志物, 这可能为 AML 的治疗提供一定的理论依据。

PO-0943

STAT3 在急性髓系白血病中高表达并与预后不良相关

刘翠

遵义医科大学附属医院

目的 探讨 STAT3 的表达水平与患者临床特征及预后的相关性, 为寻找 AML 诊断及预后指标提供理论依据。

方法 1. 选取遵医附院确诊的 AML 初诊患者, 收集临床资料。

2. 取 AML 组和对照组检查剩余骨髓标本, RT-PCR 及 Western Blot 分别检测 STAT3 的 mRNA 及蛋白的表达水平;

3. 分析 STAT3 表达水平与患者临床特征及预后的相关性。

结果 1. AML 组 STAT3 mRNA 和蛋白的表达均明显高于对照组 ($P < 0.05$);

2. STAT3 表达与患者年龄呈负相关 ($P < 0.05$); FAB 分型: 与对照组比, M2、M3、M4、M5 型患者 STAT3 表达水平升高 ($P < 0.05$); 危险度: 与对照组比, 非高危、高危组 STAT3 表达水平均升高 ($P < 0.05$); 而与性别、贫血程度、骨髓原始细胞数、血小板计数、乳酸脱氢酶、是否基因突变、染色体异常及融合基因异常等无关 ($P > 0.05$)。

3. 根据 STAT3 mRNA 表达水平的中位数将这些患者分为两组生成了 Kaplan-Meier 生存曲线, 结果显示: 与 STAT3 mRNA 低表达组相比, 高表达组患者 OS 更低 ($P < 0.05$)。

结论 AML 患者存在 STAT3 高表达, 以 M2、M3、M4、M5 型更为显著; 其表达量与年龄呈负相关, 与预后、危险度呈正相关, 是 OS 的独立危险因素。

PO-0944

无机焦磷酸酶 PPA1 生物学特性及其对急性 B 淋巴细胞白血病异常幼稚细胞增殖、凋亡的影响

胡晨曦

河南省肿瘤医院

目的 探讨无机焦磷酸酶 (inorganic pyrophosphatase, PPA1) 在急性 B 淋巴细胞白血病 (B-cell acute lymphoblastic leukemia, B-ALL) 异常幼稚淋巴细胞增殖生长过程中发挥的作用, 并评估 PPA1 作为肿瘤标志物的潜力。

方法 生物信息学分析预测 PPA1 基因的生物学特性; 收集 B-ALL 患者骨髓标本, 通过 CD19 和 CD10 免疫磁珠法获得异常幼稚 B 淋巴细胞, 以正常人骨髓中幼稚 B 淋巴细胞为对照, 荧光定量 PCR 法检测 PPA1 转录情况, 蛋白印迹法检测 PPA1 蛋白表达情况; 体外培养 B-ALL 细胞株 NALM-6 与 HAL-01, 采用 Cell Counting Kit-8 (CCK-8) 法检测抑制 PPA1 表达对细胞增殖的影响; 使用 Annexin V-AbFluor FITC/Pi 细胞凋亡检测试剂盒检测 PPA1 对细胞凋亡的影响; 克隆表达获得重组 PPA1 蛋白 (rPPA1), 钼蓝比色法检测重组蛋白活性。

结果 与正常对照比较, B-ALL 患者异常幼稚淋巴细胞 PPA1 基因转录和蛋白表达水平显著上调。体外细胞实验结果显示, PPA1 表达受阻可抑制 NALM-6 与 HAL-01 增殖, 并促进细胞凋亡。酶活检测结果发现 rPPA1 具有催化降解 PPI 活性, 提示 PPA1 可能与细胞能量代谢有关。

结论 PPA1 与 B-ALL 异常幼稚淋巴细胞增殖发育关系密切, 抑制 PPA1 表达可抑制异常细胞增殖, 促进凋亡。本研究所得结果有利于揭示人 PPA1 生物学特性及其在 B-ALL 发生发展过程中的作用, 可为后续新治疗策略及方法的研发奠定理论基础。

PO-0945

ZNF622 在急性髓系白血病中低表达并与预后不良相关

刘翠

遵义医科大学附属医院

目的 了解急性髓系白血病 (AML) 患者 ZNF622 的表达, 探讨 ZNF622 表达水平与患者临床特征及预后的相关性, 为寻找 AML 诊断及预后指标提供理论依据。

方法 1. 选取本院确诊的 AML 初诊患者, 收集临床资料。

2. 取 AML 组和对照组检查剩余骨髓标本, RT-PCR 及 Western Blot 分别检测 ZNF622 的 mRNA 及蛋白的表达水平。

3. 分析 ZNF622 表达水平与患者临床特征及预后的相关性。

结果 1. 本研究纳入 AML 组共 46 例, 对照组共 30 例。AML 组 ZNF622 mRNA、蛋白的表达均明显低于对照组 ($P < 0.05$);

2. ZNF622 mRNA 表达与患者骨髓原始细胞数呈负相关 ($P < 0.05$); FAB 分型: 与对照组比, M2、M5 型患者 ZNF622 表达量明显降低 ($P < 0.05$); 危险度: 与对照组比, 非高危组、高危组 ZNF622 表达量均明显降低 ($P < 0.05$); 而与性别、年龄、贫血程度、外周血白细胞计数及幼稚细胞、血小板计数、乳酸脱氢酶、是否基因突变、染色体异常及融合基因异常等无关 ($P > 0.05$);

3. 据 ZNF622 mRNA 表达水平的中位数分别将 AML 组分为两组, 针对表达低和高的患者总体生存期 (OS), 生成了 Kaplan-Meier 生存曲线, 结果显示: 与 ZNF622 mRNA 高表达组相比, 低表达组患者 OS 更低 ($P < 0.05$); 多因素 Cox 回归分析, ZNF622 表达量是影响 AML 患者 OS 的独立危险因素。

结论 AML 患者存在 ZNF622 低表达，以 M2、M5 型更显著；其表达量与 AML 患者骨髓原始细胞比例、危险度及预后呈负相关，是影响 AML 患者 OS 的独立危险因素。

PO-0946

慢性髓系白血病中枢神经系统髓细胞危象误诊为 吉兰-巴雷综合症 1 例报告并文献复习

陈慧玲、马成成、李静静、刘正秀、曾鹏云
兰州大学第二医院

目的 Isolated central nervous system (CNS) blast crisis with bone marrow remaining in chronic phase was uncommon in CML, which represents an advanced phase of CML.

方法 We report on a female patient with isolated central nervous system relapse of chronic CML during peripheral remission with dasatinib treatment, who was misdiagnosed as Guillain-Barre syndrome.

结果 A 44-year-old female, diagnosed with chronic phase CML in 2011 and was in haematological and cytogenetic remission until July 2019, had weakness in both lower limbs and was admitted elsewhere, investigated by brain imaging and cerebrospinal fluid (CSF) analysis and suspected to have Guillain-Barre syndrome. Flow cytometry analysis was showed 78.3% CSF cells expressing the specific myeloid antigens. PCR analysis on CSF cells was positive for BCR/ABL P210 fusion gene. All the above CSF findings were suggestive of CNS infiltrating isolated from bone marrow cytogenetic remission.

结论 Isolated CNS blast crisis should be considered if neurological symptoms evolve in CML patients. Flow cytometry showed great value to detect the blast cells in this patient.

PO-0947

靶向 IDH1/IDH2 药物联合 RSL3 可增强抗肿瘤功效

孔婧婧、郭荣群、张蒙蒙
郑州大学第一附属医院

目的 研究目的：评估靶向 IDH1/IDH2 药物与 RSL3（铁死亡诱导剂）联合使用对 IDH1/IDH2 突变型急性髓系白血病（AML）的抗肿瘤效果

方法 研究方法：①构建 IDH1/IDH2 突变 AML 细胞系或从患者样本中分离原代 AML 细胞，培养细胞进行后续实验；②选择特定的靶向 IDH1/IDH2 的药物和铁死亡诱导剂（RSL3）；设计不同的药物组合和浓度，包括单一药物处理或联合治疗；③不同处理对细胞增殖与凋亡的影响：MTT 增殖实验评估药物处理后 AML 细胞的增殖情况；Annexin V 和 PI 染色 FCM 检测 AML 细胞的凋亡率；④应用 Real-time PCR 评估药物处理前后 IDH1、IDH2 及其下游靶基因等相关基因的表达变化；⑤ Western Blot：提取药物处理后细胞蛋白样本，进行 SDS-PAGE 凝胶电泳和转膜；使用针对 IDH1、IDH2、铁死亡标志物（如 GPX4、ACSL4、PTGS2 等）的抗体进行检测评估蛋白变化；⑥ ELISA：检测培养基中细胞因子（如 IL-6、TNF- α 等）的浓度变化；评估药物处理对细胞因子分泌的影响；⑦铁死亡特异性检测：检测细胞内铁离子水平的变化；使用 C11-BODIPY 染色检测脂质过氧化的程度；⑧ FCM 进行细胞周期分析，了解药物对细胞周期的影响；⑨评估药物处理对 AML 细胞克隆形成能力的影响；后续在小鼠 AML 模型中进行相应的体内实验，验证体外实验的结果。

结果 研究结果：①靶向 IDH1/IDH2 药物和 RSL3 的联合使用增强对 AML 细胞的抗肿瘤效果；②联合治疗组中，凋亡和铁死亡相关基因和蛋白的表达将发生显著变化；③ ELISA 和细胞因子分析将显

示细胞因子分泌模式的改变。

结论 根据实验结果，可以得出结论是否靶向 IDH1/IDH2 药物和铁死亡诱导剂的联合使用对 IDH1/IDH2 突变型 AML 患者具有增强的抗肿瘤效果，并探讨其潜在的作用机制。

PO-0948

奥雷巴替尼联合化疗或贝林妥欧单抗一线治疗 Ph+ 急性淋巴细胞白血病的临床疗效

朱凯波^{1,2}、陈俊杰¹、蔡梓红¹、王治香¹、林韧¹、刘启发¹、周红升¹

1. 南方医科大学南方医院

2. 湘潭市中心医院

目的 评估奥雷巴替尼联合化疗或联合贝林妥欧单抗一线治疗 Ph+ 急性淋巴细胞白血病的临床疗效。

方法 2022 年 1 月至 2023 年 11 月，31 名新诊断的 Ph+ 急性淋巴细胞白血病接受了含奥雷巴替尼（40mg 口服，隔天一次）的治疗，其中 19 例联合 PDT-ALL-2016 方案化疗，12 例联合贝林妥欧单抗（连续用药 14 天，间隔 2 周）。CMR 定义为 RT-qPCR 检测 BCR-ABL1 转录本 $\leq 0.01\%$ ，分别在治疗开始的第 14 天、第 30 天、第 60 天和第 90 天监测 BCR-ABL1 转录本水平。

结果 中位年龄 40 岁，15 例（48.4%）有合并症，8 例（25.81%）有 2 种以上的合并症。中位随访时间为 16 个月，所有患者在一个疗程后均获得了 CR；在 3 个月之内，28 例（90.3%）达到 CMR，奥雷巴替尼联合化疗病例中有 16 例（84.2%），联合贝林妥欧单抗病例中有 12 例（100%）。整体 1 年 OS 为 93.1%，EFS 为 78.4%，奥雷巴替尼联合化疗组 1 年 OS 为 96.2%，EFS 为 71.5%，奥雷巴替尼联合贝林妥欧单抗组 1 年 OS 为 100%，EFS 为 90.0%。在 10 例（32.3%）患者中观察到了不良反应，分别是 3 例（9.6%）脓毒性休克，2 例（6.4%）轻度胰腺炎，2 例（6.4%）肺孢子菌肺炎，2 例（6.4%）2 级 CRS，1 例（3.2%）肺栓塞。

结论 奥雷巴替尼联合化疗或联合贝林妥欧单抗一线治疗 Ph+ 急性淋巴细胞白血病，均显示了可观的 CMR 率和 1 年生存率，提示很有可能改善长期生存。病例的中位年龄为 40 岁，74.19% 的病例至少有一种合并症，提示安全性良好。

（本研究由国家自然科学基金资助[81770170,81970147,82170163]，南方医科大学南方医院临床试验经费[2023CR009, LC2016ZD009,2019CR012]）。

PO-0949

慢性粒细胞白血病患者酪氨酸激酶抑制剂治疗发生严重血液学毒性的真实世界研究

张良

四川省南充市川北医学院附属医院

目的 分析真实世界中 CML 患者 TKI 一线治疗 3-4 级血液学毒性（HT）的发生情况及相关预测因素，评估 HT 的发生对患者治疗反应及生存的影响。

方法 回顾性分析 2009 年至 2022 年本中心初诊 CML 患者 204 例，预测发生 3-4 级 HT 的价值，比较出现和未出现 3-4 级 HT 的 CML 患者获得的 MMR 及 DMR 率的发生情况，以及在无疾病进展生存（PFS）率、无事件发生（EFS）率及总体生存（OS）率上的差异以明确出现 3-4 级 HT 对患者治疗反应的影响及发生 3-4 级 HT 患者的疾病转归和结局。

结果 1. 结果显示体能状态评分（PS）> 2 分、初诊时白细胞绝对值 > $329 \times 10^9/L$ 、单核细胞绝对

值 $>7.82 \times 10^9/L$ 、启动 TKI 治疗时的血红蛋白浓度 $\leq 101g/L$ 是 CML 患者发生 ≥ 3 级 HT 的危险因素。2.3-4 级 HT 的患者获得 MMR 及 DMR 的比例明显低于未发生 3-4 级 HT 的患者 (MMR: 53.1% vs 82.9, $P < 0.001$; DMR: 23.4% vs 57.1%, $P < 0.001$) ; 发生 3-4 级 HT 的患者预计的 10 年 PFS、EFS 和 OS 均明显低于未发生 3-4 级 HT 的患者 (中位 PFS 均未达到, 预计的 10 年 PFS: 78.1% vs 96.3%; 中位 EFS 均未达到, 预计的 10 年 EFS: 72.4% vs 93.8%; 中位 OS 均未达到, 预计的 10 年 OS: 91.5% vs 100%)。多因素分析显示, 发生 3-4 级 HT 是影响 CML 患者获得 MMR 和 DMR 的独立危险因素, 是影响 CML 患者 PFS 的独立危险因素, 但对 OS 而言不是独立危险因素。

结论 1.体能状态差、初诊时高肿瘤负荷、单核细胞数量高, 以及开始 TKI 治疗时存在明显贫血是 CML 患者 TKI 治疗发生 ≥ 3 级 HT 的主要危险因素。2.CML 患者发生 ≥ 3 级 HT 是影响患者实现 MMR 及 DMR 的独立因素, 也是影响患者疾病进展的独立危险因素。

PO-0950

急性白血病患者有效预防及控制感染的护理研究

何惠贤、王静
广元市中心医院

目的 探究防治感染对急性白血病患者治疗预后及生活质量的影响。

方法 选取某三甲医院血液科 2023 年 1 月-2024 年 1 月 100 例接受化疗的急性白血病患者, 取得患者及家属知情同意后, 随机分为对照组 ($n=50$) 和试验组 ($n=50$)。对照组给予常规护理管理, 试验组加强感染防治管理, 比较两组护理后的感染发生率和生活质量。

结果 在分别给予常规护理及感染防治管理后, 试验组患者的感染率明显低于对照组 ($P < 0.05$), 生活质量高于对照组 ($P < 0.05$), 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 对急性白血病患者进行感染预防管理, 并在发生感染后尽早干预、控制感染的发生, 能够有效提升患者的生存质量、减少痛苦。

PO-0951

真实世界中氟马替尼与伊马替尼一线治疗初诊慢性髓性白血病的疗效和安全性比较

张良
四川省南充市川北医学院附属医院

目的 比较真实世界中氟马替尼 (FM) 与伊马替尼 (IM) 一线治疗初诊慢性髓性白血病慢性期 (CML-CP) 患者的临床疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2019 年 12 月至 2022 年 12 月本中心新诊断的 84 例 CML-CP 患者, 比较 IM 与 FM 一线治疗患者的分子学反应、疾病进展、生存情况以及不良事件的发生情况。

结果 两组患者在治疗 3 个月时, FM 组患者的分子学反应明显优于 IM 组 (EMR: 96.67% vs 77.08%, $P = 0.0238$; MR2.0: 70% vs 29.17%, $P = 0.0009$; MR3.0: 20% vs 0%, $P = 0.0023$) ; 6、9 及 12 个月时, FM 的主要分子学反应 (MMR) 均优于 IM (6 个月: 68.18% vs 22.92%, $P = 0.0005$; 9 个月: 85.71% vs 34.04%, $P = 0.0002$; 12 个月: 90% vs 51.06%, $P = 0.0025$)。FM 获得 MMR 的中位时间显著短于 IM 组: 6 (6-9) vs 18 (12-22) 个月 ($P < 0.0001$) ; 两组患者的 3 年无进展生存 (PFS) 率、无事件生存 (EFS) 率无明显差异 ($P > 0.05$)。FM 与 IM 治疗相关不良事件 (AE) 发生率相似, FM 3-4 级 AE 发生率略低。

结论 在真实临床实践中，氟马替尼治疗的初诊 CML-CP 患者较伊马替尼更早达到 MMR，且安全性良好，从而有可能使患者获得更好的远期生存并实现无治疗缓解。

PO-0952

应用培门冬酶后药物过敏 1 例报告

郝倩倩、王树娟、刘延方
郑州大学第一附属医院

目的 报告 1 例应用培门冬酶后过敏的急性淋巴细胞白血病患者诊治经过，分析其临床特征、病情变化及转归等。

方法 患者男性，28 岁，主因“发现右下颌肿胀 1 月余”入院治疗。入院后结合血常规、骨髓细胞学、免疫分型、基因等结果，确诊为“急性 B 淋巴细胞白血病（Common-B-ALL）”。给予“VDCLP”方案诱导化疗，期间监测凝血功能，纤维蛋白原 0.78g/L，予以输注纤维蛋白原。复查骨髓相关结果提示疾病完全缓解，后序贯给予“VDCLP”方案化疗 1 疗程，期间诉应用“培门冬酶”后出现一次皮肤瘙痒，程度较轻可自行缓解。1 月后再次给予“VDCLP”方案化疗，应用“培门冬酶”1 小时后出现颜面部、全身大面积皮疹，伴瘙痒、面色潮红、胸闷、心悸，心率 150 次/分，呼吸 20 次/分，血压 120/70mmHg，给予葡萄糖酸钙 1g、地塞米松 5mg、肾上腺素 1mg 应用；2 小时后再次出现上述症状，给予氢化可的松 100mg、氯苯那敏 8mg；6 小时后再次出现皮疹、皮肤瘙痒，症状较前减轻，给予氯雷他定 10mg。

结果 患者症状为应用“培门冬酶”后的过敏反应，应用后 3 天内仍诉皮肤间断出现皮疹，伴轻度瘙痒，给予氯雷他定 10mg 口服后皮疹逐渐消退。

结论 培门冬酶用于治疗急性淋巴细胞白血病，但该药常见不良事件包括过敏反应、肝毒性、凝血异常及血栓形成、代谢异常、胰腺炎等。其中成人过敏反应发生率为 7%-22%，三级以上发生率为 4%-10%，通常发生于该药应用第 2 次及第 3 次后。提高对该药的认识，尽早诊断不良事件、及时调整治疗，避免病情进一步恶化。

PO-0953

FLT3-ITD 分子特征对初诊急性髓系白血病患者预后的影响

张凯楠、马晓航、陆晓萱、阮国瑞、魏芳芳、常英军、黄晓军、赵晓甦
北京大学人民医院血液病研究所

目的 分析初诊时伴 FLT3-ITD 的急性髓系白血病（AML）患者的突变变异比值（AR）、变异等位基因频率（VAF）、插入长度及数量等分子特征与患者的总生存时间（OS）及无事件生存时间（EFS）的关系，探讨 FLT3-ITD 分子特征在预测 AML 患者预后的价值。

方法 用二代测序（NGS）检测 170 例初诊 AML（除外急性早幼粒细胞白血病）患者的 FLT3-ITD 突变。分析患者的 FLT3-ITD 分子特征、临床特征及治疗方法和预后的关系，利用 FLT3-ITD 分子特征及临床特征分组进行预后评分。

结果 AR>0.5 及 VAF>30% 的患者初诊白细胞（WBC）计数（AR<0.5vs.AR>0.5：16.2×10⁹/Lvs.55.3×10⁹/L，p<0.0001；VAF<30%vs.VAF>30%：24.5×10⁹/Lvs.53.0×10⁹/L，p=0.0316）及骨髓原始细胞比例（AR<0.5vs.AR>0.5：54.5%vs.67.5%，p=0.0029；VAF<30%vs.VAF>30%：53.0%vs.74.3%，p<0.0001）更高。虽然 FLT3-ITD 分子特征对患者的 OS 及 EFS 的影响均无统计学意义，但插入长度更长、变异频率更高及变异数量更多的患者的 OS 相对更短。早期进行移植的患者的相对复发后进行移植的患者的 OS 更长（早期移植 vs.复发后移

植：未达到 vs.18.1 个月， $p=0.0066$ ），早期使用 FLT3 抑制剂的患者的 OS 相对复发后使用 FLT3 抑制剂的患者的 OS 更长（早期使用 FLT3 抑制剂 vs.复发后使用 FLT3 抑制剂：未达到 vs.18.1 个月， $p=0.0099$ ）。将患者以年龄、WBC、骨髓原始细胞计数和 2022 版 ELN 危险度分层进行分组。患者年龄 >60 岁、WBC $>30\times 10^9/L$ 、骨髓原始细胞计数 $>65\%$ 及 ELN 高危组各计 1 分，比较总分 0-2 分组与 3-4 分组 OS，发现两组的 OS 无统计学差异（两年生存率：69.0% vs.53.0%， $p=0.2059$ ）；将 FLT3-ITD 特征（AR、数量）纳入评分，AR >0.5 及 >1 个 FLT3-ITD 突变各计 1 分，发现 0-2 分组与 3-5 分组的 OS 有显著性差异（两年生存率：72.4% vs. 55.1%， $p=0.0469$ ）。将临床特征中影响 OS 更为显著的 WBC、骨髓原始细胞计数及年龄加权赋值为 2 分后再次以上述四项临床特征进行评分，比较 0-3 分组和 4-7 分组的 OS，发现两组患者的 OS 有统计学意义（两年生存率：75.3% vs. 56.1%， $p=0.0323$ ）；将 FLT3-ITD 的 AR 及数量纳入评分，发现该评分可以更好地区分 0-4 分组患者及 5-8 分组患者的 OS（两年生存率：73.7% vs.50.7%， $p=0.0162$ ）。

结论 早期进行移植及应用 FLT3 抑制剂可以明显改善患者预后；将 FLT3-ITD 特征加入对患者的预后分析中有助于及时识别预后更差的患者。

PO-0954

自分泌 CD33 双特异性抗体的 IL10R CAR-T 构建及其抗急性髓系白血病作用研究

闫志峰、顾闰夏、马浩天、王敏、王建祥
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 以自主研发的靶向 CD33 双特异性抗体（BsAb）和基于配体的 IL10R 嵌合抗原受体（CAR）T 细胞为基础，构建自分泌 CD33 BsAb 靶向 IL10R 的 CAR-T 细胞（CAR.BsAb-T），探讨其抗急性髓系白血病的作用。

方法 应用分子克隆方法合成表达质粒、制备慢病毒、感染 T 细胞以获得 CAR.BsAb-T。通过 Western-Blot、ELISA、流式细胞术验证上清中 CD33 BsAb 分泌，利用体外杀伤、脱颗粒及细胞因子释放实验、Transwell 检测旁观者 T 细胞效应、重复肿瘤刺激实验等，探究 CAR.BsAb-T 的生物学特性。利用小鼠白血病 CDX 模型，通过生物成像、生存期观察评估其体内抗白血病作用。

结果 (1) 成功研发 CAR.BsAb 表达载体，制备了自分泌 CD33 BsAb 并靶向 IL10R 的 CAR-T 细胞；(2) CAR.BsAb-T 与靶细胞共培养，能够有效杀伤 AML 细胞系和患者原代细胞；(3) CAR.BsAb-T 能够改善 IL10R CAR-T 和 CD33 BsAb-T 因肿瘤异质性所致的免疫逃逸；(4) CAR.BsAb-T 通过分泌 CD33 BsAb，招募旁观 T 细胞发挥特异性细胞毒作用，对肿瘤细胞重复刺激具有持续杀伤活性；(5) CAR.BsAb-T 能够有效杀伤小鼠体内肿瘤细胞，激活旁观 T 细胞，显著延长荷瘤小鼠生存时间。

结论 通过整合不同的免疫治疗机制，CAR.BsAb-T 细胞在体内外可利用旁观 T 细胞发挥显著且持续的抗 AML 效应，具有改善免疫逃逸和治疗抵抗的能力，有望为 AML 患者提供有效的治疗策略。

PO-0955

靶向 CD33/CD123 双靶点 Loop 结构 CAR-T 对急性髓系白血病治疗作用探索

马浩天、闫志峰、王珍珍、顾闰夏、王敏、王建祥
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 设计一种同时针对 CD33 和 CD123 的 Loop 结构 CAR-T，探究其对急性髓系白血病（AML）

的治疗效果及其抗免疫逃逸的作用。

方法 本研究采用自主研发的 CD33 和 CD123 抗体可变区，构建了一种可以同时靶向 CD33 和 CD123 的 Loop CAR-T。通过对其表型、杀伤作用以及细胞因子检测等方法，在体外和体内实验中全方面评估了 Loop CAR-T 细胞疗法对 AML 的疗效。

结果 1) 成功构建 Loop33x123 与 Loop123x33 CAR 的表达载体，并制备了 CAR-T 细胞；2) Loop33x123 与 Loop123x33 CAR-T 细胞表型检测显示其有更高的干细胞样记忆性 T 细胞分化亚群；3) 在体外共培养实验中，Loop33x123 与 Loop123x33 CAR-T 能显著杀伤表达 CD33 和 CD123 的 AML 细胞系和患者原代细胞。4) 在体内实验中，在 NSG 小鼠中建立了 AML 模型，Loop33x123 CAR-T 细胞能有效减轻小鼠的肿瘤负荷，延长其生存时间且没有明显的毒副作用。5) Loop33x123 CAR-T 细胞能在 CD33 或 CD123 单靶点缺失的条件下杀伤肿瘤细胞，并且在免疫逃逸模型中显著延长荷瘤小鼠的生存时间。

结论 本研究成功构建了能够同时靶向 CD33 和 CD123 的 Loop 结构 CAR-T 细胞，通过体内和体外实验证实其能显著特异性杀伤肿瘤细胞并且有效解决免疫逃逸，为 AML 的治疗提供更好的策略。

PO-0956

维奈克拉联合去甲氧柔红霉素/阿糖胞苷治疗 新诊断 fit 急性髓系白血病疗效及安全性分析

陈雪星、袁国林、李春芳、柳飞、郭少君、闫琼
襄阳市中心医院

目的 观察维奈克拉联合去甲氧柔红霉素/阿糖胞苷治疗新诊断 fit 急性髓系白血病的临床疗效及安全性。

方法 回顾性分析襄阳市中心医院 2023 年 4 月至 2024 年 6 月收治的 25 例新诊断初治 fit AML 患者，去甲氧柔红霉素(10 mg/m²，第 1-2 天)，阿糖胞苷(100 mg/m²，第 1-3 天)静脉注射，维奈克拉(100 mg，d1, 200 mg d2, 400mgd3-d9 口服。临床观察主要终点为复合完全缓解率 (CR+CRi) 全缓解、总反应率 (ORR)，次要终点为总生存 (OS) 期及药物安全性。

结果 25 例初治 fit AML 患者的中位年龄为 46 (18-60) 岁，55% 的患者为男性。1 疗程诱导治疗总体反应率 ORR 为 92%，复合缓解率 CR+CRi 率为 88%，中位首次到达 ORR 时间为 0.5 (0.5-1) 个月，在获得 CR+CRi 的 22 例患者中，微小残留病灶 (MRD) <0.01% 有 21 例 (81.8%)。中位随访时间 8 (4-14) 个月，中位 OS 及 EFS 均为达到。所有患者都发生血液系统不同程度的细胞减少，最常见的 3 级以上不良反应为粒细胞减少 (100%)，血小板减少 (100%)，贫血 (100%)，粒细胞减少伴发热 6 例 (51.7%)，肺部感染 6 例 (20.7%)，中位中性粒细胞和血小板恢复时间分别为 13(7-22)天和 15(7-23)天，无治疗相关死亡发生。

结论 维奈克拉联合强化化疗方案可作为新诊断成人 fit AML 患者的有效诱导治疗方案，患者可实现深度缓解以及从骨髓抑制中快速恢复。

PO-0957

贝林妥欧单抗桥接脐血移植挽救性治疗 CART 细胞 治疗失败的儿童复发/难治性 B-ALL

顾艳、王红美、林子云、丁国玉
山东第一医科大学第一附属医院 (山东省千佛山医院)

目的 抗 CD19-CART 细胞治疗及抗 CD22-CART 细胞治疗已被证明对复发/难治性(R/R) B 细胞急

性淋巴细胞白血病有显著疗效。但仍有许多患者对 CART 细胞治疗难以耐受或再次复发。我们应用贝林妥欧单抗桥接脐血造血干细胞移植挽救性治疗了一例历经 3 次 CART 细胞治疗失败的难治/复发 B-ALL 患儿，取得了良好的疗效，为 CART 细胞治疗失败的复发/难治性 B-ALL 患儿提供了治疗的新策略。

方法 患儿女，8 岁，2019 年 1 月于当地医院确诊急性淋巴细胞白血病，免疫分型为 Common-B-ALL，融合基因及染色体未见异常，IKZF1 及 MEF2D 相关基因均阴性，FISH 检测到 CRLF2 基因扩增阳性。2019.2.4 开始按 CCLG-ALL-2008 方案化疗。首次脑脊液检查及颅脑影像学检查未见异常。化疗第 15 天骨髓 MRD1.25%，第 33 天骨髓 MRD<0.01%，CRLF2 基因扩增阴性。2021 年 5 月完成全部化疗。2022 年 5 月原发病首次复发，2022 年 6 月行第一次 CART 细胞治疗（鼠原 CD19-CART 细胞），2022 年 9 月行第二次 CART 细胞治疗（人源 CD22-CART 细胞），原发病再次缓解。2023 年 7 月原发病再次复发，2023 年 8 月行第三次 CART 细胞治疗（人源 CD19-CART 细胞），原发病无缓解。2023 年 9 月首次入住我院，骨髓 MRD49.78%，全转录组基因检测到 PTPN11、KMT2D 基因突变。2023.9.10 开始给予贝林妥欧单抗治疗共 28 天，治疗第 2 周、第 3 周、第 4 周复查骨穿，骨髓 MRD 均<0.01%。2023.10.6 开始给予 MECCNU+G-CSF+FLU+Ara-C+BU+TT+CY 方案预处理，2023.10.18 输注 O 型 Rh 阳性非血缘脐带血干细胞。

结果 移植后+12 天中性粒细胞植入，+14 天供受者嵌合 100%，+28 天血小板植入。移植后急性 GVHD（III 度）（皮肤、肠道）持续约 25 天，给予他克莫司、芦可替尼、巴利昔单抗、甲泼尼龙抗排异治疗后好转，期间合并巨细胞病毒感染、肝损害，给予抗病毒、保肝治疗后好转。移植后 60 天内每周输注免疫球蛋白 5g，移植后 61-90 天内每 2 周输注免疫球蛋白 5g。移植后 30 天、60 天、90 天、180 天多次复查骨穿，骨髓 MRD 均<0.01%，PTPN11、KMT2D 基因突变阴性，供受者嵌合均为 100%。移植后 90 天停用抗排异药物。目前移植后近 8 个月，无慢性 GVHD 发生，血常规、肝肾功能正常，CMV-DNA 及 EBV-DNA 阴性，体液免疫正常，心肺功能正常，身高较移植前增长 1cm。

结论 贝林妥欧单抗桥接脐血造血干细胞移植可作为 CART 细胞治疗失败的复发/难治性 B-ALL 患儿的挽救性治疗策略，且不增加病毒感染、急性 GVHD 发生率，无 IVIG 输注依赖。

PO-0958

以维奈克拉为基础的方案治疗高龄急性髓系白血病患者 多中心回顾性研究

王素丽¹、杨莉²、化范例³、刘熠晗⁴、黄菊⁵、王晨辰⁶、谢英华⁴、侯芸华⁶、詹其林⁵、孙丽华³、刘立根²、赵文理¹

1. 上海市奉贤区中心医院
2. 上海市同仁医院
3. 上海市青浦区中心医院
4. 上海市第五人民医院
5. 上海市公共卫生临床中心
6. 上海市闵行区中心医院

目的 探讨维奈克拉为基础治疗方案对高龄新诊断急性髓系白血病（AML）在真实世界中的疗效及安全性

方法 回顾性收集上海区域内 6 家中心自 2017 年 1 月至 2023 年 10 月新诊断 AML 患者的临床数据，治疗方案包括维奈克拉为基础（缓解后至少 4-6 个疗程并后续维持），减低剂量化疗为基础，以及支持治疗等，共计 138 例，比较不同治疗方案的疗效。

结果 男 74 例，女 64 例，中位年龄 80 岁（75~94 岁）。51 例仅接受成分输血以及羟基脲口服支持，47 例选择减低剂量化疗，40 例选择维奈克拉为基础治疗。1 个疗程后达完全缓解（CR）或血细胞计数未完全恢复的完全缓解（CRi）率为 31.4%（27/86），其中减量化疗组 14.9%（7/47），

维奈克拉组 42.5% (17/40) ($P=0.007$)；2 个疗程后，两组完全缓解率分别为 21.3% (10/47) 以及 45.0% (18/40) ($P=0.023$)。诱导期间死亡率减低剂量化疗组 14.9%，维奈克拉为基础组 15.0%，主要死亡原因为感染。支持治疗组中位生存 1.2 月，减低剂量化疗组 4.7 月，维奈克拉组 22.7 月。

结论 75 岁及以上高龄 AML 患者，比较减低剂量化疗或者支持治疗，维奈克拉为基础的治疗方案 CR 率高，生存期明显延长。

PO-0959

IL-6 通过增强脂肪酸摄取促进急性髓系白血病化疗抵抗的作用及机制研究

张艳杰

郑州大学第一附属医院

目的 化疗抵抗是导致急性髓系白血病 (AML) 预后差及复发率高的主要因素之一。白介素-6 (IL-6) 作为一种前炎症性因子在多种肿瘤的化疗抵抗中都有重要作用。但其在 AML 化疗抵抗中的作用机制目前尚未完全清楚。近年来研究发现，脂代谢在 AML 的化疗抵抗中发挥着重要作用，而 IL-6 能够促进骨骼肌细胞和脂肪细胞的脂代谢，但 IL-6 是否能够调节 AML 的脂代谢目前尚不清楚。本研究旨在探讨 IL-6 是否通过调节 AML 细胞脂代谢而促进其产生化疗抵抗，并初步探讨其中的分子机制，寻找可能的干预靶点以提高 AML 患者的预后。

方法 1. 通过油红染色、Bodipy 染色、脂肪酸摄取实验以及 AnnexinV/PI 等方法检测 IL-6 是否通过增强脂肪酸转运促进 AML 化疗抵抗。

2. 通过 qPCR、western blot、脂肪酸摄取实验以及 AnnexinV/PI 等方法研究 IL-6 促进脂肪酸摄取的分子机制。3. 流式分选 CD36 阳性或阴性的原代 AML 细胞，用 CCK8 观察 CD36 对 AML 细胞化疗敏感性的影响；用 Crisper cas-9 系统构建 C1498-CD36KO 或 CD36WT 细胞株，并通过体内实验观察敲除 CD36 或用抗体阻断 CD36 对 Ara-c 化疗效果的影响。通过脂质组学分析 MV411-CD36KO 细胞内脂质组分的变化，观察 CD36 对 AML 细胞脂质代谢的影响；

结果 1. IL-6 能够促进 MV411 和 HL-60 细胞脂代谢相关基因的表达，并明显增强 MV411 和 HL-60 细胞以及原代 AML 细胞对脂肪酸的摄取，而抑制脂肪酸摄取后，IL-6 所介导的化疗抵抗明显受抑制。

2. 体外实验证实 IL-6 能够促进 CD36 mRNA 和蛋白水平的表达；CD36KO 能够明显抑制 IL-6 所介导的脂肪酸摄取及化疗抵抗；

3. CD36 阳性的原代 AML 细胞对 Ara-c 的敏感性较弱，而抑制 CD36 介导的脂肪酸摄取可恢复其敏感性。动物实验发现，对接种 C1498-CD36KO 细胞的小鼠给予 Ara-c 处理，与接种 C1498-CD36WT 小鼠相比，骨髓白血病浸润明显减少，同时小鼠肝脾肿大也相应减少，且 Ara-c 能够明显延长 CD36KO 组小鼠的生存 ($P=0.0099$)，而对 CD36WT 组小鼠生存的作用较小 ($P=0.0455$)。此外，CD36 抗体 JC63.1 与 Ara-c 联合处理组与单药处理组相比小鼠生存有明显延长 (联合组 VS Ara-c 组: $P=0.0016$ ；联合组 VS JC63.1 组: $P=0.0034$)。

结论 IL-6 能够通过增强 CD36 介导的脂肪酸摄取而促进 AML 产生化疗抵抗。

PO-0960

CD36 敲除 AML 细胞的脂质组学分析

张艳杰

郑州大学第一附属医院

目的 CD36 已知的主要功能是将细胞外的脂类物质转运到细胞内，CD36 在 AML 细胞的脂肪酸摄取和化疗抵抗中有重要作用，但脂肪酸进入细胞后如何进行代谢或如何被细胞利用尚有待探讨。本文旨在观察 CD36 敲除后 AML 细胞内脂质成分的变化，初步分析 CD36 对 AML 细胞脂代谢的影响。

方法 用 Crisper cas-9 系统构建 C1498-CD36KO 或 CD36WT 细胞株。通过脂质组学分析 MV411-CD36KO 细胞内脂质组分的变化，观察 CD36 对 AML 细胞脂代谢的影响。

结果 1.CD36KO 细胞与 CD36WT 细胞相比，含量较高的脂类仍是 PE、PC 和 TG，但各脂类的含量比例发生变化。其中 TG 的比例下降而甘油二酯（DG）的比例升高。

2.CD36KO 细胞内鞘脂类（Cer、SM）含量升高。大部分磷脂类分子（PG、PC、PS）升高，少部分磷脂分子（PE、PA）下降。

结论 CD36KO 细胞内磷脂类、鞘脂类等脂质组分发生显著变化，提示 CD36 能够影响 AML 细胞的磷脂、鞘脂等脂质代谢。说明 CD36 在脂代谢中发挥重要作用。

PO-0961

Stromal cells attenuate imatinib cytotoxicity on Philadelphia chromosome- positive acute lymphoblastic leukemia cells by activating Wnt/Ca²⁺/NFAT signaling via upregulating FZD8

huanxin zhang,Zhiling Yan,Zhenyu Li,Kailin Xu
Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

Objective FZD8 is a poorly characterized Wnt receptor, whose signaling in mammalian cells remains largely unstudied.

Methods -

Results FZD8 was detected in Ph⁺ primary leukemia and Ph⁺ leukemia cell lines. Coculturing with stromal cells regulated FZD8 expression and the nuclear factor of activated T-cells (NFAT) nuclear locations of Ph⁺ ALL cells. FZD8 knockdown resensitized Ph⁺ leukemia cells to imatinib (IM) despite the presence of bone marrow stromal cells. Further study showed that knockdown of FZD8 destabilized NFAT in Ph⁺ ALL cells, and inhibiting Ca²⁺-NFAT signaling sensitized Ph⁺ ALL cells to IM despite the presence of bone marrow stromal cells.

Conclusion These findings show that stromal cells may mediate Ph⁺ leukemia IM resistance by activating the Wnt/Ca²⁺/NFAT signaling pathway via upregulating FZD8.

PO-0962

去甲基化药物联合维奈克拉方案治疗老年急性髓系白血病的疗效与安全性分析

张迪
诸暨市人民医院

目的 回顾性分析地西他滨/阿扎胞苷联合维奈克拉方案在老年急性髓系白血病（AML）的疗效与安全性，为临床治疗提供选择。

方法 选择 2019 年 5 月至 2022 年 5 月本院住院的老年 AML 患者，观察组 21 例，诱导方案为地西他滨/阿扎胞苷联合维奈克拉，对照组为 23 例，方案为 IA 等传统化疗，进行疗效、不良反应、血制品输注情况及生存分析。

结果 一个疗程后观察组有 10 例患者达到 CR，10 例患者达到 PR，客观缓解率（Objective response rate, ORR）95.2%，对照组有 10 例患者达到 CR，6 例患者达到 PR，ORR69.6%，两组在 ORR 上有统计学意义（ $P<0.05$ ），在血液学不良反应及血制品输注情况上，观察组相对于对照组，粒缺时间及 $PLT<20\times 10^9/L$ 时间缩短（ $P<0.05$ ），红细胞和血小板输注数量上相对减少（ $P<0.05$ ）。非血液学不良反应，观察组感染（ ≥ 3 级）减少（ $P<0.05$ ），肺部感染（ ≥ 3 级）发生率减少（ $P<0.05$ ）。

结论 地西他滨/阿扎胞苷联合维奈克拉方案在老年急性髓系白血病（AML），在保证疗效的同时，骨髓抑制相对较轻，不良反应相对较少，与传统方案相比有较好的耐受性。

PO-0963

问题导向模式认知行为护理对白血病患者不良反应及生存质量的影响

喻霞
汉川市人民医院

目的 分析问题导向模式认知行为护理对白血病患者不良反应及生存质量的影响。

方法 选取接受化疗治疗的白血病患者 90 例，均为某院 2021 年 2 月至 2023 年 10 月所收治，随机将其分成对照组（ $n=45$ 例）与研究组（ $n=45$ 例），分别接受常规护理干预与问题导向模式认知行为护理；根据美国国立癌症研究院急性毒性 CTCAE v3.0 记录两组的胃肠道不良反应，并选择选择中文版癌症患者生命质量通用量表（FACT-G）来评估两组的生存质量。

结果 研究组中，0 级恶心、呕吐的人数占比分别为 66.67%（30/45）、62.22%（28/45），均明显高于对照组的 42.22%（19/45）、35.56%（16/45），比较差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。相比于干预前，两组干预后的功能状况、情感状况、社会/家庭状况、生理状况评分及 FACT-G 总分均明显提高（ $P<0.05$ ）；与对照组相比较，研究组干预后的功能状况、情感状况、社会/家庭状况、生理状况评分及 FACT-G 总分均明显更高（ $P<0.05$ ）。

结论 为白血病患者提供问题导向模式认知行为护理，能让胃肠道不良反应明显减少，让其生存质量显著提高。

PO-0964

维奈克拉治疗急性髓系白血病患者 达 MLFS 后血象恢复情况的回顾性研究

帅晓、朱舜、唐明霞、郑沁
四川大学华西医院

目的 探究使用维奈克拉进行化疗后急性髓系白血病（acute myeloid leukemia, AML）患者的血象恢复情况。

方法 回顾性分析 2023 年 3 月至 2024 年 3 月于四川大学华西医院血液内科住院化疗并达到形态上无白血病状态（morphologic leukemia-free state, MLFS，骨髓原始细胞 $<5\%$ ；无循环原始细胞；无髓外病变）的 56 例 AML 患者的临床数据，按照是否达到完全缓解（骨髓原细胞 $<5\%$ ；无循环原始细胞；无髓外病变；中性粒细胞绝对计数 $>1.0\times 10^9/L$ ；血小板计数 $>100\times 10^9/L$ ）分为完全缓解组（ $n=14$ ）和非完全缓解组（ $n=42$ ），使用 logistic 回归分析是否使用维奈克拉化疗对 AML 患者血象恢复情况的影响，并分析可能影响 AML 化疗患者血象恢复的其他因素。

结果 其中使用维奈克拉的患者多采用维奈克拉+去甲基化药物+阿糖胞苷+小剂量化疗药物或采用其中 2-3 种组合方案，未使用维奈克拉的患者多采用阿糖胞苷+蒽环类药物等传统化疗方案。使用维奈克拉患者（ $n=30$ ）达到完全缓解（CR）的比率为 6.67%，达到 CRh 和 MLFS 的比率为 93.33%；未使用维奈克拉患者（ $n=26$ ）达到完全缓解的比率为 46.15%，达到 CRh 和 MLFS 的比率为 53.85%。两种用药方案患者性别、年龄、化疗前血小板计数、中性粒细胞绝对计数、原始细胞百分比无显著差异（ $p=0.65$ 、 0.75 、 0.071 、 0.13 、 0.17 ）。单因素 logistic 回归分析显示，使用维奈克拉治疗对血象恢复不佳是一个独立危险因素（ $OR=14$ ， $p<0.01$ ），其他可能的影响因素（年龄、性别、微小残留、骨髓增生异常综合征相关基因、化疗前外周血中原始细胞比例、血小板计数、中性粒细胞绝对计数）均无显著影响，将是否使用维奈克拉作为主要变量，其他可能的影响因素作为协变量进行多因素 logistic 分析，结果显示使用维奈克拉、年龄 >60 岁、化疗前原始细胞比例 $>60\%$ 是血象恢复不佳的危险因素（ $OR=69$ ， $p<0.01$ ； $OR=77$ ， $p<0.05$ ； $OR=14$ ， $p<0.05$ ）。

结论 维奈克拉是 AML 患者血象恢复不佳的独立危险因素（ $OR=14$ ， $p<0.01$ ），年龄、性别、缓解后微小残留状态、骨髓增生异常综合征相关基因均无显著影响。多因素 logistic 分析显示使用维奈克拉、年龄 >60 岁、化疗前原始细胞比例 $>60\%$ 是 AML 患者治疗后血象恢复不佳的危险因素，提示在临床工作中需注意含维奈克拉方案的长期骨髓抑制不良反应，并需要探索 AML 患者在达 MLFS 后如何促进血恢复的治疗方案。

PO-0965

新诊断慢性髓系白血病慢性期患者使用伊马替尼的疗效分析

李雨欣、马肖容
西安交通大学第二附属医院

目的 评价伊马替尼在治疗新诊断 CML-CP 患者中的疗效以及影响累积 MMR 及 DMR 的因素。

方法 回顾性收集西安交通大学第二附属医院确诊的新诊断 CML-CP 且符合标准的病人临床资料（2012 年 1 月至 2022 年 6 月）。将 CML-CP 患者的社会人口学信息、临床协变量等作为预测因子进行单因素分析，初步筛选有显著统计学意义的影响因素（通用为 $P<0.20$ ），再运用多因素 Logistic 回归分析确定影响 MMR 及 DMR 的独立危险因素。

结果 在随访的 103 例患者中，共有 11 例患者出现死亡，10 年生存率为 83.1%，中位随访时间为 58.5（10.5~160.0）个月。

103 例服用伊马替尼的 CML- CP 患者中有 93 例 (90.3%) 达到 CCyR, 有 78 例 (74.8%) 达到 MMR, 有 62 例 (60.2%) 达到 DMR。

多因素分析显示, 性别、教育程度、血红蛋白浓度是影响累积 MMR 的独立影响因素, 性别、碱性磷酸酶、脾脏大小是影响累积 DMR 的独立影响因素。

结论 伊马替尼治疗新诊断 CML- CP 患者中获得细胞遗传学与分子学疗效优异, 但仍有部分或者因为原发耐药或其他原因使用伊马替尼治疗疗效不佳。

PO-0966

维奈克拉联合去甲基化药物治疗初治 不适合强化疗 AML 患者的多中心真实世界研究

滕喆、杨新宇
中南大学湘雅医院

目的 回顾性分析维奈克拉 (Venetoclax) 联合去甲基化药物 (HMAs) 治疗初治不适合强化疗 AML 患者的疗效及安全性, 分析影响疗效及生存的因素, 建立预测模型。探索该方案维持缓解的能力。

方法 选择 2021 年 1 月至 2023 年 4 月期间于湘雅医院、湘雅二医院、湘雅三医院、湖南省人民医院 4 家医院就医的 93 例初治不适合强化疗 AML 患者, 第 1 周期采用 Venetoclax 联合 HMAs 方案。计算其 CRc 率、ORR 率、MRD 阴性率, RFS 和 OS, 利用回归分析确定影响疗效及生存的因素, 利用影响 CRc 的因素建立预测模型。

结果 患者中位年龄 64 岁, 1 周期后 CRc 率为 61.2%。回归分析显示 ELN 预后分层中低危、伴有 CEBPA 突变、ECOG0-1 分、不伴有 FLT3-ITD 突变是预测诱导后达到 CRc 的独立因素。在持续使用该方案维持治疗的患者中, 原发性 AML、正常核型、不伴有 TET2 突变、伴有 NPM1/IDH 突变的患者 RFS 更长。中位随访时间为 17.8 个月, 50 例患者仅使用该方案, mOS 为 11 个月。伴有 TET2 突变和核型异常是死亡相关的独立危险因素。

结论 1. Venetoclax 联合 HMAs 诱导初治不适合强化疗 AML 患者时, ELN 预后分层中低危、伴有 CEBPA 突变、ECOG 0-1 分、不伴有 FLT3-ITD 突变是预测初治后达到 CRc 的独立因素。

2. 本研究的疗效预测模型具有良好的区分度、校准度、临床决策能力。

3. Venetoclax 联合 HMAs 是 AML 诱导治疗后可行的维持策略。

4. 在使用 Venetoclax 联合 HMAs 的患者中, 伴有 TET2 突变和核型异常是死亡相关的独立危险因素。

PO-0967

高白急性髓系白血病伴肛周脓肿自发缓解后 治疗后再复发一例并文献复习

樊文娟
郑州大学第一附属医院

目的 通过一例伴有肛周脓肿, 脓毒性休克的高白急性髓系白血病自发缓解 1 例, 半年后再次复发, 经化疗后再次复发 1 例。提高对白血病自发缓解这一罕见现象的认识, 探讨个体免疫状态对白血病细胞的杀伤重要性

方法 结合文献, 对自发缓解的 AML 临床表现及实验室特征进行总结分析, 探讨个体免疫状态对白

血病细胞的杀伤重要性

结果 与大多数自发缓解的 AML 相似, 该病例经历了感染、发热, 治疗上给予了抗感染、输注血液制品治疗。不同的是, 此例为高白急性髓系白血病, 且患者自发缓解后半年再次复发, 再次复发, 经过化疗半年, 新型冠状病毒疫情期间, 感染新型冠状病毒后再次复发。后至外院化疗后行异因造血干细胞移植, 移植后 2 个月死亡。

结论 白血病自发缓解罕见, 可能与免疫抑制、基因均有关; 个体免疫状态, 对白血病细胞抑制, 具有重要作用

PO-0968

BLINATUMOMAB INDUCTION THERAPY FOLLOWING REDUCED-DOSE CHEMOTHERAPY IN NEWLY DIAGNOSED ADULT PHILADELPHIA CHROMOSOME-NEGATIVE B-CELL ACUTE LYMPHOBLASTIC LEUKEMIA: MULTICENTRE, SINGLE ARM, PHASE 2 STUDY

Jing Lu, Su Chen

The First Affiliated Hospital of Soochow University

Objective Pediatric chemotherapeutic regimens, while effective in inducing remission in acute lymphoblastic leukemia (ALL), have limited efficacy in clearing minimal residual disease (MRD) and addressing patients with poor genetic risks. Moreover, significant toxicity limits its long-term effectiveness and adaptability in adult patients. Blinatumomab, a bispecific T-cell engager, has revolutionized frontline ALL treatment, with better outcomes and reduced toxicity.

To investigate the efficacy and safety of a new induction treatment regimen of reduced-dose chemotherapy followed by blinatumomab (RDC-blinatumomab) in adult patients with Philadelphia chromosome-negative B-cell ALL (Ph-negative B-ALL).

Methods In this two-stage, single-arm, phase 2 trial (NCT05557110) conducted across five leukemia diagnosis and treatment centers in Jiangsu, China from September 2022 to December 2023, Ph-negative B-ALL patients aged 15–65 years were enrolled. The induction treatment with RDC, consisted of one dose of idarubicin (8 mg/m²), one dose of vindesine (3 mg/m², up to 4mg), and dexamethasone (9 mg/m²/day) for 7 days, followed by a 2-week course of blinatumomab (9 µg/day on days 8-14, 28 µg/day on days 15-21). The duration of the induction therapy ranged from 22 to 36 days. The primary endpoint was the composite complete remission rate (CRc) (CR+CRi, complete remission plus complete remission with incomplete blood cell count recovery) after one induction treatment cycle, evaluated in the as-treated patients. Secondary endpoints were bone marrow MRD assessed by flow cytometry, adverse events (AEs), and survival.

Results Of the 37 patients assessed for eligibility, 35 were enrolled. Of these, 16 (45.7%) were adolescents and young adults (15-39 years), 19 (54.3%) were older adults (40-65 years), and 48.6% had poor cytogenetic/molecular risk factors. Following RDC plus 2 weeks of blinatumomab regimen, the CRc in the entire cohort was 94.3% (95% CI: 81–98), with 33/35 patients responding positively. A negative MRD status (<0.01%) was seen in 30/35 (85.7%) patients. The composite remission rates for the standard-risk and poor-risk groups were 100% (18/18) and 88.2% (15/17), respectively (P=0.23). On extending blinatumomab duration to 4 weeks, the CRc reached 100% (95% CI: 90–100), with all patients in CR. Grade 4 AEs were leukopenia (100%), neutropenia (91.4%), and thrombocytopenia (51.4%). Common Grade 3 non-hematological AEs were febrile neutropenia in 8/35 (22.9%) patients, pneumonia in six (17.1%), and sepsis in two (5.7%). Cytokine release syndrome (CRS) occurred in 19 (54.3%) patients, with 3 (8.6%) patients developing grade 3 CRS (resolved with a

temporary suspension of the blinatumomab infusion and dexamethasone). The incidence of Immune Effector Cell-Associated Neurotoxicity Syndrome was 14.3% (5/35) with all cases being grade 1. No treatment-related deaths occurred during the study. With a median follow-up of 9.3 months (IQR: 4.7–10.9 months), the estimated 1-year overall survival rate (OS) was 96.8% (95% CI: 85.0–99.4), the 1-year progression-free survival rate (PFS) was 79.4% (95% CI: 63.5– 89.5). In a matched analysis with a historical cohort of 35 patients treated with hyperCVAD induction therapy, the blinatumomab group exhibited superior efficacy and safety and improved short-term OS and PFS.

Conclusion RDC-blinatumomab regimen represents a potent induction therapy for newly diagnosed Ph_x0002_negative B-ALL adults, achieving remission even in the poor-risk patients thereby emerging as a promising front-line therapy. Randomised, phase 3 trials are warranted to assess its efficacy against the current standard chemotherapy.

PO-0969

密切监测下的急性早幼粒细胞白血病（APL）高白细胞阶段完全无化疗缓解的一项单中心前瞻性临床研究

黄美娟、徐淑娟、田辉云、吴勇、杨凤娥、陈元仲
福建医科大学附属协和医院

目的 在 APL 诱导缓解治疗过程中，全反式维甲酸（ATRA）联合三氧化二砷（ATO）治疗过程中常出现白细胞计数升高。通过细胞毒性药物，尤其是蒽环类药物如伊达比星来降低白细胞计数，并未提高患者的缓解率，却会引起严重的副作用，包括严重的骨髓抑制和对心肌细胞的损害等。通过密切监测在 ATRA+ATO 诱导缓解过程中的外周血细胞计数、幼稚细胞比例和凝血象的变化，分析在诱导缓解过程中白细胞计数与诱导分化综合征、出血倾向或血栓事件的关联，并探讨高白细胞阶段完全无化疗的诱导缓解治疗策略。

方法 本研究是一项单中心、前瞻性观察性研究。招募初治急性早幼粒细胞白血病（APL）（WBC≤20000/mcl）患者，使用 ATRA 联合 ATO 诱导治疗期间，动态监测外周血白细胞计数水平，幼稚细胞比例、凝血指标（包括 PT、APTT、Fib、D-Di、FM、XIII 因子活性肽）来观察患者的治疗反应。白细胞计数增多但早幼粒细胞比例逐步消失的患者，避免使用任何细胞毒性药物，包括蒽环类和羟基脲。怀疑为分化综合征（DS）的早期表现时使用地塞米松 10mg q12h，随着症状和体征的改善，逐渐减量至 10mg qd，症状和体征消失至少 3 天时停药。

结果 2021.9-2024.5 期间本研究随机入组 60 例急性早幼粒细胞白血病（APL）患者，其中 6 例为高危（初始白细胞计数在 10000-20000/mcl），其余为低危患者。实验组：对照组为 1:1。所有患者均缓解。实验组有 25 例患者的白细胞计数峰值超过 20000/mcl，白细胞计数峰值相对治疗前增加了 124 倍（为 104000/mcl），白细胞计数峰值出现的中位数为 15.5 天。在未使用细胞毒性药物的情况下，尽管白细胞计数增加，但没有观察到严重的 DS 的发生，也没有出现严重的骨髓抑制及感染，平均住院天数及住院费用均较对照组明显降低。

结论 采用 ATRA 联合 ATO 的诱导 APL 缓解过程中，不应将白细胞计数作为决定是否应用细胞毒性药物的依据。密切监测外周血细胞计数以及幼稚细胞比例和凝血象的变化，可以实现高白细胞阶段完全无化疗直至缓解，以降低骨髓抑制和感染发生率，缩短住院天数

PO-0970

Absolute neutrophil count after the first cycle of chemotherapy as a surrogate for outcome in older patients with first diagnosis of AML treated with the VA regimen

Yang Chen¹, YaPing Xie²

1. 药学部

2. Department of Clinical Haematology, Affiliated Hangzhou First People's Hospital, Xihu University School of Medicine, Hangzhou, China.

Objective Chemotherapy typically results in myelosuppression in adult acute myeloid leukaemia (AML) patients. A short duration of granulocyte deficiency could be a surrogate marker of poor therapeutic efficacy in clearing bone marrow blasts, especially in older patients. This study was conducted to determine whether the degree of neutropenia after the first cycle of chemotherapy could serve as a surrogate marker for individual susceptibility to venetoclax in combination with azacitidine (VA) regimen in first-diagnosed elderly AML patients.

Methods The study included 31 patients who received the first cycle chemotherapy with a VA regimen and had absolute neutrophil count (ANC) data available. The association of ANC nadir and duration of granulocyte deficiency ($ANC < 0.5 \times 10^9/L$) with relapse-free survival (RFS) and overall survival (OS) was assessed by univariate/multivariate regression analysis.

Results An ANC nadir of $0.2 \times 10^9/L$ was determined as the cutoff point to categorize patients into the good and poor prognosis subgroups. Patients with high bone marrow primitive cell ratio at diagnosis had a higher incidence of a low nadir ANC ($p < 0.001$). Kaplan-Meier survival curves showed the OS was better in the group with low bone marrow primitive cell ratio at diagnosis ($p=0.02$), high ANC nadir ($p=0.03$) and short duration of aplastic disorder ($P=0.03$). However, there was no statistically significant in RFS. Multivariate analysis further confirmed that patients with low ANC nadir were independent predictors of poor prognosis ($p=0.02$).

Conclusion In first-diagnosed elderly AML patients, the degree of neutropenia after the first chemotherapy cycle can be used as a surrogate marker to predict individual susceptibility to VA regimens. Tailoring of treatment based on the degree of neutropenia needs to be considered.

PO-0971

A Combined Tyrosine Kinase Inhibitor and Blinatumomab Approach in Philadelphia chromosome-positive or Philadelphia chromosome-like Acute Lymphoblastic Leukemia

Xiaoxia Wu, Zhen Yang, Shenqi Lu, Xinhui Zhang, Aining Sun, Depei Wu, Huifen Zhou, Miao Miao
the First Affiliated Hospital of Soochow University

Objective To assess the safety and efficacy of blinatumomab+TKI in Ph+ ALL or Ph-like ALL patients (pts).

Methods This retrospective study included pts with newly diagnosed (ND) Ph+ ALL, ND Ph-like ALL, relapsed Ph+ ALL, and relapsed Ph-like ALL treated with blinatumomab+TKI from June 2021 to Dec 2023 at First Affiliated Hospital of Soochow University, China. ND cohort enrolled pts who received one course of chemotherapy, with/without TKI. Initial treatment: 9 ug/day blinatumomab for 1 week, and 28 ug/d for 3 weeks. Several ND pts ($n=6$) received a half-course of blinatumomab (9 ug/day for 1 week, and 28 ug/d for 1 week) due to early promising results. Prophylaxis treatment: 15 mg intrathecal methotrexate every 4-6 weeks. MRD assessment: flow

cytometry; BCR-ABL1 by quantitative reverse transcription PCR. CMR was the absence of a detectable BCR-ABL1 transcript. ABL1 mutations were assessed in 8 ND pts at baseline and 5 relapsed pts.

Results Of the 19 pts enrolled, 13 pts had ND Ph+ ALL, 1 pt had Ph-like ALL, 3 pts had relapsed Ph+ ALL and 2 pts had relapsed Ph-like ALL. At enrolment, 4/14 ND pts were in complete remission (CR), with negative MRD ($<1 \times 10^{-4}$), and positive for BCR-ABL1. After 1 cycle of blinatumomab+TKIs, 9/10 evaluable pts had CR and MRD negativity, 1 pt had partial response (PR), and 8/14 evaluable pts had CMR. One Ph-like ALL pt received concurrent intrathecal chemotherapy for central nervous system (CNS) leukemic involvement at enrolment. Subsequent consolidation therapy: systemic chemotherapy+TKI (n=4), blinatumomab+TKI (n=4), and sequential chemotherapy with blinatumomab+TKI (n=6). Median number of cycles of blinatumomab: 2 (range 1-7). Presently, 13 pts are ongoing haematological responses (3 pts opted allo-HSCT). Median DOR in 10 pts who did not opt allo-HSCT: 10 months (range 1-29). OS in 14 pts: 100%; DFS: 91.7% (median follow-up: 13 months).

At enrolment, 4/5 relapsed pts were evaluable for haematological response, and 1 pt in CR had partial hematologic recovery. After a median of 1 cycle (range 1-3) of blinatumomab+TKI, 2/4 evaluable pts had CR, 1 pt with CNS involvement had PR but relapsed during the 3rd cycle, and 1 had a marrow CMR but with an extramedullary skin involvement on treatment. MRD negativity: 3pts, and CMR: 2pts. In subsequent therapy, 2 pts with CR and 1 pt with extramedullary skin involvement received allo-HSCT, 1 pt who relapsed during the 3rd cycle received CAR-T cell therapy and died, and 1 pt with CR who did not receive allo-HSCT had an ongoing haematological response for 11 months. After a median follow-up of 19 months, 4 pts were alive; CMR: 3 pts, positive for BCR-ABL1 after allo-HSCT for 6 months: 1 pt.

During cycle 1, common grade 3/4 AEs: thrombocytopenia (n=9), neutropenia (n=6), and anemia (n=7). Grade 1/2 AEs: cytokine-release syndrome (n=7), hypertension (n=1), and pneumonia (n=1). No serious AEs interrupted treatment.

Conclusion Blinatumomab+TKIs offer a safe and effective front-line treatment option for Ph+ ALL and Ph-like ALL.

PO-0972

整合 IKZF1plus 基因分型和 MRD 结果有助于优化成人 BCR::ABL1 阳性急性淋巴细胞白血病的预后分层

王成、李剑峰、刘炜洋、赵玲玲、严晗、闫宇辰、任佳逸、彭丽君、张佼佼、刘元昉、许捷、章卫平、翁香琴、朱勇梅、井多辉、糜坚青、王瑾

上海血液学研究所，医学基因组学国家重点实验室，国家转化医学中心（上海），上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 同时纳入两个公认的预后因素（IKZF1^{plus} 基因分型和治疗后 3 个月的 MRD），以优化成人 BCR::ABL1 阳性急性淋巴细胞白血病（BCR::ABL1+ ALL）的预后分层，明确能够从异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）中获益的患者。

方法 纳入自 2014 年 6 月至 2022 年 11 月在上海交通大学医学院附属瑞金医院收治的 156 例初发成人 BCR::ABL1+ ALL，均接受基于酪氨酸激酶抑制剂（TKI）的标准治疗方案。使用多重连接探针扩增技术（MLPA）进行 IKZF1^{plus} 基因分型。MRD 阴性为治疗后 3 个月时 BCR::ABL1 转录本低于 10^{-5} （RT-qPCR）。

结果 截止 2023 年 12 月，中位随访时间为 34.6 个月。可评估的 128 例患者（年龄：18-64 岁）被分类为三组：低危组 37 例（non-IKZF1^{plus}/MRD 阴性），中危组 43 例（non-IKZF1^{plus}/MRD 阳性）和高危组 48 例（IKZF1^{plus}）。相较于中危和高危组，低危组有更好的 OS（ $P = 0.10$, $P < 0.001$ ）和 EFS（ $P = 0.005$, $P < 0.001$ ），以及更低的累计复发率（ $P = 0.01$, $P < 0.001$ ）。此外，allo-

HSCT 未能改善低危组的 OS ($P = 0.74$)，而高危 ($P < 0.001$, $HR = 0.21$) 和中危组 ($P = 0.087$, $HR = 0.50$) 均可从 allo-HSCT 中获益。

结论 本研究为国际上首次将 IKZF1^{plus} 基因型和 MRD 结果同时纳入分析，优化了成人 BCR::ABL1+ ALL 的预后分层体系。低危组尚不能从 allo-HSCT 中获益，或可免除移植；高危和中危组均可通过 allo-HSCT 改善生存。本研究针对成人 BCR::ABL1+ ALL 患者在接受 TKI 联合化疗治疗后，是否需进行 allo-HSCT，提出了指导性的意见。

PO-0973

伴 CEBPA bZIP 框内突变的成人混合表型急性白血病与急性髓系白血病的临床及预后分析

王谦^{1,2}、张凤红^{1,2}、刘一字^{1,2}、申真^{1,2}、姚红^{1,2}、解珺丹^{1,2}、颜婉惠^{1,2}、王琴荣^{1,2}、蔡文治^{1,2}、潘金兰^{1,2}、沈宏杰^{1,2}、陈苏宁^{1,2}

1. 苏州大学附属第一医院

2. 江苏省血液研究所

目的 回顾性分析伴 CEBPA bZIP 区框内突变 (CEBPAbZIP-inf) 的成人混合表型急性白血病 (MPAL) 和急性髓系白血病 (AML) 患者的临床和实验室特征，比较两组之间的实验室、遗传学特征及临床预后。

方法 收集 2013 年 10 月至 2022 年 5 月期间至本中心就诊的 MPAL 和 AML 患者临床及实验室资料，筛选到 21 例 MPAL 患者和 117 例 AML 患者伴有 CEBPAbZIP-inf，对比分析 MPAL 和 AML 患者的临床实验室特征、细胞遗传学、分子生物学特征以及预后生存特点。

结果 临床资料显示，21 例伴有 CEBPA bZIP 区框内突变 MPAL 患者 (MPAL-CEBPAbZIP-inf 组) 中位年龄 41 (20-69) 岁，男女比为 2/1，中位白细胞 (WBC) 计数为 $69.9 \times 10^9/L$ ($0.5-365.7 \times 10^9/L$)，中位血红蛋白 (Hb) 水平为 98g/L (60-129g/L)，中位血小板 (PLT) 计数为 $24 \times 10^9/L$ ($4-140 \times 10^9/L$)，中位原幼细胞计数为 77.8% (52.5%-96.0%)。117 例伴有 CEBPA bZIP 区突变 AML 患者 (AML-CEBPAbZIP-inf 组) 中位年龄 34 (18-66) 岁，男女比为 1.5/1，中位 WBC 计数为 $16.5 \times 10^9/L$ ($0.9-504.4 \times 10^9/L$)，中位 Hb 水平为 103g/L (31-140g/L)，中位 PLT 计数为 $26 \times 10^9/L$ ($1-156 \times 10^9/L$)，中位原幼细胞计数为 60.0% (20.5%-93.0%)。MPAL 组多伴有高白细胞计数 ($P=0.0003$) 和高原幼细胞比例 ($P=0.0005$)，但在性别、年龄、Hb、PLT 计数方面两组无统计学差异。在遗传学方面，MPAL-CEBPAbZIP-inf 和 AML-CEBPAbZIP-inf 组异常核型检出率分别为 35.3% (6/17)、23.9% (28/117)，两组没有统计学差异 ($P=0.4791$)。两组伴随基因突变发生率相似，均无统计学差异。在疗效评估方面，MPAL-CEBPAbZIP-inf 组的完全缓解 (CR) 率低于 AML-CEBPAbZIP-inf 组 (66.7% vs 89.0%, $P=0.0478$)，MPAL-CEBPAbZIP-inf 组的总生存率 (OS) 及无事件生存率 (EFS) 均明显低于 AML-CEBPAbZIP-inf 组 (3 年 OS: $47.6\% \pm 12.1\%$ vs $90.6\% \pm 3.0\%$, $P < 0.0001$; 3 年 EFS: $35.3\% \pm 11.6\%$ vs $72.2\% \pm 4.5\%$, $P=0.001$)。

结论 MPAL-CEBPAbZIP-inf 组多伴有高白细胞计数及高原幼细胞比例，3 年 OS 和 3 年 EFS 均显著低于 AML-CEBPAbZIP-inf 组，CEBPAbZIP-inf 突变在 MPAL 和 AML 患者中具有不同的预后意义。

PO-0974

基于多组学数据的急性髓系白血病分子亚型分析 及其精准治疗策略的探索与验证

牛凡、杨润雨、张梦瑶、贺鹏程
西安交通大学第一附属医院

目的 背景: 急性髓系白血病 (Acute myeloid leukemia, AML) 是由髓系造血细胞异常克隆性增生而导致的一种恶性血液病, 其预后差, 死亡率高, 是严重影响国民健康的重大疾病。患者对化疗/靶向治疗频繁耐药成为了 AML 治疗过程中的难题。随着高通量技术的进步, 包括基因组学、转录组学、甲基化组学等, 已经开始全面地在分子水平上实现精确医学诊疗, 这既可以使我们进一步的加深对 AML 的生物学理解及耐药机制探索, 同时可以为 AML 的临床精准诊疗提供新见解。

方法 本研究收集了 131 例 AML 患者的临床信息、转录组表达谱、拷贝数改变、DNA 甲基化和体细胞突变的配对数据, 基于 R 包“MOVICS”进行生物信息分析, 通过十种聚类的算法, 确定了 AML 患者的多组学亚型。并通过多个外部队列验证验证三种亚型的不同分子特征。同时通过单细胞转录组分析确定不同亚群的细胞来源特征。

结果 AML 患者通过上述多组学数据可被分为 3 个亚型, 其中 Cluster 3 预后最差, 该亚型患者具有更高比例的 TP53 突变及干扰素通路的激活和高氧化磷酸化水平。在单细胞数据层面分析, 该亚型患者从细胞发育角度更趋近于单核细胞样 (Monocyte-like) 的白血病细胞。Cluster 2 患者预后良好, 表型趋近于祖细胞样 (Progenitor-like) 的 AML 细胞, 表现出对 Venetoclax 治疗的高度敏感。Cluster 1 亚群患者具有更高比例的 FLT3-ITD 突变, 预后中等, 表型趋近于前体单核细胞样 (Promonocyte-like) 的 AML 细胞, 对 TKI 治疗敏感。同时我们在 5 个外部队列中成功验证了三种亚型的不同分子特征, CCLE 数据库中被归位 Cluster 3 亚型的细胞系也表现出对 Venetoclax 治疗的抗性。最后针对 Cluster 3 我们通过体外药敏数据库筛选出潜在治疗药物 Elesclomol, 并在细胞系及病人原代细胞层面验证了其杀伤效果。

结论 我们通过多组学数据提供了 AML 分子亚型的新颖见解, 并提供了相应的干预策略, 希望为后续 AML 的精准治疗提供参考。

PO-0975

A novel treatment regimen of microdose venetoclax plus azacitidine in elderly patients with acute myeloid leukemia and myelodysplastic syndromes

Jing Pan, Yun Ling, Liu Jia, Ge Jiao, Liu Yue
The Third Affiliated Hospital of Soochow University

Objective The combination of venetoclax (VEN) and hypomethylating agent (HMA) has been extensively utilized in patients with acute myeloid leukemia (AML) or myelodysplastic syndromes (MDS) who are unsuitable for intensive chemotherapy. However, frail patients often cannot tolerate the toxicity, so treatment interruption is inevitable. The study was to assess the effectiveness and safety of a combination regime of microdose VEN and azacitidine (AZA) in elderly patients with AML or MDS.

Methods Patients were administered 100 mg VEN orally on day 1, 200 mg on day 2–14, along with subcutaneous AZA administration at a dose of 60 or 75 mg/m² for 7 days. Some patients with comorbidities, poor performance status and compromised marrow reserves could not tolerate the side effects of AZA at a dose of 75 mg/m², so we adjusted the AZA dosage to 60 mg/m². Each

course had a 28-day duration. Disease state was assessed on day 21–28 through bone marrow aspiration.

Results From January 2021 to February 2024, 16 patients with AM and 8 patients with MDs were enrolled in this study. The cohort included 11 newly diagnosed (ND) and 13 relapsed or refractory (R/R) patients. The median age was 71.5 years (range: 60-84 years).

After one treatment cycle, 13 of 24 patients (54.2%) achieved CR/CRi and 7 patients (29.2%) achieved PR, for an ORR of 83.3%. No mortality occurred within 8 weeks after treatment initiation. The median follow-up time was 9 months (range: 2-24), the median survival time was 12 months, and the median RFS was 8 months (range: 1-10). Of the AML patients (n = 16), the CR/CRi rate was 50.0% (n = 8) and the ORR rate was 87.5%. Four R/R patients (50.0%, 4/8) and four M4/M5 patients (80.0%, 4/5) achieved CR/CRi. The CR/CRi rate in patients with favorable, intermediate, and adverse risk as categorized by the 2022 ELN were 0% (0/2), 66.7% (2/3), and 54.5% (6/11), respectively. Of the MDS patients (n = 8), the CR/CRi rate was 62.5% (n = 5), the ORR rate was 75.0% and the HI rate was 50% (n = 4). The CR/CRi rate in patients with very-high, high and intermediate risk as categorized by the IPSS-R were 50.0% (3/6), 100% (1/1), and 100% (1/1), respectively.

The most common nonhematologic adverse events were infection, fatigue and constipation, and the most common type of infection was pneumonia. Only one event of grade ≥ 3 nonhematologic adverse event occurred (septicemia). 22 (91.7%) patients experienced grade 3/4 hematologic adverse events, 18 (75.0%) experienced 3/4 thrombocytopenia, 11 (45.3%) experienced grade 3/4 anemia and 19 (79.2%) experienced grade 3/4 neutropenia.

Conclusion Overall, this combination regimen of microdose VEN and AZA was an effective low-intensity regimen that demonstrated promising results with good tolerability for elderly and frail patients with AML or MDS.

PO-0976

成人 BCR::ABL1 阳性急性淋巴细胞白血病中 IKZF1^{plus} 高危基因型的造血发育谱系

王成、李剑峰、刘炜洋、赵玲玲、严晗、闫宇辰、任佳逸、彭丽君、张佼佼、刘元昉、许捷、章卫平、翁香琴、朱勇梅、井多辉、糜坚青、王瑾
上海血液学研究所，医学基因组学国家重点实验室，国家转化医学中心（上海），上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 IKZF1^{plus} 基因型是 BCR::ABL1 阳性急性淋巴细胞白血病 (BCR::ABL1+ ALL) 预后不良的分子标志。明确该高危基因型在造血发育谱系上的分化特征，将有助于揭示发病机理及筛选潜在治疗靶点。

方法 纳入自 2014 年 6 月到 2022 年 11 月，上海交通大学医学院附属瑞金医院收治的 137 例初发成人 BCR::ABL1+ ALL 患者，均接受了酪氨酸激酶抑制剂联合化疗的治疗方案。采集初发时的骨髓样本，使用多重连接探针扩增技术 (MLPA) 鉴定 IKZF1^{plus} 基因型；流式细胞术检测白血病细胞的抗原表达；转录组测序探究生物学特征。

结果 基于 MLPA 结果分为 2 组：49 例 IKZF1^{plus} 组和 88 例 non-IKZF1^{plus} 组。扩散映射算法、造血细胞谱系标记的降维分析和基于淋系不同发育阶段基因集的富集分析表明：（1）IKZF1^{plus} 基因型的分化多阻滞于 pre-B 阶段，伴 B 淋系基因 (CD19、CD20 和 CD22) 显著上调，而髓系基因 (MECOM、MPO 和 ANPEP) 表达显著下调；（2）non-IKZF1^{plus} 基因型分化多阻滞于 pro-B 阶段，同时伴有髓系基因表达显著上调。应用流式细胞术验证结果：相较于 non-IKZF1^{plus} 基因型，IKZF1^{plus} 基因型的 CD19 (P = 0.009)、CD20 (P < 0.001) 和 CD22 (P < 0.001) 表达显著上调，而 CD13 (P < 0.001) 表达显著下调。

结论 本研究首次报道了成人 BCR::ABL1+ ALL 中高危 IKZF1^{plus} 基因型的特征性发育轨迹, 多数阻滞于 pre-B 阶段。该基因型白血病细胞的 CD19、CD20 和 CD22 表达水平更高, 可为免疫靶向治疗提供依据。

PO-0977

Coronary Artery Bypass Grafting in Patients with Hematological Neoplasms

Lixue Zhang, Yi Shi, Simeng Zhang, Hao Ma, Xuan Wang
Peking University People's Hospital

Objective Coronary artery bypass grafting (CABG) surgery has become increasingly common in patients with hematological neoplasms at our center, although it was rare in the past. Managing this specific patient population is challenging due to their unique immunologic and hematologic disorders. This study aims to discuss the safety and feasibility of CABG for patients with concurrent hematological neoplasms.

Methods We conducted a retrospective review of patients with coronary artery disease and hematological neoplasms who underwent CABG at our center between January 2018 and December 2023. Hematological neoplasms included acute myeloid leukemia (AML), acute lymphocytic leukemia (ALL), myelodysplastic syndrome (MDS), lymphoma, plasma cell neoplasms, chronic myeloid leukemia (CML), and myeloproliferative neoplasms (MPN). Hematological status was categorized as follows: (1) disease-free status after systemic treatments for hematological diseases, (2) progressive status requiring urgent medication with limited life expectancy, and (3) stable status between disease-free and progressive status. Baseline characteristics were collected, and the analysis focused on CABG features, perioperative management strategies, and patient survival in this group.

Results A total of 41 eligible patients were included in this study. The distribution of hematological neoplasms was as follows: MDS (n=11), AML (n=9), MPN (n=7), lymphoma (n=5), ALL (n=4), CML (n=3), and plasma cell neoplasms (n=2). Among them, 28 patients (68.3%) were in stable status, while 10 patients (24.4%) were disease-free and 3 patients (7.3%) were in progressive status. The majority of patients (87.8%) underwent off-pump CABG without extracorporeal circulation. Minimally invasive surgery via a left anterior thoracotomy was performed on 26 patients (63.4%). Approximately half of the patients (48.8%) underwent single-vessel bypass surgery. Pre- and postoperative transfusion of packed red blood cells (PRBCs) was administered in 8 and 21 cases, respectively, while platelet transfusion was given in 8 and 5 cases, respectively. Postoperatively, 29 patients (70.7%) received antiplatelet therapy, with 16 patients on a single drug regimen and 13 patients on dual therapy.

No major adverse events occurred during the perioperative period. The short-term graft patency rate, as assessed by CT angiography, was 91.4%. The median follow-up duration was 17 months (ranging from 1 to 120 months), with an estimated mean survival time of 81.1 months (95% CI: 60.4-101.9). Nine patients died, 8 due to disease progression or recurrence, and 1 due to myocardial infarction, ranging from 3 to 40 months after discharge. Nearly three-quarters of the patients received hematological systemic therapies after CABG, and one-fourth underwent bone marrow transplantation.

Conclusion Based on our current experience, we can conclude that CABG is a safe and feasible approach for selected patients with hematological neoplasms. Employing less invasive surgical strategies is reasonable. CABG may provide a greater chance for patients to undergo further hematological treatments. Candidates in stable hematological status or disease-free status are more likely to benefit from the surgery. Aggressive transfusion of blood products and appropriate antibiotic use can be beneficial for patients in this category. A multidisciplinary team is crucial for making informed decisions.

PO-0978

克拉屈滨联合 CMG 方案对难治复发性急性髓系白血病的疗效观察

齐默初、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 克拉屈滨联合阿糖胞苷、米托蒽醌、粒细胞集落刺激因子（克拉屈滨+CMG 方案）治疗难治复发性急性髓系白血病的疗效分析。

方法 回顾性分析 2017 年 01 月---2022 年 08 月于郑州大学第一附属医院行克拉屈滨联合 CMG 方案治疗的 30 例难治复发性急性髓系白血病患者疗效及安全性。具体方案：克拉屈滨 5 mg/m²，静脉滴注，第 1~5 天；米托蒽醌 6-8mg/m²，静脉滴注，第 1~3 天；Ara-C 15mg/m²，静脉滴注，q12h，第 1~14 天；G-CSF 300μg，皮下注射，第 1~14 天。

结果 30 例难治复发性急性髓系白血病患者于复发难治后第一疗程使用克拉屈滨+CMG 方案，男性 19 例，女性 11 例，中位年龄 51.6 岁，其中 19 例患者获得缓解（CR），中位缓解持续时间为 141 天（7-694 天）；5 例患者获得非缓解（NR），3 例难治复发患者使用上述方案后出现感染性休克、肠梗阻等并发症而自动出院，3 例难治复发患者使用上述方案后失访。43%（13/30 例）的患者伴有 FLT3 突变，缓解率达 76.9%（10/13）；63%（19/30 例）的患者伴 TET2 突变，缓解率达 73.7%（14/19）；16.7%（5/30 例）的患者伴有 RUNX1 突变，缓解率可达 60%（3/5）；16.7%（5/30 例）的患者伴有 ASXL1 突变，缓解率可达 40%（2/5）。4 例难治复发 AML 患者完全缓解后行异基因造血干细胞移植，移植后中位缓解持续时间为 383.5 天（170-694 天），其中仅 1 例患者移植后复发（1/4 例）。

结论 克拉屈滨联合 CMG 方案对于复发难治性急性髓系白血病患者可达较高的缓解率。

PO-0979

靶向 CLL1 的通用型 CAR γδT 治疗急性髓系白血病的疗效及机制探究

乔瑞雪
西安交通大学第一附属医院

目的 嵌合抗原受体 T 细胞（CAR-T）疗法在过去十年间针对 B 细胞来源的淋巴瘤及多发性骨髓瘤均显现出了良好的疗效，然而，基于 αβ T 细胞的 CAR-T 细胞疗法仍然面临细胞回输后的毒副作用、脱靶效应等不良反应。γδ T 细胞是一类具有强细胞毒性的固有免疫细胞，具有非 MHC 依赖的抗原识别及呈递功能，其表面同时表达 NK 细胞受体，使得 γδ T 具有抗感染和抗肿瘤的双重功能。通过 CLL1 特异性 CAR 改造后的同种异体 CAR γδ T 细胞可以在实现靶向杀伤 AML 细胞的同时避免 GvHD，为 AML 治疗及桥接 allo-HSCT 提供条件。

方法 从健康供者外周血分离单个核细胞（PBMCs），并使用特异性抗体激活并扩增 Vδ1 T，加入 IL2 以维持细胞增殖，经过基因修饰，使其表达针对 CLL1 的 CAR 构造，在 AML 细胞系及原代细胞中验证其杀伤能力。

结果 Vδ1 T 细胞可稳定扩增 2000 倍以上，纯度可达 80%。扩增的 CLL1.CAR Vδ1 T 以初始及记忆细胞表型为主，耗竭标志物及免疫抑制受体表达有限。对表达 CLL1 的 AML 细胞系 U937、HL60、Molm13 及原发 AML 细胞均有较强的扩增及杀伤效应。在免疫缺陷小鼠构建的 AML 模型中，CLL1.CAR Vδ1 T 仍具有良好的抗肿瘤效应。

结论 经过 CLL1 CAR 修饰并体外扩增的同种异体通用型 CLL1.CAR V δ 1 T 细胞做为治疗 AML 的有效手段, 具有进一步评估并应用于临床的发展前景。

PO-0980

急性白血病在不同季节发病的临床及免疫学特征

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、商颖
兰州大学第二医院

目的 急性白血病 (Acute leukemia, AL) 是一种起源于造血干细胞 (Hematopoietic stem cells, HSCs) 的恶性血液系统疾病。它的发生发展与机体免疫微环境紧密相关, 其发病率在不同季节也有明显差异。AL 在不同季节发病的临床特征和免疫状态有何不同是本研究关注的问题。

方法 收集 2017 年 1 月至 2023 年 12 月在兰州大学第二医院首次就诊的 349 例 AL 患者的临床资料。使用回顾性分析方法, 收集不同季节发病的 AL 患者的临床基线资料、血象、骨髓象、突变基因、染色体核型、危险度分层和 19 项免疫学指标 (7 种细胞亚群和 12 项细胞因子)。按照季节分为春夏组、秋冬组 2 组, 研究 AL 在不同季节发病的临床特征及 19 项免疫指标的异同。

结果 研究表明, 与秋冬组相比, 春夏组 AL 发病人数显著增多 ($P < 0.001$), 男性病人更多 ($P < 0.05$), 原始细胞比例较低 ($P < 0.05$), 白细胞介素 (Interleukin, IL)-1 β 和干扰素 (Interferon, IFN)- α 水平显著减低 ($P < 0.05$), 而 IL-8 水平明显增高 ($P < 0.05$)。

结论 AL 在春、夏季发病率明显增高。不同季节发病的 AL 患者性别分布、原始细胞比例和细胞因子水平等方面存在显著差异, 提示 AL 在春、夏季发病以男性居多, IL-1 β 、IL-8、IFN- α 与 AL 在春、夏季高发显著相关, 这为深入研究 AL 发病的免疫机制提供基础。

PO-0981

急性髓系白血病化疗患者心理弹性状况研究分析

胡光强
贵州中医药大学第二附属医院

目的 研究 AML 化疗患者心理弹性状况和影响因素, 并证明其影响化疗患者的生活质量。

方法 选取近两年来在我院血液科接受化疗的 120 例 AML 患者为实验组, 纳入相同时间内在我院体检中心进行健康查体的 80 例体检人员为对照病例。比较两组人员生活质量评分及心理状况, 研究 AML 化疗患者生活质量与心理弹性关系; 分析 AML 化疗患者的心理弹性影响因素。

结果 :①AML 化疗患者 SF-36 各层次, 以及总分全部都低于健康查体患者 ($P < 0.05$)。120 例 AML 化疗患者心理弹性均分为 (64.41 ± 5.73) 。②Pearson 分析表明: AML 化疗患者生活质量与心理弹性总分成正比例关系 ($P < 0.05$)。③月收入和教育水平低, 家庭支持程度不够和农村居住地是 AML 化疗患者心理弹性的影响条件。 ($P < 0.05$)。

结论 AML 化疗患者心理弹性较正常体检患者稍差。月收入小于 4000 元和教育程度不足高中; 家庭支持不够以及农村生活等可能是其影响因素。

PO-0982

复发难治型急性髓系白血病 CAR-T 治疗患者的心理评估及其干预模式的研究

张倩

中国人民解放军西部战区总医院

目的 全面评估复发难治型急性髓系白血病 CAR-T 治疗患者存在的负面心理，提出具体的干预模式，探究干预模式的有效性。

方法 选取了在 2023 年 3 月-2024 年 3 月在我科接受治疗的 30 名病患展开了心理评估。男性患者 17 名，女性患者 13 名，将所有的患者分成了 A、B 组，每组 15 人，A 组给予心理干预护理、B 组采取无心理干预。分别测量患者治疗前与出院前的 24h，治疗后 6 个月的心理动态，内容包含了量表测评以及主观评估。量表测评的内容包含了患者的资料以及心理情况，并且分析了该心理状况所产生的原因。主观评估则是研究的护理人员通过对患者的观察与访谈结果，判定患者行为。所有的评估工作都由患者本人当场填写。

结果 A 组患者实施心理干预后，负面情绪得到了显著的改善。不同时间段抑郁情绪的对比具有统计学意义，焦虑情绪在出院前与治疗后 6 个月对比有统计学意义，孤独情绪在出院前对比有统计学意义；患者治疗的时候具有着较高的焦虑得分；两组患者治疗前孤独得分要高于常规值，治疗后该数值等处于常规区间内。

结论 复发难治型急性髓系白血病 CAR-T 治疗患者心理干预模式有助于缓解患者的负面心理，对 CAR-T 治疗有一定的积极作用。

PO-0983

基于 citespace 有关急性髓系白血病研究热点的可视化分析

胡光强

四川省第二中医院

目的 经过此次文献研究试验，剖析急性髓系白血病（Acute Myeloid Leukemia, AML）研究领域的发展状况、关注焦点以及把握该领域的研究前沿，进一步为研究者们更加精细的探究本领域提供导向。

方法 文献来源于中国知网 CNKI、WOS 两大数据库，主题词选用“急性髓系白血病”，检索两大数据库发表的研究 AML 的文献，时间限制为 2011 年 1 月 1 日-2021 年 11 月 22 日，筛选后通过 Cite Space 5.8.R2 软件分别可视化分析国内外文献。

结果 文献可视化分析后发现，对 AML 的研究国内外整体呈现出不同的趋势，AML 在国内得关注热情正逐年上升。目前世界上本领域文献出版量最多的国家为美国。作者方面则以 Farhad Ravandi 产出最多，主要致力于成人急性髓系白血病的治疗研究。存在性较高的作者及团队还有 Hagop Kantarjan、Guillermo Garciamanero、Arnold Ganser 等。吴德沛是国内本领域的代表人物，他所工作的苏大附一院更是国内 AML 研究的顶尖团队，研究发现机构分散、缺乏交叉合作是国内 AML 研究的严重缺点。BLOOD、DOHNER H、Dohner H, 2010, BLOOD, V115, P453 分别是引用次数最多的期刊、作者与文献源。“基因突变”、“染色体异常”、“骨髓移植”、“靶向治疗”等是国内外共同关注的焦点。比较而言外国在本领域的研究更加全面和系统，国内研究者应借鉴加学习。

结论 通过对国内外急性髓系白血病相关文献的可视化分析，更加清楚直观地描绘了本领域研究的整体概况，深度剖析了时下 AML 研究热点和前沿，一定程度上为今后本领域的研究指明了方向。

PO-0984

米托蒽醌脂质体在 R/R 急性髓系白血病的临床疗效及安全性

朱凯波、杨文群、晁志、陈芳、郑海丰、周丹、张璐、谭振清、罗自勉
湘潭市中心医院

目的 评估米托蒽醌脂质体在 R/R 急性髓系白血病的临床疗效及安全性。

方法 2022年7月至2024年3月，11名R/R的急性髓系白血病患者接受了至少一疗程以米托蒽醌脂质体为基础的化疗诱导方案，其中6例为米托蒽醌脂质体（M）+阿糖胞苷（A）+/-依托泊苷（E）方案，2例为米托蒽醌脂质体（M）+阿扎胞苷（Aza），3例为MA+维奈克拉（V），一例伴有FLT3-ITD者加用索拉菲尼。米托蒽醌脂质体的中位剂量为24mg/m²（20-50mg），所有病例前期均无米托蒽醌暴露史。采用CRc评估疗效，不良事件通过《CTCAE第5版》进行评估。

结果 中位年龄58岁（39-79岁），年龄调整的查尔森共病指数（aCCI）4例（36.4%）≥4分，4例（36.4%）=3分，3例（27.3%）≤2分。中位随访时间为6.2个月（0.7-23.4个月），7例（63.6%）患者在一个疗程后获得了CR，1例（9.1%）PR，3例（27.3%）NR，6个月OS为45.5%。常见的3/4级不良事件包括中性粒细胞减少（10例，90.9%），血小板减少8例（72.7%），肺部感染2例（18.2%），未观察到心血管不良事件。总体安全性可控。

结论 米托蒽醌脂质体为基础的化疗方案在R/R急性髓系白血病的治疗中，显示了可观的CR率。此研究中，aCCI≥3分者占患者中72.7%，提示安全性良好。

（基金项目：2022年度湘潭市医学科研项目（2022-xtyx-32））。

PO-0985

Ph+ALL 合并巨细胞病毒眼部、消化道感染一例

戴钰婷、孙京男、杨岩、谭业辉、高素君
吉林大学第一医院

目的 了解Ph+ALL合并眼部、消化道巨细胞病毒感染临床特征，提高对该病的认识。

方法 回顾性分析一名57岁的Ph+ALL患者在维持化疗中出现眼部、消化道巨细胞病毒感染的临床特征，治疗过程及转归

结果 57岁男性，1年前因白细胞高，贫血，血小板减少，行骨穿后明确诊断为Ph+ B-ALL，【VICP】+达沙替尼诱导治疗后BCR-ABL定量转阴，后续使用【CAM】、【Hyper A+B】×3化疗，联合TKI。因经济条件不佳，拒绝行异基因造血干细胞移植，再行【VICP】后，于2024.1进入【VMMP】维持治疗。2月开始出现视物模糊，右眼重影，行眼科检查后存在右眼视网膜坏死，玻璃体混浊，行百力特及丽科明、美多丽局部用药后无好转，后行右眼部房水穿刺病毒检测提示CMV核酸定量13.77E+04拷贝/ml，考虑巨细胞病毒视网膜炎，但检测血CMV病毒定量为阴性，T给予更昔洛韦2mg，每周2次玻璃体腔内注射，2周后改为1周1次注射。2个月后视物情况明显好转，但间断腹泻，每日约5-6次稀便，检测便中CMV病毒定量为1.66E+3拷贝/ml，提示便中也存在CMV病毒感染，静点更昔洛韦2周后好转。期间持续监测血CMV核酸定量为阴性，IgG抗体阳性，IgM抗体持续阴性。

结论 ALL患者免疫力低下，常合并多种病原体感染。眼部及消化道感染巨细胞病毒相对少见，在常规治疗药物无效情况下，需想到本病可能，行体液病毒学检测可增加检出率。

PO-0986

一例异基因造血干细胞移植患者术后骨髓抑制期肛裂的护理

华文静

中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 通过探讨一例异基因造血干细胞移植患者术后骨髓抑制期发生肛裂的护理方法，为临床工作提供参考依据。

方法 回顾性分析患者发生肛裂的临床特征、治疗及护理经过，总结异基因造血干细胞移植患者术后骨髓抑制期发生肛裂的护理要点。

结果 本例患者为急性淋巴细胞白血病，于我院行半相合异基因造血干细胞移植，入仓时会阴部有一小破溃，每日为其行肛周换药及护理两次，肛周情况稳定。患者回输后间断腹泻，由于腹泻刺激，患者肛周皮肤略有红肿，肛周疼痛，护理人员密切观察患者肛周皮肤情况，行肛周基础护理，保持大便通畅，便后坐浴。**+11** 天起患者破溃增大，加强肛周基础护理，予以百多邦，生长因子，马应龙及云南白药交替换药护理，肛周疼痛加重，应用利多卡因上药行止痛治疗。**+17** 天患者破溃无明显好转，行肛周拭子检验，肛周破溃处拭子结果回报为嗜麦芽窄食单胞菌感染，诊断为肛裂，为患者外敷中药油纱条促进愈合，加用多粘菌素软膏换药行肛周抗菌治疗，严格规范手卫生及无菌操作，防止进一步感染发生。**+27** 天观察患者肛周皮肤，发现患者肛周出现脓性分泌物，有坏死组织形成，进一步诊断，肛裂转变为肛周溃疡，为患者清除坏死组织，凝血酶压迫止血，加用中药去腐生肌油纱条换药护理治疗，肛周换药后无脓性分泌物渗出，肛周无明显肿痛。**+28** 天患者肛周疼痛较前减轻，局部可见少量脓性分泌物，未再渗血；溃疡逐渐缩小，定期换药护理，肛周护理，便后坐浴。**+40** 天患者破溃处可见新生肉芽组织，疼痛较前明显减轻，护理人员继续肛周换药，行肛周基础护理。**+43** 天患者肛周拭子结果回报正常，患者肛周溃疡基本愈合。

结论 结果：移植后极期患者长期免疫系统低下，且易出现腹泻症状，肛周皮肤抗炎能力差，一旦发生溃疡和感染就会出现难以愈合和治疗的情况，故在临床护理工作中面对该类患者应重点应做好预防工作，通过仔细观察，加强基础护理及专科护理操作，减少感染的发生，降低其严重程度，促进肛裂及时愈合，提高患者的生存质量。

PO-0987

The mechanism of PARP inhibitor enhance decitabine function in TET2-deficient myeloid leukemia

Junjie Wang, Yimei Feng, Rui Wang, Huihui An, Chao Ma, Tao Hong, Weihao Wang, Guancui Yang, Qiangguo Gao, Shijie Yang, Xi Zhang

Xinqiao Hospital, State Key Laboratory of Trauma, Burn and Combined Injury, Third Military Medical University (Army Medical University), Chongqing, China

Objective To investigate the effect of the decitabine PARP inhibitor-enhanced demethylation therapy on the biological characteristics of TET2-deficient myeloid malignancies in vitro and in vivo, as well as the drug's mode of action.

Methods Through shRNA, TET2-deficient myeloid leukemia cell lines (HL60, K562) was established. To find out whether TET2 was expressed in the stable cell line, RT-PCR and Western blot were used. Western blot was also used to find out whether PARP1, γ -HA2X, and other DNA damage repair proteins were expressed. In order to determine the synergistic inhibitory effect of decitabine and PARP inhibitor combination in TET2 knockdown HL60 and K562 cells, the IC50 values of decitabine and PARP inhibitor on shTET2 cells were determined using CCK-8 and combined with Chou-Talalay method. shTET2 HL60 and K562 cells were subcutaneously injected into 20 NOD/SCID mice to create a transplantation tumor model. Twenty

mice were randomly assigned to four groups: the saline group, the decitabine group, the fludrocortisol group (a PARP inhibitor group), and the combination group. Saline, decitabine, fludrocortisol, and a combination of decitabine and fludrocortisol were given to the tumor-bearing animals. Immunohistochemistry was used to identify the expression of TET2, SIRT1, PARP, Ki67, and caspase-3 in the transplanted tumors, and Co-IP and immunofluorescence were used to identify the connection between TET2 and SIRT1 in HL60 and K562 cells. EX527 reduced the expression of PARP, SIRT1, γ -H2AX, and XRCC1 proteins, as well as SIRT1.

Results The construction of the shTET2 HL60 and K562 stable-transformed cell lines was effective, and compared to the control group, the expression of DNA damage repair proteins including PARP1 and -H2AX was up-regulated. The IC50 values of decitabine on shTET2 HL60 and K562 were higher compared to the control group, although the IC50 of PARP inhibitor was lower ($P<0.05$), and the Chou-Talalay method determined that decitabine and PARP inhibitor had a synergistic inhibitory effect. Decitabine and fludrocortisol significantly enhanced the proportion of TET2 and K562 cells in the transplantation tumor cells and decreased the tumor growth of shTET2 HL60 and K562 cells in the NOD/SCID mice transplantation tumor model when compared to the other groups. In the tumor cells, the expression of PARP, -H2AX, and XRCC1 was up-regulated while the expression of TET2 and SIRT1 was down-regulated. Through using Co-IP and immunofluorescence to confirm the interaction of TET2 with the SIRT protein, researchers also discovered that inhibiting SIRT1 increased the expression of PARP, -H2AX, and XRCC1.

Conclusion Due to the functional lack of TET2/SIRT1, after decitabine therapy of TET2-deficient myeloid tumors, the DNA repair mechanism in cancer cells activated DNA repair enzymes such PARP1 and XRCC1 instead. Decitabine's pro-apoptotic activity on shTET2 HL60 and K562 cells was therefore increased by PARP inhibitors, which synergistically increased the tumor-killing effect.

PO-0988

阶梯式心理干预联合罗伊适应模式护理 对白血病化疗患者心理弹性及生存质量的影响

唐弋茜、兰大华

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨基于阶梯式心理干预联合罗伊适应模式的综合护理对白血病化疗患者心理弹性及生存质量的影响

方法 选取 2023 年 1 月~2023 年 12 月期间收治的 100 例白血病化疗患者为研究对象。采用随机抽样法分为试验组 (50 例) 和对照组 (50 例)。试验组采用阶梯式心理干预联合罗伊适应模式的综合护理, 对照组采用常规护理方式。比较两组病耻感水平、心理弹性、生存质量及睡眠质量的差异。正态计量资料以 t 检验。

结果 干预后, 试验组病耻感水平评分、简化版心理弹性量表 (CD-RISC-10) 评分及健康调查简表 (SF-36) 各维度评分均高于对照组, 差异有统计学意义 ($P<0.05$); 试验组匹兹堡睡眠质量指数 (PSQI) 评分低于对照组, 差异有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 基于阶梯式心理干预联合罗伊适应模式的综合护理, 有效降低了患者的病耻感水平, 提高心理弹性, 改善其生存质量和睡眠质量。

PO-0989

维奈克拉、阿扎胞苷联合低剂量阿糖胞苷治疗老年新诊断急性髓系白血病：一项前瞻性、多中心、开放、随机对照试验研究

韩潇、万锴、张梦芸、刘学、颜红菊、张诚、文钦、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 老年急性髓细胞白血病（AML）患者预后不良，维奈克拉联合阿扎胞苷（VA）的疗效良好，但微小残留病（MRD）阴性率仅为 30-40%。阿糖胞苷通过增强 BH3 活性和抑制 MCL1 与维奈克拉具有协同作用。本研究探索对比了 VA 联合低剂量阿糖胞苷（LDAC）方案（VAA）与 VA 方案治疗初诊老年（年龄≥60 岁）AML 患者的疗效和安全性。

方法 本研究为前瞻性、多中心、开放、随机对照的临床试验，纳入年龄≥60 岁的新诊断 AML 75 例，随机分为实验组和对照组。实验组给予 VEN 100mg d1、200mg d2、400mg d3-28、AZA 75mg/m² d1-7 和 LDAC 10mg/m² q12h d1-7 诱导治疗，对照组给予 VEN 100mg d1、200mg d2、400mg d3-28、AZA 75mg/m² d1-7 诱导治疗。主要观察缓解率（CR/CRi）伴 MRD 转阴率。流程图见图 1

结果 可评估疗效的 63 例老年患者（基线如表 1）在诱导治疗第一个疗程后，VAA 组中 23 例患者（65.8%）达 CR 伴 MRD 阴性，6 例患者（17.1%）达 CR 伴 MRD 阳性，2 例患者（5.7%）达部分缓解（PR），4 例患者（11.4%）未缓解（NR），总有效率（ORR）为 88.6%。然而，在 VA 对照组中，只有 11 例患者（39.3%）达 CR 伴 MRD 阴性（ $p=0.04$ ）（图 2）。亚组分析显示，在 12 例 AML-M4/5 患者中，实验组和对照组分别有 9 例（75%）和 4 例（33.3%）达到 CR 伴 MRD 阴性（ $p=0.04$ ）（图 3）。所有患者没有发生严重感染和出血并发症，在诱导期内均未发生治疗相关死亡（图 4）。

结论 接受 VAA 诱导治疗的初诊老年患者具有较高的缓解率，尤其是 CR 伴 MRD 阴性率。化疗耐受性可接受。然而，需进一步扩大样本量，延长随访时间，以评估长期生存率。

PO-0990

贝林妥欧单抗院外输注标准化管理方案的构建和应用

许汇娟
南方医科大学南方医院

目的 总结报告复发难治性急性淋巴细胞白血病患者院外输注贝林妥欧单抗的标准化管理方案。

方法 采用文献研究的方法，汇总贝林妥欧单抗院外输注面临的挑战和护理决策点，以此为基础初步形成院外输注管理方案，将其用于指导患者院外输注过程中不断补充和调整方案并结合专家函询意见进行修订，最终构建了贝林妥欧单抗院外输注的标准化管理方案。

结果 该标准化管理方案主要包括院外输注患者标准、护理流程、院外随访和紧急预案 4 大部分。符合院外输注的患者标准为：院内治疗期间未发生严重不良反应，无神经系统病变或病史，无心脑血管、肝肾功能不全、无法控制感染或其他恶性肿瘤等并发症。护理流程包括采用标准化工具如 NCI CTCAE 毒性分级表、CRS 症状和体征表、ECOG 评分和 ECORTC QLQ-30 量表等，实施全程评估和记录；制定规范化配药和输注流程；提供同质化健康教育（患者症状自我监测和照护者预期指导）。院外随访则包含换药登记、监测输注不良反应和缓解患者和照护者压力三个方面。紧急预案包括配备院外应急医护团队，提供微信电话指导，设置专人负责现场急救，为需入院治疗患者开通绿色通道。

结论 基于文献研究、临床案例研究和专家咨询构建的贝林妥欧单抗院外输注标准化管理方案具有较高的临床适用性，可有效指导医护患三方共同维护用药安全。

PO-0991

Abnormal DNA damage response suggests novel fingerprint of relapse in acute monocytic leukemia post transplantation

Yukun Feng, Ke Sui, Zheng Wang, Xi Zhang
Xinqiao Hospital of Army Medical University

Objective 1. Identify diverse subsets and molecular characteristics of acute myeloid leukemia (AML) relapse

2. Distinguish chemotherapy/transplantation sensitive and resistant subsets, exploring the potential genes to expand tumors from rare cells during leukemia progression.

Methods According to French-American-British classification, we selected three M4/M5 patients with paired samples at diagnosis, remission and relapse stage, and then single-cell suspension were obtained from bone marrow followed by scRNA-seq. Data processing followed by Cell Ranger software pipeline to demultiplex cellular barcodes, and map reads to the genome and transcriptome hg38 using the STAR aligner. Unique molecular identifier (UMI) count matrix and quality control was performed using Seurat. The t-SNE map was calculated using Rtsne package. The related genes were overexpressed or knockout in THP1 cell line to investigate their roles in DNA damage response.

Results After quality control and clustering with known markers, above 50K cells could be classified into various cell types, including monocyte-like, CMP-like and GMP-like leukemia cells, T and B cells, cycling LSCs and APOE-expressing leukemia cells (Fig). Unlike diagnosis patients where >75% cells were monocyte-like leukemia cells, the percentage of APOE-expressing cells were ranked first in relapse samples, which indicates APOE might be a critical role in AML relapse. Moreover, APOE expression positively correlated with GATA1, an important transcription factor which is previously reported regarding contributions to the development of AML.

Further experiments showed that GATA1 could regulate APOE, and APOE could reduce apoptosis upon chemo treatment and accelerate DNA damage repair via stabilizing BRCA1. CDX model finally validated the role of APOE under chemo treatment, by reducing the survival probability.

Conclusion The application of scRNA-seq in cancer has been relatively limited in patients who achieve remission and appear relapse after therapy. We analyze heterogeneity of AML during progression and identify novel relapse subgroups in these heterogeneous populations.

Our results show a greater degree of heterogeneity in AML tumor samples during leukemia progression, compared to traditional bulk RNA-seq, and highlights the novel subgroups in AML related to relapse.

Furthermore, through following experiments, we identified the role of APOE in AML relapse due to chemoresistance, which could stabilize BRCA1 in leukemia cells and furtherly accelerate DNA damage repair so that leading to lower surviving probability.

PO-0992

超级增强子易位激活 IL3 导致 ETV6::ACSL6 急性淋巴细胞白血病患者并发嗜酸性粒细胞增多症的研究

徐雯芊¹、田丰²、台晓露³、宋高贤¹、刘元昉¹、范立权¹、翁香琴¹、Eunjeong Yang⁴、王蒙⁵、Martin Bornhäuser⁶、张超³、Richard B. Lock⁷、Jason W.H. Wong⁴、王瑾¹、井多辉¹、糜坚青¹

1. 上海交通大学医学院附属瑞金医院
2. 河北工程大学医学院
3. 上海交通大学医学院附属第九人民医院
4. 香港大学
5. 上海市儿童环境卫生重点实验室
6. 德累斯顿工业大学附属医院
7. 悉尼新南威尔士大学

目的 ETV6::ACSL6 是一类罕见的融合基因，带有该融合的患者预后较差，同时还伴随嗜酸性粒细胞增多症。由于该融合基因发生移码突变，导致其 mRNA 提前出现终止密码子，因而 ETV6::ACSL6 被认为无法翻译成融合蛋白，因此，目前对于 ETV6::ACSL6 的致癌机制仍知之甚少。本文旨在探究 ETV6::ACSL6 在急性淋巴细胞白血病（ALL）中的致病机理，并探索相应的靶向治疗策略。

方法 我们利用 ETV6::ACSL6 ALL 患者的原代细胞和相应的人源肿瘤异种移植模型（PDX）进行了多组学分析。应用 Hi-C 和转录组测序等技术，探究了 ETV6::ACSL6 对 ALL 细胞 DNA 甲基化、组蛋白修饰和染色质构象的影响。此外，还利用体内、外模型研究了溴域和外端结构域（BET）抑制剂在 ETV6::ACSL6 ALL 中的疗效。

结果 多组学研究显示 ETV6 基因座内存在超级增强子，与 5 号染色体上的 ACSL6 基因发生断裂重排后，易位的 ETV6 与 ACSL6 的邻近基因如 IL3、IL5，发生相互作用，并促进其表达。其中 IL3 和 IL5 等细胞因子的表达上调能够激活患者体内嗜酸性粒细胞的过度增殖。由于 BET 家族蛋白对于超级增强子发挥功能具有重要作用，联用 BET 抑制剂和 ALL 一线化疗药物能显著下调 IL3 和 IL5 的表达，有效降低小鼠的白血病负荷，延长小鼠生存期。

结论 本研究首次提出了 ETV6::ACSL6 ALL 中 IL3 的过度表达及嗜酸性粒细胞增多是由顺式调控性变异引起的，该发现为这一不良预后的 ALL 亚型提供了新的靶向治疗思路。

PO-0993

一项单臂、前瞻性、单中心临床研究:海曲泊帕用于预防急性白血病患者化疗所致的血小板减少症

卓定君、谭栩、陈果、马影影、王买红、陈思羽、文钦、刘红、张诚、张曦
the Second Affiliated Hospital of Army Medical University

目的 探讨海曲泊帕在急性白血病患者行巩固化疗治疗后预防血小板减少症的疗效情况。

方法 本研究为单臂、前瞻性、单中心临床研究。目前共纳入 32 例诊断经诱导化疗治疗后获得 MRD 阴性的急性白血病患者，每日睡前给予海曲泊帕 5mg 口服，统计骨髓抑制期间血小板输注次数及血小板计数恢复时间。

结果 共有 32 例患者纳入研究，其中男性 19 例，女性 13 例，中位年龄为 42 岁；其中急性髓系白血病(AML)患者 21 例(65.6%)，急性淋巴细胞白血病(ALL)患者 11 例(34.4%)。AML 患者巩固化疗方案中 IA 方案 12 例(57.14%)、HADG 方案 3 例(14.29%)、DA 方案 2 例(9.52%)、CLAG 方案 2 例(9.52%)、VAA 方案 2 例(9.52%)；ALL 患者使用 IAOD+MTX 方案 9 例(81.81%)、CEOD+MTX 方

案 1 例(9.09%)、CAML 方案 1 例(9.09%)。32 例患者给与海曲泊帕口服前的血小板基线水平为 $152.3 \times 10^9/L$ (95%CI125.64-178.95 $\times 10^9/L$)。整个化疗后骨髓抑制期间,有 2 例患者出现血小板无效输注,其余 30 例患者平均血小板输注次数为 1.77u(95%CI1.33-2.20u),且有 3 例患者在整个化疗后骨髓抑制期脱离血小板输注。血小板回升至 $\geq 20 \times 10^9/L$ 所需平均时间为 6.78 天(95%CI5.83-7.73 天)、回升至 $\geq 50 \times 10^9/L$ 为 10.59 天(95%CI9.51-11.67 天),回升至 $\geq 100 \times 10^9/L$ 为 15.3 天(95%CI13.88-16.71 天)。仅 1 例(3.0%)患者服用海曲泊帕后出现肝功能异常,AST 升高至 150u/L,予以保肝治疗后病情好转,未见其他严重不良反应;未发现血栓相关事件或 CIT 相关出血事件。

结论 海曲泊帕可用于预防急性白血病化疗所致的血小板减少症,且毒副作用小,患者耐受性良好。

PO-0994

HDAC6 inhibitor ACY-738 induces ferritinophagy-mediated ferroptosis in leukemia

Jinyi Liu¹, Peijie Jiang^{1,3}, Shijie Yang¹, Xi Zhang^{1,2}

1. Xinqiao Hospital

2. Jinfeng Laboratory, Chongqing

3. Department of Hematology, Affiliated Hospital of North Sichuan Medical College

Objective Leukemia is one of the most challenging hematological system tumor with poor prognosis. Frequent recurrence and drug resistance seriously restrict the clinical efficacy. Ferroptosis is an iron-dependent form of regulated cell death and plays a vital role in tumor suppression. Ferroptosis inducing agents have been studied extensively as a novel promising way to fight against therapy resistant cancers. The aim of this study is to investigate the mechanism of ACY-738, a kind of HDAC6 inhibitor, as a novel ferroptosis inducer in tumor suppression.

Methods The response of cells to ACY-738 was assessed by cell viability assay, EdU assay and clonogenic assay. Proteomic analysis and metabolomic analysis were used to identify downstream targets of GD3s. RNA sequencing analysis and metabolomic analysis was used to explore the possible biological processes, molecular functions and signaling pathways of ACY-738. The morphological changes of mitochondria were observed by transmission electron microscope. The level of ferroptosis was determined by the lipid peroxidation assay, cystine uptake assay, glutathione content detection assay and the level of free iron. The mechanism was verified by molecular approaches including Western blot, quantitative real-time PCR and immunofluorescence.

Results ACY-738 inhibited the proliferation, DNA synthesis and colony formation of leukemia cells, and induced an oxidative cellular microenvironment resulting in ferroptosis of leukemia cells. ACY-738-induced ferroptosis was accompanied with the decreased of cystine uptaking, attenuation of glutathione levels and increased of lipid peroxidation. ACY-738 also increased the level of intracellular free iron and the level of labile iron pool, which also led to ferroptosis. Mechanistically, ACY-738 inhibited the binding of HDAC6 and NCOA4, reduced the ubiquitination degradation of NCOA4, increased the expression of autophagy-related protein LC3B and P62, promoted the autophagic degradation of NCOA4-mediated ferritin, led to the increase in the labile iron pool. ACY-738 also inhibited the expression of SLC7A11, resulting in decreased intracellular cystine levels and attenuation of glutathione levels, indirectly inhibiting GPX4 activity, which promoted lipid peroxidation and ultimately inducing ferroptosis in cells.

Conclusion In summary, we provided the evidence that HDAC6 inhibitor ACY-738 inhibited the proliferation and induced ferroptosis in leukemia cells. Mechanistically, ACY-738 induces ferroptosis through inhibits the binding of HDAC6 and NCOA4 by targeting HDAC6, reduces the ubiquitination degradation of NCOA4, and promotes NCOA4-mediated ferritinophagy. ACY-738, identified as a novel ferroptosis inducer, may be effective chemosensitizer that can expand the efficacy and range of chemotherapeutic agents.

PO-0995

急性早幼粒细胞白血病新融合基因研究进展

胡文静

杭州师范大学附属医院

目的 通过对急性早幼粒细胞白血病 (APL) 相关新融合基因的结构、功能、致病机制、免疫分型、以及患者治疗反应等方面进行综述, 提高临床医师对变异型 APL 的认识, 从而提高诊治效率。

方法 使用 PubMed、X-MOL、中华医学期刊全文数据库、中国知网数据库检索系统, 以“急性早幼粒细胞白血病; 融合基因; 变异型 APL”等为中文关键词, “acute promyelocytic leukemia; fusion gene; variant APL”为英文关键词进行检索。纳入标准: (1) 确诊为急性早幼粒细胞白血病 (2) 非 PML-RARA 融合基因阳性的 APL。排除标准: (1) 数据陈旧文献; (2) 内容相似或重复。最终共纳入 40 篇文献。

结果 除了经典的 PML-RAR α 融合基因外, 还存在约 2% 的变异型融合基因与 APL 发病相关, 包括 NPM/RARA、NuMA/RARA、STAT5b/RARA、PRKAR1A/RARA、FIP1L1/RARA、TFG/RARA、BCOR/RARA、PLZF/RARA、OBFC2A/RARA、TBLR1/RARA、GTF2I/RARA、IRF2BP2/RARA、FNDC3B/RARA、PML/ADAMTS17/RARA、STAT3/RARA、STRN3/RARA、TNRC18/RARA、NAB2/RARA、NUP98/RARG、PML/RARG、CPSF6/RARG、RARG/CPSF6、NPM1/RARG/NPM1、TBL1XR1/RARB、TBLIXR1/RARB 等融合基因。每种新的融合变异都有其特征性的结构、免疫分型、致病机制以及患者治疗反应。变异型 APL 的遗传学存在很大的异质性, 当不存在 RAR α /RARB/RARG 重排时, 一些 MLL 重排、NPM1 重排或其他重排仍可以驱动 APL。

结论 现在还需要大量研究来明确部分经 ATO+ATRA 治疗不佳的 APL 融合基因的致病机制及治疗靶点, 为临床提供更有效的治疗方案, 提高治疗效果, 改善患者预后。

PO-0996

急性早幼粒细胞白血病患者“去化疗”方案 治疗早期并发症和 MRD 清楚率的研究

张高玲、刘秋菊

吉林大学第一医院

目的 为总结我中心以去化疗策略为主的诱导治疗过程中 APL 患者早期并发症 (包括分化综合征、肝损伤、感染、新发出血) 的特点等, 并分析影响 APL 患者早期并发症发生的相关因素; 明确我中心 APL 患者接受不同巩固治疗方案 (去化疗组和化疗组) 对早期 (3 个月、6 个月) MRD 的清除率是否存在差异。为早期并发症的处理及巩固治疗方案的合理选择提供理论依据。

方法 从我中心 2011 至 2023 年首次就诊符合 2008 年 WHO 诊断标准的 APL 患者中筛选诱导及巩固治疗均为“去化疗”方案为主的患者 108 例, 发生早期死亡患者 6 例, 去除资料不全的患者 13 例, 故筛选出去化疗组的患者 89 例, 基于年龄、性别、危险分层, 按照 PSM (匹配容差 0.1) 匹配巩固治疗为化疗且诱导治疗以去化疗为主的 APL 患者 89 例为化疗组, 最终 184 例 APL 患者纳入本研究。通过病案管理系统获得临床数据。SPSS 26.0 软件统计分析。

结果 1、6 例 APL 患者发生早期死亡, 主要原因是颅内出血; 新发出血发生率为 27.71% (51 例)。分化综合征的发生率为 32.06% (59 例), 单因素分析具有统计意义 ($P < 0.05$) 的指标: 血清白蛋白、外周血早幼粒细胞、骨髓早幼粒细胞比例; 多因素分析提示: 初诊时骨髓早幼粒细胞比例对 DS 的发生影响具有统计学意义 ($OR = 1.039$, 95%CI 1.004-1.074, $P = 0.029$)。肝损伤的发生率为 68.47% (126 例), 单因素分析具有统计意义 ($P < 0.05$) 的指标: 甘油三酯和血红蛋白; logistic 回归分析提示: 初诊时甘油三酯及血红蛋白水平与肝损伤的发生相关 ($OR = 1.591$, 95%CI 1.151-2.198,

P=0.005) (OR=1.016, 95%CI 1.002-1.030, P=0.023)。感染的发生率为 75.00%(138 例), 单因素分析提示并发感染严重程度的相关因素有: 年龄大于 60 岁、白蛋白、是否发生分化综合征和外周血早幼粒细胞比例; 多因素结果提示: 发生分化综合征与并发感染的严重程度相关 (OR=3.030, 95%CI 1.336-6.871-6.183, P=0.008)。

2、巩固治疗采用去化疗和化疗方案在各个危险度分层中均提示 3 个月、6 个月时 MRD 清除率无统计学差异(P>0.05)。去化疗组中静脉砷剂组与口服砷剂组在确诊 3 个月、6 个月时 MRD 清除率无统计学差异(P>0.05)。

结论 1、我中心 APL 患者以去化疗方案为主的诱导治疗期间分化综合征、肝损伤、感染、新发出血的发生率分别为 32.06%, 68.47%, 75.00%, 27.71%。

2、颅内出血是早期死亡的最主要原因; 初诊时骨髓早幼粒细胞比例可能是分化综合征发生的主要影响因素; 初诊时甘油三酯和血红蛋白水平是肝损伤发生的影响因素; 并发感染的严重程度与分化综合征发生存在相关性。

3、巩固治疗采用去化疗或化疗模式对早期 MRD 清除率无明显差异。

PO-0997

维奈克拉联合全反式维 A 酸治疗变异型急性早幼粒细胞白血病的真实世界研究

李赫、向昕蓉、黄杰、牛挺、马洪兵、张丽、吴俣
四川大学华西医院

目的 观察维奈克拉联合全反式维 A 酸 (ATRA) 治疗变异型急性早幼粒细胞白血病 (Acute promyelocytic leukemia, APL) 患者的真实世界有效性和安全性。

方法 收集 2021 年 1 月至今于四川大学华西医院治疗的变异型 APL 患者初始治疗方案及疗效, 使用维奈克拉联合维 A 酸再诱导的疗效和安全性。

结果 共诊断 5 例变异型 APL 患者, 男女比例 3: 2, 中位年龄 57 岁。起病时有出血表现患者 4 例。起病中位血红蛋白 99g/L, 白细胞 $2.54 \times 10^9/L$, 血小板 $64 \times 10^9/L$, 纤维蛋白原 (Fib) 1.25g/L。5 例患者融合基因 ZBTB16-RARA 2 例, 其它 3 例分别为 STRN3-RARA、TNRC18-RARA、SQSTM1-RARA。5 例患者起病皆使用双诱导治疗, 1 例达到完全缓解, 4 例不能缓解。4 例未缓解患者使用维奈克拉联合维 A 酸方案再诱导, Fib 中位恢复时间 8 天, 均获得完全缓解, 中位达到缓解时间 23 天, 未出现分化综合征。不良反应主要为重度粒细胞缺乏。患者后续治疗均接受巩固化疗, 1 例患者行同胞全相合移植。4 例患者目前皆维持完全缓解状态, 中位生存时间 18.5 个月。1 例双诱导治疗缓解患者, 后续进行 2 程巩固化疗及双诱导维持, 诊断 11 个月后疾病复发, 启动维奈克拉联合维 A 酸方案, 因分化综合征、肺泡出血、肺部感染死亡。

结论 维奈克拉联合维 A 酸方案在双诱导不能缓解的初诊变异型 APL 患者中缓解率高, 安全性较好。

PO-0998

成人 BCR::ABL1 阳性急性淋巴细胞白血病中 IKZF1^{plus} 高危基因型的转录组谱特征

李剑峰、王成、刘炜洋、赵玲玲、严晗、闫宇辰、任佳逸、彭丽君、张佼佼、刘元昉、许捷、章卫平、翁香琴、朱勇梅、井多辉、王瑾、糜坚青
上海血液学研究所，医学基因组学国家重点实验室，国家转化医学中心（上海），上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 IKZF1^{plus} 亚型是成人 BCR::ABL1 阳性急性淋巴细胞白血病（BCR::ABL1+ ALL）的高危群体，长期生存差，复发率高。初步探索该基因型的生物学特征，为后续机制研究奠定基础。

方法 分析自 2014 年 6 月至 2022 年 11 月，上海交通大学医学院附属瑞金医院收治的 137 例初发成人 BCR::ABL1+ ALL 患者，均接受基于酪氨酸激酶抑制剂的标准治疗方案。对所有患者的初发骨髓样本，均使用多重连接探针扩增技术（MLPA）进行 IKZF1^{plus} 基因分型，以及转录组测序探究分子学特征。

结果 基于 MLPA 结果，137 例患者可分为 2 组：49 例 IKZF1^{plus} 组和 88 例 non-IKZF1^{plus} 组。IKZF1^{plus} 组的 3 年累计复发率显著高于 non-IKZF1^{plus} 组（ $P < 0.001$ ）。相较于 non-IKZF1^{plus} 组，IKZF1^{plus} 的外周血 CD3 抗原表达明显下降（ $P = 0.04$ ）。通过转录组分析，IKZF1^{plus} 组的造血干细胞/多潜能祖细胞、髓系祖细胞和各种免疫细胞的比例整体显著降低；造血/免疫功能显著下调，包括 T 细胞活化（TNFSF13B、NOD2 和 CCR2）和免疫系统发展进程（CXCL8、MAP3K8、IL1RN 和 DPP4）。同时，IKZF1^{plus} 组的 PI3K-Akt 和 Ras 信号通路显著上调。此外，IKZF1^{plus} 组具有特定的基因表达特征：TUNAR、GPR68、TAF1、CD24 和 TUBB3 基因显著上调，而 MARCKS、CDKN2A 和 TBL1X 基因显著下调，这可能作为预测 IKZF1^{plus} 高危亚型的基因标记。

结论 本研究首次报道了成人 BCR::ABL1+ ALL 中 IKZF1^{plus} 亚型的独特生物学特征：（1）造血/免疫功能显著下调；（2）白血病细胞增殖信号通路显著上调。

PO-0999

CD19-CAR-T 细胞扩增对 B 系肿瘤患者体内 T 细胞重建的影响

戴兰、梅仁、沈文红、朱子玲、蔡梦洁、平娜娜、钱崇升、何林燕、白霞、朱明清
苏州大学附属第一医院

目的 观察 CD19-CAR-T 细胞治疗 B 系肿瘤中，患者 CAR-T 细胞的扩增和体内非 CAR-T 淋巴细胞亚群的变化。

方法 运用流式细胞术，监测苏州大学附属第一医院接受 CAR-T 细胞治疗的 B-系肿瘤患者，治疗前后的 CAR-T 细胞扩增水平及 T 淋巴细胞亚群的变化。同时根据疗效评估标准，对患者进行分组。

结果 患者 CAR-T 细胞扩增峰值时，完全缓解组和未获得完全缓解组 CAR-T 细胞中辅助/诱导 T 淋巴细胞（CD3+/CD4+/CD8-）和抑制/细胞毒 T 淋巴细胞（CD3+/CD4-/CD8+），无统计学差异；且这两者细胞的各亚群（CCR7+CD45RA+，CCR7+CD45RA-，CCR7-CD45RA+，CCR7-CD45RA-）也均无统计学差异。患者体内的非 CAR-T 细胞 6 个月后 CD4+ 比例低于治疗前水平，其中的亚群 CCR7+CD45RA+，CCR7+CD45RA- 比例恢复至治疗前水平，而 CCR7-CD45RA+ 比例低于治疗前水平；CD8+ 比例 6 个月后恢复至治疗前水平，其中的亚群 CCR7-CD45RA- 的比例恢复至治疗前水平，而 CCR7+CD45RA+，CCR7+CD45RA- 比例仍低于治疗前水平。

结论 CD19-CAR-T 细胞治疗中 CD19-CAR-T 细胞各亚群比例对治疗效果无明显影响。此治疗方案对体内的 T 细胞亚群的影响很大，且体内 T 细胞的重建需要较长时间。

PO-1000

维奈克拉血药浓度与治疗急性髓系白血病疗效的相关性

杨昱霏、吴侯、赵磊
四川大学华西医院

目的 维奈克拉 (VEN) 作为一种 BCL-2 抑制剂, 已在成人急性髓系白血病 (AML) 的治疗中表现出良好的效果。然而, 维奈克拉血药浓度与临床疗效之间的研究尚不充分, 考虑到血药浓度对于用药剂量的指导作用, 本研究旨在分析维奈克拉血药浓度对急性髓系白血病疗效的影响。

方法 本研究回顾性纳入 2021 年至今就诊于四川大学华西医院血液科的 91 例接受 VEN 治疗、疗效数据可得且在疗程内至少接受过 1 次 VEN 血药浓度检测的 AML 患者。统计方法采用二元 logistic 回归分析与 X² 检验, 使用软件 IBM SPSS 26 进行统计学分析。

结果 91 例患者总体缓解率 (ORR) 为 54.9%, 共接受 VEN 血药浓度检测 131 次, 其中 66 人检测 1 次, 25 人检测次数大于 1 次; VEN 中位血药浓度为 1809ng/ml。logistic 回归显示 VEN 血药浓度与疗效的相关性无统计学意义 (P=0.258); 高于中位血药浓度组 (N=49, ORR=55.1%) 和低于中位血药浓度组 (N=42, ORR=54.8%) 间疗效不存在统计学差异 (P=0.974); 对于 VEN 血药浓度大于 4000ng/ml 的高浓度患者 (N=16, ORR=81.3%), 与其他患者 (N=75, ORR=49.3%) 相比疗效差异具有统计学意义 (P=0.020)。

结论 以上结果表明, VEN 血药浓度与 AML 患者的临床疗效之间总体上未显示显著相关性, 中低浓度 VEN 的血药浓度差异对于临床疗效没有显著影响。然而, 高浓度 VEN 在部分患者中显示出统计学上的疗效优势。既往研究未提示浓度与副反应的相关性, 建议 VEN 血药浓度维持在 4000ng/ml 以上以保证较好的 AML 疗效。

PO-1001

**COVID-19 感染对血液病患者预后的影响：
一项单中心回顾性研究**

李志鹏、邓磊、于晓林、宋晓晨、李文君、刘悦、王晶、周芳
解放军第九六〇医院

目的 血液系统恶性肿瘤 (HM) 患者被认为极易感染新型冠状病毒 (COVID-19), 并且感染后的患者过早死亡的风险极高。本研究旨在探讨血液恶性肿瘤患者在感染 COVID-19 后的临床特征和预后。

方法 本研究纳入了同一医疗机构所有已被证实的患有 HM 病史和严重急性呼吸系统综合征冠状病毒 2 型 (SARS-CoV-2) 感染的患者, 对患者的人口统计学和实验室变量进行统一分析。

结果 在 2022 年至 2023 年期间, 共有 110 名感染 COVID-19 的 HM 患者被纳入本研究, 本研究观察到患者的死亡率为 14.5%。其中, 纳入人群的中位年龄为 54 岁 (四分位距为 39-66 岁)。肺部疾病和心脏病是最常见的并发症。急性白血病的发病率和死亡率最为突出。生存期分析表明, AML/MDS 患者的生存期明显短于其他 HM 患者。在单变量和多变量分析中发现, 年龄 60 岁以上和血小板与 HM 患者的 COVID-19 密切相关。

结论 COVID-19 大流行造成 HM 患者大量死亡, 针对这些可改变的风险因素实施相关干预措施可降低患者死亡率。

PO-1002

CD19 CAR-T 细胞疗法治疗异基因造血干细胞移植后 复发 B-ALL 患者的多中心研究

冯晶晶、胡永仙
浙江大学医学院附属第一医院

目的 异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 后复发的急性 B 淋巴细胞白血病 (B-ALL) 患者预后较差。CD19 靶向嵌合抗原受体 T (CAR-T) 细胞已成为一种有力的免疫疗法, 但目前缺乏多中心研究。

方法 我们进行了一项回顾性研究, 总结了我国 4 个中心接受 CD19 CAR-T 细胞治疗的 allo-HSCT 后复发的 B-ALL 患者的临床特征。

结果 共 58 例患者纳入研究, 9 例接受自体 CAR-T 细胞, 49 例接受供者来源 CAR-T 细胞治疗。40 例 (69.0%) 患者获得完全缓解 (CR), 其中 9 例 (22.5%) 出现复发。CAR-T 细胞输注后出现细胞因子释放综合征 (CRS) 46 例 (79.3%), 免疫效应细胞相关神经毒性综合征 4 例 (6.9%), 急性移植物抗宿主病 (aGVHD) 16 例 (27.6%)。单因素及多因素分析提示, CAR-T 细胞治疗后 CRS 等级、D28 时是否达到 MRD 阴性缓解与总生存 (OS) 有关, 性别与无白血病生存 (LFS) 有关, CART 细胞来源及 HSCT 类型等与 OS、LFS、CART 后 CRS 及 aGVHD 无关, 移植后复发时间与 CAR-T 后发生高级别 aGVHD 有关。供体和自体来源的 CAR-T 在安全性和有效性方面没有差异。

结论 CAR-T 细胞疗法对异体造血干细胞移植后复发的 B-ALL 患者安全有效。

PO-1003

颅骨钻孔引流抢救急性早幼粒细胞白血病 合并脑血肿脑疝 1 例报告并文献复习

李倩¹、王如菊¹、陈晓晨¹、高梦¹、王维²、梁佩淇¹、谢妍¹、陈雄辉³、韩悦¹、付建红¹、吴德沛¹

1. 苏州大学附属第一医院血液科
2. 苏州大学附属第一医院康复医学科
3. 苏州大学附属第一医院急诊外科

目的 提高对初诊急性早幼粒细胞白血病 (APL) 合并脑血肿脑疝的认识。

方法 回顾性分析 2021 年 8 月苏州大学附属第一医院收治的 1 例初诊高危 APL 合并脑血肿脑疝患者的临床资料, 并进行文献复习。

结果 该例初诊 APL 患者在诱导治疗早期, 出现神志改变, 经影像学检查明确合并脑血肿和脑疝, 在血液 ICU 经过颅骨钻孔血肿引流、双诱导、成分输血、预防分化、抗感染、中枢神经系统白血病防治等综合管理挽救了其生命并获得无病生存。

结论 APL 患者早期易合并出血并发症, 颅内出血伴有脑疝最为凶险, 死亡率极高, 积极针对本病诱导治疗同时, 选择性通过微创手术血肿清除可以为患者争取最大的存活机会。此外, 针对合并颅内出血的高危 APL 患者, 应在缓解期进行规范的腰穿监测和局部鞘注化疗, 最大限度减少中枢神经系统白血病复发的风险, 改善患者的远期预后。

PO-1004

“六字诀”锻炼在血液科患者重症肺部感染后呼吸功能改善的影响

刘畅

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨六字诀锻炼在血液科患者重症肺部感染后呼吸功能改善的影响。

方法 选择 2020 年 8 月至 2024 年 1 月我院收治的 110 例重症肺部感染患者，随机平均分为两组。对照组采取常规康复锻炼，观察组在对照组基础上采用六字诀锻炼改善呼吸功能。比较两组的症状评分、6 min 步行距离及生活质量和肺功能。

结果 结果：干预后，观察组 m MRC、CAT 评分低于对照组，6 min 步行距离、SGRQ 评分、FEV1、FVC、FEV1/FVC、PEF 均高于观察组(P < 0.05)。

结论：六字诀锻炼可显著改善重症肺部感染患者的症状评分、6 min 步行距离和肺功能，提高其生活质量。

PO-1005

缺氧诱导因子 HIF-1 α 可通过 miR-582-5p 抑制 AML 细胞增殖

王夏曼、冯远栋、白菊、王芳侠、何爱丽

西安交通大学第二附属医院

目的 急性髓系白血病(Acute myeloid leukemia, AML)是一种来源于骨髓造血干/祖细胞(以粒细胞分化抑制及迅速增殖、凋亡抑制为特征的恶性造血系统肿瘤。以往的研究发现，microRNA 在肿瘤发生过程中发挥着多种作用。本文拟寻找可在 AML 细胞增殖过程发挥调节作用的 microRNA 分子并寻找其发挥作用的分子通路。

方法 本研究中我们通过 RT-PCR 验证 miR-582-5p 在不同组 AML 样本和对照中的表达水平并分析其与疾病状态的关系。随后，通过生物信息学分析确定了 HIF-1 α (缺氧诱导因子-1 α , HIF-1 α) 作为 miR-582-5p 的潜在靶点，并通过荧光素酶报告基因实验验证了 miR-582-5p/ HIF1 α 的结合靶点。最后我们通过细胞系体外实验和裸鼠模型验证了成瘤试验进一步验证 miR-582-5p/ HIF1 α 对肿瘤生长的作用。

结果 结论：我们发现，与对照组或完全缓解(CR)患者样本相比，miR-582-5p 在原发性和复发/难治性 AML 样本中的表达水平显著降低。我们在体外通过模拟物过表达 miR-582-5p 可以在 mRNA 和蛋白水平上抑制 HIF1 α 的表达。过表达 miR-582-5p 可显著降低白血病细胞的增殖能力。此外，我们建立裸鼠异种移植模型来证实 miR-582-5p 的功能，发现 miR-582-5p 在体内蛋白和 mRNA 水平上显著抑制 HIF1 α 的表达水平。

结论 综上所述，本研究证实 miR-582-5p 在体外和体内均可通过靶向 HIF1 α 抑制 AML 细胞增殖能力，从而有可能将其作为一个有效的 AML 诊断生物标志物。

PO-1006

荧光原位杂交技术在 BCR-ABL210 阳性急性白血病诊断中的鉴别意义

陈香丽、郭梦露
河南省人民医院

目的 因为部分 BCR-ABL210 阳性 ALL 的疗效相对较 BCR-ABL190 阳性的 ALL 差，为明确 BCR-ABL210 阳性 AL 患者的起病特点，我们应用荧光原位杂交技术（Fish）鉴别 BCR-ABL210 阳性急性白血病的起病特点及判断其能否作为最有效的 MRD 检测指标。

方法 回顾性分析了 3 例急性起病的 BCR-ABL210 阳性急性白血病患者的临床表现及实验室检查，包括 2 例 BCR-ABL210 阳性慢粒急淋变患者，1 例 BCR-ABL210 阳性急性混合细胞白血病患者，应用 Fish 融合基因检测技术鉴别患者白血病细胞及中性粒细胞上 BCR-ABL210 表达情况，鉴别患者是原发急淋或是慢粒急淋变，为患者后续治疗及 MRD 检测提供指导意见。

结果 3 例患者均急性起病，骨穿及流式中均可见幼稚细胞，BCR/ABL210 融合基因阳性，且无明显巨脾、肝肿大、白细胞瘀滞等典型慢粒病史，初诊考虑 ph+急性淋巴细胞白血病。例 1 先后予以“VDCP/CAM/HD-MTX+6-MP+达沙替尼、Hyper-CVAD-A/B”等方案化疗，因 BCR/ABL210 融合基因持续不转阴遂行 Fish 检测初诊时的骨髓图片，在中性粒细胞中可见 BCR-ABL210 基因融合阳性，比例 60%。例 2 中 BCR-ABL 210 融合基因高达 150.70%，Fish 检测中共分析粒细胞 30 个，原幼淋巴细胞 25 个，均可见 BCR 与 ABL 基因融合。例 1 与例 2 最终确诊为 ph+慢粒急淋变，这两例 MRD 检测不能仅仅依靠 BCR-ABL210。例 3 患者骨髓中见大量原幼细胞，流式中检测到淋系及髓系双表达，完善 Fish 检测提示粒细胞中 BCR/ABL 基因不融合，原始细胞中可见 BCR/ABL 融合基因，诊断为 ph+急性混合细胞白血病，患者的治疗是兼顾髓系及淋系的化疗方案，其 MRD 可以依靠 BCR-ABL210 进行评估。

结论 非典型慢粒急淋变与急淋患者的临床特征相似，鉴别困难，应用 Fish 融合基因检测技术有助于尽早诊断及 MRD 检测的选择，同时其在混合性白血病中也具有一定的鉴别意义。

PO-1007

氟马替尼与尼洛替尼一线治疗初治慢性髓系白血病慢性期的疗效及安全性比较

杨松凡、文钦、张曦
陆军军医大学第二附属医院

目的 比较慢性髓系白血病慢性期(CML-CP)患者一线应用氟马替尼与尼洛替尼治疗的有效性 & 安全性。

方法 从 5 家医院收集 2014 年 2 月至 2024 年 1 月一线使用氟马替尼 109 例、尼洛替尼 82 例的初治 CML-CP 患者，比较 3、6 和 12 个月时最佳反应率、早期分子学反应（EMR）、完全细胞遗传学缓解（CCyR）率、主要分子学反应（MMR）率、完全分子学反应（DMR）率及不良反应。

结果 氟马替尼组与尼洛替尼组在治疗 3、6、12 个月时最佳反应率分别为 92.6%vs86.5%（ $P=0.165$ ）、92.1%vs93.4%（ $P=0.735$ ）；80.2%vs72.0%（ $P=0.773$ ），均无显著差异。在治疗 12 个月时氟马替尼与尼洛替尼组 DMR 率为 48.8%vs47.3%（ $P=0.846$ ）。氟马替尼与尼洛替尼组患者达到 CCyR 的中位时间均为 3 个月(3-12 个月)，3 个月 CCyR 率为 86.2%(94/109)VS73.2%(60/82)（ $P=0.591$ ），1 年累积 CCyR 率为 96.3%VS96.3%($P=0.654$)，1 年 EFS 率为 90.8vs96.3%($P=0.112$)。氟马替尼及尼洛替尼一线治疗时的不良反应多为轻度，可耐

受。氟马替尼组最常出现不良反应为腹泻(9.2%)，尼洛替尼组出现肝功能受损(37.8%)及皮疹(13.4%)。

结论 氟马替尼相较于尼洛替尼一线治疗 CML-CP 患者在取得 EMR、CCyR、MMR、12 月的 DMR 等方面无明显差异。不良反应方面氟马替尼及尼洛替尼多为轻度，可耐受，但氟马替尼出现腹泻比例较高，而尼洛替尼肝功能损害及皮疹发生率显著高于氟马替尼组。

PO-1008

经转录组测序诊断的 PICALM::MLLT10 融合基因阳性急性非淋巴细胞白血病临床特征

夏晶、胡晓慧、赵晔、马骁、吴德沛、陈苏宁、陈峰
苏州大学附属第一医院

目的 探讨 PICALM::MLLT10 (P/M) 融合基因阳性急性非淋巴细胞白血病 (ANLL) 的临床及实验室特征。

方法 回顾性病例系列研究。收集 2017 年 6 月至 2023 年 4 月在苏州大学附属第一医院经转录组测序 (RNA-seq) 诊断的 9 例 P/M+ ANLL 患者的临床资料，分析其实验室检查结果及治疗情况，采用 Kaplan-Meier 法进行生存分析。

结果 9 例患者中男性 7 例，女性 2 例，年龄 16~36 岁，中位数 27 岁。绝大多数患者血小板计数正常，少数患者存在轻、中度贫血。临床表现多数表现为纵隔肿块、肝脾肿大。按照 WHO 分型，急性髓细胞白血病 (AML) 7 例，急性混合细胞白血病 (MPAL) 2 例(均为 B/T 表达)。核型分析发现异常核型 7 例，其中复杂核型 5 例，4 例检出 t(10;11)异常。9 例患者诱导化疗完全缓解率为 88.9%，2 例患者出现早期复发。全部患者后续均接受异基因造血干细胞移植，随访时间 63~792 天，中位数 319 天，9 例患者中 5 例存活，死亡 4 例，均为 AML 患者，死因为复发。共有 3 例患者在移植后 P/M 再次阳性，中位检出时间为移植后 90 (65~105) d，从 >0.001% 开始到形态学复发中位时间为 40 (33~50) d。复发与死亡只发生于移植后 P/M 阳性组中。移植后 1 年总生存 (OS) 率为 40%。

结论 P/M+ANLL 发病年龄小，复杂核型比例高，allo-HSCT 可部分改善 P/M+ ANLL 预后，移植后 P/M 阳性可预警复发，复发是影响生存的重要因素。

PO-1009

急性淋巴细胞白血病诱导化疗后 MRD 水平和缓解后治疗策略对预后的影响

李沛沛¹、房孝生¹、孙雪¹、史雪²、刘小倩³、姜玉杰¹、隋潇徽¹

1. 山东第一医科大学附属省立医院
2. 青岛大学附属医院
3. 烟台毓璜顶医院

目的 急性淋巴细胞白血病 (ALL) 具有极高的异质性，区分高危患者并选择适当的治疗方法值得进一步研究。我们分析了不同亚组患者缓解后治疗 (PRT) 与预后之间的关系，试图探讨根据 MRD 水平制定治疗策略的可能性。

方法 统计自 2014.1 至 2021.12 新发 ALL 且接受 VDP/VIP 方案诱导治疗的患者。根据 PRT 是化疗或移植分为 CMT 组和 SCT 组，据流式 MRD 结果分四组 (A 1 疗程 MRD 阴性 (MRD1-/MRD2±/MRD3±)；B 2 疗程 MRD 阴性 (MRD1+/MRD2-/MRD3±)；C 3 疗程 MRD

阴性 (MRD1+/MRD2+/MRD3-)；D 3 疗程 MRD 仍阳性 (MRD1+/MRD2+/MRD3+)。Fisher 及 Mann-Whitney U 检验用于组间变量分析。Kaplan-Meier 法进行生存分析。

结果 CMT 组 112 例，SCT 组 70 例。单因素分析显示，1 疗程后获得 CR、MRD 阴性、标危并选择移植作为 PRT 的患者有更好的总生存 (OS) 和无病生存率 (DFS)。多因素分析表明，只有 MRD3 是否 <0.01% (P=0.024) 和 PRT (P=0.021) 对 OS 及 DFS 有影响。MRD2+ (P=0.036) 和 CMT (P=0.000) 组的复发率较高。进一步研究证实 MRD1-患者选择移植作为 PRT 不会影响总死亡率 (P=0.673)、非复发死亡率 (NRM) (P=1.000) 或 5 年 OS (P=0.176)，只有复发是 OS 的独立危险因素。复发时 CMT 组 MRD1-患者的诱导缓解率和生存率高于 SCT 组患者。在 MRD1+患者中，SCT 组在复发率、死亡率和复发相关死亡率方面具有优势。

结论 初次诱导后达到 MRD-的患者单独使用化疗可以获得较好的疗效，且复发时再缓解率高，移植可作为二线选择。

PO-1010

抢先应用 CXCR4 拮抗剂提高急性髓系白血病 自体造血干细胞动员效率

陈果、谭栩、马影影、王买红、卓定君、陈思羽、文钦、刘红、张诚、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 自体干细胞移植 (ASCT) 是急性白血病 (AL) 巩固治疗的重要方法。由于累积的高剂量化疗导致骨髓储备能力下降，白血病患者自体造血干细胞动员失败并不罕见。CXCR4 拮抗剂普乐沙福已被证实可促进淋巴瘤及骨髓瘤患者自体造血干细胞动员，但因其潜在的干细胞污染可能，极少用于急性白血病患者。

方法 我们回顾性分析了 9 例急性白血病患者，其中 6 例为急性髓细胞白血病 (AML)，3 例急性淋巴细胞白血病 (ALL)。其中，7 例为新诊断患者。经固定剂量为 12mg 的 PEG-rhG-CSF 动员后第 4 天 CD34+细胞 <20/μl，给予 CXCR4 拮抗剂抢先干预，探索其安全性和有效性。CXCR4 拮抗剂按说明书在采集前 11 小时使用。

结果 根据欧洲白血病网的标准，4 名患者为预后不良组，3 名患者为中危组，2 名患者分至低危组。干细胞采集前接受化疗的中位周期数为 4 周期 (范围 3-19)。其中 2 名患者为首次动员失败后再次动员。7 名患者进行了 2 天的干细胞单采。最后，9 例中有 8 例最终干细胞采集达标，经流式细胞术检测，所有采集物均为可测量的残余疾病 (MRD) 阴性。目前已有近一半的患者接受了 ASCT，中性粒细胞恢复 (>0.5×10⁹/L) 中位时间为 12 天 (范围 9-14 天)，血小板重建 (>20×10⁹/L) 的中位时间为 14.5 天 (范围 9-32 天)。所有患者均存活，但其中两名患者在 ASCT 后复发。

结论 我们的小样本回顾性分析提示，CXCR4 拮抗剂的抢先干预可安全有效提高急性白血病患者自体外周血造血干细胞动员成功率。联合使用普乐沙福的患者外周血中 CD34+细胞的百分比增加更为显著，目前没有显示出统计学差异，这可能是由于病例数有限导致，扩大样本量有助于进一步探索 CXCR4 拮抗剂联合粒细胞集落刺激因子在 AL 患者自体造血干细胞动员中的安全性及有效性。

PO-1011

伴有 TP53 突变及复杂核型的 R/R-AML1 例治疗体会并文献复习

陈香丽、李云凡
河南省人民医院

目的 观察塞利尼索、维奈克拉、地西他滨、吉瑞替尼（X-VDG 方案）联合化疗及亲缘半相合异基因造血干细胞移植治疗伴 TP53 突变复发难治急性髓系白血病（Acute myeloid leukemia, AML）的临床疗效。

方法 对河南省人民医院 1 例采用 X-VDG 方案化疗及亲缘半相合异基因造血干细胞移植治疗伴 TP53 突变及复杂核型的复发难治 AML 患者的诊疗情况进行分析，并复习相关文献。

结果 患者男，34 岁，诊断为急性髓系白血病（复杂核型，TP53 突变阳性，FLT 突变阳性，预后不良组），乙型病毒性肝炎。行 HA+V、AV 化疗后获得完全缓解，后行 HAV 方案化疗 1 周期后复查骨髓细胞形态学提示疾病复发，应用 X-VDG 方案后复查骨髓获得 CRi，等待移植仓期间因未药物治疗再次复发后行亲缘半相合异基因造血干细胞移植，获得完全缓解，移植后 2 月后基因全转阴，目前应用吉瑞替尼维持治疗。

结论 X-VDG 方案及亲缘半相合异基因造血干细胞移植治疗伴 TP53 突变及复杂核型的复发难治 AML 疗效确切，具有潜在应用价值。

PO-1012

昼夜节律相关基因对急性髓系白血病的预后意义

金晶、封蔚莹
绍兴市人民医院

目的 明确昼夜节律相关基因是否与急性髓系白血病的预后有相关性。

方法 为了寻找与昼夜节律相关的预测标签，我们分析了 TCGA 和 GEO 队列中急性髓系白血病患者的 RNA-seq 数据，我们从 GeneCards 数据库和 MSigDB 数据库收集了昼夜节律相关基因，通过单样本基因富集分析法计算出 TCGA 与 GEO 两个数据集中高低昼夜节律评分组之间的差异表达基因。数据集 TCGA-LAML 的差异表达基因（DEGs）与 CRRGs 取交集并绘制韦恩图。然后进行差异基因功能富集分析（GO）、通路富集（KEGG）分析、蛋白质-蛋白质互作网络分析、构建昼夜节律诊断模型，最后进行预后临床分析。

结果 1、为得到 Circadian rhythm 相关差异表达基因（Circadian rhythm-related differentially expressed genes, CRRDEGs），我们对数据集 TCGA-LAML 中得到的全部 $|\log_{2}FC| > 0$ 且 $P.value < 0.05$ 的 DEGs 和 CRRGs 取交集，共得到 96 个 CRRDEGs 并绘制了韦恩图。

2、通过 GO 分析结果显示 96 个 CRRDEGs 主要富集在 circadian rhythm（GO: 0007623），regulation of circadian rhythm（GO: 0042752）等生物学过程，transcription factor complex（GO: 0005667），ribonucleoprotein granule（GO: 0035770）等细胞组分，enhancer binding（GO: 0035326），promoter-specific chromatin binding（GO: 1990841）等分子功能中。KEGG 富集分析的结果主要在 Circadian rhythm（hsa04710），TGF-beta signaling pathway（hsa04350）等分子通路中。

3、GSEA 分析结果显示数据集 TCGA-LAML 中的所有基因显著富集在 Notch pathway, MAPK pathway, Wnt pathway, TGFbeta pathway 等通路中。GSVA 分析结果显示 TGFbeta pathway, WntBETA pathway, Hedgehog pathway 这些基因集在数据集 TCGA-LAML 中急性髓系白血病样本中不同分组（High/Low）间显示出差异。

4、我们用 lasso 回归构建诊断模型，其中有 40 个昼夜节律差异相关基因。绘制生存曲线后得到 12 个有预后意义的基因，排除不相关后的 9 个基因表达量与临床预后存在相关性。

结论 某些昼夜节律相关基因与急性髓系白血病的临床预后存在相关性。

PO-1013

HDAC2-induced epigenetic silencing of DACT3 promotes tumor growth and drug resistance in acute myeloid leukemia

Duanfeng Jiang¹, Qiuyu Mo¹, Haigang Shao², Hong Chen¹, Min Dong³, Jie Yang¹, Wenyuan Lin⁴, Guoran Xie¹, Chang Liu¹, Fangping Chen²

1. The Fourth Affiliated Hospital of Guangxi Medical University
2. the Third Xiangya Hospital, Central South University
3. The second Affiliated Hospital of Hainan Medical University
4. Affiliated Hospital of Guilin Medical University

Objective Dishevelled-binding antagonist of beta-catenin (DACT) is a potential Wnt antagonist and tumor suppressor gene, however, its role in acute myeloid leukemia (AML) remains unknown.

Methods In present study, we conducted the first multidimensional analysis of the expression of DACT gene in 142 AML patients with myeloid leukemia cells and 6 AML cell lines in our center through RNA seq, qRT-PCR, Western blotting analysis as well as TCGA database analysis, and DACT3 was identified as the only DACT gene with low expression and differential expression. The clinical significance of DACT3 was analyzed by combining clinical data from our center and online databases. In vitro and in vivo experiments such as CCK8 growth inhibition assay, soft agar clone formation, flow cytometry, virus transfection or RNA interference gene knockdown and overexpression were conducted to further investigate the biological function of DACT3 and its impact on the sensitivity of azacitidine therapy. The Wnt/ β -catenin signaling inhibitory effect of DACT3 was identified through dual luciferase reporter assay and cellular immunofluorescence. Finally, the possible regulatory mechanism of low expression of DACT3 was explored through experiments such as ChIP analysis.

Results Compared with DACT1 and DACT2, DACT3 was identified as playing a critical role in AML. Here, we found that DACT3 was frequently downregulated in AML and was associated with higher BM blasts, FLT3/DNMT3A mutations, and worse prognosis. Further studies revealed that as a Wnt/ β -catenin signaling inhibitor, DACT3 downregulation promoted AML cell survival and increased resistance to azacitidine-induced apoptosis. Subsequently, we further explored the regulatory mechanism of DACT3. Our results suggested that DACT3 was inhibited by histone deacetylase 2 (HDAC2), which acted by preventing the binding between transcription factor (E2F1) and the DACT3 promoter. More importantly, HDAC2 inhibitor chidamide restored DACT3 transcription and produced a synergistic effect with azacitidine in elevating DACT3, promoting apoptosis in both in vitro and in vivo AML models.

Conclusion In conclusion, present study not only highlight an important role of DACT3 in AML progression and drug resistance, but also reveal new regulatory mechanisms of DACT3, which provide a promising therapeutic strategy by targeting DACT3 dysregulation in AML.

PO-1014

慢性髓细胞白血病急变期基因突变 与 BCR::ABL1 转录本下降速率相关性分析

韩聪、姚瑶

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨慢性髓细胞白血病急变期（CML-BP）基因突变与 BCR::ABL1 转录本下降速率的关系。

方法 回顾性分析 38 例 CML-BP 患者基因突变谱（NGS 法），统计基因突变频率和突变位点。用泊松回归分析突变数量与 BCR::ABL1 转录本下降速率的关系。

结果 34 例 CML-BP 患者（34/38，89.47%）检出 71 个基因突变（1 类和 2 类突变），涉及 26 个基因、62 个基因突变位点。基因突变类型包括错义突变、无义突变、移码突变、插入或缺失和剪接位点突变。其中 10 个基因突变是重现性突变，ABL1(118.31%)、RUNX1(18.31%)、ASXL1(18.31%)、STAG2（4.23%）、BCORL1（4.23%）、WT1（2.82%）、SETD1B（2.82%）、IDH1（2.82%）、IDH2（2.82%）、BCOR（2.82%）。34 例 CML-BP 患者中，1 例患者有 6 个突变位点、1 例患者 5 个突变位点、2 例患者 4 个突变位点、6 例患者 3 个突变位点、10 例患者 2 个突变位点、14 例患者 1 个突变位点。泊松回归分析显示 CML-BP 患者基因突变位点数量与 1 个月、2 个月和 3 个月时 BCR::ABL1 转录本下降速率呈负相关，回归系数分别为 0.349、0.506 和 0.760。

结论 CML-BP 患者发生基因突变的数量与 BCR::ABL1 转录本下降速率呈负相关。

PO-1015

TMEM217 棕榈酰化调控 AML 发生发展的机制研究

夏治洲

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 1) 探索棕榈酰转移酶对 TMEM217 棕榈酰化调控作用；2) 进一步阐明 TMEM217 棕榈酰化的精细分子调控机制；3) 筛选靶向 TMEM217 棕榈酰化修饰的抑制剂。

方法 1、系统性筛选介导 TMEM217 棕榈酰化的棕榈酰转移酶（PAT）（1）利用 RT-qPCR 技术，在多个 AML 细胞检测 23 个 ZDHHC 表达情况，与 TCGA、GTEx 等数据库中人类骨髓样品的数据进行比对，优先筛选出在人 AML 细胞系及骨髓中稳定表达的 ZDHHC。（2）筛选敲低后令 TMEM217 膜定位紊乱的 ZDHHC。（3）建立稳定表达或敲除该 ZDHHC 的细胞株。

2、探索该 ZDHHC 对 TMEM217 功能的调控作用。（1）探索 ZDHHC 对 TMEM217 蛋白质质的作用，包括免疫荧光、WB 等检测亚细胞定位、蛋白代谢及稳定性等方面。（2）利用高通量药物筛选平台，筛选敲除该 ZDHHC 后敏感性变化的药物。体内、体外分别验证药物效果。

结果 1、TMEM217 在 AML 存在棕榈酰化修饰，且棕榈酰化明显影响其定位及稳定性

2、TMEM217 的棕榈酰化减弱会导致 AML 细胞系增值速度加快

3、TMEM217 的棕榈酰化由 ZDHHC 调控

结论 1、TMEM217 在 AML 存在棕榈酰化修饰，且棕榈酰化明显影响其定位及稳定性

2、TMEM217 的棕榈酰化减弱会导致 AML 细胞系增值速度加快

3、TMEM217 的棕榈酰化由 ZDHHC 调控

PO-1016

分级护理干预在急性白血病化疗后口腔溃疡患者中的应用

贾韵名

北京高博博仁医院

目的 目的:观察分级护理干预在急性白血病化疗后口腔溃疡患者护理中的应用效果。

方法 方法:选取 2023 年 5 月~2024 年 3 月 进行化疗的急性白血病患者 100 例作为研究对象。所有患者均在化疗后出现不同程度的口腔溃疡,按照随机数字表法分为对照组和观察组,每组 50 例。对照组给予常规护理干预,包括心理护理、饮食指导、感染预防、安全管理及管道护理等内容。干预至患者出院时进行效果评估。观察组在对照组的基础上给予分级护理干预。具体内容如下:评估:根据世界卫生组织 (WHO)骨髓抑制及口腔黏膜炎分级、发热、恶心呕吐、便秘 分级标准进行毒副反应评估。根据评估结果制定不同的分级护理计划。执行:根据评估结果,给予患者分级护理干预,内容主要包括出血预防和管理,感染预防和管理,安全管理,饮食管理,维持口腔健康,协助进食、洗漱、如厕,发热管理,恶心呕吐管理,高白细胞管理,疼痛管理等,每个护理干预内容根据评估结果进行分级处置。比较两组口腔溃疡改善情况、溃疡疼痛程度及住院时间。

结果 结果:干预后,两组口腔溃疡分级均明显改善,且观察组口腔溃疡分级优于对照组。差异有统计学意义, $P<0.05$;两组溃疡疼痛评分均明显下降,且观察组疼痛评分低于对照组、差异有统计学意义, $P<0.05$;观察组住院时间短于对照组,差异有统计学意义, $P<0.05$ 。

结论 结论:分级护理干预的应用可有效促进急性白血病化疗后口腔溃疡患者症状的改善,减轻患者疼痛,提高其生存质量。

PO-1017

Ningetinib 一种新型 FLT3 抑制剂可以克服急性髓系白血病继发性耐药突变。

王培鸿、胡楚红、王顺清

广州市第一人民医院

目的 FLT3-ITD 是急性髓系白血病 (AML) 中最常见的突变,并且与不良预后相关。随着分子诊断和小分子激酶抑制剂的发展,携带 FLT3-ITD 突变的 AML 患者的生存期得到一定的延长,但是复发和耐药仍然是我们现在所面临的巨大的挑战。Ningetinib 是一种多靶点激酶抑制剂,我们的研究首次揭示了 ningetinib 在 AML 中可靶向 FLT3,在体内及体外抑制白血病进展,并克服“看门人”突变 F691L 引起的耐药,效果优于现有临床获批药物 gilteritinib 和 quizartinib。

方法 用表达 FLT3-ITD 突变的 AML 及 BaF3 细胞系进行细胞增殖实验验证 ningetinib 在体外抗肿瘤活性。Western Blot 检测 FLT3 蛋白及下游信号通路蛋白。分子对接及细胞热位移实验证明 ningetinib 与 FLT3 蛋白的相互作用关系。在 Ba/F3-FLT3-ITD 和 Ba/F3-FLT3-ITD-F691L 小鼠模型中验证 ningetinib 的抗肿瘤活性。最后,检测病人来源的原代细胞增殖活性再次验证 ningetinib 的抗肿瘤活性。

结果 Ningetinib 可靶向抑制携带 FLT3-ITD 突变 AML 细胞株的增殖,促进凋亡,阻滞细胞周期,并抑制 FLT3 蛋白及下游通路蛋白的磷酸化。Ningetinib 在耐药细胞株,特别是 F691L 突变细胞中亦能抑制其增殖,并抑制 FLT3 蛋白及下游蛋白的磷酸化。在 Ba/F3-FLT3-ITD 和 Ba/F3-FLT3-ITD-F691L 小鼠模型中 ningetinib 显著抑制白血病细胞浸润,延长小鼠的生存期,结果优于现有临床获批药物 gilteritinib 和 quizartinib。Ningetinib 抑制携带 FLT3-ITD 突变患者来源原代细胞的增殖,并同样抑制 FLT3 及下游通路蛋白的磷酸化。

结论 我们的研究证明 ningetinib 对携带 FLT3-ITD 突变 AML 的治疗效果，为患者提供新的治疗策略。

PO-1018

Chemotherapy-free treatment of VAF induces early and deep molecular response in patients with newly diagnosed Philadelphia chromosome-positive acute lymphoblastic leukemia: a prospective, single-center, single-arm, phase 2 trial

Xiaowen Tang, Mengyun Li
苏州大学附属第一医院

Objective Preclinical studies suggest that venetoclax and azacitidine have anti-leukemic activity in Philadelphia Chromosome-Positive acute lymphoblastic leukemia (Ph+ALL) and may synergize with TKIs. Accordingly, we performed a prospectively trial to investigate the efficacy and safety of the combination of venetoclax, azacitidine and flumatinib (VAF) in newly diagnosed adult patients with Ph+ALL.

Methods Patients aged 18-65 years with a confirmed diagnosis of newly diagnosed Ph+ALL were eligible for inclusion in this investigator-initiated, single-center, single arm, phase 2 trail. The primary endpoint was complete molecular response (CMR) rate after two cycles of VAF. Secondary end points included adverse events (AEs), overall survival (OS), relapse-free survival (RFS), and cumulative incidence of relapse (CIR).

Results Twenty patients were enrolled. 18 (94.7%) patients had major molecular response (MMR) or better after two cycles of VAF, and the CMR rate was 78.9%. Meanwhile, VAF was well tolerated with mild myelosuppression and rapid recovery of hemopoiesis. Common hematologic AEs \geq grade 3 were neutropenia (9 [45%]), thrombocytopenia (4 [20%]), anemia (3 [15%]) in cycle 1. The median time for thrombocytopenia, anaemia and neutropenia recovery were 2, 2.5 and 4 days, respectively. Patients received the second cycle of VAF in Day ward, except 2 (11%) were hospitalized for pneumonia and transfusion supports. With a median follow-up of 15.9 months (range 8.9-22.8 months), the estimated 2-year OS, RFS, and CIR were 88.7%, 77.5% and 22.5%, respectively.

Conclusion The chemotherapy-free combination of venetoclax, azacitidine and flumatinib induced rapid and deep responses in newly diagnosed adult patients with Ph+ALL. In addition, VAF may also provide a Day-Clinic treatment modality for induction and early consolidation in Ph+ALL patients due to its well-tolerance.

PO-1019

利妥昔单抗联合 CAR-T 治疗可改善复发/难治性 B 细胞急性淋巴细胞白血病 (r/r B-ALL) 患者的临床结果

李杨子、崔庆亚、刘思宁、刘玲玲、酆梦云、高君、李正、崔巍、朱霞明、康立清、俞磊、吴德沛、唐晓文
苏州大学附属第一医院

目的 尽管嵌合抗原受体 T 细胞疗法近年来取得了巨大进展，仍有约 50% 的复发/难治性 B 细胞急性淋巴细胞白血病 (r/r B-ALL) 患者在接受 CAR-T 治疗后 6 个月出现复发。30% 至 50% 的 B-ALL 表

达 CD20, 使得利妥昔单抗成为一种潜在的治疗策略, 在化疗方案中加入利妥昔单抗已被证明可以改善 CD20 阳性 ALL 的预后。然而, 很少有研究探讨利妥昔单抗联合 CAR-T 疗法的影响。

方法 我们回顾性分析了 20 例接受 CAR-T 治疗的 r/r B-ALL 患者, 所有患者均经多线治疗失败。在 CAR-T 输注前, 我们采用利妥昔单抗对 10 例 CD20 高表达的患者进行治疗, 剂量为 375mg/m²/天。同时, 我们选择了 10 例在同一时期接受了 CAR-T 治疗, 但没有使用利妥昔单抗的患者作为对照组。在体外通过流式细胞术检测采用利妥昔单抗联合 CAR-T 细胞对白血病的杀伤情况以及 CAR-T 表面分子表达情况。

结果 利妥昔单抗组和对照组的中位随访时间分别为 29.27 个月和 9.83 个月。我们发现, 利妥昔单抗组相比于对照组可能带来更有利的预后。利妥昔单抗组的 2 年总生存率 (OS) 和无白血病生存率 (LFS) 均较长 (90% vs. 26.7%, $p = 0.0342$; 41.7% vs. 25%, $p = 0.308$)。在体外实验中, 我们观察到经利妥昔单抗处理的肿瘤细胞对于 CAR-T 细胞的杀伤变得更为敏感, 并且当经利妥昔单抗处理的 Nalm-6 细胞与 19-22CAR-T 细胞共培养时, 会释放细胞因子和趋化因子, 如干扰素- γ (IFN- γ)、肿瘤坏死因子- α (TNF- α) 和白细胞介素-2 (IL-2)。为了探究利妥昔单抗是否对 CAR-T 细胞的持久性有影响, 我们在体外多次使用经利妥昔单抗处理的 Nalm-6 细胞刺激 CAR-T 细胞, 以评估不同时间点 CAR-T 细胞表面耗竭分子的变化。我们发现, 利妥昔单抗组的 CAR-T 细胞上耗竭分子 (LAG-3、PD-1、TIM-3) 的表达显著低于对照组。

结论 利妥昔单抗联合 CAR-T 疗法对于治疗多线治疗失败的 B-ALL 患者长期预后有利。在体外实验中, 我们观察到利妥昔单抗可能通过使 ALL 对 CAR-T 介导的细胞毒性敏感并减少 CAR-T 细胞耗竭来提高 CAR-T 的疗效。

PO-1020

Sequential infusion of anti-CD19 and anti-BCMA chimeric antigen receptor T-cells for Refractory Immune-mediated Platelet Transfusion Refractoriness

yunju ma, Qingya Cui, Chunxiu Yang, Wei Cui, Mengyun Li, Zheng Li, Haiping Dai, Liqing Kang, Lei Yu, Min Jiang, Depei Wu, Xiaowen Tang

National Clinical Research Center for Hematologic Diseases, Jiangsu Institute of Hematology, The First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, China.

Objective Immune-mediated platelet transfusion refractoriness (iPTR) represents a challenging, high-cost, and life-threatening problem among patients with hematological malignancies. Refractory iPTR (riPTR), which exhibits resistance to therapeutic plasma exchange and rituximab, may result from incomplete elimination of allo-specific B cells and long-lived plasma cells. Therefore, sequential anti-CD19 and anti-B cell maturation antigen (BCMA) chimeric antigen receptor (CAR) T-cells were used to treat riPTR.

Methods This prospective single-arm, phase 1/2 trial aims to evaluate the efficacy and safety of CAR T-cell treatment.

Results Twelve patients with riPTR received CAR T-cell treatment with a median follow-up of 33.5 (range, 13.5-34.5) months. The median of the maximum mean fluorescence intensity value of anti-human leukocyte antigen (HLA) antibodies in each patient before and 4 months after CAR T-cell infusion were 15319 (range, 10807-20374) and 1369 (range, 997-2923), respectively ($P=0.0001$). The medians of the amount of platelet transfusions within 7 days and the duration of platelet count below $10 \times 10^9/L$ were significantly lower after the CAR T-cell therapy ($P = 0.0002$, $P = 0.001$). RiPTR was completely corrected in all patients and never occurred during subsequent chemotherapy or transplantation. All patients who underwent transplantation achieved successful neutrophil and platelet engraftment. No patient developed grade ≥ 3 cytokine release syndrome. All patients experienced grade ≥ 3 cytopenia. Only 2 patients (16.7%) experienced infection. All adverse events were reversible and manageable.

Conclusion CAR T-cell therapy could be well-tolerated and highly effective in overcoming rIPTR and eradicating allo-antibodies, making it applicable to antibody-mediated diseases.

PO-1021

叙事护理对白血病患者负性情绪及生活质量的影响

娄欣霞

河南省儿童医院

目的 探讨叙事护理对白血病患儿的焦虑、抑郁及生活质量的影响。

方法 将某三级甲等儿童专科医院住院病房在 120 例白血病患者随机分为对照组和试验组各 60 例，对照组采用常规护理，试验组在对照和组的基础上实施叙事护理干预，干预前和干预后 8 周采用焦虑自评一量表(SAS)、抑郁自评量表(SDS)、儿童白血病生存质量调查表进行评价。

结果 干预 8 周后，实验组 SAS,SDS 生存质量调查表痛苦感等得分低于对照组。

结论 将叙事护理应用于白血病患者护理中，可减轻病人焦虑、抑郁等负性情绪，提高病人的生活质量。

PO-1022

面向间接 IF 和 FISH 的智能化病理染色技术

刘智勇

华中科技大学

目的 免疫荧光(IF)技术包括直接和间接两种，间接 IF 灵敏度高，在肿瘤标志物、蛋白质等生物活性物质测定方面也有广泛应用；荧光原位杂交(FISH)技术在淋巴瘤等领域有广泛应用。而目前无论是 IF 还是 FISH 均主要依赖于人工染色，此过程需要使用多种实验仪器和试剂，操作繁琐且极易出错，易出现人工染色误差，重复实验结果不一致的情况。此外，还将大量消耗人力物力资源，检测效率受到了极大限制。基于此背景，亟需开发全自动 FISH 的染色设备以提升科研人员和检测人员的工作效率。

方法 研究组自主研发了国内首台面向间接 IF 和 FISH 的智能化病理染色系统，包括一体化操作台面、全自动机械手臂、人性化操作界面、智能化传感系统以及高端工业外观设计等。

结果 该技术可同时对血液、组织等样本进行间接 IF 的打孔、封闭、一抗孵育、洗涤、二抗孵育、固定、封片全流程批量处理以及 FISH 的脱蜡、洗涤及变性、杂交、染色等，彻底摆脱手工操作，单批次可选六种荧光探针/抗体，具备微升级控制精度，可实现独立控制。

结论 该技术的指标满足检测要求，已在武汉血液中心等多家机构应用，助力科研和检测工作的顺利开展。

PO-1023

Prognostic value of the co-stimulatory molecule OX40 expression in Extranodal Natural killer/T-cell Lymphoma

Ziyuan Shen, Wei Sang
The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

Objective To explore the clinicopathological features and the prognostic values of the co-stimulatory molecules OX40 and the inducible T-cell co-stimulator (ICOS) in Extranodal Natural Killer/T-cell Lymphoma (ENKTL).

Methods A total of 82 participants (median age 51 years, 26.8% female) were included in this study. OX40 and ICOS expression was detected using immunohistochemistry on paraffin-embedded sections. The level of OX40 and ICOS expression was categorized into negative and positive groups. Kaplan-Meier analysis was used to estimate the probability of survival rates, and group comparisons were made using the Log-rank test.

Results Positive staining for OX40 and ICOS was observed in 64 (78.0%) and 48 (58.5%) cases, respectively. The main group differences between OX40-positive and OX40-negative were in the CA stage, KPI, CD68, PD1, PDL1, and CD152. Patients exhibiting positive OX40 expression demonstrated a statistically significant improvement in survival compared to the negative group ($P < 0.001$). While no statistically significant survival difference was observed between ICOS-negative and ICOS-positive patients ($P = 0.760$). The expression of OX40 was a favorable prognostic indicator for ENKTL patients (Hazard Ratio = 0.049, 95% confidence interval: 0.009-0.285, $P < 0.001$) in multivariable analysis.

Conclusion The positive expression of OX40 was significantly associated with superior prognosis in ENKTL.

PO-1024

Clinicopathological analysis of immunohistochemical CD47 and signal-regulatory protein- α expression in Extranodal Natural killer/T-cell Lymphoma

Ziyuan Shen, Wei Sang
The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

Objective The interaction between CD47 and signal-regulatory protein-alpha (SIRP α) inhibits phagocytosis, and their clinicopathological characteristics have been evaluated in various diseases. However, the significance of CD47 and SIRP α expression, as well as the combined effect, in Extranodal Natural killer/T-cell Lymphoma (ENKTL) remains uncertain.

Methods In total, 76 newly diagnosed ENKTL patients (mean age 49.9 years, 73.7% male) were included in this study. CD47 and SIRP α expression were examined by immunohistochemistry. Survival analyses were conducted through Kaplan-Meier curves and the Cox regression model.

Results Seventy-one (93.4%) cases were categorized as the CD47 positive group and 59 (77.6%) cases were categorized as the SIRP α positive group. CD47-negative cases had more advanced-stage illness ($P=0.001$), while SIRP α -positive cases showed significantly lower levels of high-density lipoprotein ($P<0.001$). In univariable analysis, CD47, SIRP α expression, and their combination were significantly associated with prognosis ($P<0.05$). While, in multivariable analysis, only SIRP α positive remained significantly correlated with superior prognosis (Hazard ratio [HR] 0.446; 95% confidence interval [CI] 0.207-0.963; $P=0.004$). Furthermore, SIRP α expression could re-stratify the survival of patients in ECOG (<2), advanced CA stage, PINK (HR), CD38-positive, PD1-positive, and CD30-positive groups.

Conclusion SIRP α status was a potential independent prognostic factor for ENKTL. The prognostic significance of CD47 expression and the interaction between CD47 and SIRP α in ENKTL need further investigation.

PO-1025

Clinicopathological features and survival outcomes of CD30 expression in Extranodal Natural killer/T-cell Lymphoma

Ziyuan Shen

The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

Objective Previous studies have been inconsistent concerning the association between the prognostic value of CD30 expression and Extranodal Natural Killer/T-cell Lymphoma (ENKTL).

Methods CD30 expression was detected using immunohistochemistry on paraffin-embedded sections obtained from 82 newly diagnosed ENKTL patients (mean age 50 years, 73.2% male). The level of CD30 expression was categorized into negative (0%, no staining) and positive groups, and the cut-off was determined by Restricted Cubic Splines (RCS) analysis.

Results Sixty-seven cases were with CD30-positive expression, and the main between-group difference was the Chinese Southwest Oncology Group and Asia Lymphoma Study Group ENKTL (CA) stage, and Eastern Cooperative Oncology Group performance status (ECOG PS). The cut-off for CD30 expression was 40%. The overall survival (OS) of patients with high expression (>40%) was statistically superior to negative (0%) and low expression groups. Positive correlations were observed between CD30 and EBER ($r=0.305$). Multivariable analysis suggested that CD30 expression (hazard ratio [HR] 0.420, 95% confidence interval [CI] 0.193-0.914, $P=0.029$) and CA advanced stage (HR=2.844, 95% CI 1.371-5.896, $P=0.005$) were independent prognostic factors for ENKTL.

Conclusion CD30 positive was a favorable prognostic factor for ENKTL, and CD30 expression could re-stratify the survival of patients in clinicopathological subgroups.

PO-1026

弥漫性大 B 细胞淋巴瘤中 Ki67 最佳截断值的确定及预后价值分析：一项淮海淋巴瘤协作组的多中心回顾性研究

沈子园、张庆、李宇杰、桑威
徐州医科大学附属医院

目的 探讨 Ki67 在弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (Diffuse Large B Cell Lymphoma, DLBCL) 中的最佳截断值及预后价值。

方法 选取 2012 年 11 月-2022 年 10 月淮海淋巴瘤协作组中 7 家医疗中心初诊为 DLBCL 且具有 Ki67 染色结果的患者。通过最大选择秩统计量确定 Ki67 的最佳截断值, 并根据此截断值将患者分为高表达组和低表达组。比较两组间的基线信息及总生存期 (overall survival, OS), 并使用 Cox 比例风险模型进行多因素生存分析。

结果 878 例初诊 DLBCL 患者中, 男性 444 例, 平均年龄 59.72 (± 13.65) 岁, Ann Arbor 早期 427 例 (48.6%)。Ki67 的最佳截断值为 70%。高 Ki67 表达与低白蛋白、低血红蛋白水平、更高的乳酸脱氢酶和较高的 IPI 评分有关 ($P < 0.05$)。多因素分析显示, Ki67 高表达是 DLBCL 患者

预后的不良因素。尤其在特定亚组（如年龄>60岁、女性、Ann Arbor早期等）中，Ki67高表达患者的预后明显较差。

结论 DLBCL中Ki67的最佳截断值为70%，其作为一个独立预后因素，对患者的生存影响显著，特别是在年龄较大、女性以及早期患者中。

PO-1027

Burden of Lymphoma in China From 1990 to 2019: Comparison with Asia, Europe, and global

Ziyuan Shen, Wei Sang
Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

Objective This study aimed to estimate age-standardized incidence, prevalence, years lived with disability (YLDs), years of life lost (YLLs), and disability-adjusted life-years (DALYs) for lymphoma in Europe, Asia, and China from 1990 to 2019.

Methods Epidemiological data for non-Hodgkin and Hodgkin lymphoma (NHL and HL) were obtained from the Global Burden of Disease Study 2019. The age-standardized incidence, prevalence, mortality, DALYs, YLLs, and YLDs from 1990 to 2019 and the estimated annual percentage changes (EAPCs) were calculated for NHL and HL, respectively. Results were shown by regions/country (i.e. Europe, Asia, and China) and global.

Results The global age-standardized incidence cases of NHL increased from 190725 in 1990 to 457076 in 2019, especially in males. These increases were more evident in China, but the incidence and prevalence were the highest in Europe. Except for European women, the ASIR of HL was declining overall.

Conclusion The global burden of lymphoma has increased steadily over the past three decades and the differences varied across different regions and sex. This indicated that it was necessary to promote the implementation of medical insurance policies, adjust treatment strategies, and establish effective prevention methods to reduce the global burden of lymphoma.

PO-1028

脂质谱对成人噬血细胞淋巴瘤组织细胞病的预后价值

Wanying Cheng¹、Wanying Cheng¹、Lingling Wang¹、Xin Gao²、Limin Duan²、Yongqian Shu²、Hongxia Qiu²、程婉莹

1. The Affiliated Wuxi People's Hospital of Nanjing Medical University, Wuxi Medical Center, Nanjing Medical University

2. The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital

目的 Our objective was to characterize the lipid profile of adult sHLH patients and to determine the relationship with overall survival.

方法 We retrospectively analyzed 247 patients with newly diagnosed sHLH from January 2017 to January 2022 according to the HLH-2004 criteria. Multivariate Cox regression analyses and restricted cubic splines were conducted to evaluate the prognostic value of the lipid profile.

结果 The median age of all patients was 52 years, and the commonest cause of sHLH in our cohort was malignancy. The univariate analysis confirmed total cholesterol (TC) ≤ 3 mmol/L, triglycerides (TG) > 3.08 mmol/L, high-density lipoprotein cholesterol (HDL-c) ≤ 0.52 mmol/L, and low-density lipoprotein cholesterol (LDL-c) ≤ 2.17 mmol/L were associated with an inferior survival. In a multivariate model, HDL-c, hemoglobin, platelet, fibrinogen, and soluble interleukin-2 receptor

were considered as independent factors. Additionally, the restricted cubic spline analyses indicated an inverse linear association between HDL-c and the risk of mortality in sHLH.

结论 Lipid profiles, which were low-cost and readily available promising biomarkers, were strongly associated with the overall survival in adult sHLH patients.

PO-1029

Outcome in patients with HIV-associated Hodgkin lymphoma treated with chemotherapy using Doxorubicin, Bleomycin, Vinblastine, and Dacarbazine in the combination antiretroviral therapy (cART) era: results of a multicenter study from China

Chaoyu Wang¹, Yan Wu², Wei Zhang³, Yao Liu¹

1. Department of Hematology-Oncology, Chongqing University Cancer Hospital, Chongqing Key Laboratory of Translational Research for Cancer Metastasis and Individualized Treatment, Chongqing 400030, China;
2. Department of Medical Oncology, Henan Infectious Disease Hospital, The Sixth People's Hospital of Zhengzhou, Zhengzhou 450000, China;
3. Department of Hematology, Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences (CAMS) & Peking Union Medical College, Beijing 100000, China.

Objective Little is known about the outcome for HIV-associated Hodgkin lymphoma (HIV-HL) as these is less common than HIV-negative lymphoma.

Methods Therefore, we performed a multi-center study to analyze the clinical characteristics and outcomes of HIV-HL patients in China. Nineteen cases of HIV-HL were diagnosed and treated at three center and including the sixth people's hospital of Zhengzhou, Peking union medical college hospital, and Chongqing university cancer hospital, between December 2013 and June 2022. Data on the clinical features, laboratory results, response, and prognosis were collected and analyzed.

Results The median age at diagnosis was 43(22-74) years. All patients were infected with HIV through sexual transmission, with ten cases transmitted through man having sex with man (MSM) and nine cases transmitted through heterosexual transmission. Seven patients were diagnosed with lymphoma and found to be infected with HIV. Four cases were in stage III, and fifteen cases were in stage IV. After a median follow up of 46.8(4.0-112.9) months, 17 cases were alive after ABVD regimen chemotherapy combined with combination antiretroviral therapy (cART). The 5-year progression-free survival (PFS) and overall survival (OS) rate were 83.9% and 89.5%, respectively.

Conclusion HIV-HL exhibits an invasive process in clinical practice, and cART combined with ABVD regimen chemotherapy can achieve long-term survival for patients.

PO-1030

Epidemiology, treatment pattern and survival of human immunodeficiency virus infection-associated lymphoma in China 2008-2021

Chaoyu Wang¹, Yan Wu², Haiyan Min³, Guo Wei⁴, Wei Zhang⁵, Min Wang⁶, Hui Zhou⁷, Yao Liu¹

1. Department of Hematology-Oncology, Chongqing University Cancer Hospital, Chongqing Key Laboratory of Translational Research for Cancer Metastasis and Individualized Treatment, Chongqing 400030, China;
2. Henan Infectious Disease Hospital, The Sixth People's Hospital of Zhengzhou, Zhengzhou, 450015, China
3. Yunnan Provincial Hospital of Infectious Diseases, Kunming 650301, China
4. Public health clinical center of Chengdu, Chengdu 610066, China
5. Department of Hematology, Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences (CAMS) & Peking Union Medical College, Beijing, China.
6. The First Hospital of Changsha, Changsha 410011, China
7. Department of Lymphoma & Hematology, The Affiliated Tumor Hospital of Xiangya Medical School, Central South University, Changsha, Hunan, China

Objective Since the widespread use of combination antiretroviral therapy (cART), the incidence of opportunistic infections has decreased in HIV infection populations. However, HIV-associated lymphoma become the most common causes of cancer death. Little is known about the epidemiology, survival and treatment of HIV-associated lymphoma patients in China as these are less common than HIV-negative lymphoma.

Methods We performed a multi-center study to analyze the epidemiology, clinical characteristics and outcomes of HIV-associated lymphoma in China.

Results Totally 407 newly diagnosed HIV-associated lymphoma patients at eleven medical centers from July 2008 to October 2021, were analyzed, as the largest cohort reported in China to date. In the entire cohort, including 373 (91.6%) B-cell lymphoma, 19 (4.7%) HL patients, and 11 (2.7%) T-cell lymphoma, 4 (1.0%) NK/T-cell lymphoma. Among B-cell lymphoma, DLBCL was the most common (n=273, 73.2%), followed by BL (n=47, 12.6%), and other B-cell lymphoma (n=53, 14.2%). The median age was 47 years (range, 18-90) at lymphoma diagnosis, and 332 patients were male (81.6%), 254 patients (62.4%) were diagnosed with advanced stage (III/IV). In the entire cohort, 57 (14.0%) patients did not receive anti-lymphoma treatment, 350 patients (86.0%) underwent chemotherapy as part of their first-line treatment. More than half of them (241/350, 68.9%) had underwent 4 cycles or more of chemotherapy. The median follow-up of our cohort was 24.1 (0.1-160) months. The estimated 5-year OS rates in the HL and NHL cohort were 83.6% and 52.6%, respectively. The overall estimated 5-year OS rates in BL and DLBCL were 38.9% and 54.6%, respectively.

Conclusion These data suggested that HIV-associated lymphoma patients presented with aggressive clinical characteristics and enhanced chemotherapy administration was significantly associated with improved outcomes in the modern cART era.

PO-1031

正念疗法对恶性淋巴瘤化疗期间焦虑情绪及生活质量的影响

魏芙蓉

中国人民解放军联勤保障部队第940医院

目的 :探讨正念疗法对恶性淋巴瘤患者化疗期(化疗前,化疗中,化疗后)中改善患者焦虑情绪方面发挥的作用及对生活质量的影响。

方法 选取 2022 年 1 月~2023 年 2 月在本院接受治疗的 100 例恶性淋巴瘤患者 25-40

岁化疗期间为研究对象。在化疗前,化疗中,化疗后的探究中分为实验组和对照组各 50 人。实验组:在基础护理上给予正念疗法干预。对照组:只给予基础护理。干预前后测量比较两组血压水平及焦虑量表得分。

结果 干预前观察组和对照组在血压水平、焦虑得分比较无差异 ($P>0.05$),而干预后实验组焦虑评分均低于对照组 ($P<0.01$) 且血压均低于对照组 ($P<0.01$)。

结论 正念疗法可改善淋巴瘤患者化疗期(化疗前,化疗中,化疗后)的焦虑情绪,使患者生命体征平稳、生活质量效果显著,有助于减轻患者的疼痛感,降低患者的焦虑水平,可有效提升患者生存质量,值得推广。

PO-1032

Gp350-Targeted CAR-T Therapy in EBV-Positive Burkitt Lymphoma: Pre-Clinical Development of Gp350 CAR-T

Yan-Li Li¹, Jia-Jia Wang², Hui-Ping Wang², Zhi-Mai Gao², Reinhard Zeidler³, Zhi-Min Zhai²

1. Anhui Medical University, The First Affiliated Hospital of Anhui Medical University

2. Hematologic Department/Hematologic Diseases Research Center, The Second Affiliated Hospital of Anhui Medical University

3. Department of Otorhinolaryngology, University Hospital, Ludwig-Maximilians University Munich/Research Unit Gene Vectors, Helmholtz Zentrum München, German Research Center for Environmental Health

Objective Epstein-Barr virus (EBV) is a type of human γ -herpesvirus, and its reactivation plays an important role in the development of EBV-positive Burkitt lymphoma (BL). Despite intensive chemotherapy, the prognosis of relapsed/refractory BL patients remains unfavorable, and a definitive method to completely eliminate latent EBV infection is lacking. Therefore, novel approaches for treating EBV-positive BL and eliminating EBV are urgently needed. Developing chimeric antigen receptor (CAR)-T cells therapy targeting EBV specific protein in the context of this EBV-positive aggressive lymphoma will provide a novel therapeutic strategy for patients with limited treatment options. Targeting EBV lytic protein for control EBV in vivo replication and tumorigenesis have been explored lately. The gp350 protein is a major glycoprotein on the surface of EBV during its lytic phase, after fusion between virus and host cell membrane, gp350 is left on the host cell surface. The distinct surface distribution pattern of gp350 in both freshly infected host cells and the lytic phase host cells renders it an attractive target for immunotherapy.

Methods We developed EBV specific CAR-T cells targeting gp350. Gp350 expression were analyzed by immunohistochemistry in paraffin sections from EBV-positive BL patients. Gp350 expression were analyzed in human BL cell lines (Raji, NAMALWA) and DLBCL cell line (SUDHL-4) by flow cytometry (FC), Western blot (WB) and Immunofluorescence confocal microscopy. Co-culture of gp350 CAR-T cells or vector-T cells with EBV-positive BL cell line or EBV-negative DLBCL cell line, the ratio of T cells (CD3) to target cells (gp350) in the co-culture system is detected by FC. The proportion of gp350+ cells represents the residual proportion of target cells. Co-culture supernatant was detected secreted IFN- γ , TNF- α and IL-2 by ELISA. The engraftment, tumor growth, dissemination and survival time were observed in BALB/c nude mice and NOD-SCID mice using gp350 CAR-T cell therapy.

Results We utilized single-chain variable fragments (scFvs) derived from four novel, gp350-binding, neutralizing monoclonal antibodies (mAbs) (12C10, 7D11, 6A 12, 7 AB) to generate the CAR constructs. We demonstrated that these scFvs, when fused to a second-generation CAR backbone consisting of 4-1 BB and CD3 ζ signal domains, are efficiently expressed on the surface of transduced T cells. These gp350 CAR-T cells exhibit specific activation and cytotoxic effects in vitro. Of note, the clone 6A 12 scFv of CAR displayed the most potent cytotoxicity effects in gp350 positive cancer coculture toxicity assays. To optimize the CAR structure further, we designed various linker and transmembrane domains based on the clone 6A 12 scFv, including CD8 linker, IgG4 hinge, IgG1 Fe linker, and CD28 linker and transmembrane domains. Our

cytotoxicity assay screening indicated that the CD8 linker and transmembrane domain resulted in the most advanced cytotoxicity and target specificity. Gp350 were expressed in paraffin sections from EBV-positive BL patients and in human BL cell lines (Raji, NAMALWA), but not expressed in DLBCL cell line (SUDHL-4). Gp350 CAR-T cells respond to gp350+ BL cell lines has specific killing effects. In the supernatant from the gp350 CAR-T cells co-cultured with gp350+ BL cell lines, the levels of IFN- γ , TNF- α and IL-2 were significantly increased compared to the vector-T cells group, and these were almost undetectable in the supernatant of gp350 CAR-T cells co-cultured with gp350- DLBCL cell line. Gp350 CAR-T cell therapy decreased tumor growth and dissemination of gp350+ BL cells, and increased survival time in the xenograft model. **Conclusion** In pre-clinical development, we designed, constructed, and screened gp350 CAR-T cells to demonstrate its efficacy in vitro and in vivo against and kill gp350+ BL cells and prevent formation and development BL in xenograft mice models.

PO-1033

T 细胞的内在缺陷影响 CAR-T 疗法 在弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的疗效

赵金荣、魏冲、王树青、张薇、周道斌
中国医学科学院北京协和医院

目的 CAR-T 细胞疗法在部分难治/复发弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 患者中未达到预期的疗效。该研究拟确定与临床结局相关的 T 细胞功能特征。

方法 本研究招募了 2021 年 10 月至 2022 年 12 月在北京协和医院接受 CD19 CAR-T 细胞治疗的 16 例复发/难治性 DLBCL 患者, 对其外周血样本进行了单细胞 RNA 和 TCR 测序以及甲基化芯片分析。

结果 达到完全缓解 (CR) 的患者 T 细胞水平呈上升趋势, 尤其是 CD8 效应 T 细胞。应答者表现出 T 细胞克隆扩增、更活跃的 T 细胞转化和频繁的细胞通讯。在 CR 组高表达的基因富集于白细胞介导的细胞毒性和免疫应答激活等功能, 而非 CR 组富集 DNA 损伤和 P53 介导的内源性凋亡相关通路。在非 CR 组的基线样本中发现了更多的差异甲基化位点 (DMP) (779 vs 350)。GSEA 分析显示, DMPs 注释的基因与 T 细胞的细胞免疫功能有关, 包括趋化因子的产生、白细胞介导的细胞毒性和细胞杀伤功能。非 CR 组低表达基因表现出高甲基化状态。

结论 在接受 CAR-T 治疗而临床结局不同的 DLBCL 患者中, 宿主 T 细胞的细胞、分子和表观遗传特征存在异质性。T 细胞的内在缺陷是导致 CAR-T 疗法疗效不佳的重要因素。

PO-1034

一款新型国产 CD20 单抗 (瑞帕妥单抗®) 在 B-NHL 中的疗效和安全性: 一项单中心回顾性研究

李军、刘怡、张小梅、肖晴、谢晓晴、付慧慧、何三秀、李杰平、南映瑜、李启英、刘耀
重庆大学附属肿瘤医院

目的 瑞帕妥单抗®是一种新型重组人-鼠嵌合抗体, 已在国内上市。该药基于中国人群常见天然 IgG1 同种异型 G1m (1,17), 主要特色是 CH1 结构域内第 219 位为缬氨酸 (V219A), 与利妥昔单抗 (美罗华®) 中该位点为丙氨酸不一致。本研究目的是评价瑞帕妥单抗®为基础的化疗方案在中国 B-NHL 患者中的疗效和安全性。

方法 回顾性分析了我们单中心 2022.8-2023.12 接受含瑞帕妥单抗®方案治疗的 B-NHL 患者。纳入标准需同时满足 CD20 阳性、接受了至少两个周期瑞帕妥单抗®治疗、且进行了至少一次疗效评估。收集患者治疗前的基线数据（社会人口学、诊断、疾病状态、既往化疗等），瑞帕妥单抗®治疗数据（剂量、周期、不良反应）、影像学疗效评估数据(CT、PET/CT 等)、随访数据等。疗效评估每 2 疗程一次。研究主要结果为 ORR 率，次要结果为 CR 率、PR 率、反应持续时间（DOR）、6 个月 PFS 等，安全性结局为不良事件（AEs）的发生率。

结果 共纳入 47 例患者，中位年龄为 60 岁（16-85），男性占 66%。病种分布为：BL 7 例（14.9%）、DLBCL 19 例（40.4%）、FL 3 例（6.4%）、MCL 8 例（17.0%）、MZL 9 例（19.1%）和 SLL 1 例（2.1%）。初诊未化疗 30 例（63.8%），疾病分期（Ann Arbor III-IV）34 例（72.3%），39 例（83.0%）ECOG 评分为 0-1 分。3 例患者（6.4%）既往行自体移植。瑞帕妥单抗®中位治疗 5 周期（3-10），中位随访时间 6 个月（2-15）。47 例总体 ORR 为 93.6%，CR 率为 29.8%（14 例），PR 率为 63.8%（30 例），无反应（NR）率为 6.4%（3 例）。疾病亚种显示 BL、DLBCL、FL、MCL、MZL 和 SLL 的 ORR 分别为 100%、94.7%、66.7%、100%、88.9% 和 100%。47 例中位 DOR 为 8 个月（IQR: 5-10），6 个月 PFS 为 70.2%。AEs 包括血液学和非血液学，最普遍的 3/4 级血液学 AEs 是中粒细胞减少（25.5%）和血小板减少（17%），6.4% 的病例分别报告有发热性中性粒细胞减少和贫血。恶心/呕吐（8.5%）、疲劳（6.4%）和感染（6.4%）是最常见的 3/4 级在非血液学 AEs。3 例（6.4%）出现轻度过敏反应，无严重过敏反应病例。

结论 本研究初步发现国产 CD20 单抗（瑞帕妥单抗®）在中国人群 B-NHL 中具有较好的有效性和安全性，临床中可考虑作为 CD20 单抗类药物的新选择。有待进一步验证。

PO-1035

BCKDK Coupled CAR-T Cells as Live Drug by Reprogramming Branched Chain Amino Acid Metabolism in Cancer Micro-environment

杨全军

上海交通大学医学院附属第六人民医院

目的 Altered Branched Chain Amino Acids (BCAAs) are common in patients with advanced cancer. BCAA metabolic reprogramming resulted in distinct functional characteristics of mTOR in T lymphocytes. We then investigated the effect of BCAA supplementation on the regulation of T-cell proliferation, differentiation and function. BCAA supplementation improved cancer cell killing efficacy, while inhibitors of BCAA decreased cancer cell lysis activity.

方法 We thus designed CAR-T cells coupled with an immunoregulatory kinase BCKDK as a technological solution to reprogramme BCAA metabolic dysfunction in the tumor microenvironment.

结果 BCKDK-modified CAR-T cells reprogrammed BCAA metabolism and altered T-cell proliferation, differentiation and cancer cell killing ability. BCKDK-OE CAR-T cells enhance the efficacy of cancer cell lysis. However, BCKDK-KO CAR-T cells showed a distinct phenotype and reduced cancer cell lysis potential.

结论 The superior cancer cell lysis ability of BCKDK-OE CAR-T cells was associated with central memory cell differentiation and the percentage of resident CAR-T cells in the peripheral circulation.

PO-1036

Azacytidine plus rituximab–gemcitabine–oxaliplatin as salvage treatment in patients with relapsed/refractory diffuse large B-cell lymphoma

Fanqiao Meng,Xiang Maoyuan,Peng Cuicui,Liu Yu,Zeng Dongfeng
Tianjin Medical University General Hospital

Objective There is no uniform treatment for relapsed/refractory diffuse large B-cell lymphoma (R/R DLBCL), and the prognosis for these patients is extremely poor. Combination chemotherapy regimens for R/R DLBCL salvage play a crucial role in combating this aggressive disease. However, the efficacy and safety of azacytidine (AZA) plus rituximab–gemcitabine–oxaliplatin(R-GemOx) for R/R DLBCL remains unknown. This study evaluated the efficacy and safety of azacytidine combined with R-Gemox (AZA+ R-GemOx) in the treatment of R/R DLBCL.

Methods Eligible patients received AZA+ R-GemOx treatment. Azactidine was injected subcutaneously with day1-day5 at 75mg/m² and sequential R - GemOx(rituximab 375 mg/m² intravenously on day 6; gemcitabine 1 g/m² intravenously on day 7; and oxaliplatin 100 mg/m² intravenously on day 7). The cycle was repeated every 21 days.

Results From May 2019 to May 2023, 24 patients were enrolled and included in the study. Median age was 68 years (range31–88). Six patients (25%) were younger than 60 years and 18 patients (75%) were older than 60 years. The ratio of male to female was 1:1. Seven patients had GCB subtypes and one could not be classified. 79.2% of the patients had stage III or IV disease, 75% had elevated β 2-microglobulin, and 37.5% had an ECOG score greater than 2.y. Finally, 17/24(70.8%) patients achieved overall response rate (ORR) with 9/14(37.5%) achieving complete remission(CR) and 8/14(33.5%) achieving partial remission(PR).The study found a significantly higher ORR in GCB subtypes compared to non-GCB subtypes (100% vs. 58.8%,P=0.06).The median progression-free survival (PFS) and overall survival (OS) were 133.7 days and 344.8 days, respectively. Grades 3–4 adverse events (AEs) were mainly hematological, and all toxicities were transient and reversible.

Conclusion Our study shows that AZA+ R-GemOx is a highly feasible,safe and effective therapy for R/R DLBCL.

PO-1037

右胸壁弥漫大 B 细胞淋巴瘤 1 例并文献复习

黄敏

遵义医科大学附属医院

目的 弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 是恶性淋巴瘤中最常见的类型, 可发生于全身各处, 但发生于胸壁者少见。本文通过报告 1 例右胸壁弥漫大 B 胸壁淋巴瘤患者的临床特点及诊治经过, 协助临床医生为该病的诊治提供思路。

方法 回顾性分析 1 例我院收治的右胸壁弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床资料并结合相关文献进行复习。

结果 55 岁男患, 因“体检发现胸部肿物 8 月”于 2022 年 10 月 10 日。既往有高血压病史, 规律降压治疗中, 血压控制可。查体: 右前胸壁见直径约 9x9cm 包块, 皮温较周围皮肤高。辅查: 胸部 CT 见右侧腋窝软组织肿块伴周围多发淋巴结肿大。骨髓涂片: 骨髓三系增生可, 分类见 1.0% 的幼稚样淋巴细胞, 淋巴细胞比例未见异常。“CT 定位下前胸壁病变穿刺活检术”术后病理: (右胸壁) 淋巴组织增生性病变, 2022-11-20 病理报告: (右胸壁) B 细胞非霍奇金淋巴瘤。免疫组化瘤细胞: CD20 (++) , CD79a (-) , CD3 (-) , CD5 (-) , CD7 (-) , Vimentin (-) , Ki-67 (热

点区 70%+)，病理报告：(右胸壁)弥漫性大 B 细胞淋巴瘤，非生发中心亚型，免疫组化：CD20 (++)，CD79a (-)，Bcl-2 (-)，Bcl-6 (+)，MuM1 (+)，P53 (+)，CD10 (-)，CD30 (-)，c-Myc (-)，Cyclin D1 (-)，CD21 (-)，CD2 (-)，CD3 (-)，CD5 (-)，CD7 (-)，Vimentin (-)，ALK (-)，Ki-67 (热点区 70%+)，分子病理：B 细胞 IgH、Igk、Igλ 基因克隆性重排，EBER/ISH (-)，明确诊断后予以 R-CHOP 方案(利妥昔单抗 600mg d1+环磷酰胺 1.5g d1+多柔比星 90mg d1+长春新碱 2mg d1+地塞米松磷酸钠注射液 15mg d2-6)治疗，治疗后未诉特殊不适，出院后规律我院随访。

结论 DLBCL 常发生于淋巴结内，也可发生在结外淋巴组织。在临床上发现巨大胸壁肿物时，需警惕淋巴瘤的发生，可通过穿刺病理活检、免疫表型和分子检测确诊该病，不同免疫表型对治疗结果和预后存在差异，目前主要使用 R-CHOP 作为 DLBCL 的一线方案，随着对各种化疗药物的深入研究，尽早的个体化治疗能改善预后。

PO-1038

肺部弥漫大 B 细胞淋巴瘤误诊为肺癌一例并文献复习

李小鹏

遵义医科大学附属医院

目的 弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (diffuse large B cell lymphoma, DLBCL) 是最常见的非霍奇金淋巴瘤类型，但发生于肺部的 DLBCL 较为少见，易造成误诊。现报道本病例，旨在提高临床医生对该病的认识。

方法 回顾性分析我院收治的一例 DLBCL 误诊为肺癌的诊疗过程，并进行文献复习。

结果 65 岁男患，因“咳嗽、咳痰 20 天”于 2021 年 8 月 9 日就诊于我院，20 天前无明显诱因出现咳嗽，咳少量白色粘痰，伴头晕、心悸、乏力，无发热、寒战、高热，无胸痛、胸闷，既往吸烟史 50 年，约每天 20 支，偶有饮酒，查体：双肺呼吸音清，未闻及湿罗音及哮鸣音。入院血常规：白细胞总数 $3.98 \times 10^9/L$ ，中性粒细胞百分比 0.65，胸部 CT 考虑左下肺中央型肺癌并阻塞性肺炎，并见纵隔及左肺门多发淋巴结肿大。初步考虑左侧原发性支气管肺癌。为进一步明确诊断，完善相关检查后于 2021 年 8 月 14 日行支气管镜检查，病理回示：(隆突)支气管粘膜活检组织，弥漫性大 B 细胞淋巴瘤，非生发中性来源，伴 Bcl-2 及 c-Myc 双表达，免疫组化：CK(-)，P40(-)，CD56(-)，CgA(-)，Syn(-)，TTF1(-)，LCA(+)，CD20(+)，CD3(-)，CD5(-)，CD21 未见 FDC 网，Bcl-2(+)，CD10(-)，Bcl-6(+)，MUMI(+)，c-Myc(+)，CD138(-)，CD30(-)，cyclinD1(-)，SOX-11(-)，P53(-)，Ki-67(80%+)，分子病理检测示 EBER/ISH(-)。明确诊断为 DLBCL，予利妥昔单抗、复方苦参注射液、地塞米松磷酸钠注射液、硫酸长春地辛、环磷酰胺、多柔比星等药物治疗，化疗结束后出院。

结论 肺部 DLBCL 在临床表现、影像学方面与肺癌极为相似，且本例患者存在长期吸烟史，极易造成误诊，尽早取得组织病理学、免疫组织化学检查是准确诊断该病的关键，可有效减少及避免误诊。

PO-1039

The regulatory mechanisms of Mangiferin combined with Bortezomib on malignant biological behaviors of Burkitt lymphoma and its effect on expression of C-X-C motif chemokine receptors

Yanquan Liu¹, Jian-Zhen SHEN², Xiao-Jun CHEN², Huan-Wen TANG¹

1. Department of Hematology, The First Dongguan Affiliated Hospital of Guangdong Medical University

2. Institute of Hematology, Fujian Medical University Union Hospital

Objective To analyze the effects of mangiferin combined with bortezomib on the proliferation, invasion, apoptosis and autophagy of human Burkitt lymphoma Raji cells, as well as the expression of C-X-C motif chemokine receptors (CXCRs) family, and explore the molecular mechanism between them to provide scientific basis for basic research and clinical work of Burkitt lymphoma.

Methods Raji cells were intervened with different concentrations of mangiferin and bortezomib alone or in combination, then cell proliferation was detected by CCK-8 assay, cell invasion ability was detected by Transwell chamber method, cell apoptosis was detected by Annexin V/PI double-staining flow cytometry, apoptosis, autophagy and Akt/mTOR pathway protein expression were detected by Western blot, and the expression changes of CXCR family was detected by real-time quantitative PCR (RT-qPCR).

Results Different concentrations of mangiferin intervened Raji cells for different time could inhibit cell viability in a concentration- and time-dependent manner ($r=-0.682$, $r=-0.836$). When Raji cells were intervened by combination of mangiferin and bortezomib, compared with single drug group, the proliferation and invasion abilities were significantly decreased, while the apoptosis level was significantly increased ($P<0.01$). Mangiferin combined with bortezomib could significantly up-regulate the expression of pro-apoptotic protein Bax and down-regulate the expression of anti-apoptotic protein Bcl-2 after intervention in Raji cells. Caspase-3 was also hydrolyzed and activated, and then induced the apoptosis of Raji cells. Mangiferin combined with bortezomib could up-regulate the expression of LC3 II protein in Raji cells, and the ratio of LC3 II/LC3 I in cells was significantly up-regulated compared with single drug or control group ($P<0.01$). Mangiferin combined with bortezomib could significantly inhibit the phosphorylation levels of Akt and mTOR, inhibit the proliferation and invasion of Raji cells by inhibiting Akt/mTOR pathway, and induce cell autophagy and apoptosis. Mangiferin and bortezomib could down-regulate the expressions of CXCR4 and CXCR7 mRNA after single-agent intervention in Raji cells, and the down-regulations of CXCR4 and CXCR7 mRNA expression were more significant when the two drugs were combined ($P<0.01$). Mangiferin alone or combined with bortezomib had no significant effect on CXCR5 mRNA expression in Raji cells ($P>0.05$), while the combination of the two drugs could down-regulate the expression of CXCR3 ($P<0.05$).

Conclusion Mangiferin combined with bortezomib can synergistically inhibit the proliferation and invasion of Raji cells, and induce autophagy and apoptosis. The mechanism may be related to the inhibition of Akt/mTOR signaling pathway, down-regulation of anti-apoptotic protein Bcl-2 and up-regulation of pro-apoptotic protein Bax, and the inhibition of the expression of CXCR family.

PO-1040

美罗华治疗恶性淋巴瘤过敏一例护理

刘艳

中国人民解放军联勤保障部队第 940 医院

目的 针对美罗华治疗恶性淋巴瘤患者的过敏反应总结临床使用美罗华治疗恶性淋巴瘤方案的护理经验。

方法 护理 1 例使用美罗华治疗恶性淋巴瘤患者，用药前采取预防过敏措施，用药途中对患者生命体征严密监测，及时发现患者出现过敏症状并实施抢救。

结果 患者出现不良反应后由于有效护理及时脱离生命危险，安全完成化疗过程。

结论 美罗华对恶性淋巴瘤的治疗过程中要加强对患者的心理护理，消除患者对化疗的恐惧心理，在进行药物静滴时要严密观察患者是否出现过敏反应，严格控制静脉输液速度。

PO-1041

Socioeconomic status, individual behaviors and risk for Lymphomas: A Mendelian randomization study

Ziyuan Shen, Wei Sang

The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

Objective The association of socioeconomic status and individual behavior (SES/IB) with human health is receiving increasing attention. However, the causal effects between SES/IB and lymphomas remain unclear.

Methods A two-sample Mendelian randomization (MR) study was utilized to assess the causal effects of 25 SES/IB traits (dietary habits, physical activity, smoking /drinking behaviors, sleeping behaviors, leisure sedentary behaviors, risky behaviors, and reproductive behaviors) on six distinct types of lymphomas, including Hodgkin lymphoma (HL), Follicular lymphoma (FL), Diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL), Mature T/NK-cell lymphomas, Marginal zone B-cell lymphoma (MZL), and Mantle cell lymphoma (MCL). The inverse variance weighted (IVW) method was the primary approach used for the MR analysis. A series of sensitivity analyses were also conducted to ensure the robustness of our findings.

Results Two-sample MR revealed six SES/IB traits causally associated with lymphomas, including relative fat intake, drive time, television watching time, computer use time, vigorous physical activity, and number of children ever born. After false discovery rate (FDR) correction, the causal associations between longer drive time and FL (odds ratio (OR): 31.799, 95% confidence interval (CI): 1.848 to 547.031, P_{fdr}=0.086), longer television watching time and DLBCL (OR: 4.048, 95% CI: 1.688 to 9.708, P_{fdr}=0.009), and the number of children ever born with both FL (OR: 0.008, 95% CI: 1.412E-04 to 0.484, P_{fdr}=0.021) and DLBCL (OR: 0.001, 95% CI: 1.587E-05 to 0.081, P_{fdr}=0.002) were identified.

Conclusion These findings suggest that certain lifestyle and behavioral factors have a measurable impact on the risk of developing specific lymphoma types.

PO-1042

外周血淋巴细胞亚群检测在淋巴瘤不同 EBV 感染状态中的价值研究

沈子园、桑威
徐州医科大学附属医院

目的 探究外周血淋巴细胞亚群检测在 EB 病毒 (Epstein-Barr virus, EBV) 状态不同的淋巴瘤患者中的预后价值。

方法 选取 2012 年 11 月至 2023 年 8 月在徐州医科大学附属医院确诊的 333 例淋巴瘤患者研究对象, 其中弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (Diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL) 患者 185 例, NK/T 淋巴瘤 (Extranodal Natural killer/T-cell Lymphoma, ENKTL) 患者 100 例, 霍奇金淋巴瘤 (Hodgkin lymphoma, HL) 患者 48 例。回顾性收集患者的免疫球蛋白、淋巴细胞亚群和基线特征等变量。组间比较采用 Mann-Whitney U 检验、Pearson χ^2 /Fisher 检验; 淋巴细胞亚群与免疫球蛋白的相关性采用 Pearson 相关分析; 采用 Kaplan-Meier 法绘制生存曲线, 组间比较使用 Log-rank 检验。

结果 总体患者的平均年龄为 53 岁, 男性患者 185 例 (55.6%)。ENKTL 中 EBV 阳性患者占比 (73.0%), 显著高于 DLBCL 和 HL 患者。HL 中 56.2% 的患者 IgG 明显升高, 68.8% 的患者 CD19+ 偏低。在 DLBCL 患者中, IgM 和 CD19+ 呈正相关 ($r=0.245$)。在 ENKTL 患者中, IgA 和 CD16+CD56+ 呈正相关 ($r=0.216$), IgM 和 CD4+ 呈正相关 ($r=0.254$), IgM 和 CD4/CD8 呈正相关 ($r=0.348$)。在 ENKTL 中, EBV 阳性患者的 CD4+ 细胞百分率均数显著高于 EBV 阴性患者。在 HL 中, EBV 阳性患者的 CD4+ 细胞百分率和 CD4+/CD8+ 显著高于 EBV 阴性患者, 而 CD8+ 细胞百分率显著低于 EBV 阴性患者。多因素分析结果表明, CD19+ 水平异常是 DLBCL 患者的独立不良预后影响因素 (HR=2.098, 95% CI: 1.181-3.727, P=0.011)。

结论 外周血淋巴细胞亚群检测在 EBV 状态不同的淋巴瘤患者中的存在差异, 且 CD19+ 可以作为 DLBCL 患者的独立预后影响因素。

PO-1043

美罗华治疗恶性淋巴瘤过敏的一例护理

刘艳
中国人民解放军联勤保障部队第 940 医院

目的 针对美罗华治疗恶性淋巴瘤患者的过敏反应总结临床使用美罗华治疗恶性淋巴瘤方案的护理经验

方法 护理 1 例使用美罗华治疗恶性淋巴瘤患者, 用药前采取预防过敏措施, 用药途中对患者生命体征严密监测, 及时发现患者出现过敏症状并实施抢救。

结果 患者出现不良反应后由于有效护理及时脱离生命危险, 安全完成化疗过程。

结论 美罗华对恶性淋巴瘤的治疗过程中要加强对患者的心理护理, 消除患者对化疗的恐惧心理, 在进行药物静滴时要严密观察患者是否出现过敏反应, 严格控制静脉输液速度。

PO-1044

弥漫性大 B 细胞淋巴瘤失巢凋亡相关基因预后模型的建立及评估

王锦华、赵华、官明泽、王晓波、唐博
大连医科大学附属第二医院

目的 本研究旨在根据失巢凋亡基因（Anoikis-related genes, ARGs）表达特征构建一个独立于 IPI 评分的预后风险评分模型，从而对 IPI 评分进行补充完善。

方法 以 GSE10846 训练队列为训练集，采用单因素 Cox 及 LASSO 回归构建基于 ARGs 表达特征的预后模型以划分高低危组，同时应用 GSE10846 测试队列、GSE87371、GSE31312 对其进行内外部验证。以本单位收集的 DLBCL 及正常样本为实验对象，通过实时荧光定量 PCR 验证 ARGs 的表达差异。采用 CIBERSORT 分析免疫细胞浸润差异。通过 pRRophetic 及细胞毒性实验分析部分药物的半抑制浓度差异。

结果 基于 4 个预后相关风险基因（PAK1、PDK4、MTOR、ATF4）和 6 个保护基因（PTK2、PTEN、TIMP1、IGF1、HIF1A、CCND1）构建 ARGs 预后模型。在本单位收集的 DLBCL 样本中，PTEN、PDK4、IGF1、HIF1A 及 CCND1 较正常样本表达下调。ARGs 模型高危组预后较差（ $p < 0.001$ ），且与肿瘤免疫抑制微环境（M2 巨噬细胞、调节性 T 细胞高浸润）相关。生信分析预测高危组患者对阿霉素（ $p < 0.0001$ ）、吉西他滨（ $p = 0.00014$ ）更敏感，低危组对达沙替尼（ $p < 0.0001$ ）更敏感，该结果得到细胞毒性实验的验证。同时，基于该预后模型、IPI 评分及部分临床特征构建诺莫图，其预测效果更佳（3 年 OS 的 AUC 较 ARGs 预后评分、IPI 评分更大， $p = 0.0041$ ）。

结论 本研究构建具有较好预测能力的 ARGs 预后风险评分模型，为 DLBCL 患者的预后评估和个体化治疗提供了新的方向。

PO-1045

一例 Cyclin D1 阴性套细胞淋巴瘤患者实验室分析并文献学习

刘建拓¹、李鸿瑞¹、邱学奎¹、陈祥俊²、贺艳丽²

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 一例 Cyclin D1 阴性套细胞淋巴瘤患者实验室分析并文献学习

方法 对一例非经典型套细胞淋巴瘤患者的病理学检查、免疫分型及细胞遗传学特征进行分析

结果 患者，男，53 岁，WBC $25.12 \times 10^9/L$ ，N $5.11 \times 10^9/L$ ，L $19.02 \times 10^9/L$ ，M $0.71 \times 10^9/L$ ，RBC $4.84 \times 10^{12}/L$ ，Hb149g/L，PLT $198 \times 10^9/L$ ，RtC $0.014 \times 10^9/L$ 。细胞形态学示骨髓增生活跃，粒、红系比值减低，分别占 33% 和 6.5%；淋巴细胞占 58.5%，形态异常淋巴细胞占 36%，胞体大小不等，部分细胞可见核裂，核染色质紧密，胞浆量少；细胞化学染色 MPO（-）、PAS（-），考虑为淋巴细胞增殖性疾病。组织病理示骨髓增生活跃，粒红比增高，巨核细胞增生（0-8 枚/HPF），淋巴细胞易见，浆细胞散在；网织染色 0 级；免疫组化：CD3+、CD20+、CD5+、CyclinD1-、CD10-、CD138+、CD23-、LEF-1-、SOX-11+、CD103-、Ki-67<30%+，考虑为套细胞淋巴瘤（MCL）。免疫分型示淋巴细胞约占核细胞的 75%，其中异常 B 淋巴细胞约占淋巴细胞的 92%，其阳性表达 HLA-DR、CD5、CD19、CD20、CD22、CD79b、FMC-7、sLambda，提示成熟 B 淋巴细胞增殖性疾病。骨髓染色体核型分析结果正常，荧光原位杂交（FISH）检测到 CCND2 基因重排异常（83%）。该患者综合诊断为伴 CCND2 基因重排套细胞淋巴瘤骨髓侵犯（白血病期）。

结论 伴 CCND2 基因重排是 Cyclin D1 阴性 MCL 最常见的遗传学事件，免疫表型常为 Cyclin D1- 和 SOX11+。临床依靠 IHC 很难确诊 Cyclin D1 阴性 MCL，采用 FISH 检测 CCND2 和 CCND3 重排或 t(11;14)，有助于综合判断。

PO-1046

1 例复发/难治弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 伴带状疱疹行 CAR-T 治疗患者的全程管理的护理

赵娜

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 总结 1 例复发/难治弥漫性大 B 细胞淋巴瘤伴带状疱疹行 CAR-T 治疗患者的全程管理的护理体会。

方法 针对患者行 CAR-T 治疗、带状疱疹引起的神经痛、治疗期间的营养状况、重度焦虑、诊治期望值等临床问题和心理问题，全面动态评估患者的病情变化和心理状态，在基础治疗上，我们成立 CAR-T 小组和构建 CAR-T 标准化流程，个性化的治疗与护理；多学科协作(MDT)，及时行正念疗法、营养食谱、疼痛疗法和构建以患者诊治期望值为主体的医患沟通方法等干预措施。

结果 结果 14 天后，患者未出现 II 及以上并发症，轻度焦虑，疼痛感消失，营养状况良好等并顺利出院。

结论 成立 CAR-T 小组和构建 CAR-T 标准化流程，有助于 CAR-T 细胞治疗患者的个性化管理，同时提高护理管理质量。

PO-1047

川楝素通过抑制 PI3K 和 PLK1 多靶点治疗复发 和难治性弥漫大 B 细胞淋巴瘤的药效和机制研究

胡倩¹、王梦瑶¹、陈萌²、汪金金¹、陶雅丽¹、牛挺¹

1. 四川大学华西医院

2. 四川大学华西公共卫生学院/华西第四医院

目的 弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (Diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL) 是一种最常见的高度侵袭性非霍奇金淋巴瘤，其临床疗效不佳，且复发和难治的患者尚缺乏标准治疗方案。多靶点的中药来源的天然产物已成为抗肿瘤创新药物研究的新方向。最新研究发现传统中药苦楝皮来源的川楝素在多种实体肿瘤中发挥显著抑癌效应，尚不清楚川楝素能否用于治疗 DLBCL。

方法 通过 CCK-8 检测细胞活力、流式细胞术检测周期和凋亡、Western Blot 检测周期和凋亡相关蛋白、多功能酶标仪检测胆固醇水平；通过网络药理学、分子对接模拟和转录组测序，对川楝素的药理机制进行了系统分析和预测；进行 PI3K 通路激活剂、过表达 PLK1 等逆转实验，明确川楝素抗 DLBCL 的分子机制。

结果 川楝素能够在体内、外抑制多种复发和难治性 DLBCL 细胞系存活，显著诱导细胞周期阻滞和凋亡。网络药理学和分子对接模拟分析等揭示川楝素靶向结合并下调 PI3K α/β ，并显著抑制下游 p-Akt 通路的活化。PI3K 激活剂可部分逆转川楝素对 DLBCL 细胞的生长抑制。转录组测序和细胞实验表明川楝素还可浓度依赖地下调 DLBCL 周期关键蛋白 PLK1。分子对接模拟分析揭示川楝素可稳定结合 PLK1 蛋白的 Trp414 和 His538 氨基酸残基，且上述残基也是 PLK1 抑制剂设计的关键靶点。此外，转录组测序发现川楝素可显著上调胆固醇代谢，体外细胞实验表明川楝素可浓度依赖地上调 HMGCR、HMGCS1 等胆固醇生物合成的关键酶，并导致细胞总胆固醇和游离胆固醇水平显

著升高。在体内、外联用氟伐他汀抑制 HMGCR，可加剧川楝素对 DLBCL 毒性。而体内实验显示川楝素除引起轻度肝损伤外，对心脏、肺脏、肾脏等无明显毒性，具有良好的安全性。

结论 我们的研究首次在复发和难治性 DLBCL 细胞系中揭示了川楝素具有显著抑癌作用，其可通过靶向抑制 PI3K α/β 和 PLK1，导致细胞周期阻滞和凋亡，并介导胆固醇代谢反馈性上调，而联用他汀药物和川楝素可协同抑制 DLBCL。

PO-1048

非霍奇金血管免疫母性 T 细胞淋巴瘤合并嗜血细胞综合征一例

吴宁夏、汪梅花
延安大学附属医院

目的 通过对我院收治的一名之前难以诊断的“非霍奇金血管免疫母性 T 细胞淋巴瘤合并嗜血细胞综合征”的病例进行分析归纳，逐步探讨此种疾病的诊断以及治疗方案，同时为下一阶段的化疗方案的制定提供依据。

方法 通过对我院收治的一名之前难以诊断的“非霍奇金血管免疫母性 T 细胞淋巴瘤合并嗜血细胞综合征”的病例进行分析归纳，逐步探讨此种疾病的诊断以及治疗方案，同时为下一阶段的化疗方案的制定提供依据。

结果 ALCL 合并 HPS 是一类临床罕见且异质性较大的恶性血液疾病[22]，不仅难以诊断，而且难以治疗，因此应制定更为精密的诊疗方案，做到早诊早治。治疗方案的制定也不应唯指南论[23]，而应该针对患者的病情作出调整，制定更为优化的治疗方案，为患者争取更大的获益。

结论 ALCL 合并 HPS 是一类临床罕见且异质性较大的恶性血液疾病[22]，不仅难以诊断，而且难以治疗，因此应制定更为精密的诊疗方案，做到早诊早治。治疗方案的制定也不应唯指南论[23]，而应该针对患者的病情作出调整，制定更为优化的治疗方案，为患者争取更大的获益。

PO-1049

人工智能在胃肠道弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床病理特征、疗效及预后分析

赖沁巧¹、赵艳¹、张清洋¹、颜海清⁴、蒋谊³、彭宏凌^{1,2}

1. 中南大学湘雅二医院血液科

2. 湖南省血液系统恶性肿瘤细胞免疫治疗工程研究中心

3. 中南大学湘雅二医院病理科

4. 广西医科大学附属肿瘤医院胃肠肿瘤科

目的 本研究利用数字病理（DP）定量获取 GI-DLBCL 免疫组化（IHC）的表达量，结合相关临床病理特征协助评价 GI-DLBCL 的疗效和预后，增加对该疾病的认识，指导后续治疗，尽可能改善患者的预后。

方法 回顾性收集自 2015 年 4 月至 2022 年 6 月中南大学湘雅二医院收治的 82 例 GI-DLBCL 患者相关资料，采用 DP 定量获得 GI-DLBCL 患者 IHC 表达，通过受试者工作特征（ROC）曲线获得疾病变化的 IHC 阈值，分析 IHC 与治疗效果及预后之间的关系，结合生存进行预后分析，依据 OS 的多因素独立预后因素建立本研究预后模型。

结果 Ki-67、MYC、CD20、CD21 与中期疗效相关。中期治疗未达到客观缓解率(ORR)的患者 Ki-67、MYC、CD20、CD5、Bcl-2 表达较高，而 CD21、Bcl-6 表达较低。当 MYC 表达超过 18.3%、Ki-67 表达超过 73.3%、CD20 表达超过 81.5%，难以达到 ORR。MYC 预测疾病变化的临界值是

18.2%，接近 20%。Bcl-2 预测死亡/缓解的界值为 12.6%，而 Ki-67 表达高于 73.3%则与疾病进展或死亡风险增加相关。MYC 的蛋白表达水平在一定程度上可以预测 MYC 重排。MYC 高表达的患者 Ki-67 和 CD20 的表达均超过 80%。DP 分析结合 IHC 可以定量评估 GI-DLBCL 的亚型。手术联合化疗可延长 GI-DLBCL 患者的 OS，尤其是在疾病早期患者。监测化疗后胃肠道并发症(GICS)有利于改善患者预后。单因素和多因素分析显示 Fib、ALC、中期疗效和 LDH 是影响 GI-DLBCL 患者 OS 的独立预后因素。基于这 4 个预后因素构建的列线图可以预测 GI-DLBCL 患者的 3 年 OS。

结论 我们利用 DP 结合临床实践，定量获得不同状态的 IHC 表达，综合评估 GI-DLBCL 的预后因素。

PO-1050

Molecular heterogeneity of CD30+ peripheral T-cell lymphoma with prognostic significance and therapeutic implications

Yujia Huo, Weili Zhao, Shu Cheng, Hongmei Yi, Mingci Cai, Yaohui Huang, Lei Dong, Jie Xiong, Song Hu, Yuran Qiu, Yan Zhao, Pengpeng Xu, Li Wang
血液科

Objective Peripheral T-cell lymphoma (PTCL) constitutes a highly heterogeneous group of non-Hodgkin's lymphoma derived from mature T-lymphocytes with aggressive biological behavior and dismal clinical outcomes. CD30 is expressed in anaplastic large-cell lymphoma but varies in other PTCL subgroups and we aim to identify the molecular heterogeneity of CD30+ PTCL.

Methods We analyzed 317 patients with de novo PTCL, among which genomic and transcriptomic characteristics were revealed by DNA- and RNA-sequencing in 252 and 168 cases, respectively.

Results CD30+ PTCL presented increased prevalence in the low/intermediate IPI group, higher frequency of SETD2, STAT3, PTPRS, and NOTCH2 mutations, as well as TP63 and DUSP22 fusions. Based on the correlation of gene mutations and pathways, we defined three molecular subtypes, differing significantly in genetic features, transcriptional signatures, and tumor microenvironment patterns. The HMA subtype was characterized by alterations in histone methylation and acetylation, the JNE subtype was characterized by activation of JAK-STAT and Notch signaling pathway and EBV infection, and the PCT subtype was characterized by mutations in phosphorylation, chromatin remodeling, and T-cell receptor-major histocompatibility complex. Moreover, the PCT subtype demonstrated abnormal NK cell activation and extracellular matrix enrichment. Clinically, the JNE subtype showed inferior progression-free survival and overall survival, as compared to the HMA and PCT subtypes. In T-lymphoma cell models, subtype-specific SETD2, STAT3, and PTPRS regulated CD30 expression, underlying biological vulnerability to epigenome-targeting agents, JAK inhibitor, and PD-1 inhibitor, respectively.

Conclusion Collectively, our findings illustrated molecular regulatory networks of CD30-associated lymphomas and provided potential targeted approaches to enhance the therapeutic effect of brentuximab vedotin in PTCL.

PO-1051

集束化护理对 HIV 合并弥漫大 B 细胞淋巴瘤化疗所致口腔黏膜炎的影响研究

冉欣

重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨集束化护理在艾滋病病毒（HIV）合并弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）化疗患者中，对其口腔黏膜炎的预防价值。

方法 选取医院 2019 年 1 月~2022 年 12 月医院收治并符合研究条件的 HIV 合并 DLBCL 患者 80 例为对象进行回顾性分析，按照护理方案进行分组，将 2019 年 1 月~2020 年 12 月开展行常规护理干预的 42 例患者纳入对照组，将 2021 年 1 月~2022 年 12 月开展集束化护理干预后的 38 例患者纳入观察组。对比观察两组患者口腔黏膜炎发生情况，评估干预前后患者负性情绪、口腔卫生状态与生活质量水平。

结果 化疗 3 个疗程后，观察组口腔黏膜炎发生率（15.79%）低于对照组（35.71%）（ $P<0.05$ ），发生腔黏膜炎患者程度对比则差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。干预后，观察组患者口腔卫生评估表、焦虑、抑郁情绪评分低于对照组（ $P<0.05$ ）；而化疗 3 个疗程，两组生活质量评分下降，但观察组生活质量评分高于对照组（ $P<0.05$ ）。

结论 集束化护理在 HIV 合并 DLBCL 化疗患者干预中，可有效改善患者口腔卫生状态、负性情绪及其对口腔黏膜炎的影响，降低口腔黏膜炎发生率，继而减轻化疗对生活质量的影響。

PO-1052

延续性护理对降低 PICC 并发症发生率的效果分析

刘芳、余艳丽、张莹、郭彩利

西安交通大学第一附属医院

目的 探讨延续性护理对降低 PICC 并发症发生率的效果分析。

方法 选取我院留置 PICC 200 例临床资料，分为 2 组进行干预，对照组实施常规护理，观察组实施延续性护理。延续性护理措施包括：（1）成立护理小组：护士长牵头成立延续护理小组，骨干护士为小组成员。小组成员对 PICC 维护进行反馈和监督，解决 PICC 相关并发症处理。（2）为患者建立微信群，专职护理人员进行管理，每日对患者推送 PICC 我护知识以及锻炼方式。在微信群探讨患者出现的问题，并将自护良好的案例进行分享，帮助患者借鉴使用。对于导管出现问题后应该查找相关原因，并上传图片进行指导。（3）出院随访：建立 PICC 维护健康档案，出院三个月，每周进行一次随访，对导管情况进行了解，给予针对性指

结果 观察组经延续性护理后患者的并发症发生率低于对照组（ $P<0.05$ ），患者的依从性高于对照组（ $P<0.05$ ）。

结论 结论:针对 PICC 实施延续性护理管理后能够降低并发症的使用，提升整体的护理效果

PO-1053

自体造血干细胞移植治疗高侵袭性淋巴瘤的临床疗效及影响因素

刘栋林、张旭东
郑州大学第一附属医院肿瘤科

目的 探讨自体造血干细胞移植（Autologous Hematopoietic Stem Cell Transplantation, Auto-HSCT）治疗高侵袭性淋巴瘤的临床疗效和相关因素分析。

方法 回顾性分析了 2011 年 7 月至 2021 年 8 月郑州大学第一附属医院 88 例高侵袭性淋巴瘤患者的临床资料。伯基特淋巴瘤（Burkitt Lymphoma, BL）患者 33 例，移植组 13 例，单纯化疗组 20 例。T 淋巴母细胞淋巴瘤（T-Lymphoblastic Cell Lymphoma, T-LBL）患者 53 例，移植组 25 例，单纯化疗组 28 例。B 淋巴母细胞淋巴瘤（B-Lymphoblastic Cell Lymphoma, B-LBL）患者 2 例，移植组 2 例。

结果 BL 移植组 12 例无进展生存，1 例复发，所有患者均存活。单纯化疗组 15 例无进展生存，5 例复发，16 例存活，4 例死亡。移植组 1、3 年 PFS 率为 92%、53%，单纯化疗组 1、3 年 PFS 率为 65%、10%，两组 PFS 无统计学意义（ $P=0.167$ ）。移植组 1、3 年 OS 率为 100%、61%，单纯化疗组 1、3 年 OS 率为 70%、10%，两组 OS 无统计学意义（ $P=0.073$ ）。T-LBL 移植组 13 例无进展生存，12 例复发，2 例死亡。单纯化疗组的 3 例无进展生存，25 例复发，25 例死亡。移植组 1、3 年 PFS 率为 80%、24%，单纯化疗组 1、3 年 PFS 率为 32%、10%，两组 PFS 差异有统计学意义（ $P<0.01$ ）。移植组 1、3 年 OS 率为 92%、36%，单纯化疗组 1、3 年 OS 率为 39%、18%，两组 OS 差异有统计学意义（ $P<0.01$ ）。2 例 B 淋巴母细胞淋巴瘤 Auto-HSCT 患者，1 例无病生存，1 例复发后死亡。

结论 化疗序贯 Auto-HSCT 可显著改善 BL 患者预后，也可以作为 T 淋巴母细胞淋巴瘤患者的巩固和挽救治疗选择。

PO-1054

基于思维导图的护理模式在美罗华治疗淋巴瘤
并发带状疱疹患者中的应用效果

陈莹莹
山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 基于思维导图的护理模式在美罗华治疗淋巴瘤并发带状疱疹患者中的应用效果。

方法 选取 2022 年 2 月-2023 年 2 月期间我院收治的 96 例淋巴瘤并发带状疱疹患者为研究对象，并通过随机数字表法分为两组。对照组 48 例开展常规护理，观察组 48 例开展基于思维导图的护理模式，对比两组患者疼痛评分、不良情绪及生活质量等指标的变化情况。

结果 观察组 VAS 评分低于对照组；SAS、SDS 评分低于对照组；QLQ-C30 评分高于对照组，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

结论 基于思维导图的护理模式在美罗华治疗淋巴瘤并发带状疱疹患者中的实施，可有效缓解疼痛，改善不良情绪并提高生活质量，为患者的康复和健康提供更好的保障。

PO-1055

老年人群原发头颈部淋巴系统肿瘤的流行病学分布及生存结果

郑焱华^{1,2}、刘利^{1,2}

1. 空军军医大学第二附属医院 血液内科

2. 陕西省血液疾病临床医学研究中心

目的 原发性头颈部淋巴系肿瘤（PHNHLN）是指发生在头颈部的来源于淋巴造血系统的一系列肿瘤。由于其罕见性且缺乏症状特异性，易被忽视。本研究的目的是探究年龄 ≥ 60 岁的老年患者PHNHLN的人口统计学、病理亚型分布、发生解剖位置、生存结果和预后因素。

方法 本研究中的患者信息来源于 Surveillance, Epidemiology and End Results (SEER)数据库。采用描述性流行病学方法分析组织学亚型和主要发生解剖部位的分布。采用 Kaplan-Meier 生存曲线和 Log-rank 检验来评估变量对预后的影响。采用 Cox 危险度回归模型来确定独立的预后因素。

结果 大多数病理亚型的男女比例接近 1:1。在淋巴系肿瘤患者中，23745 例（91.91%）为非霍奇金淋巴瘤（NHL），1484 例（5.74%）为霍奇金淋巴瘤（HL），605 例（2.34%）未知。大多数 NHL 患者为成熟 B 细胞肿瘤（20811, 87.64%）。最常见的病理亚型是弥漫性大 B 细胞淋巴瘤，其次是滤泡性淋巴瘤和粘膜相关淋巴组织结外边缘区淋巴瘤（EMZL-MALT）。此外，成熟的 T 细胞和 NK 细胞肿瘤占 NHL 的 4.39%，其中最常见亚型是外周 T 细胞淋巴瘤，非特指（PTCL, NOS），其次是结外 NK/T 细胞淋巴瘤，鼻型（ENKTCL, 鼻型）和间变性大细胞淋巴瘤，ALK 阳性（ALCL, ALK+）。头颈部的大多数病理亚型倾向于累及淋巴组织，淋巴结内与结外的比例约为 2。淋巴结外最常见的受累部位是唾液腺，尤其是腮腺，其次是扁桃体、甲状腺和舌头。男性和女性患者之间没有生存差异（ $p=0.4079$ ）。淋巴结受累的患者与结外受累的患者生存没有差异（ $p=0.2479$ ）。成熟 T 细胞和 NK 细胞的 NHL 患者预后比 HL、成熟 B 细胞 NHL 和 PCN 的患者更差（ $p<0.0001$ ）。多变量分析表明，伴随 SPM、组织学亚型、Ann Arbor 分期、化疗和放疗是与 OS 相关的独立预后因素。而性别（ $p=0.635$ ）和原发部位（ $p=0.135$ ）（淋巴结或结外受累）与 OS 无关。化疗和放疗是 OS 的独立有利预后因素，手术对延长 OS 没有作用。

结论 我们的研究全面报道了 PHNHLN 在老年患者中的病理亚型分布、发生解剖部位和生存结果，提高了对这系列罕见癌症的认识。

PO-1056

Bing-Neel 综合征合并 MOG-抗体相关疾病一例伴文献复习

吕成兰、王晶、许景艳、陈兵

南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 Bing-Neel 综合征是华氏巨球蛋白血症浸润中枢的一种罕见类型。MOG-抗体相关疾病是一种免疫介导的中枢神经系统炎性脱髓鞘疾病。文献中尚未见 Bing-Neel 综合征合并 MOG-抗体相关疾病的报道。

方法 观察并总结一例 Bing-Neel 综合征合并 MOG-抗体相关疾病患者的诊疗过程，同时进行相关文献的复习。

结果 患者男性，67 岁，主要症状：头晕、行走不稳、双侧听力丧失、左侧颞部头痛、口角歪斜、吞咽困难、进食饮水呛咳。辅助检查：血常规：白细胞 $6.8 \times 10^9/L$ ，淋巴细胞 $4.5 \times 10^9/L$ 。血清 IgM 4.10g/L。免疫固定电泳：IgM κ 型单克隆免疫球蛋白。血清 MOG 抗体 1:10 阳性。脑脊液 MOG 抗体 1:1。脑脊液细胞学：淋巴细胞 99%，部分淋巴细胞可见胞体略大，胞浆略丰富，部分细胞可见到胞浆突起。脑脊液流式示：单克隆 B 淋巴细胞占有核细胞 67.77%，表达 CD19、CD20，不表达 CD10、CD5。血标本流式：单克隆成熟 B 淋巴细胞占有核细胞 20.15%，表达

CD19、CD20、Kappa，部分表达 CD5、CD79b、CD200、FMC7，不表达 CD10。血标本 FISH 示：CCND1、CCND2、CCND3 阴性。血标本淋巴瘤 NGS 示：MYD88 基因，p.L252P。头颅 MR 增强：双侧基底节区、右侧尾状核异常信号，视交叉及右侧视束异常信号伴右侧视束增粗。PET/CT 全身显像：右侧视神经走行区局限性葡萄糖代谢增高影；骨髓葡萄糖代谢弥漫性轻中度增高。诊断为 Bing-Neel 综合征，MOG-抗体相关疾病，并予伊布替尼及甲泼尼松治疗。目前尚在观察中。

结论 Bing-Neel 综合征合并 MOG-抗体相关疾病，为首次报道。前者无标准治疗方案，后者的治疗依赖于糖皮质激素。需要使用脑脊液、MR、MYD88 等检测手段尽早诊断。

PO-1057

PTPN1 基因突变对弥漫大 B 细胞淋巴瘤细胞生物学行为影响的初步研究

黄素蓉、沈建箴
福建医科大学附属协和医院

目的 PTPN1 基因广泛参与增殖、分化、葡萄糖代谢等多种生理过程，研究表明，PTPN1 基因表达异常出现在包括 B 细胞淋巴瘤等多种恶性肿瘤中，并发挥着促癌作用。现就 PTPN1 基因突变在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的作用做进一步探讨。

方法 1、在 GEPIA 数据库中将 DLBCL 样本与非肿瘤组织样本的 PTPN1 基因表达差异进行差异相关分析；2、收集正常人及初治 DLBCL 病人标本，应用 qRT-PCR 检测 PTPN1 基因在初治 DLBCL 病人中是否高表达及是否存在 PTPN1 Δ 6；3、qRT-PCR 检测 PTPN1 基因在 SU-DHL-2 及 SU-DHL-6 细胞株中的表达是否存在差异；4、通过慢病毒感染的方法构建 PTPN1-WT、PTPN1 Δ 6、过表达的 SU-DHL-2、SU-DHL-6 弥漫大 B 细胞淋巴瘤细胞稳转株；5、应用 CCK-8 检测各组细胞增殖能力变化；6、应用流式细胞仪检测各组细胞凋亡、周期变化。

结果 1、GEPIA 数据库中 PTPN1 基因的差异相关分析提示与非肿瘤组织样本相比，PTPN1 在 DLBCL 样本中高表达；2、在 mRNA 水平验证了初治 DLBCL 病人中 PTPN1 基因的表达高于正常人，部分初治 DLBCL 病人中存在 PTPN1 Δ 6 高表达；3、成功构建 PTPN1-WT 及 PTPN1 Δ 6 过表达的慢病毒载体；4、成功构建 PTPN1-WT 及 PTPN1 Δ 6 过表达的 SU-DHL-2、SU-DHL-6 弥漫大 B 细胞淋巴瘤细胞稳转株，分别在 mRNA 及蛋白水平验证 PTPN1-WT 及 PTPN1 Δ 6 过表达成功。

结论 1、在 GEPIA 数据库中分析得出，PTPN1 在 DLBCL 样本中高表达；2、初治 DLBCL 患者 PTPN1 表达量高于正常人，部分初治 DLBCL 患者中存在 PTPN1 Δ 6 突变；3、PTPN1 在 SU-DHL-2 及 SU-DHL-6 的表达量存在差异，前者中 PTPN1 表达量更高；4、在 SU-DHL-6 细胞株中，PTPN1 Δ 6 促进细胞增殖；5、PTPN1-WT、PTPN1 Δ 6 过表达均可抑制 DLBCL 细胞凋亡；6、PTPN1 Δ 6 过表达可影响两种 DLBCL 细胞的周期进程，然而 PTPN1-WT 过表达对 SU-DHL-2 细胞的周期无明显影响，对 SU-DHL-6 细胞的周期进程产生影响。

PO-1058

Significance of serum beta-2 microglobulin for survival and relapse in patients with diffuse large B-cell lymphoma in the rituximab era

Yuze Yang^{1,2}, Yaru Xu^{1,2}, Mei Zhou^{1,2}, Li Liu^{1,2}, Liqiang Zhou³, Zhenxing Guo^{1,2}

1. Tsinghua University School of Medicine

2. First Hospital of Tsinghua University

3. Cancer Hospital Chinese Academy of Medical Sciences

Objective To investigate the survival and relapse significance of serum beta-2 microglobulin (B2MG) in patients with diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) in the rituximab era.

Methods Clinical outcome of 92 patients with DLBCL from December 2003 to July 2015 were retrospectively analyzed. Receiver operating characteristic (ROC) curves were used to determine the optimal cutoff value of B2MG levels for predicting prognosis. Kaplan–Meier analysis was used to estimate progression free survival (PFS) and overall survival (OS). Cox logistic regression was used to explore potential prognostic factors associated with poor survival. Binary logistic regression was used to analyze the relationship between factors and relapse.

Results 5-year OS and PFS rate was 90% and 68%, respectively. As determined by ROC curve analysis, the most discriminative cutoff value for B2MG level was 2.25 mg/L, with an AUC value of 0.812 (95% CI, 0.709–0.914; $p < 0.001$). Subgroup analysis suggested significant worse PFS and worse tendency OS was found in elevated B2MG (> 2.25 mg/L) group than those in low B2MG group (≤ 2.25 mg/L) (for PFS, 50.42 months \pm 8.45 months vs. 75.81 months \pm 9.13 months, $p < 0.01$; for OS, 83.01 months \pm 8.11 months vs. 103.65 months \pm 3.01 months, $p = 0.053$). Univariate analysis showed that elevated B2MG and IPI score (≥ 3) were the two potential prognostic factors to estimate poor OS. Several prognostic factors such as elevated B2MG, older age, advanced stage, higher IPI score as well as higher NCCN-IPI score were associated with worse PFS. Furthermore, multivariate analysis showed older age (> 60 years) and elevated B2MG were associated with worse PFS (For older age: hazard ratio: [HR] 0.32, 95% confidence interval [CI] 0.11-0.90; $p < 0.05$; For B2MG: 0.32, (0.12-0.88); $p < 0.05$). Binary logistic regression showed that older age (> 60 years) and elevated B2MG were potential prognostic factors for DLBCL relapse (For Age: odds ratio: [OR] 4.49, 95% confidence interval [CI] 1.01-20.03; $p < 0.05$; For B2MG: 4.92, (1.12-21.53); $p < 0.05$).

Conclusion Serum B2MG might be an important independent prognostic factor for the survival and relapse of DLBCL in the rituximab era.

PO-1059

症状隐匿的一例华氏巨球蛋白血症报告

王树叶

哈尔滨医科大学附属第一医院

目的 探讨一例症状隐匿的华氏巨球蛋白血症

方法 为明确足痛原因,先后到神经内科、骨科、疼痛科检查,未能明确诊断,由于血常规中血红蛋白轻度减少、肌电图异常、考虑是否有 POMES 综合征,建议患者入院完善骨穿、骨髓活检、免疫球蛋白电泳、影像检查、流式和基因测序等相关检查。

结果 患者此次因足痛入院,CT 显示多发椎体信号异常,不能排除浆细胞疾病导致的骨破坏(骨质破坏在华氏巨球蛋白血症中较为罕见)通过该患者血常规显示有轻度贫血,可怀疑有异常细胞抑制骨髓正常造血,肝功显示球蛋白为 42.4g/L,血清蛋白电泳显示为 Y 球蛋白 37.5%, M 蛋白 21.8%,

免疫球蛋白中以 IgM 为主，为 22.2g/L，可说明骨髓中有可能存在浆细胞（大多数华氏巨球蛋白血症患者为 IgM 型），CT 显示全身多部位存在淋巴结增大，流式显示存在异常单克隆 B 淋巴细胞，患者双足疼痛 5 年说明有器官组织浸润，肌电图可显示有神经系统症状，结合骨髓活检可考虑为淋巴浆细胞淋巴瘤累及骨髓，二代测序中 MYD88 基因 L265P 结果为阳性。

结论 确诊为华氏巨球蛋白血症

PO-1060

MCP-1-CCR2-M2 macrophages axis contributes to diffuse large B-cell lymphoma progression and inhibits antitumor immune response

Yan-Li Li^{1,2}, Zhao-Feng Wen¹, Qi-Tang Huang¹, Quan-Quan Hu¹

1. Department of Pathology, School of Basic Medical Sciences, Anhui Medical University

2. Department of Pathology, The Second Affiliated Hospital of Anhui Medical University

Objective Diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) is an aggressive hematological malignancy with restricted effective therapy choices. MCP-1/CCR2 axis is required for the recruitment of monocytes and polarization of macrophages. We firstly revealed MCP-1, CCR2, CD68 and CD163 expression were respectively positively related with poor prognosis in DLBCL in our previous work. Now, we further investigated the feasibility of treatment targeting MCP-1-CCR2-macrophages axis in DLBCL. We analyzed MCP-1, CD68, CD163 expression by immunohistochemistry in 143 DLBCL patients tissues, MCP-1 concentration and CD14+CCR2+ monocytes in peripheral blood in another cohort by enzyme linked immunosorbent assay or flow cytometry. THP-1 or U937 cells were used to mimic macrophages polarization with the blockade of MCP-1/CCR2 axis in vitro. BALB/C mice subcutaneous tumors were evaluated and detected after blocking MCP-1/CCR2 axis with CCR2 antagonist. As results, MCP-1 expression is positively associated with CD68 or CD163 expression in DLBCL, and MCP-1 concentration is positively associated with the proportion of CD14+CCR2+ monocytes in peripheral blood. Blockade of MCP-1/CCR2 axis with CCR2 antagonist inhibits monocytes recruitment and M2 macrophages polarization in vitro. Further, the subcutaneous tumors growth is suppressed after blocking MCP-1/CCR2 axis with CCR2 antagonist by decreasing the amount of M2 tumor-associated macrophages (TAMs) while increasing the amount of CD8+ T cells. Therefore, MCP-1-CCR2-M2 macrophages polarization plays vital roles in DLBCL progression. Blockade of MCP-1/CCR2 axis with CCR2 antagonist suppresses DLBCL progression by reversing M2 macrophages polarization and activating CD8+ T cell antitumor immune response. The results demonstrate the translational potential of MCP-1/CCR2 blockade for treatment of DLBCL.

PO-1061

Construction and validation of prognostic scoring models to risk stratify patients with acquired immune deficiency syndrome -related diffuse large B cell lymphoma

Hua You, Han Zhao, Rongqiu Liu, Yu Tao, Luca Bertero, Lizhi Feng, Bo Liu, Zhimin Chen, Jialong Guan, Baolin Liao, Linghua Li, Haolan He

Children's Hospital of Chongqing Medical University

Objective AIDS-related diffuse large B cell lymphoma (AR-DLBCL) is one of the most common

ARL subtypes, accounting for approximately 45% of these tumors. AR-DLBCL often presents at an advanced disease stage, with extra-nodal (EN) involvement, high risk of infection and the overall prognosis remains unsatisfactory. Early diagnosis and treatment of AR-DLBCL is critical. However, there is no specific prognostic model for patients with AR-DLBCL. Thus, we aimed to construct new clinical prognostic models.

Methods Clinical features and prognostic factors for OS and PFS were evaluated by univariate and multivariate analyses. Variables identified as significant factors in the univariate Cox analysis were selected into the multivariate Cox proportional hazards regression analysis to identify the independent prognostic factors using the Forward Stepwise (Conditional LR) method; The screened factors were introduced into the logistic regression equation to calculate the prediction probability of an outcome and to draw the receiver operating characteristic curve (ROC). The area under the curve (AUC) and Harrell's concordance index (C-index) were compared. The Hosmer-Lemeshow test was used to assess the goodness of fit of the model. The decision curve analysis (DCA) was used to reflect the net benefit of the model.

Results CNS involvement, OI at lymphoma diagnosis and elevated LDH were selected to construct the OS model, namely GZMU OS model; CNS involvement, OI at lymphoma diagnosis, elevated LDH and over 4 chemotherapy cycles were selected to construct the PFS model, namely GZMU PFS model. In the training cohort, the predictive accuracy of prognostic model for OS, as measured by AUC was 0.786, compared with 0.555 of risk stratified by IPI, 0.638 of risk stratified by aalPI and 0.597 of risk stratified by NCCN-IPI. The C-index values based on GZMU OS model, IPI, aalPI and NCCN-IPI were 0.712, 0.577, 0.649 and 0.587, respectively. The predictive accuracy of prognostic model for PFS, as measured by AUC was 0.829, compared with 0.519 of risk stratified by IPI, 0.609 of the risk stratified by aalPI and 0.572 of risk stratified by NCCN-IPI. The C-index values based on GZMU PFS model, IPI, aalPI and NCCN-IPI were 0.733, 0.536, 0.591 and 0.563, respectively. The models we constructed showed better risk stratification than IPI, aalPI, and NCCN-IPI. In the validation cohort, the predictive accuracy of prognostic model for OS, as measured by AUC and C-index, GZMU models were the highest. Furthermore, in combined cohort, the Hosmer-Lemeshow test showed that the models were good fits (OS: $P = 0.8244$; PFS: $P = 0.9968$) and the DCA demonstrated a significantly better net benefit. The prognostic efficacy of the proposed models was validated independently and outperformed the currently available prognostic tools.

Conclusion In this study, novel prognostic models with AR-DLBCL patients were constructed and validated, namely GZMU OS model and GZMU PFS model, which showed better prognosis prediction efficiency and risk stratification ability than IPI, aalPI and NCCN-IPI scoring systems. These novel prognostic models will help to tackle a clinically relevant unmet need.

PO-1062

Clinical characteristics and outcomes of AIDS-related Burkitt lymphoma in China

Hua You, Rongqiu Liu, Han Zhao, Yu Tao, Lizhi Feng, Baolin Liao, Bo Liu, Jialong Guan, Linghua Li, Haolan He
Children's Hospital of Chongqing Medical University

Objective The epidemiology of acquired immunodeficiency syndrome (AIDS)-defining cancer has changed as a result of combined antiretroviral therapy (cART), which reduced the incidence of primary central nervous system lymphoma (PCNSL) and diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL), but showed no significant effect on Burkitt lymphoma (BL), which remained largely stable or even increased over time. However, there is still a lack of specific prognostic model for AR-BL patients. Therefore, we analyzed the clinical characteristics and outcomes of patients with AR-BL from our center and conducted a novel risk stratification model to predict prognosis.

Methods To improve risk assessment, the clinical data of 34 patients with AR-BL were collected and the factors associated with progression free survival (PFS) and overall survival (OS) were

evaluated in univariate and multivariate Cox models. Variables with a P value of < 0.05 in the univariate analysis were all selected for the multivariate analysis, and the screened factors were used with assignment method to calculate the prediction probability of an outcome and to draw the receiver operating characteristic curve (ROC). The area under the curve (AUC) and C-index were compared. The nomogram and calibration curve were drawn to predict the probability and accuracy.

Results With 37-month median follow-up, the median PFS and OS for AR-BL patients were 14 months and 15 months, respectively. The overall 2-year PFS and OS rates were 40.50% and 36.18%, respectively. The OS of patients received chemotherapy was better compared with those without chemotherapy ($P=0.0012$). Treatment with an EPOCH-based regimen was associated with longer OS and PFS compared with a CHOP-based regimen (OS, $P=0.0002$; PFS, $P=0.0158$). Then we established a novel prognostic risk stratification model named AR-BL model with chemotherapy and ECOG PS, which showed better stratification ability than international prognostic index (IPI) or Burkitt lymphoma international prognostic index (BL-IPI). The predictive accuracy of the here proposed prognostic model for OS, as measured by AUC was 0.713 (95%CI 0.535–0.89), compared with 0.741 (95%CI 0.566–0.916) of risk stratified by IPI, and 0.700 (95%CI 0.517–0.883) of risk stratified by BL-IPI. The C-index values based on the present AR-BL model, IPI and BL-IPI were 0.76, 0.696 and 0.714, respectively. Furthermore, the C-index of the nomogram used to predict OS was 0.884 in the entire cohort and the calibration curve showed excellent agreement between the predicted and actual results of OS. No HIV-related factors were found to be associated with OS and PFS of AR-BL patients in our study.

Conclusion Overall, the clinical characteristics and outcomes in AR-BL were showed and prognostic factors for OS and PFS were identified. In conclusion, we analyzed the clinical characteristics of a series of patients with AR-BL and designed a novel risk stratification model that could be easily used in clinical research after validation in an independent cohort.

PO-1063

一致性骨髓受累对弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者预后的影响

左华芹、孙幸、谢晓艳、孙梅

江苏省苏北人民医院

目的 一般认为骨髓受累是弥漫大 B 细胞淋巴瘤的不良预后指标，但临床上骨髓受累通常包含两种类型，即一致性骨髓受累和不一致性骨髓受累，前者骨髓与原发部位均表现为大 B 细胞淋巴瘤，而后者骨髓表现为低级别淋巴瘤。目前为止，一致性和不一致性骨髓受累的临床意义尚未得到充分的认识。本研究通过分析骨髓受累的一致性与否对弥漫大 B 细胞淋巴瘤预后的影响，以探索一致性与不一致性骨髓受累在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的意义。

方法 回顾性分析了 2018 年 4 月至 2022 年 4 月在苏北人民医院初诊的 32 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤伴骨髓受累患者。根据骨髓受累的一致性与否将患者分为一致性骨髓受累和不一致性骨髓受累两组，比较两组患者的临床特征和预后。采用卡方检验比较两组间临床特征，用 Kaplan-Meier 法分析总生存期 (OS) 和无进展生存期 (PFS)，组间比较采用 Log-Rank 检验，多因素分析采用 COX 比例风险模型。

结果 32 例初诊弥漫大 B 细胞淋巴瘤伴骨髓受累的患者中，一致性骨髓受累的患者 15 例 (46.9%)，不一致骨髓受累的患者 17 例 (53.1%)，两组临床特征总体无显著的统计学差异，但不一致性骨髓受累组 ≤ 60 岁的患者相对更多 ($P=0.055$)、LDH 相对更低 ($P=0.051$)。一致性骨髓受累和不一致性骨髓受累两组的中位生存期分别为 (15.4 \pm 7.6) 月对 (54.0 \pm 5.2) 月，两组的 1 年 OS 分别为 53% 和 87%，1 年 PFS 分别为 40% 和 87%，均具有显著的统计差异 ($P<0.001$)。一致性骨髓受累组患者的总体 OS 显著低于不一致性骨髓受累患者 ($X^2=4.373$, $P=0.037$)，PFS 也显著低于不一致性骨髓受累组 ($X^2=4.915$, $P=0.027$)。单因素分析显示，年龄 > 60 岁和一致性骨髓受累

累是 OS 的不良预后因素，但多因素分析显示，一致性骨髓受累不是影响初诊弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者 OS 的独立危险因素。

结论 相较于不一致性骨髓受累的弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者，一致性骨髓受累的患者中位生存期、OS 和 PFS 均更短。一致性骨髓受累是弥漫大 B 细胞淋巴瘤的预后不良因素，可在一定程度上预测弥漫大 B 淋巴瘤患者的预后。

PO-1064

不同化疗方案联合沙利度胺治疗初诊 HIV 相关弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的有效性及其安全性：一项回顾性分析

陶鹏飞、钱川、周奇文、林森、王希、王丹青、邝丽娟、闵海燕
云南省传染病医院

目的 探讨不同化疗方案联合沙利度胺治疗对低收入初诊 HIV 相关弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的近期疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2018 年 1 月至 2020 年 12 月云南省传染病医院感染科收治的 42 例初次诊断为 HIV-DLBCL 患者，使用 R-CHOP 方案 14 例（其中 II 期 1 例、III/IV 期 13 例）、使用 R-DAEPOCH 方案 24 例（其中 II 期 1 例、III/IV 期 23 例）、使用 EPOCH 方案 4 例（其中 II 期 1 例、III/IV 期 3 例），每组均联合沙利度胺治疗，并调整 ART 方案，化疗期间行 1~6 次鞘内注射及口服复方磺胺甲噁唑预防感染，化疗 4 周期评估临床疗效，每个化疗周期均进行不良事件评估。

结果 所有患者均接受 1~8 个周期的化疗结果显示，R-CHOP 组 9 例达到 CR（64.2%），死亡 5 例；R-DAEPOCH 组 17 例达到 CR（70.8%），死亡 7 例；EPOCH 组 2 例达到 CR（50%），死亡 2 例。治疗过程中出现的不良反应以 II 级以上骨髓抑制为主。

结论 对于低收入初诊 HIV-DLBCL 患者使用 R-DAEPOCH 联合沙利度胺治疗方案可能会改善患者的预后。

PO-1065

弥漫性大 B 细胞淋巴瘤患者中 CD30 的表达及其临床意义

屈阳、贾祝霞、卢绪章
常州市第二人民医院

目的 探讨 CD30 在弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）患者中的表达及其临床意义。

方法 回顾性分析 2018 年 1 月至 2020 年 7 月间在南京医科大学附属常州第二人民医院诊断的 124 例原发性 DLBCL 病例，应用免疫组化方法检测 CD30 的表达情况，分析比较 2 组间各临床病理特征，应用 Kaplan-Meier 法进行生存分析。分析 CD30 在 DLBCL 中的表达、CD30 表达与各临床因素及预后之间关系。

结果 124 例 DLBCL 中，CD30+ 19 例（15.32%）。CD30+ DLBCL 患者的临床病理特征具有年龄低、男性多见、结外受累数目少、国际预后指数（IPI）小、Hans 分型以 GCB 型多见、获得的最佳疗效较好的特点（ $P < 0.05$ ）。CD30+ 与 CD30- 组的 Kaplan-Meier 生存曲线具有显著性差异（ $\chi^2 = 5.653, P = 0.017$ ），阳性组预后较阴性组好。亚组分析结果显示，在 LDH 升高组中 CD30+ 组有较好的预后（ $P < 0.05$ ）；在 Ann Arbor 分期为 III-IV 期（ $P = 0.055$ ）、Hans 分型为 non-GCB 型（ $P = 0.053$ ）亚组中 CD30+ 组有较好的预后趋势，但差异未达统计学意义。单因素分析结果显示，DLBCL 患者的良好预后与 CD30+ 表达、无 B 组症状、Ann Arbor 分期早、ECOG 评分低、LDH 值正常、IPI 评分低、结外受累数目少、获得最佳疗效为 CR 密切相关（ P 均 < 0.05 ）。COX 多因素分

析显示,存在 B 组症状、获得最佳疗效为非 CR 是影响 DLBCL 患者预后效果的独立危险因素 ($P < 0.05$)。

结论 DLBCL 患者中 CD30+表达提示良好的预后,在评估 DLBCL 患者预后中具有一定的判断价值。

PO-1066

外周血 T 淋巴细胞亚群计数及 CD4/CD8 比值 在艾滋病相关淋巴瘤患者中的预后分析

周奇文

云南省传染病医院感染二科

目的 探讨艾滋病相关淋巴瘤患者在抗病毒联合化疗的综合治疗过程中动态监测到的外周血 T 淋巴细胞亚群计数(包括 CD4+T 淋巴细胞计数和 CD8+T 淋巴细胞计数),以及 CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值与该类人群预后间的联系。

方法 通过整理云南省传染病医院感染二科 2015 年 2 月—2022 年 2 月期间有完整资料,且为在我院首诊的 82 例艾滋病相关淋巴瘤患者在综合治疗过程中动态监测到的外周血 T 淋巴细胞亚群计数及其比值和患者疾病相关临床特征、实验室检查及临床转归等通过统计学进行相关性分析。

结果 82 例患者男性占 75.61%,初诊时平均年龄(46.1±9.89)岁,有 43 例(52.44%)患者是因肿瘤症状发现 HIV 感染的,性传播患者占比为 95.12%, ECOG 评分≥2 分患者 65 例(79.27%), 65 例(79.27%)患者初诊时存在 B 组症状,75 例(91.46%)患者疾病分期≥III 期,28 例(34.15%)患者存在骨髓侵犯,62 例(75.61%)患者 LDH 异常,65 例(79.27%)患者 EBV-DNA 阳性,13 例(15.85%)患者合并乙肝病毒感染。患者基线时中位 CD4+ T 淋巴细胞计数为 155(92.2-250)个/ul,中位 CD8+ T 淋巴细胞计数为 734(438-1089)个/ul,CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值中位数为 0.20(0.12-0.36),其中 CD4+ T 淋巴细胞计数<200 个/ul 的患者为 50 例(60.98%),CD8+ T 淋巴细胞计数≥750 个/ul 的患者为 38 例(46.34%),CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值<0.3 的患者 54 例(65.85%)。

结论 艾滋病相关淋巴瘤患者诊断时疾病情况多处于艾滋病晚期,外周血 T 淋巴细胞亚群计数及 CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值均较低,且淋巴瘤疾病也多处于晚期,同时体能状况均较差,伴随 EBV 感染和 LDH 阳性者居多,部份患者存在骨髓侵犯和 HBV 合并感染病情复杂。因为以上相关因素叠加,通过统计学分析后发现在此类人群中外周血 T 淋巴细胞亚群计数及 CD4+/CD8+T 淋巴细胞比值动态监测不能作为判断患者预后的因素。

PO-1067

营养状态对艾滋病相关淋巴瘤预后的研究

刘婷婷

重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨营养状态在 HIV 感染相关淋巴瘤患者疾病发展中的预后价值,以早期筛查营养不良高危人群,采取针对性干预措施提供理论依据。

方法 选择 2012 年 8 月到 2022 年 5 月到重庆市医院治疗的 149 位 HIV 感染相关淋巴瘤患者作为研究对象,收集相关信息,根据预后划分为不良组和良好组,统计患者的临床特征以及预后信息,采用统计学方法进行分析。

结果 149 例病人中男患者 125 例(83.9%),女患者 24 例(16.1%),男女比是 5.21:1;年龄的中位数是 41 岁(23-87 岁),75 人 HIV 和淋巴瘤一起被确诊,73 人先被 HIV 感染平均经过 52.6

个月导致 ARL; BMI $<18.5\text{Kg}/\text{m}^2$ 的患者有 43 例 (28.85%), 82 例 (55.03%) 病人 IPI 评分被评为中高、高危, PA $<170\text{mg}/\text{L}$ 的患者有 67 例 (44.97%); 确诊后一年生存率是 78.26%, 使用 COX 风险比例回归进行相关分析认为 IPI 评分和 BMI 以及 PA 会极大的影响生存率, 使用 ROC 曲线分析认为 IPI、BMI、PA 的综合指标预后效果要比单一指标好。

结论 艾滋病相关淋巴瘤患者大多确认病情时都有营养不良的现象; 营养状况对于患者预后有较大作用; BMI、PA 联合 IPI 评分可以挑选高危病人。

PO-1068

HIV 相关淋巴瘤自体造血干细胞移植的护理及 9 例体会

罗琴

重庆大学附属肿瘤医院

目的 总结 9 例 HIV 相关淋巴瘤患者行自体造血干细胞移植的护理经验。

方法 对 2021 年 9 月至 2022 年 12 月收治的 9 例艾滋病合并淋巴瘤患者行自体造血干细胞移植术, 规范实施自体造血干细胞移植, 加强过程管理; 回输前入住洁净病房, 行保护性隔离; 加强职业防护, 预防交叉感染; 回输后严密观察并发症的发生, 给予针对性干预措施; 关注患者心理动态变化, 做好健康宣教。

结果 9 例 HIV 患者中弥漫大 B 细胞淋巴瘤 5 例, 浆母细胞淋巴瘤 2 例, 霍奇金淋巴瘤 1 例, 非霍奇金淋巴瘤 1 例, 9 例患者均获造血功能重建, 顺利完成自体造血干细胞移植的治疗, 有 5 例患者发生不良反应, 其中 3 例出现反复发热, 2 例出现腹泻。

结论 加强对 HIV 相关淋巴瘤自体造血干细胞移植期间的护理, 对于患者能顺利完成治疗及治疗效果具有重要意义。

PO-1069

淋巴瘤患者静脉血栓栓塞危险因素的 Meta 分析

蒋翠婷

重庆大学附属肿瘤医院

目的 淋巴瘤患者静脉血栓栓塞的患病率和危险因素相关研究引起大家重视, 但研究质量参差不齐, 结果不一致。本研究的主要目的是调查淋巴瘤患者静脉血栓栓塞的患病率, 并确定与静脉血栓栓塞相关的危险因素。

方法 系统检索 PubMed、EMBASE、Web of Science 和 Cochrane Library 数据库, 从建库至 2023 年 2 月的淋巴瘤患者静脉血栓栓塞的相关研究。使用固定效应或随机效应模型计算合并优势比, 并使用纽卡斯尔-渥太华量表评估每项研究的质量。采用敏感性分析评估研究结果的稳健性。使用漏斗图和 Egger's 检验确定任何潜在的发表偏倚。两名研究人员独立评估资格并提取数据以确保准确性。

结果 共纳入 17 项研究, 共 4983 例淋巴瘤。静脉血栓栓塞总发生率为 12%(置信区间为 0.09-0.15)。敏感性分析结果显示 Meta 结果比较稳健。女性、年龄较大、有静脉血栓栓塞病史、弥漫大 B 细胞淋巴瘤类型、Ann Arbor III~IV 期、较高的 ECOG-PS、较大的肿瘤、中枢神经系统受损伤、WBC 计数 $>11\times 10^9/\text{L}$ 、d-二聚体水平 $>0.5\text{mg}/\text{L}$ 、中心静脉置管和阿霉素治疗是淋巴瘤患者 VTE 的重要危险因素($P<0.05$)。漏斗图提示可能存在一些潜在的发表偏倚, 统计检验进一步证实了这一点。然而, 剪补法的结果表明, 在添加了 9 个“缺失”研究后, 合并效应量保持稳定。

结论 研究显示, 在淋巴瘤患者中, 静脉血栓栓塞的总患病率约为 12%。确定静脉血栓栓塞的危险因素, 有助于预防静脉血栓栓塞的发生。

PO-1070

循证护理对 HIV 相关性淋巴瘤化疗患者生活质量和心理情绪的影响实践探究

雷波

重庆大学附属肿瘤医院

目的 本文主要针对 HIV 相关性淋巴瘤化疗患者采用循证护理的临床效果进行分析,并针对性研究其对患者生活质量和心理情绪的影响。

方法 采集 100 例 2021 年 1 月-2022 年 1 月我院收治的 HIV 相关性淋巴瘤化疗患者病例信息,分组展开研究,采用常规护理为参照组(50 例),采用循证护理为研究组(50 例),对比护理效果。参照组:常规护理。研究组:循证护理①组建循证护理小组,成员包括个人专业技术过硬、临床经验丰富的护理人员,寻找问题,并将其特定化、结构化,将获得的科研数据与临床专业知识和经验、患者的需求想结合,拟定护理方案。通过自评、同行评议、评审等方式监测临床证据的实施效果。②心理方面:护士要以正确的态度对待患者,与患者进行有效沟通;针对性地进行相应的心理疏导;保护患者隐私;提升患者临床认知度,利于患者积极配合治疗。③家庭方面:让家属了解关于疾病的传播方式、如何防治等基本信息,给予患者精神上的支持,同时注意自我防护。④健康教育方面,教会患者抗病毒、抗真菌药和预防用药方面的知识;告诉患者安全性行为和使用安全套;教会患者如何应用含氯等消毒液进行血液、排泄物和分泌物的消毒。要让患者了解,只要 HIV 感染相关淋巴瘤的患者尽早启动包括自体造血干细胞移植在内的规范化治疗,就可以得到长期生存的机会。⑤饮食方面:根据患者的饮食能力和需求适宜饮食,制定合理的饮食计划,保证营养和热量。⑥粒缺的管理:保护性隔离,入住无菌层流病房或单间病房,严格执行清洁、消毒、隔离制度,工作人员入室制度,限制呼吸道等各类感染性人员的探视;注意个人卫生、饮食卫生,加强营养;保持口腔、肛周、会阴的清洁;保护包块及破溃皮肤,定时换药;避免劳累;严密监测血象。⑧定期随访:按照医生的医嘱约定时间或者如果发现有不舒服的地方,及时到医院进行复查,医生根据病情及复查结果评估治疗效果,及时调整治疗方案,进一步进行康复指导或者提出新的处理意见。

结果 护理前患者生活质量评分、SAS、SDS 评分,两组数据组间无明显差异性($P>0.05$);护理后患者生活质量评分研究组高于参照组($P<0.05$);SAS、SDS 评分护理后研究组低于参照组($P<0.05$)。

结论 对 HIV 相关性淋巴瘤化疗患者采用循证护理可有效缓解患者不良心理情绪,进而积极配合治疗,提升治疗效果,提高日常生活质量,显著的可行性具有广泛应用的意义。

PO-1071

全方位护理用于血液肿瘤患者对其护理满意度的影响分析

张媛

重庆大学附属肿瘤医院

目的 评价对血液肿瘤患者予以全方位护理,对患者护理满意度产生的积极影响。

方法 2022 年 1 月-2022 年 12 月是该研究选择病例的时段,将我科 120 例血液肿瘤患者的病历资料予以回顾性方式抽取,根据随机取样法对其进行分组处理,其中对照组纳入 60 例给予护理常规进行干预,其余 30 例纳入观察组予以全方位护理干预。

结果 实际措施实施过程中,对患者相关症状予以针对性干预,减轻患者不适的同时舒缓其内心,继而从根本上降低患者的生理应激。经与对照组患者护理满意度观测指标数值相比,观察组患者护理操作、服务态度等指标数值以更高显示($P<0.05$)。护理后与对照组患者心理状态指标观测数值相比,观察组患者焦虑、抑郁情绪指标数值以较低呈现($P<0.05$)。

结论 予以全方位护理对血液肿瘤患者有显著价值和效果，通过安全、高效的优质护理服务，可在提升患者护理满意度、缓解焦虑情绪方面发挥重要作用。

PO-1072

可调节式手臂支撑装置在 PICC 置管术中的应用

王霞、吕静、刘婷婷、徐禄香
重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨可调节式手臂支撑装置在 PICC 置管术中的应用效果。

方法 选择 2021 年 2 月—2021 年 6 月使用简易木板由助手护士辅助行 PICC 置管术的 91 例患者为对照组，2021 年 7 月—2021 年 11 月使用可调节式手臂支撑装置行 PICC 置管术的 87 例患者为观察组，比较两组患者置管时助手护士花费时间、患者用具使用舒适度体验感、操作者多次进针次数及送导丝次数、置管后相关并发症发生率。

结果 结果 对照组在 PICC 置管消毒过程中全程需由助手护士协助操作，观察组由操作者独立完成消毒。观察组患者舒适度体验感 2、3 级明显低于对照组，观察组多次进针及送导丝次数明显低于对照组，观察组置管一周内发生渗血、渗液明显低于对照组，差异均具有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 可调节式手臂支撑装置应用于 PICC 置管术中可以有效节约护理人力资源，增加患者舒适度，方便操作者进针，利于导丝送入，使整个置管的过程更加顺畅，减轻患者的痛苦，可降低相关并发症的发生。

PO-1073

200 例 B 细胞慢性淋巴增殖性疾病患者的临床特征及预后

徐成波¹、许华琴²、郑瑞玟²
1. 福建省人民医院
2. 福建省漳州市医院

目的 探讨新药治疗时代 B 细胞慢性淋巴增殖性疾病 (B-CLPD) 患者的临床特征及新药治疗对疗效和生存的影响。

方法 回顾性分析 2015 年 4 月至 2021 年 8 月间就诊的 200 例 B-CLPD 患者的临床资料，分析患者初诊时的临床特征以及在含布鲁顿酪氨酸激酶 (BTK) 抑制剂、以利妥昔单抗为基础的免疫治疗及单纯化疗等不同治疗方案下的临床疗效和生存情况。

结果 200 例患者中男性 119 例 (59.5%)，女性 81 例 (40.5%)，男女比例约 1.5:1，中位确诊年龄 61 (30-91) 岁。200 例患者亚型分布为 CLL/SLL51 例，FL64 例，MCL40 例，MZL30 例，LPL/WM10 例，B-CLPD-U5 例。102 例患者以淋巴结肿大为主要临床表现，32 例患者合并有 B 症状。CLL/SLL 患者中 Binet A 期 12 例、Binet B/C 期 39 例，其他亚型患者 Ann Arbor 或 Lugano 分期 I-II 期 29 例，III-IV 期 110 例。58 例接受含 BTK 抑制剂治疗的患者有 43.1% (25/58) 获得 CR，ORR 为 87.9% (51/58)，97 例以利妥昔单抗为基础治疗的患者有 40.2% (39/97) 获得 CR，ORR 为 62.9% (61/97)，14 例接受单纯化疗的患者仅 7.1% (1/14) 获得 CR，ORR 为 28.6% (4/14)。所有患者 3 年 OS 率和 PFS 率分别为 79.2% 和 72.4%，MZL、CLL/SLL、FL、WM 的 3 年 OS 率分别为 94.7%、87.7%、86.8% 和 83.3%，MCL 的 3 年 OS 率为 40.6%，明显低于其他亚型 ($P<0.05$)，含 BTK 抑制剂治疗的患者中位 OS 为 20.5 个月，3 年 OS 率为 97.4%，以利妥昔单抗为基础治疗的患者中位 OS 为 18.5 个月，3 年 OS 率为 90.7%，单纯化疗的患者中位 PFS 为 4 个月，1 年 OS 率为 52.7%，PFS、OS 与前两组比较差异有统计学意义 ($P<0.05$)。单因素分析结果显示，合并贫血、LDH 升高、 β 2-MG 升高、存在脾脏肿大对 OS 有显著影响 ($P<0.05$)，

乳酸脱氢酶升高对 PFS 有显著影响 ($P<0.05$)，多因素分析结果显示，合并贫血 ($P<0.05$) 和乳酸脱氢酶升高 ($P<0.05$) 是影响患者生存的独立不良预后因素。

结论 B-CLPD 是一类临床异质性较大的疾病，贫血和 LDH 升高是评估患者生存不良的预后因素，新药时代 BTK 抑制剂和新型免疫治疗可以改善患者的生存和预后。

PO-1074

Impact of initial chemotherapy cycles and clinical characteristics on outcomes for HIV-associated diffuse large B cell lymphoma patients

Chaoyu Wang, JUN LIU, JIEPING LI, YAO LIU
Department of Hematology, Chongqing Cancer Hospital

Objective Little is known about the first line induction chemotherapy cycles for HIV-associated diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) as these are less common than HIV-negative lymphoma. Currently, the optimal treatment cycles option remains undefined. Therefore, we performed a multi-center study to analyze the clinical characteristics and outcomes of HIV-associated DLBCL patients in different treatment modes in China. Totally 273 newly diagnosed HIV-associated DLBCL patients at eleven large academic centers from October 2008 to October 2021, were analyzed. In the entire cohort, the median age was 47 years (range, 21-90) at lymphoma diagnosis, and 223 patients were male (81.7%). One hundred and ninety-four (71.1%) patients were germinal center B-cell-like lymphoma (GCB) subtype. Most patients (65.2%, 178/273) had elevated lactate dehydrogenase (LDH), and advanced Ann Arbor stage (78.9% 213/273) at diagnosis. High international prognostic index (IPI) score (3-5) at diagnosis was found in 65.2% (178/273) of patients. One hundred and fifty-five patients (56.8%) had extranodal involvement. The median CD4 cell count was 168/ μ l (range, 2-1067), of whom 174 (63.7%) had a CD4 cell count below 200/ μ l. The median follow-up of our cohort was 10.1 (0.1-160) months. The overall 2-year OS rates 58.0%. Median OS times in the 0, 1-3, 4-6, and >6 cycles chemotherapy cohort were 7.1 months, 20.0 months, not reached, and not reached, respectively (Hazard Ratio (HR)=0.549, 95% Confidence interval (CI) 0.451-0.667; $p<0.001$). Cox multivariate analysis showed that age ≥ 60 (HR=2.207, 95%CI 1.321-3.690; $p=0.003$), high IPI score (3-5) (HR=2.926, 95% CI 1.716-4.988; $p<0.001$), B symptoms (HR=1.928, 95%CI 1.192-3.119; $p=0.007$), elevated LDH (HR=1.696, 95%CI 1.031-2.791; $p=0.038$) and received less than 4 cycles chemotherapy (HR=0.520, 95%CI 0.424-0.637; $p<0.001$) were independent risk factor for adverse prognosis based on overall survival (OS). These results demonstrated that 4-6 cycles chemotherapy were significantly associated with improved outcomes in HIV-associated DLBCL patients. However, >6 cycles chemotherapy did not further improve the survival of patients.

PO-1075

肠道弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床特征与预后分析

陈晓君、沈建箴
福建医科大学附属协和医院

目的 本研究通过比较原发性和继发性肠道弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床特征、诊疗及预后情况等，同时检索国内外最新相关文献资料予以系统性讨论，以期对肠道弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床诊疗及基础研究提供借鉴与参考。

方法 收集并整理我院 2011 年 6 月~2022 年 6 月收治的 88 例原发性肠道弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (primary intestinal diffuse large B-cell lymphoma, PI-DLBCL) 患者及 138 例继发性肠道弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (secondary intestinal diffuse large B-cell lymphoma, SI-DLBCL) 患者的临床资料, 分析其临床和病理特征、诊治经过及预后情况, 所有病例均采用 2014 版 Lugano 分期标准, 病理分型采用 Hans 标准, 采用 2014 版 Lugano 评效标准进行疗效评价, 采用 SPSS26.0 统计学软件进行统计分析, 采用 Graphpad Prism 9.0 绘图。组间比较采用卡方检验, 用 Kaplan-Meier 方法绘制生存曲线, Log-rank 检验进行各组生存期的比较, 并对预后因素进行单因素和多因素分析。

结果 COX 多因素分析显示: Lugano 分期和白蛋白是影响肠道 DLBCL 患者 OS 的独立危险因素。Lugano 分期、IPI 评分、白蛋白、淋巴瘤部位是影响肠道 DLBCL 患者 PFS 的独立危险因素。Lugano 分期是影响 PI-DLBCL 患者 OS 及 PFS 的独立危险因素。IPI 评分是影响 SI-DLBCL 患者 OS 及 PFS 的独立危险因素。

结论 1. PI-DLBCL 组患者初诊时 Lugano 分期多为 I~II 期, 血清 LDH 大多正常, $\beta 2$ 微球蛋白 $\leq 3\mu\text{g/ml}$, 一线治疗方式多选择手术联合化疗或单纯手术治疗。SI-DLBCL 组的治疗总有效率高于 PI-DLBCL 组。但对于 PI-DLBCL 患者及 SI-DLBCL 患者来说, 是否手术的疗效差异无统计学意义。2. Lugano 分期和白蛋白是影响肠道 DLBCL 患者 OS 的独立危险因素, Lugano 分期、IPI 评分、白蛋白、淋巴瘤部位是影响其 PFS 的独立危险因素。Lugano 分期是影响 PI-DLBCL 患者 OS 及 PFS 的独立危险因素。IPI 评分是影响 SI-DLBCL 患者 OS 及 PFS 的独立危险因素。

PO-1076

MEK1/2 抑制剂 U0126 对 CAR T 细胞引起的 CRS 的抑制作用及机制研究

王迎香、王兴兵
中国科学技术大学附属第一医院

目的 探讨 MEK1/2 抑制剂 U0126 对细胞因子释放综合征 (CRS) 的影响及其作用机制。

方法 建立 CAR T 细胞诱导的 CRS 体外模型, qRT-PCR、ELISA 以及 Western blot 法分别检测 U0126 对 IL-6、IL-1 β 和 TNF- α 的 mRNA 及蛋白表达水平的影响。流式细胞术和 CellTiter-Glo® 试剂盒检测 CAR T 细胞的杀伤功能; CCK8 检测细胞毒性; 流式细胞术检测细胞增殖和凋亡; Western blot 检测 CRS 相关通路蛋白的表达量。

结果 U0126 能显著降低 CRS 模型诱导的 IL-6、IL-1 β 和 TNF- α 的表达水平, 对 CAR T 细胞增殖、凋亡及抗肿瘤活性无影响, 且能有效抑制 p-ERK/ERK、p-JAK/JAK、p-AKT/AKT 等通道蛋白的异常升高。

结论 U0126 能够通过抑制 MEK/ERK、JAK/STAT 和 PI3K/AKT 信号通路异常活化, 从而有效抑制 CRS 反应。

PO-1077

CD19-CAR-T 细胞治疗 B 细胞恶性肿瘤的纵向血清蛋白质组学特征

王有名¹、孙瑞²、葛伟刚³、薛磊¹、许倩文¹、徐慧¹、李素君¹、郭苗苗¹、郭天南²、王兴兵¹

1. 中国科学技术大学

2. 西湖大学

3. 西湖欧米(杭州)生物科技有限公司

目的 CAR-T 细胞在治疗 B 细胞白血病中显示出显著的疗效。然而，接受治疗的患者可能会出现潜在的副作用，如细胞因子释放综合征(CRS)，其机制尚不清楚。

方法 在本研究中，我们收集了 8 例 B-ALL 患者 CD19-CAR-T 细胞治疗前和治疗后 5 个时间点的 43 份血清样本。使用基于 TMTpro 16-plex 的定量蛋白质组学，我们定量了 1,151 个蛋白质，并对每例患者的纵向蛋白质组进行了分析。

结果 我们发现治疗后第 7 天多种炎症蛋白失调。APOA1 在内的脂质代谢蛋白在治疗后下降，7 天后达到最低值，随后逐渐恢复。因此，APOA1 被选为 CRS 疾病进展的潜在生物标志物。此外，我们发现 CD163 是区分 CRS 严重程度的潜在生物标志物。这两种生物标志物在一个独立的队列中通过靶向蛋白质组学成功验证。

结论 我们的研究展示了 CAR-T 细胞治疗后 CRS 患者的血清蛋白质组动力学。我们鉴定并验证了两个新的生物标志物:用于 CRS 监测的 APOA1 和用于区分重度和轻度 CRS 的 CD163。我们的研究为 CAR-T 细胞诱导的 CRS 提供了新的诊断和治疗线索，这些生物标志物可能用于开发新的治疗方法，并预测每个患者对治疗的反应。

PO-1078

The regulatory mechanisms of Mangiferin combined with Bortezomib on malignant biological behaviors of Burkitt lymphoma and its effect on expression of CXC chemokine receptors

Yanquan Liu¹, Min-Juan ZENG¹, Yue YIN², Huan-Wen TANG¹

1. Department of Hematology, The First School of Clinical Medicine, Guangdong Medical University, Guangdong, China

2. Fujian Institute of Hematology, Fujian Medical University Union Hospital, Fujian, China

Objective To analyze the effects of mangiferin combined with bortezomib on the proliferation, invasion, apoptosis and autophagy of human Burkitt lymphoma Raji cells, as well as the expression of CXC chemokine receptors (CXCRs) family, and explore the molecular mechanism between them to provide scientific basis for basic research and clinical work of Burkitt lymphoma.

Methods Raji cells were intervened with different concentrations of mangiferin and bortezomib alone or in combination, then cell proliferation was detected by CCK-8 assay, cell invasion ability was detected by Transwell chamber method, cell apoptosis was detected by Annexin V/PI double-staining flow cytometry, apoptosis, autophagy and Akt/mTOR pathway protein expression were detected by Western blot, and the expression changes of CXCR family was detected by real-time quantitative PCR (RT-qPCR).

Results Different concentrations of mangiferin intervened Raji cells for different time could inhibit cell viability in a concentration- and time-dependent manner ($r=-0.682$, $r=-0.836$). When Raji cells were intervened by combination of mangiferin and bortezomib, compared with single drug group,

the proliferation and invasion abilities were significantly decreased, while the apoptosis level was significantly increased ($P<0.01$). Mangiferin combined with bortezomib could significantly up-regulate the expression of pro-apoptotic protein Bax and down-regulate the expression of anti-apoptotic protein Bcl-2 after intervention in Raji cells. Caspase-3 was also hydrolyzed and activated, and then induced the apoptosis of Raji cells. Mangiferin combined with bortezomib could up-regulate the expression of LC3 II protein in Raji cells, and the ratio of LC3 II/LC3 I in cells was significantly up-regulated compared with single drug or control group ($P<0.01$). Mangiferin combined with bortezomib could significantly inhibit the phosphorylation levels of Akt and mTOR, inhibit the proliferation and invasion of Raji cells by inhibiting Akt/mTOR pathway, and induce cell autophagy and apoptosis. Mangiferin and bortezomib could down-regulate the expressions of CXCR4 and CXCR7 mRNA after single-agent intervention in Raji cells, and the down-regulations of CXCR4 and CXCR7 mRNA expression were more significant when the two drugs were combined ($P<0.01$). Mangiferin alone or combined with bortezomib had no significant effect on CXCR5 mRNA expression in Raji cells ($P>0.05$), while the combination of the two drugs could down-regulate the expression of CXCR3 ($P<0.05$).

Conclusion Mangiferin combined with bortezomib can synergistically inhibit the proliferation and invasion of Raji cells, and induce autophagy and apoptosis. The mechanism may be related to the inhibition of Akt/mTOR signaling pathway, down-regulation of anti-apoptotic protein Bcl-2 and up-regulation of pro-apoptotic protein Bax, and the inhibition of the expression of CXCR family.

PO-1079

延续性护理在恶性淋巴瘤 PICC 置管出院患者中的应用

邓于宏

重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨基于延续性护理在恶性淋巴瘤 PICC 置管出院患者中的应用价值

方法 选择 2022 年 1 月至 2022 年 12 月 210 例首次置入 PICC 导管的恶性淋巴瘤患者作为研究对象, 随机分为对照组与观察组各 105 名。对照组采用优质护理模式, 观察组采用延续性护理模式。在护理完成后, 记录所有患者的带管时间, 带管期间的不良情绪, 并发症的发生情况以及患者的满意度

结果 观察组患者并发症的发生率与不良情绪均低于对照组, 带管时间与满意度均高于对照组, 两组比较差异有统计学意义 ($P<0.05$)

结论 延续性护理在恶性淋巴瘤 PICC 置管出院中的应用, 能够有效降低患者带管期间并发症的发生率和不良情绪, 延长患者的带管时间, 满足患者的治疗需要, 减少患者的痛苦, 提高患者满意度, 提升整体护理质量

PO-1080

HIV 相关性淋巴瘤患者的静脉管理

浦小燕

重庆大学附属肿瘤医院

目的 分析静脉管理干预应用于 HIV 相关性淋巴瘤患者中的效果及其价值

方法 纳入 2020 年 1 月到 2023 年 1 月这一研究时间段内入院的 HIV 相关性淋巴瘤患者 80 例为研究对象, 行对比性护理研究, 依据患者入院顺序动态随机化分组法设置对照组、观察组, 各组 40 例。对照组给予常规护理, 观察组开展静脉管理干预。比较患者护理效果的组间差异。

结果 观察组患者的遵医行为评分有所提高且明显高于对照组，PICC 置管知识掌握评分有所提高且明显高于对照组，患者的风险管理有效率、舒适度评分和预后满意度更高，差异显著， $p < 0.05$ 。

结论 静脉管理干预应用于 HIV 相关性淋巴瘤患者中的效果确切，有利于降低护理风险、提高患者的依从性、提高患者的舒适度和满意度，值得推广。

PO-1081

PET-CT 对初治滤泡性淋巴瘤骨髓浸润的诊断及预后评估价值

赵育、沈建箴、刘庭波、陈清锋、杨勇
福建医科大学附属协和医院

目的 本文旨在评估 FDG PET-CT 在初治滤泡性淋巴瘤患者中骨髓浸润诊断的应用价值以及是否为分期及预后提供有价值的信息。

方法 回顾性分析 199 例福建医科大学附属协和医院 2014 年 1 月 1 日至 2022 年 9 月 31 日经病理检查确诊的初治 1-3a 级 FL 住院患者，记录患者初诊时的临床特征、骨髓活检结果、PET-CT 影像表现、治疗方案、疗效评估和生存状况，并对其临床特征、实验室指标等进行相关单因素和多因素分析。

结果 1. 纳入 199 例 FL 患者，中位发病年龄 54.1 岁，男：女=1：1.26，III-IV 期患者 165 例（82.9%），病理分级 1-2 级患者 133 例（66.8%），中位生存时间未达到，1 年、3 年、5 年累积 OS 率分别为 93.5%、90.0%、88.8%；中位 PFS 未达到，1 年、3 年、5 年累积 PFS 率分别为 87.3%、72.0%、67.8%。

2. PET-CT 图像结果显示共有 42 例患者（21.1%）出现骨髓摄取 FDG 增高，其中，17 例患者（8.54%）局灶性骨髓摄取 FDG 增高（单灶性 6 例；双灶性 3 例；多灶性 8 例），6 例患者（3.02%）局灶伴弥漫性骨髓摄取 FDG 增高，19 例患者（9.55%）骨髓弥漫性摄取 FDG 增高。

3. 16 例患者（8.04%）PET-CT 检出骨髓浸润而 BMB 未检出骨髓浸润，19 例患者（9.54%）BMB 检出骨髓浸润而 PET-CT 未检出骨髓浸润，26 例患者（13.63%）PET-CT 和 BMB 均检出骨髓浸润，BMB 共检出骨髓浸润 45 例（22.6%），PET-CT 共检出骨髓浸润 42 例（21.1%）。以 BMB 结果作为 FL 骨髓浸润的金标准，经配对卡方设计校正卡方检验得到卡方值=0.11， $P=0.735$ ，故可认为两种方法检验骨髓浸润的结果是一致的，差异无统计学意义，PET-CT 与 BMB 诊断结果之间的一致性一般（ $Kappa=0.485$ ， $P < 0.05$ ），以 BMB 为金标准，PET-CT 检出骨髓浸润的敏感性、特异性、准确性、阳性预测值、阴性预测值分别为 57.78%、89.61%、82.41%、61.90%、87.90%。

4. 多因素结果显示 PET-CT 检出骨髓浸润是影响 OS 的独立危险因素($P < 0.05$)

结论 1. PET-CT 和 BMB 联合检测 FL 骨髓浸润比单独 BMB 具有更高的准确性。

2. PET-CT 检出骨髓浸润是影响 OS 的独立危险因素，与不良预后相关。

PO-1082

CT 影像组学鉴别淋巴瘤和淋巴结炎的应用研究

张可杰、钟华、叶丽婷、王勇
厦门大学附属中山医院

目的 探索基于 CT 平扫的影像组学辅助诊断淋巴瘤的价值。

方法 收集我院在 2018 年 10 月 01 日至 2022 年 11 月 10 日收治的 57 例淋巴瘤及 55 例淋巴结炎患者的 CT 平扫图像和相关临床指标。利用 Pyradiomics 平台在 CT 图像上进行特征提取。构建影像

组学预测模型并计算每位患者的影像组学评分（Rad-score）。将 Rad-score 与临床指标相结合，以多因素 logistic 回归在训练组中构建组合预测模型。使用验证组数据对模型进行验证。

结果 构建的影像组学列线图模型在训练集和验证集中表现出良好的预测能力：训练集（AUC：0.868，95%CI：0.788-0.948），验证集（AUC：0.794，95%CI：0.640-0.948）。校准曲线提示模型的预测概率和实际概率具有良好的一致性，Hosmer-Lemeshow 拟合优度检验显示该预测模型校准度良好（训练组 $P=0.132$ ，验证组 $P=0.690$ ）。将 Rad-score 与 LDH 相结合，建立组合列线图模型。构建的组合列线图模型训练集（AUC：0.933，95%CI：0.881-0.985），验证集（AUC：0.824，95%CI：0.675-0.972），提示模型具有良好的预测能力。校准曲线提示组合模型的预测概率和实际概率具有良好的一致性，Hosmer-Lemeshow 拟合优度检验显示该组合预测模型校准度良好（训练组 $P=0.996$ ，验证组 $P=0.672$ ）。

结论 我们建立的基于 CT 影像组学特征的列线图模型，可通过常规 CT 平扫检查和 LDH 计算得出，耗费金额小，数据容易获得，在临床工作中可用于辅助诊断或排除淋巴瘤的参考工具。

PO-1083

基于循证理念构建综合护理方案在 HIV 相关性淋巴瘤患者中的应用

吕静、刘婷婷
重庆大学附属肿瘤医院

目的 [摘要]目的：探索基于循证理念构建综合护理方案在 HIV 相关性淋巴瘤患者中的应用并评价其效果。

方法 将 148 例 HIV 相关性淋巴瘤患者随机分为观察组与对照组各 74 例。对照组采用常规护理，观察组在常规护理基础上构建并实施综合护理方案。采用 HIV 自我管理量表（the HIV Self-management Scale, HIVSMS）、世界卫生组织艾滋病患者生存质量量表简表（WHOOL-HIV-BREF）、Herth 希望量表（HHI）、评估患者化疗依从性水平、并发症的发生率，比较两组干预结果。

结果 与对照组相比，观察组 HIVSMS、WHOOL、HHI 得分及各维度评分更高（ t 值分别为 -14.940、-11.226、-14.524，均 $P<0.05$ ），差异具有统计学意义，观察组的患者化疗依从性和并发症的发生率明显低于对照组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

结论 基于循证理念构建综合护理方案可有效提高 HIV 相关性淋巴瘤化疗患者的自我管理能力，提升其生存质量水平及希望程度，提升患者治疗依从性和减少并发症的发生率，值得在临床推广。

PO-1084

以症状管理为核心的淋巴瘤患者全程管理模式的应用

徐禄香
重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨以症状管理为核心的淋巴瘤患者全程管理模式的应用效果。

方法 将 2021 年 6 月至 2022 年 6 月在我科住院的初治淋巴瘤患者作为研究对象，按入院先后顺序分为干预组 102 例，实验组 100 例，干预组实施以症状管理为核心的淋巴瘤患者全程管理模式，对照组实施常规护理（入院评估、化疗护理常规、不良反应观察和处理、出院指导），共干预 6 个化疗周期，分别在第 1 个化疗周期前、第 3 个化疗周期后、第 6 个化疗周期后 3 个时间节点，对比

两组延迟化疗、化疗相关症状发生情况，运用癌症患者生存质量评估量表（EORTC QLQ-C30）评估患者生存质量。

结果 延迟化疗方面，第 6 个化疗周期后，干预组患者延迟化疗发生率低于对照组（ $P<0.05$ ）；化疗相关症状方面，呕吐、口腔黏膜炎、IV 度骨髓抑制发生率低于对照组（ $P<0.05$ ）；生存质量方面，在症状领域中，干预组恶心呕吐、疼痛、便秘、腹泻较对照组显著改善（ $P<0.05$ ）。两组患者疲乏、失眠、食欲不振以及经济困难情况差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。

结论 以症状管理为核心的淋巴瘤患者全程管理模式可以降低淋巴瘤患者延迟化疗、呕吐、口腔黏膜炎、IV 度骨髓抑制的发生率，提高患者生存质量，为实现淋巴瘤患者全程管理提供参考。

PO-1085

单克隆抗体靶向治疗致急性肿瘤溶解综合征 2 例并文献复习

吴修进、姜薇、魏立
成都市第五人民医院

目的 探讨单克隆靶向治疗过程中急性肿瘤溶解综合征发生的风险及预防。

方法 回顾分析我科 1 例骨髓瘤及 1 例淋巴瘤患者进行单克隆抗体治疗时发生急性肿瘤溶解综合征前后的实验室检查结果并进行文献复习。

结果 例 1 老年女性，多发性骨髓瘤（IgG-lambda 型 DS 分期 IIIA 期，RISS 分期 III 期，高危）进展，骨髓中原始+幼稚浆细胞占 76%，M 蛋白 32.61g/L， β_2 微球蛋白 15.7mg/L，在碱化水化基础上给予达雷托尤单抗治疗时出现心累气促，生化及动脉血气显示血肌酐、血钾、血磷及尿酸快速上升，血钙及 PH 值明显下降，诊断急性肿瘤溶解综合征，因经济原因放弃 CRRT 治疗；例 2 中年男性，肝硬化病史，白细胞波动于 $48\sim 70.77\times 10^9/L$ ，乳酸脱氢酶明显升高，最高达 3200U/L。经淋巴结活检及 CCND1 基因检测诊断为白血病样套细胞淋巴瘤？给予小剂量激素减瘤治疗及水化碱化基础上给予利妥昔单抗治疗，治疗过程中出现心悸气促，生化及血气分析显示高钾、高磷及高尿酸，肌酐急剧上升，PH 值明显降低，诊断急性肿瘤溶解综合征，转入 ICU 行 CRRT 治疗，治疗期间患者死亡。

结论 高肿瘤负荷患者在进行单克隆抗体靶向治疗需警惕急性肿瘤溶解综合征的发生，及早识别并提前预防是提高此类患者生存的重要措施。

PO-1086

The Role of Radiotherapy in Patients with Refractory Hodgkin's Lymphoma after Treatment with Brentuximab Vedotin and/or Immune Checkpoint Inhibitors

Ruizhi Zhao¹, Han Shao², Guiqing Shi¹, Yanyan Qiu¹, Tianlan Tang¹, Yuping Lin¹, Silin Chen¹, Cheng Huang¹, Siqin Liao¹, Jinhua Chen¹, Haiying Fu³, Jianzhi Liu¹, Benhua Xu¹, Tingbo Liu¹, Yujing Zhang², Yong Yang¹

1. Fujian Medical University Union Hospital

2. Sun Yat-sen University Cancer Center

3. The Third Affiliated People's Hospital of Fujian University of Traditional Chinese Medicine

Objective Approximately 10%–30% of patients with Hodgkin's lymphoma (HL) experience relapse or refractory (R/R) disease after first-line standard therapy. Brentuximab vedotin (BV) and immune checkpoint inhibitors (ICIs) have important roles in the salvage treatment of R/R HL. However, subsequent treatment for HL refractory to BV and/or ICI treatment is challenging.

Methods We retrospectively analyzed patients in two institutions who had R/R HL, experienced

BV or ICI treatment failure, and received radiotherapy (RT) thereafter. The overall response rate (ORR), duration of response (DOR), progression-free survival (PFS), and overall survival (OS) were analyzed.

Results Overall, 19 patients were enrolled. First-line systemic therapy comprised doxorubicin, bleomycin, vinblastine, and dacarbazine (ABVD, 84.2%); AVD plus ICIs (10.5%); and bleomycin, etoposide, doxorubicin, cyclophosphamide, vincristine, procarbazine, and prednisone (BEACOPP, 5.3%). After first-line therapy, 15 (78.9%) and four patients (21.1%) had refractory disease and relapsed, respectively. After R/R HL diagnosis, six (31.6%), two (10.5%), and 11 (57.9%) patients received BV and ICIs concurrently, BV monotherapy, and ICI monotherapy, respectively. All patients received intensity-modulated RT ($n = 12$, 63.2%) or volumetric modulated arc therapy (VMAT; $n = 7$, 36.8%). The ORR as well as the CR rate was 100%; the median DOR to RT was 17.2 months (range, 7.9–46.7 months). Two patients showed progression outside the radiation field; one patient had extensive in-field, out-of-field, nodal, and extranodal relapse. With a median follow-up time of 16.2 months (range, 9.2–23.2 months), the 1-year PFS and OS were 84.4% and 100%, respectively. PFS was associated with extranodal involvement ($P = 0.019$) and gross tumor volume ($P = 0.044$). All patients tolerated RT well without adverse events of grade ≥ 3 .

Conclusion RT was effective and safe for treating HL refractory to BV or ICIs and can be applied as part of a comprehensive strategy for HL cure.

PO-1087

Circulating tumor DNA in clinical application for malignant lymphoma

Xuerong Zhou, Xuejiao Xia, Xiaoxue Wang
the First Hospital of China Medical University

Objective Lymphoma is a malignant tumor derived from lymphocytes and lymphoid tissue. Its clinical manifestations are complex and heterogeneous, and different subtypes are treated according to different principles. This requires accurate classification of patients. Currently, invasive pathological examination of lymph nodes or lymphoid tissue is the gold standard for diagnosing lymphoma. However, biopsies are often ineffective for deep-seated tumors such as intraperitoneal lymphoma and central nervous system lymphoma, and the results may only reflect the site where the sample was taken. Patients are also at risk of various complications after biopsy. In addition, imaging scans such as computed tomography (CT) and positron emission tomography/computed tomography (PET/CT) are now essential tools for lymphoma patients to assess treatment and monitoring. But it is unable to detect early clonal evolution of the tumor and minimal residual disease (MRD). Circulating tumor DNA (ctDNA) detected by liquid biopsy is a powerful method for the efficient non-invasive detection of lymphoma. Compared to biopsy, it is easy to take repeated peripheral blood samples for ctDNA detection in clinical lymphoma management. It can be a good indicator of the genetic profile of tumors to overcome the spatial heterogeneity of tumors. ctDNA is dynamic, non-invasive, quantitative and has a fast turnaround time, making it a promising tool for monitoring disease progression. This article mainly discusses the technologies used for ctDNA analysis and how ctDNA helps to classify risk, assess therapeutic molecular response and monitor disease progress in malignant lymphoma.

PO-1088

Prompt assessment of tumor load and treatment response in patients with lymphoma by a blood-based multi-omics approach

Xinhua Wang¹, Zhiming Li², Yu Chang¹, Shiyong Li³, Wei Wu³, Fangyuan Chang⁴, Yinyin Chang⁴, Shuaipeng Geng⁴, Dandan Zhu⁴, Shichun Tu⁴, Mingzhi Zhang¹, Mao Mao^{3,5}

1. The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University, Zhengzhou, China

2. Sun Yat-sen University Cancer Center, Guangzhou, China

3. Research & Development, SeekIn Inc., Shenzhen, China

4. Clinical Laboratories, Shenyou Bio, Zhengzhou, China

5. Yonsei Song-Dang Institute for Cancer Research, Yonsei University, Seoul, Korea

Objective Lymphoma represents a diverse group of cancer that arises from clonal proliferation of lymphocytes. Clinical existing imaging and biomarkers do not reliably predict treatment response across diverse lymphoma subtypes and treatment regimens. Only rare data show serial circulating tumor DNA (ctDNA) testing may perform as a good predictive biomarker for assessment of therapeutic response. We conducted a prospective study to assess treatment response and predict patient prognosis via our multi-omics assay (SeekInClarity) in lymphoma patients.

Methods SeekInClarity assay utilized common 7 protein tumor markers (PTMs) and cancer genomic hallmarks: copy number aberration (CNA) and fragment size (FS), which were analyzed by shallow whole genome sequencing, to calculate the molecular tumor burden (MTB) score. 8ml peripheral blood samples were collected from patients before and after every 2 cycles of treatment respectively, meanwhile, samples from a part of patients after 1 cycle of treatment were also collected.

Results Before treatment, 95 out of 133 patients (71.4%) were succeeded in detecting cancer signals with higher MTB scores (defined as baseline+). The proportion of patients with baseline+ was higher in patients with higher tumor stages. After 2 cycles of treatment, 39 out of 112 patients had a higher MTB score (defined as MRD+). The proportion of patients with progression in MRD+ group was significantly higher than that in MRD- group ($p < 0.001$). Meanwhile, MRD+ patients had a worse PFS than MRD- patients ($p < 0.0001$, HR: 26.4, 95% CI: 8.7~80.3), regardless of tumor stages, lymphoma subtypes and treatment regimens. Among baseline+ patients, after 2 cycles of treatment the patients with MTB score decrease had a better PFS than that with MTB score increase ($P < 0.001$, HR: 7.5 95% CI: 0.7~76.7). Among the baseline- group, patients who remained negative after treatment had extremely well PFS (100% PFS). As for the patients after 1 cycle of treatment, MTB value has a good concordance with that after 2 cycles of treatment which demonstrated a lead time in monitoring treatment response. 54 patients with longitudinal monitoring samples, 9(16.7%) patients were always MRD- during the treatment, who had the best PFS (100% PFS), regardless of baseline status. 11 out of 54 patients with always MRD+ had the worst PFS ($p < 0.05$).

Conclusion This study demonstrates the clinical utility of multidimensional blood-based SeekInClarity assay in pan-cancer/pan-indication treatment response assessment and patient prognosis. After treatment, the dynamic change of MTB score and MRD status were independently associated with patient's PFS, which indicated both could be used as biomarkers to predict the effectiveness of treatment. Compared with clinical image evaluation after 2 cycles of treatment, SeekInClarity test after 1 cycle of treatment is sufficient to assess treatment response.

PO-1089

优质护理干预措施在预防高龄淋巴瘤化疗患者 下肢静脉血栓的干预效果

冯婷婷、郭彩利
西安交通大学第一附属医院

目的 针对高龄淋巴瘤化疗患者下肢深静脉血栓预防护理中采取优质护理干预的重要应用价值展开分析。

方法 本研究选取 2020 年 4 月-2021 年 3 月收治的高龄淋巴瘤化疗患者 40 例进行深入的样本研究，患者被按照电脑随机分配的方式分为参照组和观察组。本研究中参照组采取的护理方式为常规护理，观察组所采取的护理方式为优质护理干预，两个小组需要接受临床护理总有效率、患者护理满意度与患者护理中不良情绪评分的对比分析。

结果 观察组临床护理总满意度高于参照组， $P<0.05$ ；参照组临床护理总满意度低于观察组， $P<0.05$ ；观察组干预后不良情绪改善优于参照组， $P<0.05$ 。

结论 在高龄淋巴瘤化疗患者护理中优质护理干预的应用能够有效预防下肢深静脉血栓，并且能够增强患者的护理满意度，对患者不良情绪改善有重要的促进价值。

PO-1090

淋巴瘤患者恐惧疾病进展的现状及其影响因素分析

董妍妍、常靓、王雯
中国医学科学院血液病医院

目的 调查淋巴瘤患者恐惧疾病进展现状并分析影响因素，为心理护理提供参考

方法 采用便利抽样法，以 2021 年 8 月-10 月在天津市某三级甲等医院淋巴瘤诊疗中心住院治疗的 171 例患者作为研究对象。采用一般资料调查表和恐惧疾病进展简化量表进行问卷调查，采用单因素分析和多因素 Logistic 回归分析调查淋巴瘤患者恐惧疾病进展的影响因素

结果 淋巴瘤患者恐惧疾病进展总得分为 (29.05 ± 9.72) 分；35.1% 的患者得分 ≥ 34 分，存在恐惧疾病进展心理功能失调。单因素分析结果显示，不同年龄、性别、医疗支付方式、家庭月收入因素对恐惧疾病进展心理功能失调发生率有影响作用 ($P<0.05$)，二分类 Logistic 回归分析结果显示，医疗支付方式是淋巴瘤患者恐惧疾病进展心理功能失调的独立危险因素 ($P<0.05$)

结论 临床医护人员应重视并正确评估淋巴瘤患者恐惧疾病进展的程度，特别关注中青年、男性、经济条件较差以及缺乏社会支持的患者人群，及时干预，降低和控制淋巴瘤患者对疾病进展的恐惧感，进而提高治疗依从性及其生活质量。

PO-1091

自体造血干细胞移植联合 CD19/22 CAR-T 细胞免疫疗法 ——治疗复发/难治性中枢神经系统淋巴瘤的优化策略

余秋霞、戴紫港、黄亮、李春蕊、张义成、周晓曦、曹阳
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 研究与 CD19/22 CAR-T、靶向药相比，自体造血干细胞移植（ASCT）联合 CD19/22 CAR-T 细胞免疫疗法治疗复发/难治性中枢神经系统 B 细胞淋巴瘤的安全性和有效性。

方法 对 2017 年 6 月至 2021 年 12 月期间接受三种不同治疗方案的 63 例复发/难治性中枢神经系统 B 细胞淋巴瘤患者进行回顾性研究。其中，30 例患者接受了 ASCT 联合 CD19/22 CAR-T 细胞疗法（ASCT+CAR-T 组），16 例患者接受了单纯 CD19/22 CAR-T 细胞疗法（CAR-T 组），17 例患者接受了以靶向药为主的化学疗法（靶向药组）。

结果 与 CAR-T 组相比，ASCT+CAR-T 组 3 级及以上细胞因子释放综合征和神经毒性的发生率更低（6.67% vs. 12.5%, $P=0.6019$ ；3.33% vs. 6.25%, $P\geq 0.999$ ），差异没有统计学意义。在治疗后第 30 天进行反应性评估，ASCT+CAR-T 组患者的总体反应率更高（83.3% vs. 64.2% vs. 58.8%）。此外，中位随访时间为 15.53 个月（范围，0.53-50.53 个月），ASCT+CAR-T 组患者的中位无进展生存（PFS）和总体生存（OS）时间均未达到，CAR-T 组患者的中位 PFS 和 OS 分别为 3.07 个月、9.67 个月，靶向药组患者的中位 PFS 和 OS 分别为 6.63 个月、12.30 个月。ASCT+CAR-T 组患者 1 年的 PFS 率和 OS 率均显著高于 CAR-T 组（66.67% vs. 18.75%, $P=0.0006$ ；76.52% vs. 50%, $P=0.0253$ ）和靶向药组（66.67% vs. 17.65%, $P=0.0004$ ；76.52% vs. 52.94%, $P=0.0358$ ）。此外，亚组分析发现，ASCT+CAR-T 组中有系统性累及的患者较无系统性累及的患者 PFS 更差（ $P=0.0335$ ）。研究还发现，治疗前处于疾病进展状态是预测更差 PFS 的危险因素（HR: 3.134, 95% CI: 1.144-0.8.587; $P=0.026$ ），而接受 ASCT 联合 CAR-T 是预测更佳 PFS 的独立保护性因素（HR: 0.279, 95% CI: 0.120-0.651; $P=0.003$ ）。

结论 研究表明，ASCT 联合 CART 疗法缓解期长且毒性低，是治疗复发/难治性中枢神经系统淋巴瘤更有效和安全的治疗选择。

PO-1092

多发性骨髓瘤患者自我报告焦虑、抑郁现状调查

李雪雪、兰大华
陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 分析多发性骨髓瘤（MM）患者自我报告焦虑、抑郁情况，并分析其焦虑、抑郁状态与社会支持间的相关性。

方法 抽取 2022 年 12 月-2023 年 5 月期间在我院接受治疗的多发性骨髓瘤患者 200 例，利用焦虑自评量表（SAS）、抑郁自评量表（SDS）、社会支持量表（SSAS）对患者的焦虑、抑郁情况以及社会支持情况进行评价。对评价结果进行分析。

结果 （1）多发性骨髓瘤患者 SAS 评分、SDS 评分、SSAS 量表中的主观支持评分、支持总分均高于全国常模（ $P<0.05$ ）；（2）多发性骨髓瘤患者焦虑、抑郁状态与社会支持度呈负相关（ $P<0.05$ ）。

结论 多发性骨髓瘤患者易产生焦虑、抑郁情绪，其焦虑、抑郁情绪与社会支持间具有密切相关性。

PO-1093

Novel targeted agents in combination with R-ICE (R-ICE-X) based on genotyping in relapsed/refractory DLBCL

Yige Shen, Yiwen Cao, Shu Cheng, Pengpeng Xu, Li Wang, Weili Zhao
Ruijin Hospital Affiliated to Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

Objective This prospective study aims to investigate whether adding novel agents to R-ICE (R-ICE-X) based on genetic subtypes could improve clinical efficacy in R/R DLBCL.

Methods In this study, eligible patients with R/R DLBCL aged 18 -75 years were enrolled. All patients were assigned and stratified by genetic subtype, received different targeted regimen combined with R-ICE. The efficacy was evaluated after 3 courses R-ICE-X (every 21 days). Patients with CR/PR were subsequently treated with autologous hematopoietic stem cell transplantation or 3 courses of R-ICE-X consolidation and lenalidomide maintenance up to 12 months. See detail as the figure. The primary end point was overall response rate (ORR), and the secondary end points were 2-year progression-free survival (PFS) rate, 2-year overall survival (OS) rate, and safety evaluation.

Results At the time of data cut off, a total of 51 patients were enrolled, with a median age of 61(20-75) years. In the patients with R-ICE-zanubrutinib group (n=25), the ORR was 80%, with 12 patients (12/20, 60.0%) achieved CR and 4 patients (4/20, 20.0%) achieved PR. The 1-year PFS rate and OS rate were 57.9% and 79.4%, respectively. In the patients with lenalidomide combined with R-ICE (n=19), 12 patients (12/16, 75.0%) achieved CR, 0 patients achieved PR, and the ORR was 75.0%. The 1-year PFS and OS rates were 80.9% and 100.0%, respectively. The number of other groups needs to be further updated.

Conclusion R-ICE-zanubrutinib and R-ICE-lenalidomide therapy was well tolerated in all patients and showed clinically efficacy in patients with relapsed/ refractory DLBCL. The study is ongoing and further results will be continuously released.

PO-1094

Qin Huang formula protects the circulating CD4+ T cell immunity of post-chemotherapy diffuse large B cell lymphoma patients via upregulated sphingosine 1-phosphate mediated by gut microbiota

Weili Li, Shiyu Ma, Ming Ruan, Lingling Lv, Jianbiao Wang, Weirong Zhu
Ruijin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

Objective Qin Huang Formula (QHF) is clinically proven effective in immunity modulation of diffuse large B cell lymphoma (DLBCL) patients with R-CHOP therapy. However, the underlying mechanisms remain elusive.

We designed this study hoping to shed light on the active compounds and underlying mechanisms of QHF, which may incite new thoughts on studying the immune-related mechanisms of other traditional formulas.

Methods We conducted a randomized, controlled, open-label clinical trial with DLBCL patients completing R-CHOP chemotherapies in Ruijin Hospital. Sixty-two eligible participants were enrolled, randomized (1:1), and completed a 12-week of either QHF treatment or none. T-cell subsets were assessed at baseline and the end of the study, together with fecal 16S RNA and serum untargeted metabolomics. Besides, QHF granules were subjected to chromatography to screen the active ingredients. Finally, a Lasso regression model was built to predict circulating

memory T cells.

Results The clinical outcomes, including CD4%, CD4CD28%, CD4/CD8 ratio, and CD4CD45RO%, in the QHF group (estimated marginal means [95% CI], -0.62[-3.22, 1.98]%; -0.69[-3.12, -1.73]%; 0.02[-0.09, 0.12]%, -1.09[-3.34, 1.16]%, respectively) were significantly improved than that in the Control group (-4.97[-7.57, -2.37]%, -4.57[-6.99, -2.14]%, -0.14[-0.24, -0.04]%, -4.64[-6.89, -2.39]%, all $P < 0.05$). MS showed wogonin, baicalein, and other flavonoids were the major ingredients of QHF. Further 16S and metabolomic studies found that the immunity recovery effect of QHF is probably a result of an elevated sphingosine 1-phosphate (S1P) level mediated by gut microbiota. Lasso regression also highlighted the prediction values of S1P and gut microbes in circulating memory T cells.

Conclusion QHF can protect T cell immunity for post-chemotherapy DLBCL patients. This effect may be contributed by elevated S1P levels, which might be the result of an improved gut microbiome.

PO-1095

滤泡性淋巴瘤不同临床预后评分体系与不同分子异常相关

王楠、郑重、孙芮、徐天圆、赵维莅
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 探究不同滤泡性淋巴瘤（FL）国际预后指数 IPI、FLIPI1、FLIPI2 和 PRIMA-IPI 的生物学意义。

方法 对 2010 年至 2020 年期间瑞金医院初发 FL 患者资料进行回顾性分析，对所有患者进行各项预后指数评分，对其中 100 例患者肿瘤组织进行 DNA 和全转录组测序。

结果 FL 不同国际预后指数与不同的分子异常相关。其中 IPI 高危患者以 B2M 突变为主，伴随转录调控通路、乙酰化通路、磷酸化通路、细胞中期和细胞分化通路上调。FLIPI1 高危患者以细胞因子受体相互作用、NF- κ B、细胞粘附分子、原始免疫缺陷和 TCR 通路上调为主。FLIPI2 高危患者以 EZH2、TP53、FOXO1，伴随细胞周期、乙酰化、免疫和 TCR 通路上调为主。PRIMA-IPI 高危患者以 CREBBP 突变为主，伴随 TCR、JAK-STAT 和 BCR 通路上调为主。

结论 不同滤泡性淋巴瘤（FL）国际预后指数 IPI、FLIPI1、FLIPI2 和 PRIMA-IPI 的与不同的分子异常相关。

PO-1096

睾丸弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的临床病理特征和疗效分析

王玥
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 探讨睾丸弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）的临床病理特征、基因突变谱及相关预后因素。

方法 回顾性分析 2001-2020 年上海交通大学医学院附属瑞金医院收治的 68 例睾丸 DLBCL 患者的临床病理资料及基因突变情况，并进行生存和预后因素分析。

结果 睾丸 DLBCL 中位发病年龄 64 岁，多以阴囊和（或）睾丸肿大起病（ $n=40$, 59%）。61 例（90%）接受 R-CHOP（利妥昔单抗+环磷酰胺+阿霉素+长春新碱+泼尼松）为基础的一线治疗方案，49 例（72%）在化疗前接受睾丸切除术。23 例（34%）存在 ≥ 2 处的多结外受累，30 例（44%）Ann Arbor 分期 III-IV 期，23 例（34%）国际预后指数（IPI）3-5 分。67 例可评估疗效，完全缓解（CR）率 78%。68 例患者的预期 5 年无进展生存（PFS）率 56.5%，预期 5 年总体生存

(OS)率 74.0%。单因素分析显示 Ann Arbor 分期III-IV期 ($P<0.0001$, $P=0.009$) 和多结外受累 ($P<0.0001$, $P=0.006$) 者 PFS 和 OS 较差。20 例睾丸 DLBCL 患者的靶向测序结果显示, 存在 PIM1 ($n=12$, 60%)、MYD88 ($n=11$, 55%)、CD79B ($n=9$, 45%)、CREBBP ($n=5$, 25%)、KMT2D ($n=5$, 25%) 高频突变, 且 CREBBP 突变与睾丸 DLBCL 患者较低的 5 年 PFS 率相关 ($P=0.017$)。

结论 睾丸 DLBCL 好发于老年男性, 多以阴囊和(或)睾丸肿大起病。Ann Arbor 分期III-IV期和多结外受累为不良预后因素。PIM1、MYD88、CD79B、CREBBP、KMT2D 是睾丸 DLBCL 的常见突变, 具有 CREBBP 突变的患者预后不佳。

PO-1097

早期免疫化疗失败型 DLBCL 临床分子特征研究及预测模型建立

程莉莉

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 探究早期免疫化疗失败型 DLBCL 临床分子特征研究, 并建立预测模型。

方法 研究共纳入 2001 年 9 月至 2020 年 12 月期间新诊断的 768 名 DLBCL 患者, 初治方案为 RCHOP, 末次随访至 2022 年 8 月 1 日。对 768 名患者依据初治疗效及复发时间分为三组: 初治未 CR 且诊断后一年内复发定义为早期免疫化疗失败组 (ECF, early chemoimmunotherapy failure)、诊断后一年后复发定义为晚期免疫化疗失败组 (LCF, late chemoimmunotherapy failure)、初治有效且未复发定义为对照组, 并对患者进行临床数据收集及 DNA 测序。分析患者临床及分子特征, 通过列线图建立 ECF DLBCL 预测模型, 并使用统计学方法进行内部验证及两个病例队列进行外部验证。

结果 与对照组相比, ECF 组患者表现为与男性、高龄、较差的体能状态、更高的 Ann Arbor 分期、血清 LDH 升高和多发结外受累的患者更多 ($p<0.05$); ECF 组与对照组相比, TP53、NOTCH2 和 FBXW7 的突变比例显著增高 ($p<0.05$)。Ann Arbor 分期, 血清 LDH 水平 TP53 突变是 ECF DLBCL 的独立危险因素。应用上述四个影响因子建立预测 ECF DLBCL 风险的列线图, 内部统计学验证提示校准曲线显示预测结果与实际结果之间具有良好的一致性, ROC 曲线下面积为 0.83。此外, 两个外部病例队列再次对列线图进行验证, AUC 分别为 0.76 和 0.81。

结论 ECF DLBCL 患者预后差于对照组及 LCF 组, 根据 Ann Arbor 分期、LDH 水平、TP53 突变情况可以有效预测患者出现 ECF 的风险。

PO-1098

流式细胞术检测骨髓累及在外周 T 细胞淋巴瘤的预后意义和临床应用价值

蔡铭慈、程澍、王黎、许彭鹏、赵维莅

上海血液学研究所、医学基因组学国家重点实验室、转化医学国家重大科技基础设施(上海)、上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 骨髓穿刺活检 (BMB) 是外周 T 细胞淋巴瘤 (PTCL) 常规疾病分期手段, 流式细胞术 (FCM) 在 PTCL 的临床应用和预后价值并不明确。本研究通过分析 FCM 检测骨髓累及在 PTCL 中的发生率及患者临床和生物学特点, 评价 FCM 与其他评价方法比较对骨髓累及评估的敏感性和特异性, 为 FCM 在 PTCL 骨髓累及的临床应用提供依据。

方法 回顾性收集 2016 年 1 月至 2022 年 9 月在我院治疗的组织病理学确诊初治 PTCL 患者, 治疗

前在我院行骨髓流式细胞检查，临床资料及生存预后资料完善，所接受治疗方案规范。

结果 共收集我院治疗符合上述标准的 PTCL 患者共 175 例，流式细胞术检测骨髓累及阳性率为 39.4% (69/175)，累及比例平均值为 7.3% (0.01%-67.2%)。不同组织病理学亚型的骨髓累及阳性率不同，最常见病理亚型累及情况为外周 T 细胞淋巴瘤-非特指型为 53.1% (23/49)，血管免疫母性 T 细胞淋巴瘤为 55.2% (37/67)，间变大细胞淋巴瘤为 12.2% (5/41)。FCM 检测骨髓累及与 Ann Arbor III-IV 期，LDH 升高，结外病灶部位数量 ≥ 2 ，EBV-DNA 阳性，IPI 2-5 分相关 (p 均小于 0.001)。另外，FCM 检测骨髓累及患者完全缓解率更低 (63.2% vs. 42.0%， $p=0.008$)，且具有更短的 PFS 和 OS (中位 PFS 分别为 21.3 个月和 8.3 个月； $p=0.001$ ；中位 OS 分别为未达到和 20.7 个月； $p=0.002$)。对于任何程度 FCM 检测骨髓受累的患者，PFS 和 OS 差异无统计学意义。与 PET-CT 相比，FCM 与 BMB 判断骨髓累及的一致性更高，敏感度和特异度分别为 70.8%和 65.5%。

结论 FCM 检测骨髓累及能够在 PTCL 中反映骨髓累及患者独特的临床特征，对疗效和生存预后具有提示意义。结合 PET-CT 等其他检查结果可能增加判断骨髓累及的特异性，具有广泛的临床应用价值。

PO-1099

骨受累弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床生物学特征及预后分析

陈思远、赵维莅

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (Diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL) 是我国常见的侵袭性非霍奇金淋巴瘤 (Non-Hodgkin lymphoma, NHL)，其中骨骼为 DLBCL 结外侵袭的多见部位。然而，骨受累 DLBCL 的临床生物学及分子生物学特征仍有待确定。

方法 纳入 2016 年 1 月至 2020 年 12 月间收治的 169 例骨髓受累 DLBCL 患者，收集临床病理资料、基因突变情况等数据，并对生存、预后因素及分子特征进行回顾性分析。

结果 169 例骨受累 DLBCL 患者纳入研究，常见侵犯部位包括椎骨、股骨、髌骨、骶骨等。158 例 (93.5%) Ann Arbor 分期为 III-IV 期；44 例 (36.0%) ECOG 评分 2-4 分；141 例 (83.4%) 血清乳酸脱氢酶 (LDH) 数值升高。根据免疫组化结果，GCB 亚型以及非双表达 BCL-2、BCL-6 蛋白的患者比例较高。所有患者均接受以 R-CHOP 方案为基础的化疗方案，所有患者均可获得疗效评估数据。单因素分析显示 ECOG ≥ 2 分、血清 LDH 值升高、Ann Arbor 分期等临床因素与较差的 OS 有关，且原发性骨 DLBCL 患者 PFS 和 OS 优于继发性骨受累的 DLBCL 患者。135 例患者有可获得的靶向测序数据，发现约 93% 的骨 DLBCL 存在疾病相关突变，但突变率均不超过 30%，其中 PIM1 突变频率相对最高 (29.1%)；继发性骨受累患者还可观察到 MYD88、KMT2D 等基因的高频突变，且突变与较差的 PFS 和 OS 相关。

结论 骨骼是 DLBCL 常见的结外受累部位，原发患者生存数据显著优于继发患者。从分子特征上看，骨受累 DLBCL 患者广泛存在 PIM1 等致癌基因高频突变，且继发性骨骼侵犯患者的基因突变谱较原发性疾病有所不同。这些临床与分子生物学特征可能为 DLBCL 的临床诊疗提供新的思路与提示。

PO-1100

CD47 related to oncogenic mutations and tumor microenvironment alterations in diffuse large B-cell lymphoma

Yige Shen, Weili Zhao

Ruijin Hospital affiliated to Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

Objective As a transmembrane protein, CD47 modulates the regulation of cell adhesion, migration, inflammatory response and cellular phagocytosis. Studies have proved CD47 highly express in Diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL), and acts as an independent prognostic factor of disease progression. The aim of this study was to investigate CD47 expression in DLBCL and analysed the connection to the clinicopathologic features, in order to provide reference for the treatment of hematological malignancies.

Methods We investigated 712 cases of DLBCL from July 2000 to December 2021 newly diagnosed based on registry data, with the last follow-up through January 1 2023. Kaplan–Meier curves and Cox model were used for comparing the clinical outcomes of patients. All cases with available tumor and blood samples, performed RNA sequencing, respectively, for detection of genetic aberrations, gene set enrichment analysis and tumor immunophenotyping.

Results ① Distinctly, the proportion of non-GCB subtype DLBCL was higher in CD47 high group than in CD47 low group. The serum LDH level was significantly increased in CD47 high group. Other characteristics, including age, gender, performance status, IPI score and Ann Arbor stage did not significantly differ between groups. Using Kaplan–Meier curves and log-rank test, CD47 high patients had significantly poorer PFS and OS. ② Patients in CD47 high group had significantly increased TBL1XR1、MYD88 and NOTCH1 mutations than those in CD47 low group. Tumor micro-environment was evaluated by a web server TIP using RNA sequencing data. CD47 high was significantly associated with decreased CD8+ T and Macrophage infiltration. Meanwhile, high correlation of M2 surface molecule was found with CD47 expression. The main cytokines (TGF-B) to induce M2 type activation was increased secreted in CD47 high group. Gene ontology analysis revealed that tumor-associated signaling (MAPK, PI3K-AKT and RAS signaling) were upregulated in CD47 high patients compared to CD47 low patients.

Conclusion High CD47 expression has positive correlation with the increased proportion of nonGCB subtype and indicates poor clinical outcomes in DLBCL patients. The genomic features were characterized by increased mutations of TBL1XR1、MYD88 and NOTCH1. CD47 attenuates the function of M1-polarized macrophages, and promotes the polarization of M2-polarized macrophages. Tumor microenvironment was immunosuppressed in CD47 high group.

PO-1101

Nanocomplex-Mediated Chimeric Antigen Receptor-NK for PTCL in-vivo Therapy

Rui Sun

shanghai ruijin hospital

Objective Peripheral T-cell lymphoma (PTCL) is a heterogenous group of non-Hodgkin lymphomas without a manageable safety profile to provide clinically meaningful improvement in PFS and OS.

Methods Chimeric antigen receptor (CAR)-T cell therapy has shown impressive clinical

outcomes in hematologic malignancies. However, it was challenged by issue of fratricide arising from shared antigens between normal and malignant T cells. CAR-NK cells could offer an advantage over CAR T cells in the treatment of PTCL. Meanwhile, its complex ex-vivo cell-manufacturing procedures could not apply to the hyperprogression of PTCL. Here, a facile approach is presented to in-vivo program NK cells, which displayed enhanced anti-tumor activity. In-vivo injected nanocomplexes of NK-targeting nanocarriers and CAR-encoding Sleeping Beauty (SB) transposon system induce CAR-NK that are capable of CAR-mediated anti-tumor immunomodulation, and inhibition of PTCL growth.

Results Here, a facile approach is presented to in-vivo program NK cells, which displayed enhanced anti-tumor activity. In-vivo injected nanocomplexes of NK-targeting nanocarriers and CAR-encoding Sleeping Beauty (SB) transposon system induce CAR-NK that are capable of CAR-mediated anti-tumor immunomodulation, and inhibition of PTCL growth.

Conclusion In-vivo injected nanocomplexes of NK-targeting nanocarriers and CAR-encoding Sleeping Beauty (SB) transposon system induce CAR-NK that are capable of CAR-mediated anti-tumor immunomodulation, and inhibition of PTCL growth.

PO-1102

Multicolor flow cytometry to evaluate microenvironment of lymphoma.

Rui Sun
shanghai ruijin hospital

Objective Despite progress in exploiting therapeutically the genetic vulnerabilities of lymphoma, the outcome is often extended progression-free survival but not tumor eradication.

Methods In addition to the genetic abnormalities of lymphoma cells themselves, microenvironmental immune cells dysfunction can lead to tumor progression. However, the underlying mechanism of lymphoma cell escape from tumor immunity needs further investigation. We used multicolor flow cytometry analysis of the tumor samples to evaluate of cellular lineages and validate the expression of immune-checkpoints.

Results We identified TNFAIP3 mutations induced overexpression of TIGIT on CD8+T cells and VISTA on Th1 cells, both of which were downregulated by lenalidomide, resulting in sensitivity of TNFAIP3-mutant tumor cells to lenalidomide.

Conclusion TIGIT on CD8+T cells and VISTA on Th1 cells induced by TNFAIP3 mutation could result in sensitivity of TNFAIP3-mutant tumor cells to lenalidomide.

PO-1103

滤泡性淋巴瘤微生物组与预后相关

徐天圆、郑重、王楠、孙芮、赵维莅
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 评估滤泡性淋巴瘤微生物组在疾病发病机制及预后中的作用

方法 通过基于 RNA-seq 的微生物组成算法, BWA 比对人类基因数据库去除人基因组读数, 使用 Kraken2 及 Braken 得到微生物组成表格, 进一步通过既往文献报导污染名单及批次效应去除可能的污染微生物, 并对剩余物种通过 voom、snm 均化, 得到 FL 微生物组成

结果 通过对 FL 患者 POD24、PFS 寻找 ROC cutoff, 可以得到多种微生物属与 FL 预后相关, 进一步根据不同微生物属相对丰度高低划分 high/low 分组, 进行多种相关性分析。未发现微生物属与

多种临床指标、评分、基因突变的相关。微环境分析发现，预后良好相关微生物属丰度高的患者中，NK 细胞、CD8 T 细胞、Treg 细胞浸润增加；预后不良相关微生物属丰度高的患者中，B 细胞比例上升，多种免疫细胞浸润减少。GSEA 通路分析发现，预后良好相关菌属免疫、JAK-STAT、PI3K 通路上调；预后不良相关菌属免疫、JAK-STAT、mTORC1、TP53 通路下调。

结论 滤泡性淋巴瘤微生物组与预后相关，微生物组通过肿瘤微环境相关机制影响疾病进展

PO-1104

阿扎胞苷增强塞利尼索在 TET2/RHOA 双突变的外周 T 细胞淋巴瘤中的抗肿瘤作用

徐婷婷、黄耀慧、赵维莅

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 外周 T 细胞淋巴瘤 (PTCL) 是一种异质性高、侵袭性强的非霍奇淋巴瘤，预后较差。我们前期研究证明一部分 PTCL 患者携带 TET2 和 RHOA 突变。已有研究表明 DNA 甲基胞嘧啶双加氧酶 TET2 基因突变对甲基化药物阿扎胞苷较为敏感；而 RHOA 突变后可激活 TCR 信号通路引起一些蛋白核定位发生变化，可能对 XPO1 抑制剂敏感。因此，该研究旨在探索阿扎胞苷和塞利尼索在 TET2 和 RHOA 突变的 PTCL 中的作用效果及分子机制。

方法 在 T 淋巴瘤细胞株 H9 和 Jurkat 中建立 TET2 和 RHOA 突变的体外细胞株模型，并应用阿扎胞苷和塞利尼索，使用 CCK8 检测细胞增殖活力，使用 Compusyn 软件计算协同指数，评估两药是否存在协同作用。同时将 TET2 和 RHOA 突变的 H9 细胞显微注射斑马鱼卵黄囊，建立 PTCL 的体内模型，评估联合用药的体内效果。对 H9 细胞系进行 RNAseq，分析两药联合改变的靶标基因和信号通路；并应用 qPCR 和蛋白质印迹技术验证 mRNA 和蛋白水平的改变。

结果 阿扎胞苷和塞利尼索在 TET2 和 RHOA 突变的 H9 和 Jurkat 细胞株中都具有显著的协同作用。且在斑马鱼模型中，两药联合明显抑制肿瘤细胞增殖，延缓斑马鱼生存时间。RNAseq 分析发现两药联合较单药明显增加 FOXO3、PTEN、P21 等基因表达，且在 mRNA 和蛋白水平均得到验证。

结论 阿扎胞苷可增强塞利尼索在 TET2 和 RHOA 突变的外周 T 细胞淋巴瘤中的抗肿瘤作用。该研究为阿扎胞苷和塞利尼索两药联合在 PTCL 的临床应用提供理论基础。

PO-1105

转录组水平弥漫大 B 细胞淋巴瘤中微生物检出分析

付迪、赵维莅

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 是最常见的侵袭性非霍奇金淋巴瘤，目前针对肿瘤本身转录组水平的研究，尚不能完全解释其生物学特征、发病机制及在当前一线治疗下的预后差异。微生物不仅直接与肿瘤局部微环境相关，也与全身性免疫反应的改变密不可分。本研究从转录组水平对 DLBCL 患者组织中微生物检出情况进行了分析，寻找其与 DLBCL 发生发展及预后的关联。

方法 研究纳入本中心既往初发 DLBCL 活检标本转录组数据，使用 Kraken2 软件进行物种鉴定及定量，同时对转录组数据进行单样本 Gene Set Enrichment Analysis (ssGSEA) 分析活得肿瘤及免疫相关通路基因富集水平，在不同微生物检出情况的分组下，对微生物、肿瘤、微环境及预后进行统计分析。

结果 在 350 例初发 DLBCL 中，73% 患者肿瘤组织中可检测到微生物阳性，包括细菌、古菌或病毒。

在古菌阳性患者中，肿瘤氧化磷酸化水平上调，细胞周期 G2M 检查点及 Wnt 信号通路下调；细菌阳性患者中，KRAS 通路上调，干扰素 γ 应答水平下调；病毒阳性患者中，DNA 修复水平下调。对上述患者中 184 例 R-CHOP 方案下治疗随访一年及以上的患者进行生存分析，肿瘤组织中检出细菌基因组可能提示较好预后。

结论 DLBCL 组织中微生物的检出可能与代谢、细胞周期、免疫功能及肿瘤相关信号通路相关，且提示 DLBCL 患者预后。

PO-1106

弥漫大 B 细胞淋巴瘤中微生物的组成与肿瘤预后

赵良娟、赵维莅

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 淋巴瘤的发生发展与微生物感染密切相关，流行病学研究显示社会生活方式与不同种类淋巴瘤发病率的分布相关，本研究探究肿瘤内微生物组在弥漫性大 B 细胞淋巴瘤(diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL)患者中的组成特征并探讨特征菌群对淋巴瘤预后的意义。

方法 使用 Kraken2 软件对已有的 726 例初发 DLBCL 活检标本转录组数据进行物种鉴定。对淋巴瘤微生物的多样性，菌种组成分析，分析肿瘤内微生物组成特征。对淋巴瘤微生物在属的水平上进行 DLBCL 患者的预后及生存分析，分析其与 DLBCL 临床特征及预后的相关性。

结果 DLBCL 肿瘤组织内发现约 1% 的序列为非人类遗传物质，可检测到低丰度的微生物遗传物质，在种属的水平上，可以依据现有数据库被分类为细菌、古菌或病毒，这其中绝大部分为细菌。DLBCL 在淋巴瘤微生物的 α 多样性即每个肿瘤样本中存在的物种数量，菌种组成上，与其他淋巴瘤亚型 PTCL、FL 相比有独特的微生物组成。富含链球菌属的患者的无进展生存期 (progression-free survival, PFS) 长于缺乏该菌属的患者 ($P=0.0061$)，总生存期 (overall survival, OS) 亦高于缺乏患者 ($P=0.0094$)。

结论 DLBCL 患者肿瘤组织内具有独特的微生物组成。肿瘤内特定菌属的含量可作为患者的 PFS 和 OS 的预测因素。相对高丰度的链球菌属提示 DLBCL 患者较长的 PFS 及 OS。

PO-1107

A Nuclear NKRF Interacting Long Noncoding RNA Controls EBV Eradication and Suppresses Tumor Progression in Natural Killer/T-Cell Lymphoma

Wenfang Wang

shanghai jiaotong university

Objective Long intergenic noncoding RNAs (lincRNAs) are differentially expressed in EBV-infected cells and play an essential role in tumor progression. Molecular pathogenesis of lincRNAs in EBV-driven natural killer T cell lymphoma (NKTCL) remains unclear.

Methods LincRNAs were screened by high-throughput RNA sequencing data of 439 lymphoma samples and expression of LINC00486 was further analyzed by quantitative real-time polymerase chain reaction. Functional experiments were conducted in NK-92 and SNK-6 cell lines, as well as zebrafish and murine xenograft models, and underlying mechanism was determined using RNA-binding protein immunoprecipitation, RNA pulldown assay, co-immunoprecipitation, chromatin immunoprecipitation, and luciferase assay.

Results We investigated the ncRNA profile and identified LINC00486 was downregulated in EBV-encoded RNA-positive lymphoma, particularly NKTCL. Both in vitro and in vivo studies revealed the tumor suppressive function of LINC00486 through inhibiting tumor cell growth and inducing G0/G1 cell cycle arrest. As mechanism of action, LINC00486 specifically interacted with NKRF to abrogate its binding with phosphorylated p65, activated NF- κ B/TNF- α signaling and subsequently enhanced EBV eradication. Solute carrier family 1 member 1 (SLC1A1), upregulated and mediated the glutamine-addiction and tumor progression in NKTCL, was negatively correlated with the expression of NKRF. NKRF specifically bound to the promoter and transcriptionally downregulated the expression of SLC1A1.

Conclusion As a nuclear NKRF interacting lincRNA, LINC00486 functioned as a tumor suppressor and counteracted EBV infection by switching SLC1A1-mediated glutamine addiction and tumor progression to NF- κ B/TNF- α -mediated EBV eradication and tumor suppression. Our study improved the knowledge of EBV-driven oncogenesis and provided clinical rationale of EBV eradication in anti-cancer treatment.

PO-1108

以 Tafasitamab 为基础的方案治疗中国弥漫大 B 淋巴瘤患者的疗效与安全性——真实世界数据初步分析

游建华¹、王智^{1,3}、许彭鹏¹、高力²、董松²、陈文婷^{1,3}、温建儒^{1,3}、张曦²、赵维莅¹

1. 上海血液学研究所, 医学基因组学国家重点实验室, 国家转化医学中心(上海), 上海交通大学医学院附属瑞金医院

2. 陆军军医大学第二附属医院新桥医院血液病医学中心

3. 上海交通大学医学院附属瑞金医院海南医院(博鳌研究型医院)

目的 Tafasitamab 为全球首款获批用于治疗复发/难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤(R/R DLBCL)的人源化抗 CD19 的单克隆抗体, 目前已经在美国、欧洲及中国香港获批。

自 2022 年 7 月以来, 依托国家赋予的“国九条”等先行先试政策, 符合适应症患者可以转诊到上海交通大学附属瑞金医院海南分院接受 Tafasitamab 的治疗。

目的 本文旨在汇总分析目前接受 Tafasitamab 治疗的中国人群的早期真实世界数据, 初步探讨 Tafasitamab 在中国人群的疗效和安全性。

结果 截止 2023 年 3 月 25 日, 共有 10 例患者接受了 Tafasitamab 的治疗, 平均年龄为 48 岁(26-69), 5 例为 GCB 亚型。平均治疗线数为 4 线(1-9), 9 例患者为原发难治且末线难治。患者平均接受 Tafasitamab 治疗的次数为 7 次(2-13), 其中 9 例患者的治疗方案为 Tafasitamab 联合来那度胺的双药方案, 1 例患者联合了 BTK 抑制剂。

共 4 例患者完成了至少一次治疗后的疗效评价, ORR 为 50% (1 例 CMR、1 例 PR), 其余两位患者的疾病评估分别为 SD 和 PD。2 位患者仍在持续接受 Tafasitamab 治疗。安全性方面, 目前 10 例患者治疗过程顺利, 均无输注相关反应(IRR), 部分患者治疗期间出现骨髓抑制等不良事件, 经对症处理或观察等待后均可恢复。

结论 初步数据显示针对以多线难治人群为主的 R/R DLBCL 中国患者, Tafasitamab 为基础的治疗方案显示出令人鼓舞的疗效及良好的耐受性, 期待更长的随访并纳入更多的患者, 为临床治疗提供更多的数据参考。

PO-1109

BCL2/MYC 蛋白双表达弥漫大 B 细胞淋巴瘤的分子异质性

石子旸^{1,2,3}、房莹^{1,2,3}、许彭鹏^{1,2,3}、易红梅⁴、李剑锋^{1,2,3}、董妍^{1,2,3}、诸粤^{1,2,3}、刘梦珂^{1,2,3}、付迪^{1,2,3}、王硕^{1,2,3}、施晴^{1,2,3}、沈容^{1,2,3}、王朝夫⁴、程澍^{1,2,3}、王黎^{1,2,3}、刘峰^{1,2,3}、赵维莅^{1,2,3}

1. 上海交通大学医学院附属瑞金医院血液科
2. 上海血液学研究所
3. 转化医学国家重大科技基础设施（上海）
4. 上海交通大学医学院附属瑞金医院病理科

目的 有 25%-30% 的弥漫大 B 细胞淋巴瘤存在 BCL2 和 MYC 蛋白双重高表达，临床称之为双表达淋巴瘤（DEL）。DEL 临床特征高危、预后不佳，且既往研究表明其内部存在异质性。本研究旨在探究 DEL 的分子异质性，建立 DEL 的分子亚型，指导靶向干预策略。

方法 通过无监督聚类对 DEL 患者进行分子分型。结合 DNA 测序、RNA 测序、染色质开放性测序等多组学手段，研究各 DEL 亚组的生物学特征和致病机制，并通过构建细胞株和人源肿瘤组织异种移植（PDX）模型，探究组蛋白去乙酰化酶抑制剂西达苯胺联合多柔比星对各 DEL 亚组的治疗作用。

结果 157 例 DEL 患者被分为 C1、C2 和 C3 三个亚组。三组的共性是 PIM1、MYD88 基因高频突变和 NF-kappa B 信号通路激活。C1 组独有的特征是 KMT2D 高频突变，T 细胞受体信号通路上调，通过 NR4A 家族转录因子（TF）的调控，导致肿瘤免疫微环境（TME）中耗竭 CD8⁺ T 和 M2 巨噬细胞浸润增加。而 C2 和 C3 组均存在 CD79B 高频突变，与 PIM1、MYD88 突变协同引起 B 细胞受体（BCR）信号通路激活。但两组在上游的 TF 调控和 BCR 通路的具体构成上存在不同。C2 组的关键 TF 来自 REL 家族，引起经典 BCR 通路依赖的下游 NF-kappa B 通路激活。C3 组的关键 TF 来自 POU 家族，近端 BCR 信号激活后，触发下游 MAPK 级联反应和细胞周期转化。西达苯胺和多柔比星联合治疗可以逆转 C1 组紊乱的 TME，而在 C2 和 C3 组则引起 BCR 通路的失活以及相应 TF 及其靶基因的下调。

结论 上述研究结果证明了 DEL 异质性的存在，揭示了三个 DEL 亚组在疾病发生发展中分子生物学机制的异同，并证实了以西达苯胺和多柔比星为基底的 CR-CHOP（西达苯胺联合 R-CHOP）方案治疗各 DEL 亚组具有广谱的作用效应，这为理解 DEL 发病机制和优化组蛋白修饰靶向治疗策略提供了重要的理论参考。

PO-1110

Dual targeting PD-L1 and 4-1BB to overcome dendritic cell-mediated lenalidomide resistance in follicular lymphoma

Zhong Zheng, Rui Sun, Nan Wang, Tianyuan Xu, Weili Zhao

State Key Laboratory of Medical Genomics, Shanghai Institute of Hematology, Shanghai Rui Jin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China

Objective Immunomodulatory agent lenalidomide is effective in treating follicular lymphoma (FL). In the present study, we first conducted a single-arm, phase 2 trial of rituximab plus lenalidomide in newly diagnosed FL (NCT03715309) and identified significant microenvironmental factor of disease progression among R2-treated FL patients. Then we investigated the biological significance and therapeutic rationale of tumor microenvironment in FL both in vitro and in vivo, providing potential clinical strategy in the chemo-free era of FL treatment.

Methods The molecular mechanism of action of tumor microenvironment on lymphoma progression was examined in vitro in B-lymphoma cell lines and in vivo in a murine xenograft model.

Results We found that inferior progression-free survival of the patients was significantly associated with elevated serum $\beta 2m$ and lymph node $>6cm$, linking to decreased lymphoma cell autophagy and dendritic cell infiltration within the tumor microenvironment. PU.1 transcriptionally downregulated PD-L1 and upregulated 4-1BBL expression, inhibited lymphoma cell autophagy and dendritic cell recruitment via PD-1/PD-L1 and 4-1BB/4-1BBL interaction. In vitro in co-culture system and in vivo in murine xenograft model, knockdown of PU.1 induced lenalidomide resistance, but sensitized FL cells to bi-specific PD-L1/4-1BB antibody or combined treatment of PD-L1 inhibitor and 4-1BB agonist.

Conclusion In conclusion, PU.1 is essential in immunomodulatory effect of FL through PD-1/PD-L1- and 4-1BB/4-1BBL-mediated microenvironmental modulation. Dual targeting PD-L1 and 4-1BB could be an alternative immunotherapeutic strategy in the chemo-free era of FL treatment.

PO-1111

肿瘤微环境特征揭示滤泡性淋巴瘤不同的生物学亚型和临床结局

王楠、郑重、孙芮、徐天圆、赵维莅
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 探究滤泡性淋巴瘤肿瘤（follicular lymphoma, FL）微环境的异质性

方法 基于本中心 211 例初发 FL 肿瘤组织转录组学数据，进行肿瘤微环境成分分析。探究不同肿瘤微环境与基因组突变之间的关系。

结果 FL 基于微环境特点可以分为三个亚型：免疫炎症型、免疫间质型和免疫荒漠型。其中，免疫炎症型富于炎性免疫细胞和炎性分子，如巨噬细胞、自然杀伤细胞、T 细胞、免疫检查点分子等；免疫间质型富于间质细胞和细胞外基质，如血管内皮细胞、成纤维细胞、滤泡网状细胞等；荒漠型与上述两型相反，肿瘤微环境来源成分极少。与既往文献报道一致，FL 荒漠型 2 年内进展（progression of disease 24 months, POD24）率显著增加，无进展生存期（progression-free survival, PFS）缩短。通过对患者肿瘤组织突变分析，结果显示，FL 荒漠型肿瘤微环境患者 ATP6V1B2、ATP6AP1 和 VMA21 突变显著增加。

结论 FL 肿瘤微环境具有显著异质性，可分为三个亚型，其中荒漠型肿瘤微环境预后不良。V-ATPase 突变介导了 FL 荒漠型肿瘤微环境的形成。

PO-1112

高龄 DLBCL 基因突变和免疫微环境特征研究

诸粤
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 弥漫大 B 细胞淋巴瘤 diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL 的发病率随年龄而增加，而高龄通常与预后不良有关。然而，高龄弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床和生物学特征仍有待确定。

方法 纳入 2002 年 9 月至 2021 年 4 月之间的 2445 位患者，并收集临床数据，其中 1150 位患者具有 55 基因测序数据，385 位患者具有 RNA 测序数据。将患者根据 NCCN-IPI 的年龄分段进行生存分析，并分别应用单因素 logistic 回归分析基因突变率、Spearman 相关性分析免疫细胞浸润与年龄的相关性。

结果 高龄 DLBCL 患者中 Ann Arbor 分期 III-IV 期、血清乳酸脱氢酶升高、ECOG 评分 2-4 分、多发结外受累和双表达亚型比例较高。从分子特征上看，年龄与 PIM1、MYD88、BTG2、CD79B、TET2、BTG1、CREBBP、TBL1XR1 等致癌基因突变及 MYD88-like 基因亚型呈正相关。这些致

癌基因突变涉及 B 细胞受体/NF- κ B 信号转导、B 细胞分化和组蛋白乙酰化。高龄 DLBCL 患者也表现为 CD4+ naïve T 和 CD8+ naïve T 细胞的减少, 以及耗竭 T 细胞和巨噬细胞的招募增加, 形成免疫抑制的肿瘤微环境。

结论 本研究有助于理解淋巴瘤与衰老相关的致癌基因突变和肿瘤微环境改变, 并为高龄 DLBCL 患者的靶向治疗提供新的思路, 从而减少化疗的毒副作用, 改善患者的长期预后。

PO-1113

Simplified algorithm for genetic subtyping in diffuse large B-cell lymphoma

Rong Shen, Di Fu, Shu Cheng, Li Wang, Peng-Peng Xu, Wei-Li Zhao

State Key Laboratory of Medical Genomics; Shanghai Institute of Hematology; Shanghai Rui Jin Hospital;
Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

Objective Genetic classification facilitates to disclose molecular heterogeneity and therapeutic implications in diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL). Here we designed and validated a simplified algorithm to translate genetic subtyping into targeted approaches in DLBCL.

Methods Using whole exome/genome sequencing, RNA-sequencing, and fluorescence in situ hybridization in 337 newly diagnosed DLBCL patients, we established a simplified 38-gene algorithm (termed 'LymphPlex') based on the information on mutations of 35 genes and rearrangements of three genes (BCL2, BCL6, and MYC), identifying seven distinct genetic subtypes: TP53^{Mut} (TP53 mutations), MCD-like (MYD88, CD79B, PIM1, MPEP1, BTG1, TBL1XR1, PRDM1, IRF4 mutations), BN2-like (BCL6 fusion, NOTCH2, CD70, DTX1, BTG2, TNFAIP3, CCND3 mutations), N1-like (NOTCH1 mutations), EZB-like (BCL2 fusion, EZH2, TNFRSF14, KMT2D, B2M, FAS, CREBBP, ARID1A, EP300, CIITA, STAT6, GNA13 mutations, with or without MYC rearrangement), and ST2-like (SGK1, TET2, SOCS1, DDX3X, ZFP36L1, DUSP2, STAT3, IRF8 mutations). Extended validation of 1001 DLBCL patients revealed clinical relevance and biological signature of each genetic subtype.

Results TP53^{Mut} subtype showed poor prognosis, characterized by p53 signaling dysregulation, immune deficiency, and PI3K activation. MCD-like subtype was associated with poor prognosis, activated B-cell (ABC) origin, BCL2/MYC double-expression, and NF- κ B activation. BN2-like subtype showed favorable outcome within ABC-DLBCL and featured with NF- κ B activation. N1-like and EZB-like subtypes were predominated by ABC-DLBCL and germinal center B-cell (GCB)-DLBCL, respectively. EZB-like-MYC+ subtype was characterized by an immunosuppressive tumor microenvironment, while EZB-like-MYC- subtype by NOTCH activation. ST2-like subtype showed favorable outcome within GCB-DLBCL and featured with stromal-1 modulation. Genetic subtype-guided targeted agents achieved encouraging clinical response when combined with immunochemotherapy.

Conclusion Collectively, LymphPlex provided high efficacy and feasibility, representing a step forward to the mechanism-based targeted therapy in DLBCL.

PO-1114

Immunosuppressive tumor microenvironment contributes to tumor progression in diffuse large B-cell lymphoma upon anti-CD19 chimeric antigen receptor T therapy

Zixun Yan, Li Li, Di Fu, Wen Wu, Niu Qiao, Weili Zhao

Shanghai Institute of Hematology, State Key Laboratory of Medical Genomics, National Research Center for Translational Medicine at Shanghai, Ruijin Hospital affiliated to Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai

Objective Abstract Anti-CD19 chimeric antigen receptor (CAR)-T cell therapy has achieved 40%–50% long-term complete response in relapsed or refractory diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) patients. However, the underlying mechanism of alterations in the tumor microenvironments resulting in CAR-T cell therapy failure needs further investigation. A multi-center phase I/II trial of anti-CD19 CD28z CAR-T (FKC876, ChiCTR1800019661) was conducted. Among 22 evaluable DLBCL patients, seven achieved complete remission, 10 experienced partial remissions, while four had stable disease by day 29. Single-cell RNA sequencing results were obtained from core needle biopsy tumor samples collected from long-term complete remission and early-progressed patients, and compared at different stages of treatment. M2-subtype macrophages were significantly involved in both in vivo and in vitro anti-tumor functions of CAR-T cells, leading to CAR-T cell therapy failure and disease progression in DLBCL. Immunosuppressive tumor microenvironments persisted before CAR-T cell therapy, during both cell expansion and disease progression, which could not be altered by infiltrating CAR-T cells. Aberrant metabolism profile of M2-subtype macrophages and those of dysfunctional T cells also contributed to the immunosuppressive tumor microenvironments. Thus, our findings provided a clinical rationale for targeting tumor microenvironments and reprogramming immune cell metabolism as effective therapeutic strategies to prevent lymphoma relapse in future designs of CAR-T cell therapy.

Methods Study design and participants Treatment and evaluation CAR-T cell detection in vivo Cytotoxic potency, macrophage differentiation, and T cell suppression assay T cell transduction and culture conditions CAR 19 cloning and lentivirus production for in vitro study Single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) Immunohistochemistry Statistical analysis

Results Components of the tumor microenvironment in DLBCL patients treated with CAR-T cell therapy Influence of M2-subtype macrophages on the differentiation and cytotoxic activity of CAR-T cells in vitro. Transcriptomic profile of macrophages during CAR-T cell therapy. Transcriptomic profile of T cells during CAR-T cell therapy. Transcriptomic profile of B cells during CD19 CAR-T cell therapy. Role of macrophages in T cell exhaustion and failure of CAR-T cell therapy.

Conclusion The anti-CD19 CAR-T cell therapy induces 40%–50% long-term remission in relapsed or refractory DLBCL under the CR at day 90 as a predictive criterion. The dynamic changes in the phenotypes and functions of immune cells have not been fully elucidated due to limited access to tissue samples during CAR-T cell therapy. Using cord needle biopsy, we successfully obtained tumor samples from DLBCL patients before CAR-T cell therapy, at CAR-T cell expansion, and at disease progression. Our in vitro and in vivo data did not only confirm the essential roles of M2-subtype macrophages in CAR-T cell dysfunction, but also discovered immunosuppressive features of microenvironment components that contributed to disease progression upon CAR-T cell therapy in DLBCL.

Metabolic reprogramming of the tumor microenvironments is critically involved in T cell function and response to immunotherapy [17]. Hypoxia, glycolytic process, amino acid metabolic process, and medium chain fatty acid catabolic processes were upregulated in M2-subtype macrophages of the progressed patient during both CAR-T cell expansion and at disease progression. These

findings are consistent with the report that M2-subtype macrophages rely on oxidative phosphorylation [18]. Moreover, macrophages are polarized to M2 phenotype by IL10 and TGF β 1, facilitating tumor cell growth, invasion, and metastasis [19, 20]. Thus, the tumor favorable microenvironment leads to a struggle for adaption of CAR-T cells, described as hypoxic, acidic, and nutrient-deprived [21-23]. Different from effector T cells, Treg cells can utilize substrates either derived from glycolysis or fatty acid oxidation for expansion [26]. Accordingly, hypoxia and fatty acid metabolic pathways were highly expressed in effector T cells and Treg cells from the progressed patient, whereas glycolytic-associated pathways were upregulated in the CR patient, indicating that the hypoxic microenvironments may alter T cell metabolism at disease progression to favor the thriving of the immunosuppressive Treg cells. We also found that tumor-infiltrating T cells were exhausted in the progressed patient by expression of LAG3, TIGIT, and PDCD1 on effector T cells. It was shown that T cell inhibitory receptors (such as PD-1 and CTLA-4) can decrease glucose uptake and inhibit the glycolytic processes, while PD-1 blockade reverses glucose restriction in tumor-infiltrating-T cells, enhancing CD8+ T cell glucose influx and glycolysis via mTOR signaling [28]. Therefore, these findings may provide insight into immunotherapeutic strategies to improve the clinical efficacy of CAR-T cell therapy. Currently, this is, to the best of our knowledge, the first single-cell study to analyze the dynamic change of the tumor microenvironments in situ during CAR-T cell therapy. A pre-existing immunosuppressive tumor microenvironment inducing CAR-T cell dysfunction was identified and could be a useful tool for predicting clinical outcomes. Furthermore, our data provided a clinical rationale for targeting the tumor microenvironments and metabolic reprogramming to prevent lymphoma relapse after CAR-T cell therapy.

PO-1115

Cholesterol efflux of M2 macrophage contributes to chimeric antigen receptor T cell therapy resistance: A phase I study of primary refractory diffuse large B-cell lymphoma (JWCAR029-003)

Zixun Yan, Yan Dong, Qiao Niu, WeiLi Zhao, Lingshuang Sheng

Shanghai Institute of Hematology, State Key Laboratory of Medical Genomics, National Research Center for Translational Medicine at Shanghai, Ruijin Hospital affiliated to Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai,

Objective Chimeric antigen receptor (CAR)-T cell therapy has achieved promising anti-tumor effects in early clinical trials of relapsed/refractory diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL). However, its efficacy in primary refractory DLBCL is less studied, with the underlying mechanisms of resistance remained unclear.

Methods Study design and patients Relma-cel preparation and intravenous infusion Outcomes In vivo cytotoxicity assays CAR-T cell detection in vivo Single-cell suspension preparation Single-cell RNA library preparation and sequencing Single-cell RNA-seq data preprocessing and quality control Single-cell RNA-seq normalization, batch effect correction, dimensionality reduction, and unsupervised clustering Single-cell RNA-seq cell subsets identification and annotations Single-cell RNA-seq signature score Differential expression and Gene Ontology enrichment analysis Developmental trajectory inference Cell-cell ligand-receptor communication analysis Visualization and statistical analysis Gene mutation detection Cell culture, ABCA1 knockdown and CAR19 generation construction Transwell assay Total cholesterol level detection In vitro cytotoxicity assay Flow cytometry

Results Here in a phase I trial (JWCAR029-003), we observed that the percentage of M2 macrophage was significantly increased in progression disease patients before CAR-T cell therapy. Notably, the cholesterol efflux of M2 macrophage inhibited the cytotoxic effect of CAR-T

cells, by inducing an immunosuppressive state of CD8+ T cells and subsequently provoking CD8+ T-cell exhaustion. The ligand-receptor interactions between M2 macrophage and CD8+ T cells responsible for lipid metabolism, immune checkpoints activation and T-cell exhaustion were enhanced at disease progression.

Conclusion our study revealed the cholesterol efflux of M2 macrophage as an important factor to trigger CD8+ T-cell exhaustion, providing clinical rationale of metabolic reprogramming to counteract CAR-T treatment failure.

PO-1116

惰性淋巴瘤患者癌症复发恐惧现状及影响因素研究

林荣桂

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 调查惰性淋巴瘤患者癌症复发恐惧现状，分析其影响因素。

方法 采用一般资料调查表、恐惧疾病进展简化量表、社会支持评定量表、焦虑自评量表、抑郁自评量表、创伤后应激障碍检查表、简体中文版创伤后成长评定量表、简易疾病认知问卷、简易应对方式问卷及医患关系问卷对 2021 年 5~12 月上海某三甲医院住院的 112 例惰性淋巴瘤患者进行调查。

结果 112 例惰性淋巴瘤患者癌症复发恐惧得分为 (29.76±8.72)，≥34 分的患者 33 例 (29.50%)，社会支持评定量表总分为 (42.38±9.08)，焦虑自评量表得分为 (33.24±7.25)，抑郁自评量表得分为 (34.53±8.34)，创伤后应激障碍检查表得分为 (27.38±9.62)，简体中文版创伤后成长评定量表得分为 (66.54±15.60)，简易疾病认知问卷得分为 (34.81±10.98)，简易应对方式问卷中积极应对得分为 (25.35±5.55)，消极应对得分为 (10.91±4.97)，医患关系问卷得分为 (66.60±8.17)。多元线性回归显示，疾病认知和焦虑水平是惰性淋巴瘤患者癌症复发恐惧的影响因素 (P<0.01)，上述变量解释 27.7% 的总变异。

结论 约 1/3 的惰性淋巴瘤患者存在癌症复发恐惧，需引起临床工作人员的高度重视；疾病认知导致惰性淋巴瘤患者产生高水平的癌症复发恐惧，焦虑水平高的惰性淋巴瘤患者癌症复发恐惧水平更高；提示临床工作人员采用认知行为疗法，改善患者认知、降低焦虑水平，从而降低患者癌症复发恐惧水平。

PO-1117

西达本胺治疗外周 T 细胞淋巴瘤的预后标志物分析

侯传东^{1,2}、卢学春¹

1. 中国人民解放军总医院第二医学中心

2. 解放军医学院

目的 西达本胺是治疗外周 T 细胞淋巴瘤的一线用药，但目前缺乏对西达本胺临床有效性预测的方法。本研究收集西达本胺治疗外周 T 细胞淋巴瘤的转录组数据，根据差异表达基因与核心基因，筛选西达本胺治疗外周 T 细胞淋巴瘤的分子标志物。

方法 通过在 TCGA (The Cancer Genome Atlas) 数据库与 GEO (Gene Expression Omnibus) 数据库中检索外周 T 细胞淋巴瘤患者的转录组数据，检索式为 chidamide[All Fields] AND "Homo sapiens"[porgn] AND ("gse"[Filter] AND ("Expression profiling by array"[Filter] OR "Expression profiling by high throughput sequencing"[Filter]))，筛选得到西达本胺治疗前转录组测序数据 GSE174537，根据疗效将患者分为完全缓解组和不完全缓解组。使用 R 语言软件 bioMart 进行基因

注释, 采用 DESeq2 软件包, 以 $|\log FC| \geq 1.5$, $p < 0.05$ 为标准鉴定差异表达基因。对差异表达基因进行 GO 与 KEGG 功能富集分析。利用 STRING 数据库 (<https://version-12-0.string-db.org/>) 构建蛋白互作网络, 再将数据导入 Cytoscape 中, 使用 cytoHubba 插件进行核心基因筛选。

结果 完全缓解组与部分缓解组之间共产生 467 个差异表达基因。GO 与 KEGG 富集分析发现, 差异表达基因主要富集在先天性免疫反应通路、细胞因子与免疫受体相关通路。通过 MCC 算法计算得到排名前十的核心基因为 CD34、FCGR3B、EGFR、CD274、EPCAM、PROM1、MET、CEACAM5、SDC1、CXCL1。

结论 完全缓解组相对于部分缓解组而言, 高表达上述核心基因, 这表明较高表达 CD34 等基因的外周 T 细胞淋巴瘤患者可能具有较好的预后结局。未来可通过细胞实验和临床研究等证实相关分子标志物与西达本胺治疗效果的关联性, 为患者的生存预后分析提供预测方法。

PO-1118

Zanubrutinib-Lenalidomide-Rituximab (ZR2) in Unfit Diffuse Large B-cell Lymphoma: Efficient and Tolerant

yawen wang¹, Panpan Li², Jiadai Xu², Yanyan Xu³, Hongwei Xue¹, Peng Liu²

1. The Affiliated Hospital of Qingdao University

2. Zhongshan Hospital Fudan University

3. Department of Biochemistry and Molecular Cell Biology, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine,

Objective Objectives: To examine the effectiveness and safety of rituximab, zanubrutinib, and lenalidomide (ZR2) in unfit patients with diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL). Thrombosis or bleeding risk of ZR2 regimen, especially when antiplatelet agents were co-prescribed, was also evaluated.

Methods We retrospectively reviewed unfit newly diagnosed (ND) and refractory or relapsed (R/R) patients with DLBCL who were administered with ZR2 regimen in two medical centers between December 2019 and February 2022. Response rates, progression-free survival (PFS), overall survival (OS), bleeding adverse events (AEs), and thrombosis episodes were analyzed. Furthermore, we investigated the effects of zanubrutinib alone or in combination with lenalidomide on platelet functions in vitro and in vivo.

Results A total of 30 unfit patients (10 ND DLBCL and 20 R/R DLBCL patients) received ZR2 regimen were enrolled in the study (median age: 69.5 years). The ultimate ORRs for the ND DLBCL and R/R DLBCL were 77.0% and 50.1%, respectively. The median follow-up was 16.6 months. The median PFS and OS were not achieved during the follow-up time. Subcutaneous hemorrhage adverse events (AEs) occurred in four cases, three cases suffered severe bleeding events, and thrombosis events were observed in two patients. ZR2 regimen inhibited platelet functions (aggregation, clot retraction, spreading and activation) in vitro and in vivo function testing especially in response to collagen.

Conclusion ZR2 is an efficient treatment option for unfit patients with DLBCL and could be well tolerated. Notably, this regimen inhibited platelet functions. Antiplatelet agents should be used with caution in patients treated with this regimen.

PO-1119

一例原发皮肤弥漫大 B 细胞淋巴瘤（腿型）病例分析

张燕

贵州医科大学附属医院

目的 分析一例原发皮肤弥漫大 B 细胞淋巴瘤（腿型）患者临床诊治资料，探讨该病特征及治疗和预后。

方法 患者，女，64 岁，因“发现右胫前肿块 4 月余”于 2021 年 4 月至本院就诊，患者无明显诱因出现右胫前肿块 4 月余，最初豌豆大小暗红色结节，搓澡擦伤后增大，暗红色结节逐渐增多，伴隐痛，可忍受。体查右下肢胫前可见皮肤斑块，大小约为 10*3cm。其上可见群集黄豆至鸽蛋大小暗红色表面光亮的结节；行 PET-CT 检查及皮肤病理活检等明确诊断为原发皮肤弥漫大 B 细胞淋巴瘤（腿型）。予泽布替尼联合 R-CHOP 方案化疗，共 6 周期，行体检及 PET-CT 等检查评估疗效并随访。

结果 泽布替尼口服联合利妥昔单抗及化疗 4 疗程达完全缓解，随访 22 月患者仍处于完全缓解中。

结论 原发皮肤弥漫大 B 细胞淋巴瘤（腿型）为罕见类型，多发生于老年女性，预后差。治疗上常用利妥昔单抗联合 CHOP 方案化疗，但部分患者疗效不佳，BTK 抑制剂与 R-CHOP 方案联合可改善患者预后。本例患者为老年女性，采用泽布替尼联合 R-CHOP 方案治疗，随访近 2 年仍处于完全缓解。结论 BTK 抑制剂联合 R-CHOP 方案对原发皮肤 DLBCL（腿型）疗效较好，值得进一步观察。

PO-1120

大剂量芦可替尼用于常规剂量无效的噬血细胞综合征部分有效

何雪峰、宋悦

苏州大学附属第一医院

目的 评估大剂量芦可替尼用于治疗噬血细胞综合征的有效性和安全性

方法 采用常规剂量（10mg-15mg bid）芦可替尼治疗噬血细胞综合征无效的 8 例患者，加大芦可替尼的剂量（20mg bid-30mg tid）后，评估治疗方案的有效性和安全性。

结果 剂量提升后，50%患者获得了更好的缓解。其中 2 例由不充分响应最终到完全缓解，另外 2 例由无效到完全缓解。中位最佳缓解时间为 18.5 天（IQR 13.25-23.75 天）。噬血细胞综合征病因（ $p=0.029$ ）和 sCD25 的水平（ $p=0.021$ ）和大剂量芦可替尼的疗效有关。sCD25 以 10000pg/ml 为 cutoff 值时，sCD25 的 ROC 曲线下面积为 0.8125。2 个月生存率 75%，中位随访 159 天，2 例患者死亡。治疗方案的副反应包括肢端疼痛。未出现 3-4 级不良事件。

结论 大剂量芦可替尼治疗难治性噬血细胞综合征有效。sCD25 水平可以作为早期化疗干预的标志

PO-1121

**非霍奇金血管免疫母性 T 细胞淋巴瘤
合并嗜血细胞综合征一例探讨**

吴宁夏、汪梅花、李飞

延安大学附属医院

目的 通过对我院收治的一名之前难以诊断的“非霍奇金血管免疫母性 T 细胞淋巴瘤合并嗜血细胞综

合征”的病例进行分析归纳，逐步探讨此种疾病的诊断以及治疗方案，同时为下一阶段的化疗方案的制定提供依据。

方法 HLH 是一组罕见的、致命的以细胞因子风暴为特征的临床综合征,而 LAHS 是继发性 HPS 的常见类型[1],但是相关报道少见,目前对该病认识尚不足,缺乏标准的治疗方案[2]。此病例所选用的是我科收治的一例未明确诊断的非霍奇金血管免疫母性 T 细胞淋巴瘤合并嗜血细胞综合征患者,而在上级医院经过长时间诊断明确,以及制定了相关的化疗方案,现将其临床资料及治疗经过报告如下。

结果 此次入院依然采用此周期性化疗方案,考虑到本病例属年轻、高危 ALCL 合并 HPS 初治患者,病情复杂危重,考虑患者长期的获益,结合经验用药,选择 CHOPE 方案治疗,效果令人惊喜,HPS 疗效达 PR[21]。但仍有部分研究表明,西达本胺联合 CHOPE 方案对初治危重 ALCL 有一定疗效,但仅限于个案报道,对于此病例的治疗将继续进行跟进,行周期性治疗方案后,将对病人病情进行回访,以制定更为精细的化疗方案,从而提高患者的寿命以及治愈率。

结论 ALCL 合并 HPS 是一类临床罕见且异质性较大的恶性血液疾病[22],不仅难以诊断,而且难以治疗,因此应制定更为精密的诊疗方案,做到早诊早治。治疗方案的制定也不应唯指南论[23],而应该针对患者的病情作出调整,制定更为优化的治疗方案,为患者争取更大的获益。

PO-1122

优质护理方案在淋巴瘤患者化疗中可行性分析。

熊啸、王含

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 采取优质护理方案在淋巴瘤患者化疗中可行性分析。

方法 此次 80 例研究对象都是 2023 年 1 月至 2023 年 6 月之间在我院行化疗治疗的淋巴瘤患者,化疗期间分别行优质护理(研究组)40 例和常规化护理(对照组)40 例,对比两组的护理效果。

结果 研究组生活质量各项指标评分高于对照组,药物毒副作用发生率低于常规组,组间差异呈统计学意义($P < 0.05$)。

结论 实施优质护理对于淋巴瘤患者化疗过程的重要性,通过不断完善护理体系、提高护理人员素质、引入新技术和新方法,可以进一步提升淋巴瘤患者化疗期间的生活质量,减少药物的毒副作用。

PO-1123

心理护理对恶性淋巴瘤患者化疗后不良情绪的改善作用分析

熊啸

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 本研究旨在分析心理护理对恶性淋巴瘤患者化疗后不良情绪的改善作用,以提高患者的心理健康水平和生活质量。

方法 本研究采用随机对照试验设计,将恶性淋巴瘤化疗患者随机分为心理护理组和常规护理组。心理护理组在常规护理的基础上,增加心理护理干预措施,包括心理评估、情绪疏导、认知行为疗法等。常规护理组仅接受常规治疗和护理。通过比较两组患者在化疗后不良情绪、生活质量等方面的差异,评估心理护理的效果。

结果 研究发现,心理护理组患者在化疗后的焦虑、抑郁等不良情绪得到显著改善,相比常规护理组,其不良情绪评分明显降低。同时,心理护理组患者的生活质量也得到提高,包括睡眠质量、食欲、日常活动能力等方面均有所改善。

结论 心理护理对恶性淋巴瘤患者化疗后不良情绪的改善具有积极作用，有助于提高患者的心理健康水平和生活质量。因此，建议在恶性淋巴瘤患者的化疗过程中，加强心理护理干预，以缓解患者的不良情绪，促进康复进程。

PO-1124

Outcome and risk prediction of early progression in patients with extranodal natural killer/T-cell lymphoma in the CLCG study

Jiaying Li¹, Xiaorong Hou², Siye Chen¹, Xin Liu¹, Qiuzi Zhong³, Liting Qian⁴, Xueying Qiao⁵, Hua Wang⁶, Yuan Zhu⁷, Jianzhong Cao⁸, Junxin Wu⁹, Tao Wu¹⁰, Suyu Zhu¹¹, Mei Shi¹², Huilai Zhang¹³, Ximei Zhang¹³, Hang Su¹⁴, Yuqin Song¹⁵, Jun Zhu¹⁵, Yujing Zhang¹⁶, Huiqiang Huang¹⁶, Ying Wang¹⁷, Xia He¹⁸, Liling Zhang¹⁹, Baolin Qu²⁰, Yong Yang²¹, Chen Hu²², Min Deng¹, Shulian Wang¹, Shunan Qi¹, Yexiong Li¹

1. National Cancer Center/National Clinical Research Center for Cancer/Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College
2. Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences (CAMS) and Peking Union Medical College (PUMC)
3. Beijing Hospital, National Geriatric Medical Center
4. The Affiliated Provincial Hospital of Anhui Medical University
5. The Fourth Hospital of Hebei Medical University
6. Second Affiliated Hospital of Nanchang University
7. Cancer Hospital of the University of Chinese Academy of Sciences (Zhejiang Cancer Hospital), Institute of Cancer and Basic Medicine (IBMC), Chinese Academy of Sciences
8. Shanxi Cancer Hospital and the Affiliated Cancer Hospital of Shanxi Medical University
9. Fujian Provincial Cancer Hospital
10. Affiliated Hospital of Guizhou Medical University
11. Hunan Cancer Hospital and the Affiliated Cancer Hospital of Xiangya School of Medicine
12. Xijing Hospital of Fourth Military Medical University
13. Tianjin Medical University Cancer Institute & Hospital, Key Laboratory of Cancer Prevention and Therapy, National Clinical Research Center for Cancer
14. The Fifth Medical Center of PLA General Hospital
15. Key Laboratory of Carcinogenesis and Translational Research (Ministry of Education), Peking University Cancer Hospital & Institute
16. Sun Yat-sen University Cancer Center; State Key Laboratory of Oncology in South China; Collaborative Innovation Center for Cancer Medicine
17. Chongqing University Cancer Hospital & Chongqing Cancer Hospital
18. Jiangsu Cancer Hospital & Jiangsu Institute of Cancer Research
19. Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology
20. The General Hospital of Chinese People's Liberation Army
21. Fujian Medical University Union Hospital
22. Sidney Kimmel Comprehensive Cancer Center, Johns Hopkins University School of Medicine

Objective Recently, progression-free survival at 24 months (PFS24) was defined as clinically relevant for patients with extranodal NK/T-cell lymphoma (ENKTCL). Herein, the clinical data from two independent random cohorts (696 patients each in the primary and validation datasets) were used to develop and validate a risk index for PFS24 (PFS24-RI), and evaluate its ability to predict early progression.

Methods From the China Lymphoma Collaborative Group (CLCG) database, we retrospectively reviewed patients with newly-diagnosed ENKTCL from 2008 to 2016. A total of 1392 patients, who had received non-anthracycline-based chemotherapy and/or radiotherapy, were included. Patients were randomly assigned to the primary dataset (n = 696) or the validation dataset (n = 696) in a 1:1 ratio using a stratified random sampling method. The Kaplan–Meier method was used to estimate the survival rates, which were compared using a log rank test. In the primary dataset, the independent clinical characteristics for PFS24 were determined using univariate and multivariate regression models. The validation dataset was used to assess the final model by

measuring both discrimination and calibration. Regression analysis was used to assess whether a linear relationship existed between PFS24 and OS.

Results Patients achieving PFS24 had a 5-year OS of 95.8%, whereas OS was only 21.2% in those failing PFS24 ($P < 0.001$). PFS24 was an important predictor of subsequent OS, independent of the risk groups stratified using the NRI or PINK models. The proportion of patients achieving PFS24 and 5-year OS rates correlated linearly among risk-stratified groups (both $r = 1$). Based on multivariate analysis of the primary dataset, the PFS24-RI included five risk factors: stage II or III/IV, elevated lactate dehydrogenase, Eastern Cooperative Oncology Group score ≥ 2 , primary tumor invasion, and extra upper aerodigestive tract. PFS24-RI stratified the patients into low (0) intermediate (1–2), high (≥ 3) risk groups. Patients stratified by the PFS24-RI were associated with significantly different survival outcomes. Based on the PFS24-RI, the 5-year OS and PFS rates in three risk categories (low, intermediate, and high) were 87.7% (95% CI: 84.2–91.4) and 82.8% (95% CI: 87.0–89.0), 78.4% (95% CI: 75.4–81.6) and 66.4% (95% CI: 61.1–72.1), and 59.1% (95% CI: 52.8–66.1) and 45.3% (95% CI: 36.9–55.5) in the primary dataset ($P < 0.001$). The results were verified in the validation dataset. Harrell's C-index of PFS24-RI for PFS24 prediction was 0.667 in the validation dataset, indicating a good discriminative ability. PFS24-RI calibration indicated that the actual observed and predicted probability of failing PFS24 agreed well.

Conclusion We demonstrated that PFS24 was an important predictor for OS, independent of NRI or PINK stratified risk groups. The PFS24-RI model provided the probability of achieving PFS24 at the level of the individual patient and could be applied for prospective study design and risk stratification.

PO-1125

自体造血干细胞移植与自体造血干细胞移植序贯嵌合抗原受体 T 细胞免疫疗法治疗恶性淋巴瘤造血重建的比较

何丽¹、鲍颖¹、朱晓健²、孟凡凯²、乾虎²

1. 襄阳市第一人民医院

2. 华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 比较自体造血干细胞移植 (autologous stem cell transplantation, ASCT) 与自体造血干细胞移植 (ASCT) 序贯嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 治疗淋巴瘤后中性粒细胞及血小板植入时间的差异。

方法 回顾性分析 2019 年 2 月至 2022 年 6 月本中心淋巴瘤患者的临床资料, 其中男 150 例、女 116 例, 中位年龄 42 (16~71) 岁。ASCT 66 例、ASCT 序贯 CAR-T 200 例。

结果 ASCT 与 ASCT 序贯 CAR-T 比较: 中性粒细胞植入中位时间分别为 10.10 (8~20) d、13.63 (8~32) d, 差异有统计学意义 ($U=1761.500$, $P<0.001$); +30 d 中性粒细胞植入率差异无统计学意义 [分别为 100% (58/58)、98.5% (191/194), $\chi^2=0.908$, $P=1.000$]; 血小板植入中位时间分别为 11.14 (3~23) d、12.33 (4~78) d, 差异有统计学意义 ($U=3907.500$, $P=0.004$); +30 d 血小板植入率差异无统计学意义 [分别为 100% (55/55)、96.3% (184/191), $\chi^2=2.075$, $P=0.354$]。

结论 ASCT 的中性粒细胞及血小板的植入早于 ASCT 序贯 CAR-T。

PO-1126

Hemophagocytic lymphohistiocytosis and disseminated intravascular coagulation are underestimated, but fatal adverse events in chimeric antigen receptor T-cell therapy

Zhiqiang Song¹, Dingyuan Tu¹, Gusheng Tang¹, Na Liu¹, Zongguang Tai², Jianmin Yang¹, Yang Wang¹

1. The First Affiliated Hospital of Naval Medical University

2. Shanghai Skin Disease Hospital

Objective Hematotoxicity is the most common long-term adverse event (AE) after chimeric antigen receptor T-cell (CAR T) therapy. However, patients who receive CAR T therapy in pivotal clinical trials are subjected to restrictive selection criteria, and this means that rare but fatal toxicities are underestimated. A comprehensive understanding of hematotoxicity in the real-world setting could better inform therapy selection and improve the management of this revolutionary therapy.

Methods Here, we systematically analyzed CAR T-associated hematologic AE using the US Food and Drug Administration Adverse Event Reporting System (FAERS) between January 2017 and December 2021. Disproportionality analyses were performed using reporting odds ratios (ROR) and information component (IC); the lower limit of the ROR and IC 95% confidence interval (CI) (ROR025 and IC025) exceeding one and zero was considered significant, respectively

Results Among the 105,087,611 reports in FAERS, 5,112 CAR T-related hematotoxicity reports were identified. We found 23 significant over-reporting hematologic AE (ROR025 >1) compared to the full database, of which hemophagocytic lymphohistiocytosis (HLH; n=136 [2.7%], ROR025 = 21.06), coagulopathy (n=128 [2.5%], ROR025 = 10.43), bone marrow failure (n=112 [2.2%], ROR025 = 4.88), disseminated intravascular coagulation (DIC; n=99 [1.9%], ROR025 = 9.64), and B-cell aplasia (n=98 [1.9%], ROR025 = 118.16, all IC025 > 0) were highly under-reported AE in clinical trials. Importantly, HLH and DIC led to mortality rates of 69.9% and 59.6%, respectively. Lastly, hematotoxicity-related mortality was 41.43%, and 22 death-related hematologic AE were identified using LASSO regression analysis.

Conclusion These findings could help clinicians in the early detection of those rarely reported but lethal hematologic AE, thus reducing the risk of severe toxicities for CAR T recipients.

PO-1127

Effect of rituximab on incidence and subsequent outcome of histological transformation in follicular lymphoma: a systematic review and meta-analysis

Ziqi Wan¹, Xin Liu¹, Qiuzi Zhong², Yong Yang³, Shunan Qi¹, Yexiong Li¹

1. Department of Radiation Oncology, National Cancer Center/Cancer Hospital /National Clinical Research Center for Cancer, Chinese Academy of Medical Sciences (CAMS) and Peking Union Medical College (PUMC), Beijing, P. R. China

2. Department of Radiation Oncology, Beijing Hospital, National Geriatric Medical Center, Beijing, P. R. China

3. Department of Radiation Oncology, Fujian Medical University Union Hospital, Fuzhou, Fujian, P. R. China

Objective Follicular lymphoma (FL) patients with histologic high-grade transformation had poor prognosis. The cumulative incidence of transformation (CIT) and the effect of rituximab on CIT and subsequent outcome remain unclear.

Methods The keywords of transformation AND follicular lymphoma were searched in PubMed and Web of Science without time or language restriction. We included transformed FL diagnosed

by biopsy-proven subtypes of diffuse large B-cell lymphoma, or by cytology and clinical suspicion. Cases of composite and discordant FL were excluded. The main outcomes were CIT and the transformation risk by variables measured by pooled hazard ratios (HRs). A random-effects model was chosen if heterogeneity was significant ($I^2 \geq 50\%$ or $p < 0.05$). 49 were included in the qualitative analysis and 38 were included in the quantitative analysis after disposing of overlaps.

Results The mean age was 55.7 (95%CI 53.9-57.5, $I^2=91\%$) years old. The mean time to high-grade transformation was 4.7 (95%CI 3.9-5.6) years. The median 5- and 10-year CIT by competing risk model were 5.5% (range, 3.1-14.3 %) and 9.4% (range, 6.0-15.4 %), respectively. FLIPI significantly associated with risk of transformation (0-1 as reference, HR=1.30 (95%CI 1.07-1.58) for 2, HR=2.05 (95%CI 1.57-2.67) for 3-5). Active treatment (HR=0.66, 95%CI 0.55-0.79, $I^2=17\%$), exposure of rituximab[LY1] (HR=0.73, 95%CI 0.59-0.91, $I^2=0\%$), and rituximab maintenance (HR=0.62, 95%CI 0.44-0.87, $I^2=40\%$) reduced the risk of transformation than their counterparts. The median 5-year overall survival rate after transformation is 37.5% (range, 18-62%).

Conclusion FLIPI is useful to predict risk of transformation. Active treatment, exposure of R, R maintenance, appeared to decrease risk of transformation. Overall survival after transformation is still poor. This study was registered at PROSPERO (CRD42022310511).

PO-1128

结内边缘区淋巴瘤 (NMZL) 累及外周血一例

陈钦、于莹、陈诗丽、李嘉燕、何秋蓉、廖丹、罗林
广州华银医学检验中心有限公司

目的 探讨结内边缘区淋巴瘤 (NMZL) 累及外周血的 MICM 检测结果分析。

方法 对 1 例结内边缘区淋巴瘤 (NMZL) 累及外周血的临床资料、淋巴结活检、免疫组化、外周血流式免疫分型、基因检测、FISH 探针等结果进行分析。

结果 男性, 85 岁, 血常规示: WBC: $32.07 \times 10^9/L$, Gran: 11.6%, Lym: 81.5%, Mono: 5.9%, Hb: 125g/L; PLT: $216 \times 10^9/L$ 。双侧颈部、腋窝、腹股沟多发肿大淋巴结。外周血流式免疫表型见异常成熟 B 淋巴细胞 86.5% (占淋巴细胞), 表达: CD19 (100%)、CD20 (100%)、HLA-DR (100%)、CD22 (100%) 部分表达: CD200(76.2%) 少量表达: FMC-7 (14.5%)、CD5 (14.7%) 不表达: CD23、CD11c、CD79b、CD13、CD33、CD16。外周血白血病 56 种融合基因阴性。外周血慢性淋巴细胞白血病遗传学 FISH 检测提示 13q-。CLL 相关 22 种基因突变检出 IGHV 突变 $>2\%$, MYD88 c.689G>A 一级突变。(右腋下肿物) 淋巴结样活检组织见异型淋巴细胞呈模糊的小结节状增生, 结节周边细胞呈单核细胞样分化, 胞浆透明。异型淋巴细胞以小细胞为主, 核不规则, 胞浆中等。结节中心及边缘区偶见较大的转化细胞。另见小血管反应性增生及组织细胞, 未见其他炎症细胞及浆细胞明显增多。免疫组化显示异型淋巴细胞表达 B 细胞标志 CD20, CD79a, PAX5, 异常表达 BCL2 和 CD43 (部分); 不表达 LEF1, IgD, IgM, CD5, CD23, Cyclin D1, SOX11 等; Ki-67 约 5%。其他标志: CD20 (+)、CD79a (+)、Pax-5 (+)、Bcl-2 (+)、CD43 (部分+); CK (-)、CD3 (T 细胞+)、CD5 (T 细胞+)、CD10 (-, 生发中心+)、Bcl-6 (-, 生发中心+)、CD21 (FDC+)、CD23 (FDC+, 少数细胞+)、CyclinD1 (-)、SOX-11 (-)、LEF-1 (-)、IgD (-)、IgM (-)、Ki-67 (生发中心约 90%, 生发中心外约 5%)。原位杂交: EBER (-)。综合以上信息诊断为结内边缘区淋巴瘤 (NMZL) 累积外周血。

结论 结内边缘区淋巴瘤 (NMZL) 是一种少见的淋巴瘤, 仅占有非霍奇金淋巴瘤的 1.5%~1.8%, 呈早期惰性、后期侵袭性进展改变。

PO-1129

初诊时外周血代谢组对难治性结外 NK/T 细胞淋巴瘤的预测价值研究

杨云帆、郑文、刘钦瑜、唐文娇、王婕、钟旭姝、徐娟、张春兰、吕曙力、龙艳红、徐才刚
四川大学华西医院

目的 以天冬酰胺酶为基础的化疗是结外 NK/T 细胞淋巴瘤（NKTCL）的首选治疗。本研究通过分析 NKTCL 初诊时外周血的代谢组特征，寻找难治患者的代谢组特点并未进一步机制研究提供依据。

方法 研究收集了华西医院诊治的 85 例 NKTCL 患者初诊时的外周血与 30 例对照组的外周血，采用液相色谱-质谱联用的方法进行非靶向水溶性代谢组和脂溶性代谢组分析。对 47 例 NKTCL 患者进行了靶向水溶性代谢组检测。结合数据库中 97 例患者肿瘤组织的全转录组测序数据，对以上组学结果结合临床数据进行分析。

结果 NKTCL 患者与对照组的外周血代谢组氨基酸代谢区别明显。NKTCL 患者中，分为难治、复发、疗效良好三组，其中难治组的水溶性代谢组与脂溶性代谢组表现出与其他两种明显不同的特征。甘油磷脂、鞘磷脂代谢通路产物在难治组中明显降低，缬氨酸、亮氨酸、烟酸盐等代谢通路产物明显升高。采用 11 个差异代谢产物构建预测模型，预测 NKTCL 是否难治的 AUC 达 0.8658。转录组分析发现 PTDSS2、CKM、CPT2、PGLYRP1 等四个直接调整差异代谢产物的基因在难治与非难治组表达水平有统计学差异。

结论 外周血代谢组对结外 NK/T 细胞淋巴瘤是否难治有较高的预测价值，难治组独特的代谢特征和调课基因的表达为进一步研究提供了基础。

PO-1130

HS006（新型人鼠嵌合型 CD20 单抗-泽贝妥单抗）联合 CHOP 对比 R-CHOP 在初治 CD20 阳性弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）中的疗效及安全性的多中心、随机、双盲 III 期临床试验

李志铭²、姜文奇³、周辉⁴、岑洪⁵、张明智⁶、吕方芳⁷、张清媛⁸、孙秀华⁹、刘丽宏¹⁰、黄韵红¹¹、杨海燕¹²、高素君¹³、何川¹⁴、杨威¹⁵、李文瑜¹⁶、于丁¹⁷、杨瑜¹⁸、程颖¹⁹、钱正子²⁰、项颖²¹、郭群依²²、徐兵²³、宋玉琴¹、张利玲²⁴、林丽娥²⁵、沈建箴²⁶、严峰²⁷、刘会兰²⁸、张东华²⁹、王季石³⁰、周旻³¹、朱雄鹏³²、张伟华³³、赵维莅³⁴、冯茹³⁵、张晓红³⁶、金洁³⁷、钟美佐³⁸、张梅³⁹、王静波⁴⁰、景红梅⁴¹、王昭⁴²、赵洪国⁴³、朱军¹

1. 北京大学肿瘤医院；2. 中山大学肿瘤防治中心；3. 广州富力医院
4. 湖南省肿瘤医院；5. 广西医科大学附属肿瘤医院；6. 郑州大学第一附属医院
7. 复旦大学附属肿瘤医院；8. 哈尔滨医科大学附属肿瘤医院；9. 大连医科大学附属第二医院
10. 河北医科大学第四医院；11. 贵州省肿瘤医院；12. 浙江省肿瘤医院
13. 吉林大学第一医院；14. 四川大学华西医院；15. 中国医科大学附属盛京医院
16. 广东省人民医院；17. 湖北省肿瘤医院；18. 福建省肿瘤医院
19. 吉林省肿瘤医院；20. 天津市肿瘤医院；21. 重庆市肿瘤医院
22. 浙江省台州医院；23. 厦门大学附属第一医院；24. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
25. 海南省人民医院；26. 福建医科大学附属协和医院；27. 常州市第一人民医院
28. 安徽省立医院；29. 华中科技大学同济医学院附属同济医院；30. 贵州医科大学附属医院
31. 广州医科大学附属肿瘤医院；32. 泉州市第一医院；33. 山西医科大学第一医院
34. 上海交通大学医学院附属瑞金医院；35. 南方医科大学南方医院；36. 浙江大学医学院附属第二医院
37. 浙江大学医学院附属第一医院；38. 中南大学湘雅医院；39. 西安交通大学第一附属医院
40. 航天中心医院；41. 北京大学第三医院；42. 首都医科大学附属北京友谊医院
43. 青岛大学附属医院

目的 评估 HS006 联合 CHOP 治疗初治 DLBCL 的有效性和安全性。

方法 本试验为多中心、随机、双盲、阳性药物平行对照研究。以利妥昔单抗联合 CHOP（R-CHOP）作为阳性对照，评价 HS006 联合 CHOP（Hi-CHOP）一线治疗 CD20 阳性的 DLBCL 患者的有效性和安全性。入组年龄 18~75 岁病理确诊的初治 DLBCL 患者。按 2: 1 的比例随机接受 Hi-CHOP 或 R-CHOP 治疗，3 周/周期，共 6 周期。试验主要研究终点为盲态独立评审委员会（BIRC）评估 6 周期治疗结束后 1 个月（C6D50）的客观缓解率（ORR），次要研究终点包括 C6D50 的完全缓解（CR）率、无进展生存（PFS）及总生存（OS）。

结果 本试验共随机入组 487 例受试者（Hi-CHOP 组 n= 329，R-CHOP 组 n= 158），4 例（试验组和对照组各 2 例）因未用药而剔除全分析集（FAS）和安全性分析集。共 407 例受试者进入符合方案集（PPS）（Hi-CHOP 组 n=279，R-CHOP 组 n=128）。两组受试者基线均衡。Hi-CHOP 组和 R-CHOP 组 BIRC 评估 FAS 集 C6D50 的 ORR 分别为 83.49%vs 81.41%，两组率差（95%CI）为 2.08%（-5.24，9.39%），在非劣效界值（-10%）之上。Hi-CHOP 组和 R-CHOP 组 BIRC 评估 C6D50 的 CR 率在 FAS 集和 PPS 集分别为 75.23%vs 67.95%、85.66% vs 77.34%，PPS 集有统计学差异（P=0.0378）。Hi-CHOP 组和 R-CHOP 组 FAS 集 BIRC 评估的 1 年-2 年-3 年：PFS 率分别为 88.08% vs 80.86%、82.51%vs73.53%、78.03%vs70.90%，HR 0.67；OS 率分别为 96.26% vs 94.15%、92.18%vs85.43%、87.70%vs83.14%，HR 0.60。两组安全性相当。

结论 Hi-CHOP 治疗初治 DLBCL 应答率不劣于 R-CHOP，完全缓解率显著高于 R-CHOP，长期生存优于 R-CHOP；安全性与 R-CHOP 相当。

PO-1131

一例脾边缘区淋巴瘤继发冷凝集素综合征患者的护理

景晓珊、李悦
北京大学人民医院

目的 通过总结对一例脾边缘区淋巴瘤合并冷凝集素综合征的患者治疗与护理经验，以为护理合并冷凝集素综合征的患者提供经验指导

方法 淋巴瘤，又称恶性淋巴瘤，是一组起源于淋巴造血系统的恶性肿瘤的总称，是中国常见恶性肿瘤之一。脾边缘区淋巴瘤（SMZL）是原发于脾脏的成熟小 B 淋巴细胞淋巴瘤，可伴有或不伴有外周血绒毛淋巴细胞，统称为脾边缘区淋巴瘤（+/- 绒毛淋巴细胞）。冷凝集素综合征（cold agglutinin syndrome, CAS），又称为冷凝集素病，是由冷抗体引起的以自身反应性红细胞凝集，及寒冷诱导因素导致慢性溶血性贫血和微循环栓塞为特征的自身免疫性疾病[1]，冷凝集素综合征是冷凝集素主要为 IgM 在 31℃ 以下是能作用自身的红细胞抗原而发生可逆性的红细胞凝集，冷凝集素的产生可继发于肺炎支原体感染、传染性单核细胞增多症、EBV 感染、淋巴瘤等疾病。如果冷凝集素综合征不能得到有效控制，输血支持不能改善贫血状况，将会影响患者进一步的治疗，导致病情恶化。因此总结了这一例脾边缘区淋巴瘤合并冷凝集素综合征患者的护理体会。护理要点包括皮肤护理与保温护理、输血护理、血标本采集的护理、排泄物的护理、预防感染的护理、饮食护理、心理护理。

结果 经过医护人员精心的治疗和护理，患者病情好转顺利完成治疗。

结论 因此应用有效地治疗和护理可以缓解冷凝集素综合征的症状，对治疗原发疾病具有积极且重要的作用。

PO-1132

血液病患者 PICC 持续低速泵入液体预防导管堵塞的护理管理

袁新伟、崔岩
中国医学科学院血液病医院

目的 探讨参加四特异性抗体 I 期临床试验的血液病患者治疗期间通过蠕动泵以 10ml/h 的速度持续泵入 24h，连续泵入 28 天，为预防导管堵塞（完全或不完全堵塞），制定预防导管堵塞护理管理方案，保证临床试验用药的安全顺利进行。

方法 通过循证护理的方法查找 PICC 导管堵塞的相关因素并制定预防导管堵塞护理措施。患者连续 28 天不间断持续低流速泵入液体，并患有高血压和糖尿病，并在用药期间出现胸闷、憋气等症状，以上为此患者发生 PICC 导管堵塞的高危因素。制定护理方案：**1.**研究护士培训药物注意事项。**2.**静疗团队：静脉治疗老师讲解导管堵塞相关知识，规范冲管手法并进行考核。**3.**责任护士 2h/次查看患者有无用药反应、保持输液装置通畅、查看液体输入量并记录。**4.**使用正压输液接头。**5.**动态评估患者导管堵塞高危因素（咳嗽、便秘、凝血功能异常等）**6.**合适冲管时机。**7.**阶段式护理宣教方法（用药前、中、后），护患共同参与。

结果 通过预防导管堵塞护理管理方案，该名受试者顺利完成用药，用药期间未发生导管堵塞。

结论 对特殊用药患者运用循证护理方式制定具有针对性预防导管堵塞护理管理方案，可有效预防治疗期间 PICC 导管堵塞的发生。

PO-1133

慢性淋巴细胞白血病/小淋巴细胞淋巴瘤伴 NOTCH1、JAK2 V617F 基因突变一例

彭韵菱

广州华银健康医疗集团有限公司

目的 慢性淋巴细胞白血病/小淋巴细胞淋巴瘤伴 NOTCH1、JAK2 V617F 基因突变病例分享

方法 结合临床表现、病史、流式免疫分型、FISH 检测、染色体核型和二代测序综合分析。

结果 患者男，63 岁，慢性淋巴细胞白血病/小淋巴细胞淋巴瘤病史，现因疾病监测就医复诊。

血常规：白细胞 10.34x10⁹/L，血红蛋白 128g/L，血小板 376x10⁹/L，中性粒细胞百分比 68.90%，淋巴细胞百分比 23.30%。

流式免疫分型：见异常成熟 B 淋巴细胞 17.6%，根据免疫表型特征及病史，符合慢性淋巴细胞白血病/小淋巴细胞淋巴瘤（CLL/SLL）。

FISH 检测：TP53 基因拷贝数为 1，提示 17p13.1 缺失。

染色体核型：未见克隆性异常核型。

二代测序：IGHV 基因突变比例 <2%；具有明确临床意义的 I 类变异基因：NOTCH1 基因、TP53 基因、DDX3X 基因、BTK 基因发生变异；具有潜在临床意义的 II 类变异基因：JAK2 基因（JAK2 V617F）。

结论 NOTCH1 基因位于染色体 9q34.3，在多种细胞发育过程中发挥作用，决定细胞的分化类型。

NOTCH1 突变多见于 T-ALL 患者，在 CLL 和淋巴瘤中相对少见。

JAK2 基因位于染色体 9p24，编码 Janus 激酶 2（JAK2）蛋白，属于 Janus 非受体酪氨酸激酶家族（JAK 家族）在，JAK-STAT 信号通路中发挥作用。JAK2 V617F 突变见于 95% 的真性红细胞增多症、约半数的原发性血小板增多症和原发性骨髓纤维化、少数其他骨髓恶性肿瘤，如急性髓系白血病、慢性髓系白血病和骨髓增生异常综合征。有文献报道 JAK2 V617F 阳性的 CLL 患者同时表现为费城染色体阴性的骨髓增殖性肿瘤（Ph-MPN）。

PO-1134

1 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤骨髓抑制期行 CD-19 自体 CAR-T 治疗患者的个案护理

唐梦婷、杨晓慧

中国科学技术大学附属第一医院（安徽省立医院）南区

目的 总结 1 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤骨髓抑制期行 CD-19 自体 CAR-T 治疗患者的个案护理，全面评估患者的全身状况及心理状态，应用 LEE DW 标准及美国国家癌症中心 CTCAE4.0 版修定的适用于 CAR-T 细胞治疗所致 CRS 及 CRES 的分级评估标准，准确评估 CRS 与 CRES 等级，协助医生完成所有治疗，进行个性化专科护理，为淋巴瘤行 CAR-T 治疗患者的精细化护理提供参考。

方法 回顾性分析并总结 2023 年我院血液内科收治的一例淋巴瘤患者在骨髓抑制期行 CAR-T 治疗的临床资料与护理方法，护士通过主动、积极、密切的观察患者有无各项并发症尤其严重并发症 CRS、CRES 的早期表现，及早识别上述情况的变化，主动积极做好各项救治准备，采用个性化的护理措施，变被动执行医嘱为积极主动配合进行 CAR-T 治疗后的个性化专科护理及心理护理。

结果 结果通过对患者实施全方位的护理，明显降低了 CAR-T 治疗后并发症的发生时间，提高了治疗效果，护士对并发症的早期观察、识别及及时处理，患者恢复好，并发症及时得到治疗和护理，从而顺利出院。

结论 根据患者情况制订个性化护理措施，并发症得到缓解，并能积极应对生活，从而促进患者整体康复，帮助患者尽早回归社会，延长生存期，提高患者生存质量。

PO-1135

Spatial single cell analysis of tumor microenvironment remodeling pattern in primary central nervous system lymphoma

Tao Sun, Jingjing Ye, Chunyan Ji
Department of Hematology, Qilu Hospital, Shandong University

Objective The role of tumor microenvironment (TME) in tumorigenesis, progression, metastasis and drug resistance has received extensive attention. Examining the shortcomings of traditional treatment from the perspective of TME, and looking for the repair strategy of TME has become the focus of current research. Primary central nervous system lymphoma (PCNSL) is a highly aggressive form of non-Hodgkin's lymphoma. PCNSL patients often have lower survival rates and poorer prognosis, which making the treatment of PCNSL challenging. Exploring the occurrence and progression patterns of PCNSL patients from the perspective of TME is of great significance for the precise diagnosis and treatment of PCNSL.

Methods We used 14,964 PCNSL single-cell transcriptomes combined with four types of spatial transcriptome analyses: "Hot", "IME", "IMS" and "Cold". The TME was recharacterized. The main cell types in the TME of PCNSL patients were first identified by single-cell sequencing and mapped to the corresponding spatial locations of 4 TMEs.

Results Through integrated analysis, we redefined and labeled tumor cell subsets according to the spatial distribution and functional characteristics of tumor cells, and found that multiple tumor cell subsets can reshape TME into a barrier environment or a cold environment through the effect of "immune pressure sensing model", thus achieving "TME remodeling mode". A key FKBP5+ tumor subpopulation was found to be strongly associated with TME remodeling, providing a possible way to assess brain tumor staging. We also identified the spatial communication patterns between tumor cells and immune cells in each TME, thereby refining the specific mechanisms of TME remodeling patterns and identifying key molecules in immune stress sensing models. According to the spatial characteristics of TME in PCNSL immunotherapy, the corresponding treatment suggestions were put forward.

Conclusion These data clarified that PCNSL tumor cells have spatial heterogeneity and different subpopulations of tumor cells can make fate selection according to immune pressure, thus completing the remodeling of tumor microenvironment. FKBP5+ tumor cell subsets may play an important role in the remodeling of tumor microenvironment in PCNSL. The expression of target molecules of immunotherapy has spatial and temporal heterogeneity. Our results provide resources for further study of TME and updating immunotherapy approaches.

PO-1136

新诊断血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤患者临床特征及预后分析

胡影
航天中心医院

目的 明确血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤 (AITL) 的临床特征和预后。

方法 回顾性分析 72 例新诊断的血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤(AITL)患者的临床资料。

结果 50%的患者国际预后指数评分 (IPI) ≥ 3 分。Ann Arbor III 期/IV 期的患者占 95.8%，37.5%的患者有结外受累。一线治疗后总缓解率 (ORR) 为 83.1%，完全缓解率 (CR) 为 38.5%。3 年总生存率 (OS) 为 75.9%，达到 CR/uCR 的患者有更好的生存。一线接受 CHOPE 和非 CHOPE 方案的患者生存无显著差异。10 例一线治疗后复发的患者接受了西达苯胺治疗，总有效率 (ORR) 为 50%，完全缓解率 (CR) 为 10%。T 细胞亚群显示 AITL 患者 CD19+B 细胞和 CD3+CD4+ T 辅助性细胞减少。

结论 AITL 患者诊断时常为晚期，高危患者较高，结外受累多见。CHOPE 方案仍然是标准的一线治疗方案。西达苯胺对复发患者有效。AITL 患者的 B 细胞和 T 细胞功能可能受损。

PO-1137

Chi-REAC 预处理方案在高危、复发/难治 B 细胞淋巴瘤自体移植中的疗效及安全性研究

黄顺桦、孟凡义
东莞康华医院

目的 探讨西达本胺、利妥昔单抗、依托泊苷、环磷酰胺和阿糖胞苷 (Chi-REAC 方案) 预处理方案在 高危、复发/难治 B 细胞淋巴瘤自体移植治疗中的疗效及安全性。

方法 选择 2017 年 5 月至 2022 年 5 月于东莞康华医院血液科行 Chi-REAC 预处理方案自体造血干细胞移植的 17 例高危、复发/难治 B 细胞淋巴瘤患者为研究对象，分析患者临床特征、预处理相关不良反应、造血重建效果、移植后疾病缓解状态、生存分析及长期随访结果。

结果 ①Chi-REAC 预处理方案用于高危、复发/难治 B 细胞淋巴瘤自体造血干细胞移植，回输 MNC 中位数 $3.74 (0.912-10.03) \times 10^8/\text{kg}$ ，CD34+ 细胞中位数 $2.64 (0.305-101.7) \times 10^6/\text{kg}$ ，中性粒细胞重建中位时间 11 (8-15) d，血小板重建中位时间 11 (8-43) d。②非血液学毒性主要为感染、腹泻、心脏损害，发生率分别为 88.2%、64.7%、17.6%，感染类型多为粒缺伴发热，占所有感染患者的 60%；腹泻患者 80%为 1-2 级；心脏损害有 2 例为心功能不全，1 例心包积液；以上并发症经积极治疗后均迅速好转。③用于 B 细胞淋巴瘤自体造血干细胞移植，非血液学毒性可控，造血重建顺利，移植相关死亡率为 0%，中位随访 49 (5-71) 月，PFS 率 88.2%，OS 率为 82.4%，3 例死亡病例分别为移植后 5 月、8 月及 13 月死于重症肺部感染、新冠感染及腹腔感染。该方案显示出良好的疗效和安全性。

结论 Chi-REAC 预处理方案杀伤肿瘤细胞效果理想且预处理毒性可耐受，造血重建顺利，疗效好，复发率低，是 B 细胞淋巴瘤自体移植可行、有效的预处理方案。

PO-1138

R-CHOP 方案序贯自体造血干细胞移植在初治中高危弥漫大 B 细胞淋巴瘤作用：一项来自中国感染免疫与微生物研究转化协作组多中心真实世界研究

郭智
华中科技大学协和深圳医院

目的 中高危弥漫大 B 细胞淋巴瘤诱导化疗取得完全缓解 (CR) 后序贯自体造血干细胞移植 (ASCT) 一线巩固是否提高获益存在很多争议，我们开展这项多中心真实世界研究，探讨 R-

CHOP 方案序贯 ASCT 治疗初治中高危弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 的疗效与安全性。

方法 分析协作组 10 家淋巴瘤诊治中心 2018 年 6 月至 2021 年 6 月期间接受 R-CHOP 方案化疗后达到 CR 的初治中高危 DLBCL 患者的临床资料, 序贯 ASCT 治疗的为移植组 (n=60), 选择同期不序贯 ASCT 治疗的为对照组 (n=60), 比较两组患者的疗效, 并分析移植组的安全性。

结果 随访至 2022 年 10 月, 移植组中位随访时间为 24 个月 (18~36 个月), 对照组中位随访时间为 29 个月 (21~35 个月), 移植组 3 年的 DFS 率为 89.7%, 3 年 OS 率为 96.7%; 对照组 3 年的 DFS 率为 63.9%, 3 年 OS 率为 85.9%; 移植组的 3 年 DFS 率显著高于对照组 (89.7% vs 63.9%, $P=0.001$); 而移植组和对照组 3 年 OS 率差异无统计学意义 (96.7% vs 85.9%, $P=0.113$)。在 COX 多因素分析中, 骨髓侵犯为移植组患者 DFS 的不良预后因素 ($P=0.029$)。不序贯 ASCT 巩固治疗 ($P<0.001$)、骨髓侵犯 ($P=0.001$) 及双表达 ($P=0.015$) 为移植组及对照组患者 DFS 的不良预后因素 ($P<0.001$ 、 $P=0.001$ 及 $P=0.015$)。所有移植组患者移植后均出现 IV 级骨髓抑制, 其他常见的 3 级或 4 级治疗相关不良事件为感染、发热。

结论 对于初治为中高危的 DLBCL 患者, 经过 R-CHOP 方案化疗获得 CR 后, 序贯 ASCT 巩固治疗可提高患者的 DFS 率, 安全性可控。

PO-1139

基于赋能理论的护理干预在霍奇金淋巴瘤患儿 主要照顾者中的应用

麻彦

郑州大学第一附属医院

目的 探讨基于赋能理论的护理干预对霍奇金淋巴瘤患儿主要照顾者疾病不确定感、焦虑和抑郁情绪及照顾负担的影响。

方法 采用便利抽样法选取 2022 年 6 月-2023 年 3 月河南省某三级甲等医院进行治疗的霍奇金淋巴瘤患儿的主要照顾者 82 例, 按照随机数字表法分为对照组和观察组, 其中对照组 40 例, 观察组 42 例。对照组给予常规护理, 观察组给予常规护理和基于授权理论的护理干预措施。采用疾病不确定感家属量表、焦虑自评量表、抑郁自评量表和照顾负担量表比较两组患儿主要照顾者的疾病不确定感、焦虑和抑郁情绪及照顾负担。

结果 干预后, 观察组患儿主要照顾者的 MUIS-FM、SAS、SDS、ZBI 得分均低于对照组, 差异均有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 基于赋能理论的护理干预能降低霍奇金淋巴瘤患儿主要照顾者的疾病不确定感, 改善照顾者的负性情绪, 减轻照顾者的照顾负担。

PO-1140

非侵入式肠-脑轴纳米递送系统 对中枢神经系统淋巴瘤的治疗研究

龚颖¹、缪养宝²

1. 西南交通大学生命科学与工程学院

2. 四川省医学科学院·四川省人民医院

目的 原发性中枢神经系统淋巴瘤 (PCNSL) 是一种罕见结外非霍奇金淋巴瘤, 其具有高度侵袭性, 仅累及中枢神经系统。PCNSL 临床表现多变, 进展快, 常于数周出现神经受累症状, 导致早期诊

断难度较大，治疗不及时。

方法 为了有效的治疗 PCNSL 并对治疗后微小病灶残留的追踪，在本研究中开发了一种以顺铂为原料合成出对 PCNSL 具有多功能且智能响应型纳米粒子。该纳米粒子具有非侵入式靶向脑癌、红外 II 区激光下激发释放药物并产热治疗 PCNSL、同时还可对 PCNSL 微小病灶残留进行追踪。通过颅内注射 A20 和 Raji 淋巴瘤细胞建立 PCNSL 小鼠模型，研究智能响应型纳米粒子在 PCNSL 的疗效及其机制探讨。

结果 当口服给予智能响应型纳米粒子之后，修饰在纳米粒子表面的海藻酸可以通过凝集素受体靶向到肠道上面的巨噬细胞，并通过巨噬细胞把智能响应型纳米粒子带入血液循环穿过血脑屏障（BBB）进而到达 PCNSL。在激光照射下，在肿瘤部位的智能响应型纳米粒子产生热同时释放出顺铂有效地杀死 PCNSL 细胞。并且对残留的 PCNSL 通过智能响应型纳米粒子进行追踪。此外，该智能响应型纳米粒子带有荧光，当其靶向到达 PCNSL 时，能通过检测脑部荧光进而进行疾病诊断，实现诊疗一体化。

结论 该方法为非侵入治疗与诊断 PCNSL 提供解决方案，并为 PCNSL 治疗和诊断开辟了一种新的方法。

PO-1141

以全身重度水肿为突出表现的继发性 HLH3 例

廖丽昇^{1,2}、郑志海^{1,2}、林玲^{1,2}、杨彤^{1,2}

1. 福建省立医院

2. 福建省立临床医学院

目的 噬血性淋巴组织细胞增生症(HLH) 病因复杂，临床表现多样，提高认识早期诊断尤为重要。

方法 回顾性分析我科收治的以全身重度水肿为突出表现的继发性 HLH 患者病例资料。

结果 患者 1，女，54 岁，以“全身浮肿进行性加重 2 月”入院，全血细胞减少，LDH 4717U/L，铁蛋白>1500.0Ug/l，骨髓涂片可见噬血及分类不明细胞，流式及活检病理提示血管内大 B 细胞淋巴瘤，全身 CT 检查：：肝脾肿大，双肾肿大，多发浆膜腔积液；颈部、胸背部、腹部皮下水肿，平面最大约 2.0cm×9.5cm，胸、腹壁软组织弥漫性水肿、渗出。NK 细胞活性 15.84%，sCD25：62750pg/ml。诊断：血管内大 B 细胞淋巴瘤，继发性 HLH，经 R-CHOP 方案化疗后好转。患者 2，女，53 岁，确诊为“皮肤间变性大细胞淋巴瘤 IV 期”，先后 CHOP 样方案联合西达苯胺及维布妥昔单抗等方案后疾病进展，并出现右下肢、右臀部皮下严重水肿，伴胸闷、腹胀、尿量减少，血压偏低，骨髓涂片可见噬血现象，NK 细胞活性 9.93%，sCD25：123250pg/ml，诊断难治复发性间变性大细胞淋巴瘤，继发性 HLH，予挽救化疗及甲强龙、芦可替尼等药物治疗后改善。患者 3，女，41 岁，因“反复发热 46 天伴全身水肿”入院，抗感染治疗无效，全血细胞减少，EB 病毒 DNA：4.74×10⁵copies，感染 NK 细胞，铁蛋白 3180.00Ug/l，sCD25:29464pg/ml，骨髓见吞噬组织细胞 0.5%，全身 CT：脾脏肿大、增厚；双侧胸腔、腹腔内积液；胸腹部、腰背部、臀部皮下水肿。CD107a 激发实验：CTL 细胞脱颗粒功能缺陷。诊断 EB 病毒感染，继发性 HLH，予 HLH1994 方案治疗后病情好转。

结论 不明原因全身严重水肿尤其伴血细胞减少应注意 HLH 的诊断并寻找病因。

PO-1142

Simultaneous double expression intravascular large B-cell lymphoma and papillary thyroid carcinoma: rare case report

Yan Li, Jinxiang Liang, Jie Li
Hebei General Hospital, Hebei Province

Objective Intravascular large B-cell lymphoma (IVLBCL) is a rare subtype classified as diffuse large B-cell lymphoma, and the concurrence of IVLBCL and papillary thyroid carcinoma (PTC) is extremely rare. At the same time, PET/CT showed the metabolism of thyroid was declined after treatment. Therefore, it was arguable that IVLBCL invaded the thyroid. The present study reported double expression IVLBCL combined with PTC and involving hemophagocytic syndrome and connective tissue disorders.

Methods The patient who is very difficult to diagnosis achieved complete remission after immunochemotherapy and ruxolitinib. Here we explored the possible pathogenesis of simultaneous IVLBCL and PTC.

Results The high level of interleukin (IL)-6, IL-1 β , TNF- α , sCD25 and the high expression of bcl2 may play a certain role in the mechanism. The high frequency of CCND1 and DNMT3A mutation, or the imbalance of immune system, or systemic inflammatory response may be related to possible pathogenesis of simultaneous IVLBCL and PTC.

Conclusion IVLBCL was diagnosed by bone marrow biopsy. But we could not completely exclude IVLBCL invade thyroid. Our experience is limited, further research is needed to explore the potential pathogenesis of the IVLBCL with PTC.

PO-1143

慢性淋巴细胞白血病的基因突变及预后分析

田紫竹、李姮、彭宏凌
中南大学湘雅二医院

目的 分析慢性淋巴细胞白血病 (CLL) 常见基因突变的频率和相互作用, 对基因突变的临床和预后意义进行探讨。

方法 回顾性分析 2015 年 1 月至 2022 年 10 月就诊于中南大学湘雅二医院的 78 例 CLL 患者的临床资料, 分别使用 Sanger 和二代测序检测 IGHV 突变和基因突变, 探究基因突变间的相关性及其预后影响。

结果 ①78 例患者包括 62 例初诊和 16 例复发难治 (R/R), Binet 晚期更常见于 R/R 患者, 且 R/R 组中免疫球蛋白水平明显低于初诊组 ($P \leq 0.05$)。②MYD88 突变 (23.2%) 在初诊组中最常见, 而 R/R 组最常见为 TP53 突变 (18.8%)。③MYD88 突变频率在 IGHV 突变患者中明显更高 ($P < 0.001$), 而 TP53 突变在 IGHV 未突变患者中更常见 ($P = 0.031$)。④中位随访 40.7 (2.7~204) 个月, FAT1 突变型 CLL 患者的首次治疗时间 (TTT) 明显缩短 (0.1 个月 vs 2.0 个月, $P = 0.020$); 而 MYD88 突变型患者的 TTT 明显延长 (19.7 个月 vs 0.3 个月, $P = 0.021$)。多因素分析显示, MYD88 突变 ($P = 0.009$) 和 FAT1 突变 ($P = 0.027$) 是影响 TTT 的独立预后因素。

结论 MYD88 突变常见于初诊及 IGHV 突变 CLL 患者中, 具有良好预后意义, 而 FAT1 突变则与 CLL 的不良预后相关。

PO-1144

B 细胞淋巴瘤与肝功能指标之间可能的因果关系： 一项孟德尔随机化研究

何田田¹、卢学春^{1,2}

1. 山西医科大学

2. 中国人民解放军总医院第二医学中心血液科

目的 B 细胞淋巴瘤是临床上常见的一种恶性淋巴瘤，具有高度异质性且病情发展迅速，可发生于不同年龄段，其中，中老年群体较为常见。先前的研究表明，肝功能异常与 B 细胞淋巴瘤之间存在关联，然而，目前尚不清楚这种关联是因果关系还是混淆。而孟德尔随机化（MR）可用于评估肝功能异常与 B 细胞淋巴瘤之间是否存在潜在的因果关系。

方法 暴露数据和结局数据均来源于 IEU OpenGWAS 数据库，因果关系采用逆方差加权法（IVW）、MR-Egger 法和加权中位数法进行估计。采用 Cochran's Q 检验、MR-Egger 截距检验和留一分析进行敏感性分析，以评估研究结果稳定性。此外还利用 coloc 包进行了 eQTL（表达数量性状位点）共定位分析，以评估与肝功能指标和疾病结局的遗传关联是否由相同的 SNP（单核苷酸多态性）驱动，之后又进行了药物靶向 MR 分析，同时预测药物。

结果 孟德尔随机化(MR)分析表明，总胆红素（OR, 1.11; 95%CL, 1.03-1.19; P=0.004）、总胆固醇（OR, 0.85; 95%CL, 0.74-0.97; P=0.018）、肌酐（OR, 3.24; 95%CL, 1.18-8.88; P=0.022）和肝酶水平（OR, 2.74; 95%CL, 1.05-7.16; P=0.04）与 B 细胞淋巴瘤之间有因果关系。eQTL 分析表明，和 B 细胞淋巴瘤相关的共定位 SNP 为 rs61489160，主要影响 LRRC57 基因的表达。而药靶共定位分析共得到 73 个可能的靶标基因（包括 BCL2L1、CD52、FAS 等），而后基于网络药理学预测出 10 个相关的药物，包括西替利嗪、氨力农、艾瑞布林等。

结论 肝功能异常可能导致患 B 细胞淋巴瘤风险增加。因此对于肝功能异常的患者，要长期密切随访，警惕 B 细胞淋巴瘤的发生。此外，发现西替利嗪等是潜在的药物。

PO-1145

兄妹两人同时罹患小 B 细胞淋巴瘤病例报道

姜玉杰、袁代、王玉莹、丁梅、刘佳睿、王欣
山东省立医院

目的 患者姐某，女，44 岁，主因“乏力 1 月余”被收入院。入院后血常规提示轻度贫血（HB95g/L）。查体：贫血貌，全身浅表淋巴结未触及肿大。脾肋下 2cm 可触及。

家族史：患者同胞哥哥：于 2019 年（时年 42 岁）因“面黄、尿色深、乏力 3 年余，腹胀 20 余天”被收入外院。查体：贫血貌，巨脾。入院后血常规提示三系轻度减少。Coombs 试验+，补体 C 试验+。免疫球蛋白+轻链+游离轻链定量均正常，免疫固定电泳阴性。骨髓活检：考虑 B 细胞淋巴瘤累及骨髓。免疫分型：不排除 CD5-CD10-B 细胞淋巴瘤侵犯骨髓可能。给与糖皮质激素、硫唑嘌呤等药物治疗，效不佳，于外院行脾切除术。术后病理：脾脏弥漫性红髓小 B 细胞淋巴瘤。脾切除术后患者贫血改善，此后每半年查体，血常规、肝功生化、Coombs 试验均无明显异常，随访至今。

方法 患者入院后骨髓细胞学：骨髓中浆细胞占 1%，可见双核浆细胞，外周血中异淋占 4%。

流式细胞学：异常单克隆成熟小 B 细胞占有核细胞 3.14%，表达 CD19, CD20, CD10, CD79b, CD22, FMC7, CD81, CD11c, CD25, CD200, ckappa, 部分表达 CD23；异常单克隆浆细胞占有核细胞 0.29%，表达 CD138, CD38, CD19, CD45。GH/TCR 重排：IGH/IGK 重排+。

其他辅助检查：1. 免疫球蛋白 M 26.10g/L↑，轻链 KAP 4.61g/L↑，游离轻链 KAP 93.1mg/L↑，免疫固定电泳：IgM-Kappa 型。2. 超声：脾大（脾厚 4.6cm，上下径约 16.9cm），浅表+深部淋巴

结未见明显肿大。3. MYD88-L265P 突变检测阴性。4.血液病 NGS: TET2, RBBP6, RELN, CD28, NPM1, SGK1 基因检测到突变。

结果 给予伊布替尼 420mg qd. 服用伊布替尼两月后复查血常规示贫血较前有所改善, IgM 下降不明显。目前患者一般情况良好, 继续服用伊布替尼中。

结论 此病例及同胞哥哥发病有相似之处, 但此病例有 IgM 升高, 免疫固定电泳阳性, 但患者 MYD88 阴性, 诊断 WM/LPL 应慎重。患者哥哥诊断较明确, 考虑为“脾边缘区淋巴瘤”。综合患者及同胞哥哥病史, 考虑患者为“伴浆细胞分化的小 B 细胞淋巴瘤, 倾向于边缘区淋巴瘤”。同一家族中出现两例小 B 细胞淋巴瘤者较少见, 经文献检索, 未见有类似报道。

PO-1146

A novel prognostic model of DLBCL patients based on cuproptosis related genes

Fu Li, Jun Rao, Song Dong, Shijia Lin, Xixi Xiang, Xi Zhang, Li Gao
Medical Center of Hematology, Xinqiao Hospital, Army Medical University

Objective The current classification system for diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) cannot fully explain the prognostic differences of DLBCL patients. Cuproptosis is a newly discovered programmed cell death which depend on copper ions. However, the potential role of cuproptosis in the prognosis of DLBCL patients remains unclear. In this study, a prognostic model based on cuproptosis-related genes was constructed using public database. The target compounds that may act on copper death related genes were also searched.

Methods COX regression analysis was performed on training set-GSE31312 to construct a prognostic model based on copper death-related genes, and validation set-GSE181063 was used to verify the prognostic model. GSEA was used to explore the underlying mechanism of the difference in prognosis of DLBCL patients. Finally, molecular docking was used to screen for compounds that may act on cuproptosis-related genes.

Results Uni-COX regression analysis was performed on cuproptosis-related genes of GSE31312, and 6 key cuproptosis-related genes that significantly affected the prognosis of patients were screened out. Multi-COX regression analysis was performed on these 6 cuproptosis-related genes. A prognostic model based on 5 cuproptosis-related genes was constructed ($CDKN2A \times 1.547905713 - DLAT \times 2.241073725 - DLD \times 1.907442964 - LIPT1 \times 2.689158994 - MTF1 \times 2.069682266$). According to this model, DLBCL patients were divided into high-risk and low-risk groups. The survival time of high-risk patients was significantly shorter than that of the low-risk group ($P = 2.636 \times 10^{-7}$). In the validation set GSE181063, the survival time of the high-risk group was also shorter than low-risk group ($P = 2.251 \times 10^{-4}$). Among the 5 cuproptosis-related genes, only CDKN2A played a tumorigenesis effect. Finally, three small molecules with the lowest binding energy of CDKN2A were found by virtual docking: Irinotecan, Lumacaftor and Nilotinib, which may be used as potential targeted drugs.

Conclusion A prognostic model based on 5 cuproptosis-related genes was constructed, and 3 potential targeted inhibitors of CDKN2A were screened out by molecular docking.

PO-1147

Voltage-dependent anion channel 2 (VDAC2) drives rituximab resistance via inhibiting ferroptosis in diffuse large B cell lymphoma

Qiong Li, Jing Xia, Xinlei Li, Naya Ma, Bangdong Liu, Dezhi Huang, Yishuo Duan, Jiali Li, Sha Zhou, Jingkang Xiong, Li Gao, Xi Zhang, Jun Rao

Medical Center of Hematology, The Xinqiao Hospital of Army Medical University

Objective The underlying mechanism of rituximab resistance is still unclear, it is important to explore novel therapeutic targets to improve the outcomes of the patients. Here, we tried to identify the effects of Voltage-dependent anion channel 2 (VDAC2) on rituximab resistance as well as its therapeutic value in diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL).

Methods The effects of VDAC2 on the treatment response to rituximab were investigated by gain- or loss-of-function experiments in vitro and in vivo. The prognostic value of VDAC2 was examined in GEO database. Cell proliferation ability and cells to rituximab sensitivity was assessed by CCK-8 assay. The cell cycle distribution and the lipid ROS were analyzed by flow cytometry assay. The measure of extracellular acidification rate (ECAR) was investigated by seahorse XF analyzers. Evaluate effect of VDAC2 on therapeutic efficacy was performed by Xenograft mouse model.

Results Transcriptome and proteome sequencing analysis of rituximab-resistance and control DLBCL cells demonstrated that VDAC2 was highly expressed in rituximab-resistance cells, and we found that VDAC2 could predict the prognosis of patients treated with RCHOP regimens, but not CHOP regimen. Knock-down of VDAC2 significantly inhibited cell proliferation and arrested cell cycle in S phase, as well as enhanced sensitivity to rituximab. Moreover, we found that knockdown expression VDAC2 significantly repressed lactate production, the extracellular acidification rate, treatment with exogenous lactate could abrogated the effects mediated by VDAC2. Meanwhile, we further found that ferroptosis was responsible for VDAC2 mediated rituximab resistance. Knockdown expression of VDAC2 increased lipid ROS and MDA levels, decreased the GSH levels, and repressed expression of SLC7A11 and Gpx4. Moreover, the lactate administration could rescue ferroptosis and sensitivity to rituximab induced by knockdown expression of VDAC2.

Conclusion Our study revealed a novel mechanism of rituximab resistance mediated by VDAC2 via inhibiting ferroptosis, which provide ferroptosis as a potential therapeutic target for overcoming rituximab resistance in DLBCL patients.

PO-1148

维泊妥珠单抗在弥漫大 B 细胞淋巴瘤诱导治疗后桥接移植中的初步疗效探讨

李甫、饶军、李佳丽、蔺诗佳、董松、曾毓璟、向茜茜、刘红云、周沙、高力
陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 评估维泊妥珠单抗（Polatuzumab vedotin, Pola）联合化疗在复发难治性弥漫大 B 细胞淋巴瘤诱导治疗后桥接移植的疗效及安全性。

方法 年龄 18-70 岁复发难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者，诱导治疗方案：pola+R-ICE（维泊妥珠单抗 1.8mg/kg d1、利妥昔单抗 375mg/m² d1、异环磷酰胺 5000mg/m² d2、卡铂 AUC5 max 800mg d2、依托泊苷 100mg/m² d1-3）；pola+BR（维泊妥珠单抗 1.8mg/kg d1、利妥昔单抗

375mg/m² d1、苯达莫司汀 90mg/m² d1-2），疾病进展或复发时退出研究，主要研究终点：含 pola 的诱导方案治疗后疾病反应率，次要研究终点：联合治疗方案的不良反应、造血干细胞动员成功率。

结果 2023 年 4 月至 2023 年 7 月共入组 2 例复发难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者，中位年龄 51 岁（46-57），男性 1 例、女性 1 例。病理类型中 1 例非生发中心亚型、1 例生发中心亚型，双表达 1 例。截止 2023 年 7 月，1 例患者 3 疗程 pola-BR 诱导治疗后疾病达 PR，1 例 2 疗程 pola-R-ICE 诱导治疗后疾病达 PR，未观察到 III-IV 级血液学毒性及非血液学毒性。1 例患者本病复发前已行造血干细胞采集；1 例患者 pola-R-ICE 动员化疗后采集干细胞，其中 CD34+ 2.63×10⁶/kg，MNC 12.47×10⁸/kg。目前两例患者均已行自体造血干细胞移植。

结论 维泊妥单抗联合诱导治疗对复发难治的弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者显示出一定疗效且不良反应可控，不影响患者造血干细胞动员，为患者争取桥接移植的时间，该策略也为复发难治患者的治疗提供了新的手段，后续可延长随访时间及扩大样本量进一步证实。

PO-1149

TNF γ 与 IL-17A 和 DLBCL 治疗效果的相关性

唐书翰、饶军、李甫、蔺诗佳、高力、张曦
陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 本文旨在探讨弥漫大 B 淋巴瘤患者的淋巴因子与治疗效果的相关性

方法 本研究为回顾性队列研究，收集了 2020 年 1 月-2020 年 12 月陆军军医大学第二附属医院就诊的初诊弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者，记录患者临床资料，收集患者临床特征、实验室检查指标及淋巴因子结果，分析各因素的相互作用，探讨其与治疗的关系。

结果 共收集 DLBCL 患者 26 例，其中男 14 例，女 12 例，男女比例 1.17: 1，30.8%（8/26 例）患者初诊时年龄 >60 岁，38.5%（10/26 例）为 GCB 亚型，61.5%（16/26 例）为 non-GCB 亚型，61.5%（16/26 例）诊断时 ki67≥80%，50.0%（13/26 例）患者诊断时 LDH 升高，30.8%（8/26 例）结外受累超过 2 处及以上，61.5%（16/26 例）初诊时分期为 III、IV 期，76.9%（20/26 例）初诊时国际预后指数（IPI）评分为 0-2 分，7.7%（2/26 例）初诊 IPI 评分为 3 分，15.4%（4/26 例）初诊 IPI 评分为 4-5 分，可进行 aalPI 评估的 18 例患者中，22.2%（4/18 例）初诊时 aalPI 评分为 0 分，16.7%（3/18 例）初诊 aalPI 评分为 1 分，61.1%（11/18 例）初诊 aalPI 评分为 2 分。7.7%（2/26 例）初诊时 IL-2 升高，53.8%（14/26 例）初诊时 IL-4 升高，61.5%（16/26 例）初诊时 IL-6 升高，80.8%（21/26 例）初诊时 IL-10 升高，42.3%（11/26 例）初诊时 TNF- α 升高，26.9%（7/26 例）初诊时 TNF- γ 升高，50%（13/26 例）初诊时 IL-17A 升高。初诊时 IL-17A 升高的患者治疗效果更好（ $p=0.027$ ）；治疗后 TNF γ 下降超过 50%的患者治疗效果更好（ $p=0.022$ ）

结论 对于初治的 DLBCL 来说，初诊时 IL-17A 升高以及治疗后 TNF γ 下降超过 50%的患者治疗效果更好。

PO-1150

奥布替尼联合化疗在初诊原发中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤诱导治疗中的初步疗效探讨

周沙、饶军、曾搵璟、向茜茜、李佳丽、蔺诗佳、董松、刘红云、李甫、高力
陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 评估奥布替尼靶向治疗联合大剂量 MTX 为基础的化疗在初诊原发中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤诱导治疗的疗效及安全性。

方法 年龄 18-70 岁初诊原发中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者，接受诱导治疗方案：奥布替尼 150mg/天 持续口服、利妥昔单抗注射液 375mg/m² d1、甲氨喋呤注射液 3.5g/m² d2；疾病进展或复发时退出研究，初步评估 3 疗程诱导治疗后疾病反应率及不良反应。

结果 2021 年 4 月至 2022 年 12 月共入组 12 例初诊原发中枢神经系统淋巴瘤患者，中位年龄 57 岁（34-66），男性 9 例、女性 3 例。病理类型中 8 例非生发中心亚型、4 例生发中心亚型，双表达 1 例。7 例患者行 NGS 检查，其中 3 例患者 TP53 突变，4 例同时有 MYD88 及 CD79b 突变、2 例 MYD88 单突变。IELSG 评分低危 7 例、中危 3 例、高危 2 例，MSKCC 评分低危 6 例、中危 4 例，高危 2 例，截止 2023 年 3 月，8 例患者 3 疗程诱导治疗后疾病达 PR 以上缓解，其中 6 例达 CR，ORR 率 66.7%、CR 率 50%，未观察到 III-IV 级血液学毒性及非血液学毒性。

结论 奥布替尼靶向治疗联合大剂量 MTX 为基础的诱导治疗对原发中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤显示出一定疗效且不良反应轻，有望成为原发中枢神经系统淋巴瘤新的诱导治疗方案，后续可延长随访时间及扩大样本量进一步证实。

PO-1151

泊马度胺在高危 B 细胞淋巴瘤维持治疗的安全性、耐受性、有效性的单中心、非随机、开放性临床研究

向茜茜、饶军、邓小娟、蔺诗佳、曾搵璟、周沙、刘红云、李佳丽、张曦、高力
陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 观察泊马度胺对高危 B 细胞淋巴瘤患者维持治疗的有效性、安全性、耐受性。通过剂量递增试验确定推荐后续研究用药剂量。

方法 选择临床确诊为非霍奇金淋巴瘤 B 细胞型患者（除外 CLL/SLL、DLBCL-MCD 亚型、中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤）经前期诱导化疗或者自体造血干细胞移植后达到 PR 及以上疗效的患者，进行连续给药 12 个周期，观察其有效性和耐受性。初始剂量设置：按泊马度胺最小剂量规格 1mg。剂量爬坡：初始 3 个剂量组爬坡将使用加速滴定方案，随后的剂量组为 3+3 剂量爬坡设计。

结果 目前共入组患者 14 名，9 名患者为 1mg 剂量组，6 名患者为 2mg 剂量组。其中弥漫大 B 细胞淋巴瘤 10 例。其中 3 名患者已完成 12 个周期治疗。中位随访 6 月，2 例患者从部分缓解达到完全缓解，1 例患者出现疾病进展，其余患者均在持续完全缓解中。80% 患者出现皮疹，20% 出现腹泻，均为 1-2 级。2mg 剂量组患者均出现血液学毒性，3 级以上血液学毒性约为 50%，其中 1 名患者从 2mg 剂量组调整到 1mg 剂量组。未出现严重感染、神经毒性，无患者死亡。

结论 泊马度胺在高危 B 细胞淋巴瘤维持治疗中有效、安全，最佳剂量仍在持续入组患者探索中。

PO-1152

Immune Infiltration Status is Associated with Prognosis in Patients with Early-Stage Extranodal Natural Killer-T Cell Lymphoma Treated with Radiotherapy

Yunpeng Wu¹, Yongsen Chen², Xin Liu¹, Xinyue Wang¹, Hongzhu Qu², Shu-Nan Qi¹, Ye-Xiong Li¹

1. National Cancer Center/National Clinical Research Center for Cancer/Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

2. Beijing Institute of Genomics, Chinese Academy of Sciences / China National Center for Bioinformation

Objective This study aims to examine the correlation between immune infiltration status and the prognosis of patients with early-stage extranodal natural killer-T cell, nasal type (ENKTL), who have undergone radiotherapy.

Methods Single-cell sequencing was performed on tumor samples from 13 patients with ENKTL to identify the types and expression signatures of immune-infiltrating cells. Subsequently, tumor expression profiles of 68 radiotherapy-treated ENKTL patients were extracted and analyzed from the China Lymphoma Collaborative Group (CLCG) database to examine the association of identified immune cells with survival outcomes. The Single Sample Gene Set Enrichment Analysis (ssGSEA) was utilized to calculate the infiltration scores of the identified immune cell types. LASSO regression analysis was used to identify key immune cells associated with overall survival (OS) in these patients. An immune infiltration risk (IIR) score, based on the ssGSEA scores of the key survival-related immune cells, was derived using Cox regression. Time-ROC curves were employed to compare the 5-year OS predictive performance of IIR with traditional risk scores, including NRI, PINK, and KPI.

Results Single-cell sequencing revealed the presence of 35 types of immune cells and their mRNA signatures in the tumor samples of 13 patients with ENKTL. Based on ssGSEA and LASSO regression analysis, we found that the infiltration of 2 proliferating T cells (CD8T_MKI67, CD8T_MKI67) and cancer-reactive exhausted CD8+ T cells (CD8_{Tex}) were significantly associated with the prognosis of early-stage ENKTL patients undergoing radiotherapy. The IIR, calculated based on the infiltration of these 3 immune cell types, showed a significant association with OS in ENKTL patients after radiotherapy ($P < 0.001$). After stratifying the patients into low-risk and high-risk groups based on the mean IIR value of the cohort, we observed that patients with low-risk immune infiltration status exhibited significantly better prognosis than those in the high-risk group (5-year OS: 91.9% vs. 67.4%, $P = 0.010$; 5-year PFS: 89.2% vs. 54.8%, $P = 0.001$). IIR outperformed NRI, PINK, and KPI risk assessments in our cohort of 71 patients (5-year OS, AUC: IIR vs. NRI vs. PINK vs. KPI, 75.7 vs. 67.3 vs. 56.9 vs. 52.4). Furthermore, IIR effectively identified high-risk patients within the low-intermediate risk group classified by NRI (5-year OS: 94.4% vs. 64.7%, $P = 0.030$).

Conclusion The status of the immune micro-environment is significantly associated with the prognosis of patients with early-stage ENKTL after receiving radiotherapy.

PO-1153

FRONTLINE BRENTUXIMAB VEDOTIN AND CHP (A+CHP) IN PATIENTS WITH PERIPHERAL T-CELL LYMPHOMA WITH LESS THAN 10% CD30 EXPRESSION: INITIAL SAFETY AND EFFICACY RESULTS FROM THE PHASE 2 STUDY SGN35-032

Iyer P. Swaminathan¹, Deepa Jagadeesh², Eva Domingo³, Fabio Benedetti⁴, Antonia Rodriguez⁵, Krimo Bouabdallah⁶, Umberto Vitolo⁸, Timothy Illidge⁷, Jingmin Liu⁹, Scott Knowles⁹, Steven M. Horwitz¹⁰

1. The University of Texas MD Anderson Cancer Center, Houston
2. Cleveland Clinic Taussig Cancer Institute and Case Comprehensive Cancer Center, Cleveland, OH, USA
3. Institut Catala d'Oncologia. Hospital Duran i Reynals, Barcelona, Spain
4. University of Verona, Verona, Italy
5. Hospital 12 De Octubre, Madrid, Spain
6. Service d'hematologie clinique et therapie cellulaire, CHU Haut-Leveque, Pessac, France
7. Candiolo Cancer Institute, FPO-IRCCS, Candiolo, Italy
8. The Christie NHS Foundation Trust, Manchester, UK
9. Seagen Inc., Bothell, WA, USA
10. Lymphoma Service, Memorial Sloan Kettering Cancer Center, New York, NY, USA

Objective In ECHELON-2, brentuximab vedotin (BV), a CD30-directed ADC, combined with cyclophosphamide, doxorubicin, and prednisone (A+CHP) enrolled patients (pts) with ALCL and other types of PTCL with $\geq 10\%$ CD30 expression. Patients treated with A+CHP had a 29% reduction in the risk of a PFS event (stratified HR=0.70 [95% CI: 0.53, 0.91], P=0.0770) and a survival benefit (HR=0.72 [95% CI 0.53, 0.99], P=0.0424) compared with conventional frontline therapy (Advani 2019). In pts with non-ALCL PTCL treated with A+CHP there was no apparent correlation between CD30 expression level and the likelihood of response (Horwitz 2022). It is hypothesized that A+CHP will demonstrate efficacy in pts with non-ALCL PTCL with $<10\%$ CD30 expression both due to this lack of correlation and because clinical responses to BV monotherapy can occur in pts with low and undetectable CD30 expression (Jagadeesh 2019).

Aims To present initial efficacy and safety results from SGN35-032 (NCT04569032; EudraCT 2020-002336-74), a study of A+CHP for pts with previously untreated PTCL with $<10\%$ CD30 expression.

Methods SGN35-032 is a dual-cohort, open-label, multicenter, phase 2 trial. This study enrolled pts with non-ALCL PTCL with CD30 expression $<10\%$ by local CD30 staining; for purposes of this study, patients were stratified as CD30-negative (expression $<1\%$) or CD30-low (expression $\geq 1\%$ to $<10\%$). Pts received 21-day cycles of A+CHP. The primary endpoint is objective response rate (ORR) per blinded independent central review (BICR) using the Revised Response Criteria for Malignant Lymphoma (Cheson 2007). Key secondary endpoints include complete response (CR) rate, progression-free survival (PFS), and duration of response (DOR) assessed by BICR per Cheson 2007 and modified Lugano criteria. However, initial efficacy results are based on investigator assessment at data cutoff on 13Jan2023.

Results A total of 55 pts were enrolled and 55 received at least 1 dose of study treatment as of data cutoff. The median age was 64.0 years (range: 35, 80). 23 pts were CD30 negative and 32 pts were CD30 low by local staining. Disease subtypes included PTCL-NOS (n=24), AITL (n=17), and FTCL (n=5). Pts received a median of 6 cycles of A+CHP (range: 1, 8) over a median of 18 weeks (range: 0, 24). Of the 55 pts treated, 45 had at least one post-baseline response assessment or discontinued treatment; efficacy results are limited to this population. Safety results are reported for all treated pts.

CD30-negative pts (n=18) had an ORR of 83% (95% CI: 58.6, 96.4) and CR rate of 56% (95% CI: 30.8, 78.5). CD30-low pts (n=27) had an ORR of 74% (95% CI: 53.7, 88.9) and CR rate of 59%

(95% CI: 38.8, 77.6). DOR and PFS results were premature with limited follow-up duration at time of data cutoff.

Diarrhea, nausea, and peripheral sensory neuropathy were the most frequently reported treatment-related

treatment-emergent adverse events (TEAEs) (27%, 24%, and 22% of pts, respectively). 3 pts (5%) discontinued study treatment due to a TEAE. 29 pts (53%) experienced a Grade ≥ 3 TEAE; most commonly febrile neutropenia (18%). 20 pts (36%) experienced treatment-emergent serious adverse events. 1 pt (2%) had a treatment-related fatal event of general physical health deterioration.

Conclusion Summary/Conclusion Initial findings show that A+CHP is effective for pts with PTCL regardless of CD30 expression by local testing. Safety results are consistent with previous data from ECHELON-2 and no new safety signals were observed. This study is ongoing and updated results will be presented in the future.

PO-1154

FCGR3A 多态性对弥漫性大 B 细胞淋巴瘤治疗的指导意义

钟旭姝

四川大学华西医院

目的 Fc 受体(FcRs)多态性可能影响利妥昔单抗对抗体依赖性细胞毒性(ADCC)效应细胞的亲和力。C1qA 多态性可能影响 C1q 水平, 但其在治疗反应和生存中的意义尚不清楚。本研究评估了 FCGR3A、C1qA 和 HLA-G 多态性在接受利妥昔单抗和化疗的弥漫性大 B 细胞淋巴瘤(DLBCL)患者预后中的作用。

方法 本研究纳入 314 例初治弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者, 并提取其外周血 DNA, 分析 FCGR3A 基因及 C1qA、HLA-G 基因型与总反应率(ORR)及总生存率的相关性。

结果 FCGR3A 基因 VV 型, FV 型及 FF 型的 ORR 率分别 90.3%, 82.7%及 84.7%, 不同 FCGR3A 基因型之间疗效无统计学差异 ($p>0.05$)。FF、FV、VV 基因型的 5 年总 OS 率分别为 51.8%、66.9%和 74.2%, 三组之间总 OS 率差异有统计学意义 ($p=0.009$)。FF 基因型生存明显低于 FV、VV。FF 基因型 ≤ 6 疗程患者的 5 年 OS 明显低于 >6 疗程患者的 OS (46%vs 65.1%, $p=0.018$)。C1qA 基因多态性与其疗效及生存均未有统计学差异 ($p>0.05$)。未在国人中检测出 HLA-G 基因多态性。

结论 FCGR3A 基因多态性与 DLBCL 患者的生存相关, 是一个独立的预后因素。长期治疗有望提高利妥昔单抗不敏感 FF 基因型患者的生存率。相比之下, 对于利妥昔单抗敏感的 VV 和 FV 基因型患者, 超过 6 个疗程的治疗并没有带来额外的生存益处。C1qA 基因多态性并不能预测患者的治疗反应及预后。

PO-1155

真实世界中伴 HBV 感染的弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床特点及预后分析

赵雪、吕曙力、龙艳红、郭小艳、徐才刚

四川大学华西医院

目的 探究伴有 HBV 感染的 DLBCL 疾病演进及预后转归特点, 以及伴有 HBV 感染的不同细胞来源 DLBCL 患者的生存情况。

方法 回顾性分析真实世界中四川大学华西医院 2010 年 1 月至 2019 年 12 月经病理确诊的 DLBCL 初治患者共 941 例，收集患者的相关临床及检测检查资料、治疗方案及预防性抗病毒治疗情况。随访截止到 2022 年 12 月 31 日。

结果 HBsAg+DLBCL 患者有 138 例（14.7%）。与 HBsAg-患者相比，HBsAg+患者的中位发病年龄小（51.6 岁 vs 55.0 岁）、临床分期晚（III-IV 期患者 60.9% vs 47.5%）、GCB 型患者占比高（37.0% vs 26.8%）、B 症状更常见（39.9% vs 28.5%）、脾受累更多见（23.9% vs 7.0%）、 $\beta 2$ 微球蛋白升高更多见（60.1% vs 55.0%）、AST 升高更常见（21.7% vs 10.2%）。

HBsAg+患者的 HBV 再激活率高于 HBsAg-患者（15.2% vs 0.7%， $P < 0.001$ ）。R-CHOP 与 CHOP 方案、以及预防性使用不同抗病毒药物对 HBV 的再激活率差异无统计学意义。

中位随访时间为 61.0 个月。HBsAg+组与 HBsAg-组 DLBCL 患者的 5 年 OS 为 78.4% vs 75.6%（ $P = 0.824$ ），5 年 PFS 为 71.3% vs 74.8%（ $P = 0.419$ ）。R-CHOP 方案在两组患者的 OS 和 PFS 均优于 CHOP 方案。HBsAg+及 HBsAg-DLBCL 患者中 GCB 组与 non-GCB 组中位 OS 差异均无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。

结论 DLBCL 患者中 HBsAg 阳性率高于普通人群；HBsAg+DLBCL 患者的中位发病年龄小、临床分期晚、GCB 型患者占比高、B 症状及脾受累更常见。GCB 型与 non-GCB 型中无论 HBsAg+或 HBsAg-，患者 OS 差异均无统计学意义。

PO-1156

多中心血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤的临床特征及生存分析

田雅茹¹、陈艺卓²、白斯君³、康建民¹、董春霞¹、侯淑玲²、杨林花¹

1. 山西医科大学第二医院

2. 山西省白求恩医院

3. 山西省人民医院

目的 对血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤（AITL）的临床特征进行总结和生存分析。

方法 收集 2014 年 1 月至 2023 年 7 月就诊于山西医科大学第二医院、山西省白求恩医院、山西省人民医院的 72 例 AITL 患者的临床资料，对其临床表现、诊疗经过及生存状况进行回顾性分析。

结果 共纳入经淋巴结病理及免疫组织化学检查确诊为 AITL 患者 72 例，男女比例 51: 21，中位发病年龄 63.5 岁（33 岁-88 岁），年龄 ≥ 60 岁 44 例（61.1%）。初诊时伴 B 症状者 53 例（73.6%）。67 例有化验结果的患者中 48 例（71.6%）患者合并 EBV 感染，22 例（31.4%）既往合并乙肝病毒感染。所有患者中，10 例（13.9%）合并噬血综合征，6 例（8.3%）合并 DIC，4 例（5.5%）合并溶血性贫血；27 例（37.5%）伴随皮肤病变（红疹、结节性病变、荨麻疹等），水肿及多浆膜腔积液 39 例（54.1%），11 例（15.2%）合并多关节疼痛，2 例在治疗中出现癫痫症状。治疗主要以化学免疫疗法为主，加用西达苯胺靶向治疗的共 28 例（38.9%）。截至 2023 年 7 月 20 日，72 例患者中失访 9 例，随访 63 例，中位随访时间 55 月（5-146 月）。总生存率（OS）为 16.7%，中位生存时间 11.5 个月（1-146 月），其中 1 例长生存患者达 146 个月。1 年、3 年、5 年 OS 分别为 56.9%，19.4%，11.1%。

结论 AITL 是一种侵袭性高、进展快、预后差的非霍奇金淋巴瘤，现缺乏标准治疗方案，靶向药物的使用是未来治疗的新模式，亟需探索治疗 AITL 的新方法以改善患者的预后。

PO-1157

罗伊适应模式对恶性淋巴瘤患者的护理干预

唐弋茜

陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 探讨罗伊适应模式对恶性淋巴瘤患者的护理干预对患者的影响。

方法 方法选取 2020 年 3 月至 2023 年 2 月收治的 160 例恶性淋巴瘤患者,采用随机抽签法分为研究组和对照组,每组 80 例。研究组患者采用罗伊适应护理模式,对照组患者采用常规护理,比较两组患者负性情绪、化疗依从性、癌因性疲乏情况、焦虑自评量表(SAS)和生活质量评分

结果 结果干预后, 两组患者抑郁自评量表 (SDS) 和焦虑自评量表 (SAS) 评分均低于本组干预前, 且观察组患者 SDS 和 SAS 评分均低于对照组, 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。观察组患者化疗依从率、癌因性疲乏情况均优于对照组, 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。干预后, 两组患者健康调查简表各维度评分均高于本组干预前, 且观察组患者各维度评分均高于对照组, 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 罗伊适应模式干预应用于恶性肿瘤患者的化疗, 能够改善患者的负性情绪和癌因性疲乏情况, 提高患者的化疗依从率和生活质量。

PO-1158

1 例行自体造血干细胞移植联合嵌合抗原 T 细胞治疗的复发弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者并发神经毒性综合症的护理

蒋平芳、陆茵

苏州大学附属第一医院

目的 总结 1 例行自体造血干细胞移植联合嵌合抗原 T 细胞治疗的复发弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者中枢神经浸润神经精神不良事件 (如面神经麻痹、吞咽困难) 的护理经验。

方法 本案例通过中枢神经系统症状评估及神经精神症状管理、心理护理、营养护理等针对性的护理干预方案。

结果 通过开展针对性的护理干预方案, 患者中枢性面瘫情况较前好转, 吞咽及发声情况较前好转, 无明显感染, 一般状况可, 顺利出院。该患者获得了很好的症状监测及本病的治疗取得了不错的治疗效果, 可供今后在此领域工作人员参考。

结论 ASCT 桥接 CAR-T 治疗复发/难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤疗法是一种前沿的治疗方式。其疗效及可能出现的并发症及应对措施还需不断研究与经验积累。本例患者中枢复发治疗后达第二次缓解状态下为提高生存质量, 进行了 ASCT 桥接 CART 治疗。因其为治疗后中枢再次浸润高危, 又是迟发性 ICANS 高危人群, 故其出现的中枢神经症状具有两者的融合性。严重威胁了患者的生命。因此, 早期干预并予以全方位的护理观察与症状管理对提高患者治疗后生存具有重要意义。本案例通过中枢神经系统症状评估及神经精神症状管理、心理护理、营养护理等针对性的护理干预方案, 该患者获得了很好的症状监测及本病的治疗取得了不错的治疗效果, 可供今后在此领域工作人员参考。

PO-1159

淋巴瘤合并静脉血栓栓塞症患者的临床特征及危险因素分析

万雨竹、刘春水
吉林大学第一医院

目的 分析合并 VTE 的淋巴瘤患者的临床特征及探讨淋巴瘤合并 VTE 的危险因素，为优化 VTE 风险模型提供潜在变量。

方法 回顾性分析 2013 年 1 月 1 日至 2019 年 12 月 31 日于吉林大学第一医院诊治并至少接受 1 疗程化疗的 1750 例淋巴瘤患者的临床资料。利用 SPSS 26.0 软件分析处理，将有意义的变量纳入二元 Logistic 回归分析， $P < 0.05$ 为具有统计学意义。

结果 VTE 事件的总体发生率是 6.8%，发生时间主要集中在确诊淋巴瘤后 3 个月内。单因素分析结果提示：高龄、合并高血压、冠心病/心功能不全、肾功能不全、既往有 VTE/脑梗/脑卒中病史、ECOG ≥ 2 分、PICC 置管、分型为侵袭性 NHL、分期较晚（III-IV 期）、预后分层高危组、伴有结外器官侵犯、基线 LDH $> 250\text{U/L}$ 、 $\beta 2$ -微球蛋白 $> 2.5\text{mg/L}$ 、白蛋白 $< 40\text{g/L}$ 的淋巴瘤患者更可能发生 VTE。多因素分析提示：高龄、合并慢性肾功能不全、留置 PICC 置管、纵隔侵犯、基线 LDH $> 250\text{U/L}$ 是淋巴瘤合并 VTE 的独立危险因素。Khorana 评分高危组在 VTE 组和无 VTE 组中无显著差异，二 ThroLy 评分中高危患者中 VTE 组显著高于对照组（ $P < 0.05$ ）。

结论 淋巴瘤具有较高的 VTE 发生率，侵袭性 NHL 较惰性 NHL 具有更高的 VTE 发生率。高龄、合并慢性肾功能不全、留置 PICC 导管、纵隔侵犯、基线 LDH $> 250\text{U/L}$ 是淋巴瘤合并 VTE 的独立危险因素。ThroLy 评分在淋巴瘤的 VTE 预测效能上优于 Khorana 评分，但还需要进一步优化。

PO-1160

现实世界中周围神经母细胞瘤儿童免疫接种的现状和安全性

沈和萍
浙江大学医学院附属儿童医院

目的 外周神经母细胞肿瘤(pNT)发病率高、死亡率高，婴幼儿易发生各种感染性疾病。本研究旨在了解现实生活中 pNT 患儿的免疫状况及接种后不良反应的发生情况，评价接种的可行性及接种的影响因素

方法 选取 2011 年 1 月 1 日至 2021 年 12 月 1 日在浙江大学附属儿童医院就诊的 pNT 患儿。通过查阅医疗记录、国家免疫规划(NIP)疫苗接种史和免疫后不良事件(AEFI)发生情况，分析现实世界 pNT 患儿的免疫现状和安全性

结果 784 例 pNT 患儿中，394 例能够获得疫苗接种史。NIP 疫苗总接种率为 79.12%，治疗后疫苗恢复时间为 16.00(6.00,24.00)个月。年龄、肿瘤诊断时间、病理分型与接种疫苗有显著相关性。AEFI 的发生率为 0.23%。

结论 pNT 儿童疫苗接种率普遍较低，接种安全性较好，应鼓励儿童进行免疫接种。

PO-1161

真实世界中 BMI 与弥漫大 B 细胞淋巴瘤预后的相关性研究郭小艳¹、徐才刚²、吕曙力²、龙艳红²、赵雪²1. 眉山市人民医院
2. 四川大学华西医院

目的 旨在探究真实世界中 BMI 与 DLBCL 预后的相关性。

方法 四川大学华西医院确诊的 1153 例初治 DLBCL 患者。收集患者临床资料及治疗情况。按国际标准根据 BMI 将研究对象分为四组，采用秩和检验、检验、Kaplan-Miére 曲线等进行生存分析及影响因素分析。

结果 1. 四组不同 BMI 的 ORR 具有统计学意义 ($P=0.042$)，而 BMI $<18.5\text{Kg/m}^2$ 高于 BMI 在 18.5-23.9Kg/m² 的治疗反应率 ($P=0.032$)。

2. BMI $>28\text{Kg/m}^2$ 的 OS 及 PFS 高于其他三组 ($P=0.008$, $P=0.042$)。

3. Kaplan-Miére 生存分析提示，年龄、Ann Arbor 分期、B 症状、ECOG 评分、R-IPI 评分、病理分型、双表达、治疗周期、血清乳酸脱氢酶、BMI 与 PFS 和 OS 相关 ($P<0.05$)。多因素 COX 结果提示，血清乳酸脱氢酶和治疗周期是影响 OS 的独立危险因素；BMI、血清乳酸脱氢酶和治疗周期是影响 PFS 的独立危险因素。

4. BMI $>28\text{Kg/m}^2$ 的男性 DLBCL 患者的 OS 及 PFS 高于其他三组，BMI 为 18.5-23.9Kg/m² 的女性 DLBCL 患者的 OS 及 PFS 高于其他三组。

5. 在 <60 岁 DLBCL 患者中，BMI $>28\text{Kg/m}^2$ DLBCL 患者的 OS 及 PFS 高于其他三组 ($P=0.031$, $P=0.006$)； ≥ 60 岁患者中，BMI 与 OS ($P=0.123$) 和 PFS ($P=0.07$) 无关。

结论 1. DLBCL 患者中 BMI $<18.5\text{Kg/m}^2$ 者治疗反应率高于 18.5-23.9Kg/m² 者。

2. BMI $>28\text{Kg/m}^2$ 的 DLBCL 患者的 OS 及 PFS 率更优。

3. 不同性别的 DLBCL 患者 BMI 与 OS 和 PFS 相关。

4. 在 <60 岁 DLBCL 患者中，BMI 与 OS 和 PFS 相关。

5. BMI 是影响 DLBCL 患者 PFS 的独立危险因素。

PO-1162

基于盐酸米托蒽醌脂质体的联合治疗在复发难治 NK/T 细胞淋巴瘤中的疗效及安全性分析王亮、杨晶、叶进、丛佳、杨磊、魏立强、姚娜、李鑫
首都医科大学附属北京同仁医院

目的 复发难治 NK/T 细胞淋巴瘤 (NKTCL) 目前尚无标准治疗方案，患者预后差，亟需新药新方案来改善疗效。II 期研究数据表明盐酸米托蒽醌脂质体单药治疗 NKTCL 患者的 ORR 为 42.9%，这一数据突破了既往临床经验中 NKTCL 对蒽环类药物天然耐药的局限性。为进一步改善疗效，我们在复发难治 NKTCL 患者中尝试了基于盐酸米托蒽醌脂质体的联合治疗方案，本研究将报道其疗效及安全性。

方法 本项研究纳入了 9 名复发难治 NKTCL 患者，既往全部接受过以培门冬酶为基础的联合化疗。挽救治疗方案为以盐酸米托蒽醌脂质体为基础的联合方案。每 2 个疗程进行 PET-CT 或 MRI 的疗效评估，并收集治疗后的血液学及非血液学不良事件。

结果 9 名患者的中位年龄 53 岁 (17-67 岁)，男女比例 7:2，8 名患者为 IV 期 NKTCL，1 名为 II 期 NKTCL，所有患者 NRI 评分均 ≥ 3 分。中位既往治疗线数为 2 (1-4)，3 名患者为复发 NKTCL，6 名患者对前次治疗表现为难治，其中 2 名同时伴有噬血细胞综合征。挽救方案为盐酸米托蒽醌脂

质体+地塞米松±培门冬酶±PD1 单抗±依托泊苷。所有患者均可评估疗效，中位治疗周期数为 3（2-6）；最佳缓解率如下：完全缓解 3 名（33.3%），部分缓解 4 名（44.4%），疾病稳定 1 名（11.1%），疾病进展 1 名（11.1%）。中位随访 4 月（2-13 月），6 名患者死亡，其中 5 名死于疾病进展，1 名死于培门冬酶相关急性胰腺炎，中位 PFS 为 5 月，中位 OS 为 7 月。1 名患者在取得完全缓解后接受了异基因造血干细胞移植，目前已无病生存 13 月余。以盐酸米托蒽醌脂质体为基础联合方案的主要不良反应表现为： $\geq 3^\circ$ 骨髓抑制（N=7），皮肤蓝染（N=4），肝功能不全（N=4），凝血功能障碍（N=4），急性胰腺炎（N=1）；骨髓抑制中位恢复时间为 17 天（6-35 天）。皮肤蓝染与否和疗效不具有相关性。

结论 以盐酸米托蒽醌脂质体为基础的联合治疗方案对复发难治 NKTCL 有较高的缓解率，但缓解持续时间有待进一步延长，桥接异基因造血干细胞移植或许可延长生存；盐酸米托蒽醌脂质体具有显著的骨髓抑制毒性，联合其他细胞毒性药物时需高度警惕并进行积极的支持治疗。未来值得开展前瞻性临床研究探索复发难治 NKTCL 中以盐酸米托蒽醌脂质体为基础的最佳联合治疗方案。

PO-1163

Efficacy and Safety of BTK Inhibitors in Vitreoretinal Lymphoma: A Single-Center, Retrospective Analysis of 24 Patients

Liang Wang, Jing Gao, Xiaoyan Peng
Beijing Tongren Hospital, Capital Medical University

Objective Vitreoretinal lymphoma (VRL) is a special subtype of rare central nervous system lymphoma (PCNSL). Most of the pathologic types are diffuse large B-cell lymphoma of nongerminal central origin. Currently, the optimal treatment strategy for VRL is not clear, and the traditional treatment usually includes about 20 repeated intravitreal injections of low doses of methotrexate or intraocular local radiotherapy. Eventually, however, 60-90% of VRL will progress to PCNSL. Therefore, CNS prophylaxis of VRL patients is very important. A previous prospective clinical study of our research group (including 10 VRL patients) confirmed that single-drug BTK inhibitors can replace repeated intravitreal injection of low doses of methotrexate, with rapid effect, high safety, and certain value in preventing CNS progression.

Methods In order to further clarify the efficacy and safety of BTK inhibitors in VRL patients, we included 24 VRL patients who were consecutively admitted to the Hematology Department of Beijing Tongren Hospital from May 2020 to December 2022, and retrospectively analyzed their clinical features, treatment methods, treatment outcomes, survival status and treatment-related adverse reactions.

Results Of the 24 patients, 14 were female and 10 were male, with a median age of 62 years old (36-75). There were 18 patients with primary VRL (PVRL) and 6 patients with secondary VRL (SVRL) to PCNSL. The IL-10 in aqueous humor/vitreous fluid at baseline was significantly increased in all patients (362.1 ± 89.5 pg/mL), and the IL-10/IL-6 ratio was greater than 1. Except for one patient with both uncontrolled PCNSL and VRL, the other 23 VRL patients showed no evidence of CNS involvement by brain MRI and cerebrospinal fluid detection. All 24 patients were treated with a BTK inhibitor (Zanubrutinib 160mg bid, or Orelabrutinib 150mg qd), of whom, 9 VRL patients were also treated with intravitreal methotrexate injection (0.4mg/ time, weekly $\times 12$ times \rightarrow monthly $\times 9$ times) concurrently, and the remaining 15 patients did not receive any antitumor therapy other than BTK inhibitors. After 1 month of treatment with BTK inhibitors, the efficacy was evaluated by slit lamp microscope, optical coherence tomography (OCT), and aqueous humor cytokines. 21 patients achieved CR (87.5%), 2 PR (8.3%), and 1 PD (progression of CNS lesion but improvement of intraocular disease). The IL-10/IL-6 levels in aqueous humor were lower than 1 in all 24 patients 1 month after treatment, and the IL-10 levels in aqueous humor were slightly higher than the normal range in two patients. The median duration of BTK

inhibitors use was 10 months (1.5-23.0 months). At a median follow-up of 17 months (5.4-31.5 months), 15 patients (62.5%) developed disease progression, including 11 patients (45.8%) with CNS progression and 4 patients (16.7%) with intraocular recurrence. The median progression-free survival (PFS) time was 11.9 months, and the median overall survival (OS) time was not reached. The 1-year and 2-year PFS rates were 34% and 26%, and the 1-year and 2-year OS rates were 96% and 82%, respectively. The recurrence rate was 33.3% in the combined treatment group and 80.0% in the BTK inhibitors monotherapy group. A total of three patients died, all due to CNS progression. BTK inhibitors were generally well tolerated in VRL patients, with no adverse reactions that led to treatment discontinuation. 4 patients had grade 1-2 hypertension (16.7%), 1 patient had grade 1 hypotension (4.2%), 2 patients had grade 1 joint pain (8.5%), and 6 patients had grade 1 subcutaneous hemorrhage and ecchymosis (25.0%). Four patients developed COVID-19 infection while taking the drug and the drug was suspended. All four patients recovered from COVID-19 infection within 2 weeks and did not develop significant pneumonia.

Conclusion This is the largest report regarding the use of BTK inhibitors in VRL patients. BTK inhibitor has a rapid local control effect on VRL and is well tolerated. However, BTK inhibitors monotherapy has unsatisfied preventive effect on the CNS, and it is still necessary to explore the value of combinational therapy, such as combined BTK inhibitors and high-dose methotrexate.

PO-1164

一例西达本胺、地西他滨、PD1 单抗联合 PI3K 抑制剂无化疗方案治疗老年复发难治 T 细胞淋巴瘤合并噬血细胞综合征

李猛、胥灵敏、靖戩、赵瑜、王全顺、窦立萍
中国人民解放军总医院第一医学中心

目的 探讨无化疗方案（西达本胺、地西他滨、PD1 单抗、PI3K 抑制剂）在老年晚期复发难治 T 细胞淋巴瘤合并噬血细胞综合征患者中的治疗效果及不良反应

方法 收集我中心收治的一例老年晚期复发难治 T 细胞淋巴瘤合并噬血细胞综合征患者临床特征、治疗方案、治疗效果以及不良反应等临床数据

结果 患者男性，68 岁，2015 年 12 月因多部位淋巴结进行性增大，行淋巴结穿刺病理、PET/CT 等检查，诊断为 T 细胞淋巴瘤，分期为 III 期 B，先后予 CHOPE 和 GDP 方案交替化疗共 8 疗程，2 疗程后评估为 PR，6 疗程后评估为 CR。8 疗程化疗结束后行自体造血干细胞移植，过程顺利。随访至 2021 年 5 月再次出现颈部淋巴结肿大，淋巴结切除活检病理示 T 细胞淋巴瘤，考虑复发。于 2021 年 9 月加入一项 PI3K 抑制剂的临床研究，治疗 6 周期后 PET 评估部分淋巴结增大、代谢增高，并出现骨受累病灶，考虑疾病进展出组。2022 年 5 月开始西达本胺治疗 2 个月，因白细胞减少终止治疗。2022 年 7 月加入一项 EZH2 抑制剂的临床研究，期间因血小板减少、感染发热中断治疗。2022 年 11 月出现反复发热、全血细胞减少，明确诊断为噬血细胞综合征，予地塞米松、DEP 方案治疗后症状可好转，但仍有间断高热、不能脱离血小板输注。后就诊我中心，PET/CT 示多发异常代谢淋巴结、肝脾多发高代谢病灶、骨骼广泛性代谢增高。排除感染后诊断诊断为 T 细胞淋巴瘤合并噬血细胞综合征，评估患者不能耐受强化疗，予西达本胺、PD1 单抗、地西他滨、PI3K 抑制剂联合治疗 4 疗程，1 疗程治疗后体温恢复正常，体能状态明显好转，3 疗程后血常规恢复正常，4 疗程后淋巴瘤 PET/CT 评估为 CR，噬血细胞综合征 CR。

结论 西达本胺、地西他滨、PD1 单抗联合 PI3K 抑制剂无化疗方案在不能耐受强化疗的老年复发难治 T 细胞淋巴瘤合并噬血细胞综合征患者可获得良好疗效。

PO-1165

HIV-associated diffuse large B-cell lymphoma: A clinicopathologic, immunohistochemical and prognostic study of 81 cases in China

Liang Wang¹, Lingzhen Chen², Yuanzheng Liang¹, Weimin Huang²

1. Beijing Tongren Hospital, Capital Medical University

2. 广州市第八人民医院

Objective Diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) is the most common lymphoma subtype in patients infected with human immunodeficiency virus (HIV). HIV infection may alter the expression levels of phenotypic markers of DLBCL and the relationship between different molecular phenotypes and prognosis has not been explored yet. There is no standard treatment protocol for HIV-associated NHL. Thus, it is of great importance to evaluate the clinical and pathological risk factors in HIV-DLBCL to further elucidate the biological characteristics of the disease and explore more effective treatment.

Methods We collected clinical information on 81 patients newly diagnosed with HIV-DLBCL between January 2016 and January 2022, including age, sex, Ann Arbor stage, CD4+count, serum HIV-RNA loads, immunohistochemical(IHC) result and treatment, etc. These clinicopathological features were compared with survival data. Hans algorithm was used to determine the immunophenotype of the cell of origin (COO) in pathological samples.

Results Of the 81 patients, 66 (81.5%) were male and 15 (18.5%) were female, with a median age at diagnosis of 49 years old (range: 21-91). Serum HIV-RNA load was above the detection limit in 54 patients (66.7%). 45 patients(55.6%) had CD4 counts of less than 200 cells/mm³. Stage III-IV patients accounted for 55.6% (45/81), and germinal central B-cell-derived (GCB) molecular subtypes accounted for 59.3%(48/81). Among the 63 patients with complete IHC data, 20(31.7%) were BCL2 positive, 37(58.7%) were CD10 positive, 24(38.1%) had Ki-67≥80%. 80.2%(65/81) received combined antiretroviral therapy(ART), 67.9%(55/81) underwent anti-lymphoma treatment. The median follow-up for this cohort was 22 months, with 33 (21.4%) alive and 48(59.3%) dead. The overall survival (OS) rate at 1 and 3 years was 60.2% [95% CI (50.4-72.0)] and 34.6% [95% CI (24.6-48.7)]. Patients with the GCB subtype had significantly higher OS than those with the non-GCB subtype (P=0.005). Both ART and anti-lymphoma chemotherapy was associated with significantly superior OS(P=0.034 and 0.0066, respectively), however, the use of rituximab did not observe significant improvements in OS(P=0.21). Multivariate Cox analysis showed that BCL2 positivity and stage III-IV were independent adverse prognostic factors affecting the survival of HIV-DLBCL patients.

Conclusion Our results suggest that the widespread use of ART enables sequential anti-lymphoma therapy in most HIV-DLBCL patients and that the combination of the two significantly improves their survival and prognosis compared to pre-ART eras. Further prospective randomized cohort clinical studies of a large number of HIV-DLBCL cases are needed to explore the optimal treatment modality, especially for those with stage III-IV and BCL-2 positive disease.

PO-1166

基于网络药理学及分子对接验证黄芩苷治疗 B 细胞淋巴瘤的潜在作用靶点及机制

卢铭、梁蓉

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 基于网络药理学探讨黄芩苷治疗 B 细胞淋巴瘤 (B-cell lymphoma) 的作用靶点及通路

方法 通过中药系统药理学数据库与分析平台 (TCMSP)、Uniport 数据库、GeneCards 数据库收集药物与疾病作用靶点基因信息, 利用 Cytoscape 软件制作“药物成分-疾病-靶点”关系图, String 平台构建蛋白互作网络 (PPI) 并分析, 获取核心靶点, 最后在 David 平台进行 GO 富集分析和 KEGG 富集分析。并利用 AutoDock Vina 软件对排名前三的核心靶点进行分子对接验证; 进行细胞及动物实验, 验证黄芩苷对淋巴瘤的作用效果以及对核心基因 SHP-2 的调控

结果 筛选出黄芩苷与 B 细胞淋巴瘤共有靶基因 89 个。PPI 网络分析得到核心基因包括 SRC,PTPN11,PI3KR1 等共计 20 个。GO 富集分析得到 129 种基因功能, KEGG 富集分析得到 94 条信号通路, 包括 PD-L1 在癌症中的表达及 PD-1 检查点通路、nod 样受体信号通路、toll 样受体信号通路等。分子对接显示 PTPN11 与黄芩苷对接效果最好, 细胞及动物实验表明黄芩苷抑制 SU-DHL-4 细胞增殖, 诱导细胞焦亡, 并显著降低 SHP-2 磷酸化水平

结论 黄芩苷治疗 B 细胞淋巴瘤的机制涉及多个靶点和信号通路, 黄芩苷可能是通过调控 nod 样受体信号通路、SHP-2 蛋白磷酸化途径发挥治疗 B 细胞淋巴瘤的作用

PO-1167

1 例自体外周血造血干细胞移植治疗恶性淋巴瘤的护理体会

赖霄

德阳市人民医院

目的 通过对自体造血干细胞移植患者的治疗及护理过程进行分析, 以避免类似事件再次发生。

方法 从一例淋巴瘤患者入仓开始跟踪并给予全程护理, 直至患者自动放弃治疗出院。

结果 该患者虽然接受相应的治疗、护理, 但未能达到有效治疗, 需接受 CRRT 时家属放弃治疗。

结论 对淋巴瘤患者行自体造血干细胞移植的护理过程中需提升护理水平、治疗水平, 开展死亡病例护理讨论是对本次护理质量的全面审视, 可有效促进护理责任心的提升。死亡病例护理讨论是将理论与实际联合的学习的方式, 可了解护理工作中的优缺点, 可有效促进缺点的改进。

PO-1168

Whole-genome DNA methylation landscapes and viral DNA integration in chronic active EBV infection in children

Ran Wang

Beijing Key Laboratory of Pediatric Respiratory Infection diseases, Key Laboratory of Major Diseases in Children, Ministry of Education, National Clinical Research Center for Respiratory Diseases, Research Unit of Critical Infection in Children, Chinese Academy of Medical Sciences, 2019RU016, Laboratory of Infection and Virology, Beijing Pediatric Research Institute, Beijing Children's Hospital, National Center for Children's Health, Capital Medical University, Beijing 100045, China

Objective Chronic active Epstein–Barr virus (EBV) infection (CAEBV) is a potentially life-threatening lymphoproliferative disease of childhood that is associated with a poor prognosis. The interaction between host and EBV, such as DNA methylation, which is an important epigenetic mechanism involved in EBV-associated tumors disease, might be involved in the progression of CAEBV. The genomic characteristics of EBV and host related to CAEBV remain unclear.

Methods Here, we obtained the whole-genome profiling of EBV from 24 CAEBV patients using DNA methylation sequencing and EBV-host integration analysis.

Results The results of DNA methylation of EBV genome showed the EBV genome exhibited global hypermethylation in CAEBV compared with infectious mononucleosis (IM). In addition, unique DNA methylation signatures were revealed in host genome of CAEBV patients in comparison with controls. The number of integration breakpoints was significantly larger in CAEBV samples than that in the IM group. The breakpoints were frequently at EBNA-LP, EBNA1 and BZLF1 in the EBV genome. EBV showed a strong tendency to integrate at vulnerable regions of the human genome and were close to cancer and DNA damage related genes. We found that CAEBV patients treated with HSCT show decreased DNA methylation density and reduced integration breakpoints while there were no differences in patients treated with chemotherapy alone.

Conclusion Taken together, we defined the DNA methylation and integration landscapes of EBV at the genome-wide level in CAEBV patients, these results provided new insights to deepening understanding EBV's role in CAEBV.

PO-1169

A Novel Nomogram Predicting Rituximab-Associated Interstitial Pneumonia in Patients with Diffuse Large B Cell Lymphoma: A Retrospective Analysis of Single Center

Jia Guo, Chengji Wang, Yuanzheng Liang, Liang Wang
Beijing Tongren Hospital

Objective The incidence rate of rituximab-induced interstitial lung disease (RILD) was reported to be 3.7%-16.7%. The onset of RILD was insidious, and the clinical symptoms were atypical. The course of the RILD progressed rapidly without timely treatment. However, there were no models reported to predict the risk of RILD. Herein, we investigated the incidence of RILD in consecutive patients with diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) and its correlation with clinicopathological features, and a novel nomogram was constructed to successfully predict the risk of RILD.

Methods The clinicopathological data of 110 consecutive patients with DLBCL who were treated in the Department of Hematology of Beijing Tongren Hospital from January 2020 to December 2022 were retrospectively collected, and all patients received first-line treatment regimens containing rituximab. The occurrence of interstitial pneumonia was assessed by chest CT or

interim PET-CT. Efficacy was assessed according to Lugano criteria, and chi-square test was used to assess the difference in RILD in different characteristic groups.

Results The complete remission rate of 110 patients with DLBCL after treatment was 84.2%. Twenty-one patients (19.1%) developed RILD during treatment, and the median time of occurrence was the 4th cycle (range: 2~8). The median duration of treatment for RILD was 10 days (range: 5~60). Except for 5 patients with no obvious symptoms, all 16 patients received glucocorticoid containing regimens, and all patients improved after treatment. The incidence of RILD was significantly higher in patients who received liposomal doxorubicin-containing regimens than those treated with adriamycin regimens (29.7% versus 13.7%, $P=0.043$). Smoking ($P=0.298$) and advanced age ($P=0.156$) were associated with a high incidence of RILD. Then we developed a RILD risk prediction model according to the risk factors, and the patients were divided into high-risk and low-risk groups, and the incidence of RILD was significantly different between the two groups ($P=0.027$). Finally, a novel nomogram related to the occurrence of RILD in DLBCL patients was developed to scientifically and accurately predict the incidence of RILD.

Conclusion Patients with DLBCL should be alert to the occurrence of RILD after chemotherapy with rituximab-containing regimen, especially in smoking and elderly patients, and the prevention and monitoring of RILD should be strengthened after the application of liposomal doxorubicin.

PO-1170

A Prognostic Nomogram Survival Model for Newly Diagnosed Patients with AIDS-Related Diffuse Large B-Cell Lymphoma: A Multicenter Cohort Study in China

tao yang,haike lei,chaoyu wang,jun liu,zailin yang,jun li,yao liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective The prognosis of patients with AIDS-related diffuse large B-cell lymphoma(AR-DLBCL) becomes very poor when the lymphoma relapses or is refractory to first line immunochemotherapy. We aimed to develop a novel ARDPI nomogram prognostic model for risk stratification so as to guide individualized treatment to achieve sustained remission and improve the overall prognosis for newly-diagnosed AR-DLBCL patients.

Methods We interrogated data from 306 patients with newly-diagnosed AR-DLBCL. We filtered variables using LASSO regression and Cox regression to identify prognostic co-variables and develop a survival model, we termed AR-DLBCL Prognostic Index (ARDPI). We evaluated model discrimination, calibration and clinical benefit by Area Under the Receiver-Operator Characteristic (AUROC), calibration plots and decision curve analysis (DCA). Next, we compared the ARDPI model discrimination, calibration and clinical benefit with the IPI and NCCN-IPI models using the same methods. Lastly, we stratified patients into three survival risk cohorts based on ARDPI model by X-tile selecting cutoff point.

Results 7 co-variables were independently correlated with survival and were used to develop the ARDPI model including age, lymphocyte monocyte ratio (LMR), CD5 expression on lymphoma cells, blood EBV-DNA copy number, CD4/CD8 ratio, central nervous system (CNS) involvement and anti-HIV therapy (ART). AUROCs of ARDPI model for 1-, 3-, and 5-year were 0.80 (95% Confidence Interval [CI], 0.72, 0.88), 0.78 (0.69, 0.87) and 0.77 (0.63, 0.91). Predicted and calibrated values were concordant. The DCA curve had higher net benefit using the ARDPI model. Prediction accuracy of the ARDPI model was better compared with the IPI and NCCN-IPI models. For example, 3-year survival AUROC in the ARDPI model was 0.78 (0.69, 0.87) compared with the IPI (0.53 [0.43, 0.63] $P < 0.001$) and the NCCN-IPI (0.52 [0.42, 0.62] $P < 0.001$). Using the ARDPI model, we identified 3 survival risk cohorts with 3-year survivals of 0.80, 0.38 and 0.09 ($P < 0.001$).

Conclusion The ARDPI has good survival prediction accuracy in newly-diagnosed persons with AIDS-related DLBCL and using it has clinical benefit. Accuracy is better than the IPI and NCCN-IPI models. Validation of our conclusions is needed.

PO-1171

泽布替尼联合 R-CHOP 治疗结外或 MYC/BCL2 双表达 高危弥漫大 B 细胞淋巴瘤的回顾性分析

付婉彬、刘佳、肖丹、王婷、钟华、侯健、徐岚
上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 结外受累和 C-MYC、BCL2 双表达的弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者使用标准一线 R-CHOP 方案治疗时往往预后较差，5 年无进展生存（PFS）和总生存（OS）率均低于 40%，具有这些高危因素的患者存在未满足的临床治疗需求。在本项研究中，我们回顾性分析了初治结外或双表达的 DLBCL 患者在 R-CHOP 方案基础上加用 BTK 抑制剂泽布替尼的临床疗效和相关药物不良反应。

方法 回顾了 2021 年 1 月 1 日到 2023 年 4 月 30 日期间收治的 26 例结外累及或者双表达的弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者，其中 19 例患者合并结外病灶，7 例存在双表达。年龄 >60 岁 20 例（77%），年龄 >75 岁 8 例（30%）； ECOG 评分 PS>2 分 20 例（76.9%）。所有患者采用的诱导方案为：泽布替尼联合 R-CHOP，共 4 疗程。第 4 疗程后进行 18FDG-PET/CT 评估疗效。获得部分缓解（PR）以上患者继续采用泽布替尼联合利妥昔单抗巩固维持治疗，共持续 1 年；伴有中枢累及风险的患者泽布替尼口服持续 2 年。期间每 3 月进行影像学检查评估疗效。

结果 诱导治疗后 PET/CT 中期评估，所有患者均获得 PR 以上治疗反应（ORR100%），其中 19 例（73.1%）CR，7 例（26.9%）PR。在巩固维持治疗中 7 例患者从 PR 转为 CR。截止目前，中位随访 11 月（4.1-30.0 月），其中 2 例（7.7%）失访，2 例（7.7%）发生疾病进展。中位 PFS 和 OS 均未达到。2 年 PFS 69.7±13.4%，2 年 OS 77.4±12.2%。不良反应：非血液学不良反应包括：疲劳（38.5%）、高血压（15.38%）、神经系统症状（7.7%）、感染（100%）；其中 >3 级感染 3 例（11.5%），导致患者停药；1 例出现免疫性脑病、昏迷。血液学不良反应包括：粒细胞减少（55%）、贫血（26%）、血小板减少（42.3%）、出血（38.5%）；其中 >3 级粒细胞减少（4.5%）；出血患者中，5 例患者因合并心血管疾病长期服用抗凝药物，减低泽布替尼用量后出血症状好转。

结论 泽布替尼联合 4 疗程 R-CHOP 方案诱导治疗结外或双表达的弥漫大 B 细胞淋巴瘤，尤其是老年、虚弱患者，可以缩短细胞毒药物的疗程数，提高患者对治疗的耐受性，并且疗效优于传统 6-8 疗程 R-CHOP 方案的诱导治疗。同时泽布替尼联合利妥昔单抗的巩固维持治疗安全性好，不良反应可控，为进一步改善这两类高危老年、虚弱患者的预后带来希望。

PO-1172

Central nervous system involvement in extranodal natural killer/T-cell lymphoma: a retrospective study of a consecutive 13-year case series

Liang Wang, Lei Yang, Lijie Zeng, Liqiang Wei, Jin Ye, Jia Cong, Xin Li, Na Yao, Jing Yang
Beijing Tongren Hospital, Capital Medical University

Objective While rare, involvement of the central nervous system (CNS) in extranodal NK/T-cell lymphoma (ENKTCL) is associated with poor outcomes and optimal treatment remains unclear.

This study aimed to summarize clinical features, treatment approaches, and survival outcomes in ENKTCL patients with CNS involvement to enhance understanding of this condition.

Methods 453 patients diagnosed with ENKTCL in Beijing Tongren Hospital from 2009 to 2022 were reviewed, and 18 patients with CNS involvement were included in the analysis.

Results Out of 453 diagnosed ENKTCL patients, 18 cases (3.97%) exhibited CNS involvement. Among these 18 patients, the median age was 48 years (range, 33-61 years), with approximately 72.2% (13/5) being male. Upon initial diagnosis, 13 patients were clinically classified as stage III/IV, while the remaining 5 patients were classified as stage I/II. 11 had KPI scores ≥ 3 , 9 had NRI scores ≥ 4 , and 12 had PINK scores ≥ 2 . The median time from initial NKTCL diagnosis to CNS involvement was 4 months (range, 1-24 months), with 6 patients presenting CNS involvement upon initial NKTCL diagnosis, while the remaining 12 cases depicted relapsed CNS involvement. Radiological examinations were performed on all patients, identifying CNS lesion locations in 15 cases. The cerebral hemisphere was the most frequently involved site (n=10), followed by the dura mater (n=6), cerebellum and brain stem (n=2), and optic nerve (n=2). Among the 16 patients who underwent Cerebrospinal fluid (CSF) examinations, 14 displayed abnormal CSF findings. In the remaining 2 patients, Optical Coherence Tomography (OCT) revealed lymphoma invasion. Following confirmed CNS invasion, 16 patients received chemotherapy incorporating high-dose methotrexate and pegaspargase. Among the patients, 2 achieved complete response (CR), 1 had partial response (PR), and 15 experienced progressive disease (PD). The median overall survival (OS) following central invasion diagnosis was 3.5 months, with a total OS of 9 months. Of note, one patient survived more than 25 months after CR was attained, for whom subsequent radiotherapy and autologous hematopoietic stem cell transplantation was given for consolidation.

Conclusion CNS involvement in ENKTCL is very rare and portends a grim prognosis. Routine implementation of radiological and cytological examinations, including analysis of cerebrospinal fluid and aqueous humor, should be employed to facilitate timely detection of CNS involvement. To improve the outcomes of ENKTCL with CNS involvement, new treatment approaches are warranted.

PO-1173

基于人工神经网络的 EB 病毒相关淋巴瘤 与鼻咽癌分子标志物预测及模型构建

张力中¹、陈浩然²、王程磊²、陶歆²、赵鹏¹、于琦^{1,2}、卢学春^{1,2,3,4}

1. 山西医科大学基础医学院

2. 山西医科大学管理学院

3. 解放军总医院第二医学中心血液病科

4. 国家老年疾病临床医学研究中心

目的 人群普遍感染 EB 病毒 (Epstein-Barr virus, EBV)，但后果各异，部分患者会继发淋巴瘤和鼻咽癌等恶性肿瘤，肿瘤易感的个体差异特征尚不明确。本研究通过对 EBV 感染相关淋巴瘤、鼻咽癌的 RNA-seq 组学数据进行整合分析，筛选 EBV 感染相关的肿瘤特征基因，并基于神经网络算法建立 EBV 相关淋巴瘤、鼻咽癌肿瘤预测模型。

方法 以“(Burkitt Lymphoma) AND EBV”和“(Nasopharyngeal Carcinoma) AND EBV”为检索式，纳入排除标准包括：至少拥有两个生物学重复样本、设立对照组，以及检测到 EBV 感染等。

在 GEO 数据库中筛选 EBV 感染的伯基特淋巴瘤 (Burkitt Lymphoma, BL) 与鼻咽癌 (Nasopharyngeal Carcinoma, NPC) 数据集，构建训练集和测试集。以 $P < 0.05$, $|\log FC| > 0.5$ 为阈值，基于 limma 包筛选 NPC 与 BL 与正常样本间的差异表达基因。使用 SVM-RFE 算法筛选肿瘤与非肿瘤特征基因，同时，使用 XGBoost 算法筛选不同肿瘤的特征基因。将两部分特征基因合并后分别训练 BL 与 NPC 的分类人工神经网络模型，隐藏层数为 1，节点数为 7，并在测试集中

测试模型效果。

结果 筛选出符合要求的 GSE19761 (BL)、GSE12452 (NPC) 基因表达谱数据为训练集, GSE39826 (NPC) 为测试集, 在 NPC、BL 中分别鉴定出 3746 和 313 个差异表达基因。SVM-RFE 算法筛选得到 EPPIN-WFDC6、SCML2 两个肿瘤-非肿瘤特征基因。XGBoost 算法得到 NPC 特征基因 35 个, BL 特征基因 26 个。NPC 与 BL 分类人工神经网络模型 AUC 均为 1, 对 NPC 模型使用测试集测试, AUC=1。

结论 EPPIN-WFDC6、SCML2 可能为 EB 病毒相关肿瘤的关键分子标志物, 分别参与先天免疫系统与 DNA 模板转录的负调控。本研究构建了伯基特淋巴瘤与鼻咽癌的预测模型, 经测试模型性能良好, 可以为 EB 病毒感染患者前期的筛查和治疗提供方法和数据支撑。

PO-1174

Autologous Hematopoietic Stem Cell Transplantation Combined with High-dose Chemotherapy as First-line Treatment for HIV-associated Lymphoma: A Retrospective Analysis

Bingling Guo, Renzhi Hu, Xiping Liang, Shunsi Liang, Zailin Yang, Tao Yang, Chaoyu Wang, Dehong Huang, Jieping Li, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective At present, lymphoma is one of the three most common malignant tumors in AIDS patients. With the popularization of cART treatment, the incidence of AIDS-associated lymphoma has decreased, but it is still higher than that in the general population with poor prognosis. The Central and Western China AIDS Lymphoma League (CALL) is committed to investigate the efficacy and related factors of autologous hematopoietic stem cell transplantation (auto-HSCT) as consolidation therapy for newly diagnosed HIV-associated lymphoma.

Methods From 2018 to 2023, 11 newly diagnosed patients with AIDS-associated lymphoma in our center were collected, including 10 males and 1 female, 2 of whom received double ASCT, with a median age of 38 years (range 25-64 years). One case (11.1%) had bone marrow involvement, 3 cases (27.3%) had low/low-intermediate risk according to IPI, and 2 cases (63.6%) had high/intermediate risk according to IPI. Ten patients (90.9%) achieved complete remission (CR) and 1 patient (9.1%) achieved partial remission (PR) before transplantation.

Results Among the 11 patients, 2 patients (1 with high-risk diffuse large B cell lymphoma and 1 with plasmablastic lymphoma) received double transplantation within 6 months, and the remaining patients received single transplantation. The median CD34 collection before transplantation was $4.67 (2.5-12.52) \times 10^6/\text{kg}$. 3 patients received BeEAC regimen, 7 patients received BeEAM regimen, and 1 patient received IAC regimen for the second transplantation. Five patients (45%) developed various degrees of infection during transplantation, which was improved after anti-infection treatment. All patients achieved hematopoietic reconstitution. The median time of neutrophil and platelet engraftment was 11.9 ± 2.23 days and 12.1 ± 2.96 days, respectively. At a median follow-up of 12 (3-14) months after transplantation, 1 patient died within 100 days after transplantation, 1 patient died of Covid-19 virus infection, 1 patient achieved PR, other 8 patients remained CR. Patient no. 1 died from bacteremia 1 months after ASCT. Patient no. 8 relapsed 6 months after ASCT and died from Covid-19 virus infection when 5 months after ASCT. Patient no. 9 relapsed 6 months after ASCT, but is still alive in second CR and is receiving lenalidomide maintenance therapy. Other 8 patients in CR post-ASCT are receiving lenalidomide/Interferon/rituximab maintenance therapies. Therefore, overall survival for the 11 transplanted patients is 81% at 12 months, with a median follow-up of 12 months (range 5-60 months). Furthermore, eight patients remained in CR, for an progression-free survival of 72% at 12 months, with a median follow-up of 19 months (range 9-60 months).

Conclusion It is worth mentioning that active HIV replication was not monitored with the continuous use of cART agents during lymphoma chemotherapy and ASCT; cART administration did not affect the number of harvested stem cells or the time to engraftment after transplantation.

PO-1175

The Impact of Immune Function on Hematopoietic Reconstitution and Infection in Patients with Lymphoma after Autologous Hematopoietic Stem Cell Transplantation

Renzhi Hu, Jun Liu, Xiping Liang, Wenjun Zhang, Yixing Zhou, Qiyong Li, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective To investigate the impact of immune function on hematopoietic reconstitution and infection in lymphoma patients after autologous hematopoietic stem cell transplantation (auto-HSCT).

Methods A total of 20 patients with lymphoma who underwent auto-HSCT in Chongqing University Cancer Hospital from January 2021 to December 2021 were retrospectively analyzed. According to whether the number of CD4+T cells was greater than or equal to 200 cells /ul, the patients were divided into normal immune function group and immunocompromised group. The hematopoietic reconstitution of the two groups was observed, including the time of neutrophil engraftment and platelet engraftment, as well as the occurrence of infection, including the pathogen could not be identified in some patients with neutropenia, it was necessary to judge according to physical examination, laboratory and imaging examination or empirical antimicrobial treatment was effective.

Results 1. Immunocompetent and immunocompromised patients included 10 patients, respectively. The durations of neutrophil engraftment were 9.5 (7-12) days and 12 (8-15) days ($P = 0.007$), and the durations of grade 3 neutropenia were 1.5 (0-4) days and 3 (1-7) days ($P = 0.030$), respectively. The duration of grade 4 neutropenia was 9 (5-16) days and 11 (6-20) days, respectively ($P = 0.010$). There was no significant difference in platelet engraftment time and incidence of grade IV anemia between the two groups ($P > 0.05$). 2. The incidence of febrile neutropenia in immunocompetent group and immunocompromised group was 60% and 80%, respectively, and the median duration of febrile neutropenia was 3.5 (1-10) days and 5 (1-20) days, respectively ($P = 0.005$). 3. The incidence of infection in immunocompetent group and immunocompromised group was 20% and 30%, and the incidence of bloodstream infection was 20% and 30%. 4. The length of hospital stay in immunocompetent group and immunocompromised group was 31.5 (23-43) days and 37 (25-75) days, respectively ($P < 0.001$).

Conclusion The immune function of lymphoma patients before transplantation has a certain impact on hematopoietic reconstitution and infection. Normal immune function is superior to immunocompromised in terms of neutrophil engraftment, shortening the duration of febrile neutropenia, and the incidence of infection after transplantation.

PO-1176

Cyclin D1-Positive Expression Associated with Prognostic Significance and Clinicopathological Characteristics By Paving the Way For Proliferation in Diffuse Large B-cell Lymphomas

liangxiping liangxiping,Renzhi Hu,Chaoyu Wang,Tao Yang,Bingling Guo,Chunyan Xiao,Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective Cyclin D1 protein expression in lymphocytes is commonly associated with mantle cell lymphoma. However, it has rarely been reported in patients with diffuse large B-cell leukemia (DLBCL), particularly in Asia where studies on cyclin D1 expression in DLBCL are limited and often small. Furthermore, the clinical implications of cyclin D1 expression in Asia remain unclear.

Methods In this study, a total of 815 patients diagnosed with DLBCL and treated with R-CHOP or R-CHOP-like regimens over a five-year period were reviewed. The authors conducted clinical, immunohistochemical, and genetic analyses, with a specific focus on cyclin D1. Immunohistochemistry was used to identify cyclin D1-positive patients, and fluorescence in situ hybridization was employed to assess cyclin D1 gene (CCND1) rearrangements. A comparison was made between DLBCL patients with and without cyclin D1 expression in terms of clinical, immunohistochemical, and genetic features.

Results Among the DLBCL patients, 16 individuals (2.61%) exhibited cyclin D1 expression without CCND1 gene rearrangements. Cyclin D1-positive DLBCLs were observed in patients with a median age of 58.88 ± 4.07 years, with 93.75% of them classified as stage IV. The majority of cyclin D1-positive patients (81.25%) displayed elevated serum lactate dehydrogenase (LDH) levels and advanced international prognostic index (IPI) scores. Additionally, all cases exhibited a proliferation rate exceeding 80%, and a significant proportion (93.75%) demonstrated MYC expression. Cyclin D1-positive DLBCLs were associated with elevated LDH levels, higher IPI scores, advanced stage, increased Ki-67 proliferation, and MYC expression ($p < 0.05$). However, no significant differences were observed in other clinical characteristics and immunohistochemical features. Patients with cyclin D1 expression experienced shorter progression-free survival (PFS) and overall survival (OS) compared to cyclin D1-negative patients ($p < 0.05$). Next-generation sequencing (NGS) was performed to explore the molecular mechanisms underlying cyclin D1-positive DLBCL. Among the top 50 gene alterations identified, all samples exhibited BRD9 and NOTCH2NL gene mutations, while gene alterations in the PI3K/AKT signaling pathways were evident in cyclin D1-positive DLBCLs. Furthermore, a more pronounced variation in the MTOR gene was observed between cyclin D1-positive and negative patients. Notably, DLBCL patients with cyclin D1 expression frequently exhibited CDKN2A and CDKN2B gene deletions, known to regulate the cell cycle transition from G1 to S phase in tumors.

Conclusion Cyclin D1-positive DLBCL patients exhibited aggressive clinical behavior and inferior survival outcomes compared to DLBCL patients without cyclin D1 expression. NGS studies revealed a potential association between cyclin D1 expression and abnormal cell cycle transition and AKT pathway activation. These findings support the existence of a diagnostically challenging "gray zone" of DLBCL associated with cyclin D1 expression.

PO-1177

不同治疗策略对结外 NK/T 细胞淋巴瘤生存的影响： 来自真实世界单中心 408 例病例分析

王婕、杨云帆、徐娟、钟旭姝、唐文娇、张春兰、刘钦瑜、徐才刚
四川大学华西医院

目的 结外 NK/T 细胞淋巴瘤 (ENKTL) 呈高度侵袭性, 通常对以蒽环类药物为基础的化疗耐药, 放疗对局限性病灶具有优势。该研究是一项来自真实世界四川大学华西医院单中心的 408 例 ENKTL 病例分析, 旨在研究不同治疗策略对 ENKTL 生存的影响。

方法 该项目始于 2012 年启动的国际多中心以医院为基础的亚洲淋巴瘤研究, 我们对项目中单中心登记的 ENKTL 进行了研究, 纳入 2012 年 1 月 28 日至 2017 年 12 月 29 日共 408 例患者。

结果 408 名 ENKTL 病例中, 早期 (I 和 II 期) 患者一线治疗单用化疗 (n=27)、化疗+放疗 (n=249) 的 5 年 OS 分别为 56.7%、84.5%; 晚期 (III 和 IV 期) 患者一线治疗单用化疗 (n=66)、化疗+放疗 (n=31)、化疗+自体移植 (n=21) 的 5 年 OS 分别为 34.7%、80.2% 和 63.3%。我们随后探讨了不同化疗方案对 ENKTL 生存的影响。早期患者中, 以门冬酰胺酶为基础的方案 (n=264) 和不含门冬酰胺酶的方案 (n=14) 的 5 年 OS 分别为 83.0% 和 73.4%; 晚期患者中, 以门冬酰胺酶为基础的方案 (n=114) 和不含门冬酰胺酶的方案的患者 (n=4) 的 5 年 OS 分别为 54.7% 和 0%。上述差异均具有统计学意义。以门冬酰胺酶为基础的不同化疗方案的治疗反应也存在差异, 其中含门冬酰胺酶和吉西他滨在类的化疗方案作为一线治疗的 CR 率最高为 40%, 其次为含门冬酰胺酶和铂类的化疗方案 (CR 率为 28.6%)。

结论 不同治疗策略对 ENKTL 生存存在影响, 基于门冬酰胺酶为基础的治疗方案, 以及放疗合理使用, 改善了 ENKTL 的治疗结局。

PO-1178

Safety and Efficacy of Autologous HSCT in Nine Patients with AIDS-Related Non-Hodgkin Lymphoma

Jun Liu, Yixing Zhou, Shunsi Liang, Chensi Zeng, Lingqian Zhang, Dehong Huang, Chunyan Xiao, Tao Yang, Jieping Li, Qiyong Li, Yingyu Nan, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective To analyze the safety and efficacy of 9 AIDS-related non-Hodgkin lymphoma (AIDS-related non-Hodgkin lymphoma, AIDS-NHL) treated with autologous hematopoietic stem cell transplantation (auto-hematopoietic stem cell transplantation, ASCT).

Methods 9 patients with AIDS-NHL were prospectively treated for their safety and efficacy.

Results The male to female ratio of 9 AIDS-NHL patients was 8:1, and the median age was 38 years. The pathology types were 4 DLBCL, 2 PBL, 1 BL, 1 HGBL and 1 HL, including 3 patients with refractory relapse (1 each of DLBCL, HGBL and PBL). Except for three patients with refractory relapse, the remaining six patients underwent first-line autologous HSCT. One PBL stage was in stage I low-risk group and the remaining patients were in stage III – IV high-risk group. Before transplantation, one patient was progressive, one patient was in partial remission, and the other patients achieved complete remission after chemotherapy. All patients underwent autologous HSC mobilization using PEG-G-CSF, with all CD34 + cell numbers > 210 × 10⁶ / Kg. Transplantation pretreatment was performed with the BeEAM protocol, with a median time to granulocyte engraftment of 11 days and a median time to platelet engraftment of 14 days, with no transplant-related death. Two patients who did not achieve CR before transplantation all died due

to disease progression within 3 months after transplantation, and the remaining patients remained in complete disease remission through follow-up until February 28,2023.

Conclusion AIDS-NHL patients are aggressive and have a poor prognosis, and active treatment is needed to improve their long-term survival. Our center prospectively performed autologous HSCT in nine patients with AIDS-NHL, and the results showed that the time of granulocyte and platelet engraftment was consistent with that of ordinary NHL patients, with no transplant-related death and was well tolerated. Failure to achieve complete remission before transplantation may be one of the adverse factors for the early death of patients.

PO-1179

Treatment Pattern and Survival of Human Immunodeficiency Virus Infection-related Lymphoma in China 2008-2021

Jun Liu, Chaoyu Wang, Tao Yang, Jieping Li, Yingyu Nan, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective Over the past few decades, little has been known about HIV-related lymphoma, and there has been a lack of treatment. However, with the development of cART therapy in the 1990s, the survival of HIV-related lymphoma patients has been significantly improved, but there is still a lack of large-scale data reports on HIV-related lymphoma patients in China. Therefore, we performed a multi-center study to analyze the clinical characteristics and outcomes of HIV-related lymphoma patients in China.

Methods We retrospectively analyzed the data of 443 patients with human immunodeficiency virus infection-related lymphoma from eleven large academic centers in China from 2008 to 2021.

Results In the entire cohort, the median age was 47 years (range, 18-90) at lymphoma diagnosis, and 364 patients were male (82.2%). More than half of the patients came from public health treatment centers. The most common type of pathology was DLBCL (61.6%) and BL (10.6%). Most patients had elevated lactate dehydrogenase (56.2%), bulky tumor (30.7%), B symptoms (39.3%), extranodal involvement (52.8%), and advanced Ann Arbor stage (60.3%) at diagnosis. High international prognostic index (IPI) score (3-5) at diagnosis was found in 58.7% of patients. The number of patients with CD4 cell count below 200/ μ L was 244, accounting for 55.1% of the total. The percentage of patients who gave up chemotherapy was as high as 15.6%.

The median follow-up of our cohort was 10.1 (0.1-160) months. The overall 1-year OS rates were 70.2%. Cox univariate analysis showed that education level (HR=0.682, 95%CI 0.468-0.994; $p=0.046$), B symptoms (HR=0.730, 95%CI 0.562-0.948; $p=0.018$), PLR (ratio of the number of platelets to the number of lymphocytes) (HR=1.000, 95%CI 1.000-1.001; $p=0.044$), elevated LDH (HR=0.607, 95%CI 0.463-0.769; $p=0.000$), extranodal involvement (HR=1.498, 95%CI 1.141-1.968; $p=0.004$) were independent risk factors for adverse prognosis based on overall survival (OS). The overall 1-year PFS rate was 67.4%. Cox univariate analysis showed that age ≥ 60 (HR=1.819, 95%CI 1.197-2.763; $p=0.005$), anemia (Hb < 120g/L) (HR=1.564, 95%CI 1.099-2.226; $p=0.013$), LDH (HR=3.646, 95%CI 2.115-6.286; $p=0.000$), CNS involvement (HR=2.209, 95%CI 1.384-3.524; $p=0.001$) were independent risk factors for adverse prognosis based on progression-free survival (PFS).

Conclusion This is the largest retrospective study of HIV-associated lymphoma in China to date. Our results show that the proportion of men with HIV infection is much higher than that of women, which is positively correlated with the proportion of HIV infection. Patients with HIV-associated lymphoma have more risk factors at first diagnosis, including late stage, high risk layer, elevated LDH, extranodal involvement, and low CD4 cell count.

PO-1180

Clinical Analysis of 22 Cases of HIV-Associated Hodgkin Lymphoma in China

Chaoyu Wang, Jun Liu, Tao Yang, Jieping Li, Yingyu Nan, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective Knowledge of HIV associated Hodgkin lymphoma mainly comes from case series or retrospective studies. Further, these criteria and guidelines have not been systematically evaluated. To investigate the clinical characteristics, response, and prognosis of HIV associated Hodgkin lymphoma in China.

Methods A total of twenty-two cases of human immunodeficiency virus infection-related Hodgkin lymphoma patients from 5 Chinese hospitals were enrolled in this study, between December 2013 and June 2022. Data on the clinical features, laboratory results, response, and prognosis were collected and analyzed.

Results The median age at diagnosis was 44(22-60) years. All patients were infected with HIV through sexual transmission, with ten cases transmitted through man sex with man and twelve cases transmitted through heterosexual transmission. Nine patients were diagnosed with lymphoma and found to be infected with HIV. Five cases were in stage III, and seventeen cases were in stage IV. After a median follow up of 30.6 (4.0~112.9) months, 17 cases were alive after ABVD regimen chemotherapy combined with antiretroviral therapy. The 3-year PFS and OS rate were 80.8% and 85.9%, respectively.

Conclusion HIV associated Hodgkin lymphoma exhibit an invasive process in clinical practice, and standardized treatment can achieve long-term survival.

PO-1181

Chidamide with Azacitidine and CHOP Treatment Plus Autologous Transplantation, Followed by Maintenance with Chidamide for Patients with Newly Diagnosed Peripheral T-Cell Lymphoma: Interim Analysis of a Prospective, Single Center, Single-arm, Phase 2 Trial

chunyan xiao, Yao Ding, Chensi Zeng, Lingqian Zhang, Bingling Guo, Yingyu Nan, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective The standard first-line treatment for peripheral T-Cell Lymphoma (PTCL) is cyclophosphamide, doxorubicin, vincristine, and prednison (CHOP), but the treatment effect is poor, the 5-year overall survival(OS) was only 30-40%. We aimed to evaluate the efficacy and safety of chidamide with azacitidine and CHOP treatment plus autologous stem-cell transplantation and of maintenance treatment with chidamide in newly diagnosed peripheral T-Cell Lymphoma (PTCL).

Methods This is an ongoing prospective, single center, single-arm, phase 2 trial. We enrolled newly diagnosed PTCL patients (NK/T lymphoma and ALK positive T cell lymphoma were excluded) and used 21-day Chi+AZ-CHOP regimen for induction therapy. Subjects received CHOP on day 1 combined with azacitidine 100mg was subcutaneous injected daily for 5 days and oral chidamide 20mg two times per week of each cycle. 17 subjects received PEG-rhG-CSF Supportive care after treatment. These subjects who evaluated PR or CR remission after 4 to 6 courses of induction therapy will perform autologous hematopoietic stem

cell transplantation(ASCT), followed by oral chidamide 20mg two times per week maintenance. The primary endpoints is ORR per 2014 IWG criteria. Secondary endpoints include CR, safety and survival.

Results From 3/2021 to 7/2023, 35 subjects with previously untreated PTCL were enrolled in Chongqing University Cancer Hospital, and the study met its accrual. At study entry, 22 patients (62.8%) were angioimmunoblastic T-cell lymphoma (AITL), 4 patients (11.4%) were monomorphic epitheliotropic intestinal T-cell lymphomas (MEITL), 3 patients (8.6%) were Peripheral T Cell Lymphoma, Not Otherwise Specified (PTCL-nos), 2 patients (5.7%) were Mycosis fungoides (MF), 4 patients (11.4%) were anaplastic large cell lymphoma; ALK-negative (ALCL-ALK). The median age was 55 years (range 27-70), and the M:F ratio was 1.5:1. 26 patients (74.3%) had stage III/IV disease, 6 (17.1%) had bone marrow involvement, and 11 (31.4%) had IPI 3-5. By July 2023, 3 subjects did not return to the hospital for further treatment after the first cycle. 32 subjects received Chi+AZ-CHOP regimen treatments at least 2 cycles, median treatment cycles were 4 cycles. 2 subjects progressed during the treatment, 10 subjects were performed with autologous hematopoietic stem cell transplantation. The ORR was 87.5% with CR at 46.9% (n=32). The assessment after autologous hematopoietic stem cell transplantation (n=10), ORR was 100% and CR was 90%. To date, evaluation of outcomes in patients with AITL at the end of induction (n=17), ORR was 94.1% and CR was 52.9%. Treatment was generally well tolerated with expected side effects. The most common grade 3-4 hematologic adverse events were neutropenia (45%), febrile neutropenia (40%), anemia (25%) and thrombocytopenia (15%). Grade 3-4 non-hematologic toxicities included hypokalemia (35%), nausea (30%), vomiting (20%), fatigue (30%), and elevated ALT (4.8%). No treatment-related deaths have been studied so far.

Conclusion This trial proved that chidamide combined with azacytidine +CHOP is feasible and safe in the treatment of peripheral T-cell lymphoma. Especially, achieved a high CR rate in the induction therapy phase of AITL subtype. Although neutropenia is the most common adverse reaction, it is generally safe and controllable.

PO-1182

Clinical Study on the Efficacy and Safety of PEG rhG-CSF for Autologous Hematopoietic Stem Cell mobilization in Lymphoma and Multiple Myeloma: A Randomized Controlled, Multicenter Clinical Study

Lingqian Zhang, Jun Li, Wenjun Zhang, Bingling Guo, Chongling Hu, Xi Quan, Chensi Zeng, Yao Ding, Tao Yang, Zailin Yang, Tingting Liu, Jieping Li, Yingyu Nan, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective PEG rhG-CSF has been widely used in the prevention and treatment of bone marrow suppression after chemotherapy for a variety of tumors, but whether it can be used for lymphoma and Multiple myeloma autologous hematopoietic stem cell mobilization has no relevant clinical evidence. Therefore we carried out this randomized controlled, multicenter clinical study to evaluate the efficiency and safety of PEG-rhG-CSF in the mobilization of autologous hematopoietic stem cells for lymphoma and Multiple myeloma.

Methods This experiment selected an appropriate mobilization based on the patient's willingness and physical condition of the subjects. Chemotherapy mobilized patients underwent bone marrow mobilization when white blood cells reached their lowest point and began to rebound. The experimental group received a fixed dose of 12mg of polyethylene glycol recombinant human granulocyte stimulating factor injection (PEG-rhG-CSF) for mobilization; the control group received recombinant human granulocyte stimulating factor (rhG-CSF) 5-10µg/kg daily. Collect

blood and bone marrow samples from patients daily and test white blood cells and CD34+cells every day. Record CD34+cells proportion until its quantity reached 2×10^6 proportion. The interval from mobilization to collection, the time for hematopoietic reconstruction after transplantation, and complications were also collected.

Results A total of 60 patients were included in this study, including 31 in the experimental group and 29 in the control group. There were no statistically significant differences in gender, age, disease classification, and pre harvest CD34+levels between the two groups of patients. The CD34+cells collected from both the experimental and control groups reached $\geq 2.0 \times 10^6/\text{kg}$ and there was no statistically significant difference (Figure 1). There was no statistical difference between the experimental group and the control group in terms of CD34+cell collection frequency, CD34+cell count, interval from mobilization to collection time, neutrophil reconstruction time, and platelet reconstruction time. In terms of related side effects there was no statistically significant difference in the incidence of rash, fever, infection, and diarrhea between the two groups of patients. The incidence of bone pain in all patients was 15% (9/60), with 8 cases being mild and only 1 case being moderate. There was no significant statistical difference in the incidence of bone pain between the experimental group and the control group.

Conclusion PEG-rhG-CSF is safe and effective for autologous hematopoietic stem cell mobilization in lymphoma and Multiple myeloma, and its efficacy is consistent with that of rhG-CSF. However, the subcutaneous injection of rhG-CSF is less frequent, which is easier for patients to accept.

PO-1183

Risk Factors of Venous Thromboembolism in Lymphoma Patients: A Meta-analysis

Cuiting Jiang, Jing Lv, Luxiang Xu, Tingting Liu, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective The prevalence and risk factors of venous thromboembolism (VTE) in lymphoma patients have been extensively studied, but with varying degrees of research quality and inconsistent findings. The primary objective of our study was to investigate the prevalence and identify risk factors associated with VTE in lymphoma patients.

Methods We conducted a systematic search of PubMed, EMBASE, Web of Science, and Cochrane Library databases up to February 2023 to identify relevant studies investigating VTE in lymphoma patients. We calculated the pooled odds ratio using a fixed- or random-effect model and evaluated the quality of each study using the Newcastle-Ottawa Scale. To evaluate the robustness of our findings, we conducted sensitivity analysis. We also identified any potential publication bias using funnel plots and Egger's test. Two researchers independently assessed eligibility and extracted data to ensure accuracy.

Results Our analysis included a total of 17 studies with a combined sample size of 4,983 lymphoma patients (Figure 1). The pooled prevalence of VTE among these patients was 12% (with a confidence interval of 0.09-0.15). Sensitivity analyses were performed, and the results were consistent with the overall pooled estimate. Our meta-analysis revealed that several factors were significant risk factors for VTE in lymphoma patients, including female sex, older age, history of VTE, DLBCL lymphoma type, Ann Arbor stage III-IV, higher ECOG-PS, bulky disease, central nervous system involvement, WBC count $>11 \times 10^9/\text{L}$, D-dimer level $>0.5 \text{mg}/\text{L}$, central venous catheterization, and treatments with doxorubicin ($P < 0.05$) (Table 1). However, the funnel plot suggested that there may be some potential publication bias, which was further confirmed by statistical tests. Nevertheless, the results of the trim-and-fill method demonstrated that the pooled estimate remained stable after the addition of nine "missing" studies.

Conclusion Our study revealed that the pooled prevalence of VTE in OC was approximately 12% across lymphoma patients. Risk factors for VTE were identified which may aid in preventative measures for VTE in lymphoma patients.

PO-1184

HIV-related Diffuse Large B Cell Lymphoma Influences on T Cell Exhaustion

Tingting Jiang, Yu Peng, Xuxi Tang, Zailin Yang, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective HIV infection leads to T cell dysfunction, which triggers increased incidence of diffuse large B cell lymphoma (DLBCL). It has been shown that PD-1 inhibitors can better restore T cell function and effectively treat HIV-related lymphoma. However, the specific mechanism on the treatment of HIV-related DLBCL patients with PD-1 inhibitors is ambiguous, and related studies on the expression of PD-1 on T cells have not been reported. This study aimed to explore the regulatory role of altered immune function status in the microenvironment of HIV-related DLBCL and to analyze hyper-exhausted T cell subsets.

Methods Three patients with DLBCL, two patients with HIV and 11 patients with HIV-related DLBCL who were treated from September 2021 to December 2022 at the Chongqing University Cancer Hospital of were included. Single cell sequencing was used to analyze immune cell and tumor cell related genes in patients' lymph node tissues. Gene set enrichment analysis (GSEA) was used to find the expression of exhaustion genes and related signaling pathways in immune cells. Relevant exhausted immune cells were analyzed and validated by flow cytometry.

Results Compared to the HIV and DLBCL groups, the HIV-related DLBCL group had a higher level of expression of the gene PDCD1, a higher level of expression of CD23 in normal B lymphocytes, and a greater difference in malignant B lymphocytes, with a lower percentage of TCF1-positive exhausted T cells and a higher level of CXCL13-positive exhausted T cells. Compared with the HIV group, the percentage of follicular helper T cells (Tfh) was lower in the HIV-related DLBCL group. The results of the Pseudotime showed two main developing directions of TCF1-positive exhausted T cells. The state2 was primarily the direction of TCF1-positive exhausted T cell development in the HIV group and the HIV-related DLBCL group, and the state3 was primarily the direction of TCF1-positive exhausted T cell development in the DLBCL group and the HIV-related DLBCL group. Flow cytometry results showed that the HIV-related DLBCL group had a higher level of PD-1 expression compared to the HIV and DLBCL groups.

Conclusion Patients with HIV-related DLBCL are more at risk of T cell exhaustion. In this study, we found that HIV-related DLBCL induced T cell exhaustion has different states and shows two differentiation directions, and state2 may correlate with HIV-induced T cell exhaustion. T cell exhaustion states may be used for disease status and clinical efficacy assessment of HIV-related DLBCL.

PO-1185

Treatment and Survival in patients with localized primary ocular adnexal MALT lymphoma: a large bicentric cohort study

Linrui Gao¹, Li Xin¹, Ye-Xiong Li¹, Liang Wang², Shu-Nan Qi¹

1. Cancer Hospital & Institute, Chinese Academy of Medicine Sciences (CAMS) & Peking Union Medical College (PUMC)

2. Beijing TongRen Hospital, Capital Medical University

Objective Despite the generally favorable prognosis of primary ocular adnexal mucosa-associated lymphoid tissue lymphoma (POAML), there is limited understanding of the extent to which POAML impacts a patient's risk of death and how different treatment managements affect prognosis and toxicities in this specific MALT site.

Methods This study analyzed major long-term outcomes of patients with POAML lymphoma and the prognostic significance of baseline clinical features. We reviewed the clinical features, treatments, disease course and long-term outcome of 262 patients with Ann-Arbor stage IE POAML diagnosed between 2000 to 2012. Outcomes were analyzed using crude overall survival (OS) and relative survival (RS) by standardized mortality ratio (SMR). A cross-sectional study was conducted using OSDI questionnaires to evaluate the long-term ocular adverse effects.

Results The median age was 55 years. With a median follow-up of 66 month, the 5-year OS, lymphoma-specific mortality and competing non-lymphoma mortality were 96.8%, 0.4% and 2.3%, respectively, and the estimated 10-year corresponding rates were 90.0%, 0.4% and 4.2%; the overall SMR was 1.02 (95% confidence interval [CI]: 0.60-1.61, P = 0.963). The OS and RS rates were similar across the treatment groups; however, RT associated with significantly decreased risks of failure (11.0%, n = 82, p = 0.006), compared to observation (33.3%, n = 81), surgery (28.6%, n = 70), and CT/IT groups (24.1%, n = 29). The cross-sectional study revealed an increased but minor dry eye toxicity with RT.

Conclusion Overall, patients diagnosed with stage IE POAML lymphoma had similar long-term survival to the general population. RT associated with lower failure rates and minor ocular adverse effects.

PO-1186

TAFRO 综合征一例并文献复习

王萌、孙楠楠、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 探讨 TAFRO 综合征患者的临床特征, 治疗及预后, 提高对 TAFRO 综合征的认识。

方法 报道 1 例 TAFRO 综合征的临床特征, 实验室检查指标, 诊治经过及转归, 并进行相关文献复习和讨论。

结果 患者, 男, 59 岁, 因“发热、腹胀、下肢水肿 10 余天, 加重伴呼吸困难 3 天”入院。表现为反复发热, 双下肢水肿, 多浆膜腔积液, 血小板减少, 少尿, 肾功能异常; 完善相关检查, 出血热抗体、Adamts13 活性、骨穿活检及 PET-CT 等检查无异常, 诊断为 TAFRO 综合征, 经糖皮质激素抑制免疫治疗, 输注血小板支持治疗后, 患者病情无明显好转, 给予 R-VCD 方案化疗, 患者尿量逐渐减少, 进展至无尿, 肌酐进行性增高, 患者不同意性 CRRT 治疗, 放弃治疗自动出院。

结论 TAFRO 综合征是一组临床症状的组合, 多系统受累, 早期识别并及时给予针对性治疗, 有利于改善患者生存。

PO-1187

老年淋巴瘤患者 COVID-19 感染多中心调研报告： 代表江苏老年淋巴瘤（JCLG）

路萧^{1,27}、朱华渊^{1,27}、张孝平^{2,27}、华海应^{3,27}、张捷^{4,27}、苗雨青^{5,27}、顾伟英^{6,27}、徐敏^{7,27}、卢绪章^{8,27}、李炳宗^{9,27}、王春玲^{10,27}、倪海雯^{11,27}、钱军^{12,27}、施锦宁^{13,27}、徐茂忠^{14,27}、吴光启^{15,27}、张云平^{16,27}、沈秋丹^{17,27}、王智^{18,27}、朱剑峰^{19,27}、程珍^{20,27}、庄万传^{21,27}、林国强^{22,27}、胡永军^{23,27}、善慧蓉^{24,27}、陈益飞^{25,27}、邱宏春^{26,27}、李建勇^{1,27}、施文瑜^{4,27}

1. 南京医科大学第一附属医院 江苏省人民医院血液科（南京，210029）
2. 东南大学附属中大医院血液科（南京，210009）
3. 江南大学附属医院 无锡第三人民医院血液科（无锡，214000）
 4. 南通大学附属医院肿瘤科，（南通，226006）
 5. 盐城市第一人民医院血液科，（盐城，224006）
 6. 常州市第一人民医院血液科，（常州，213004）
 7. 张家港第一人民医院血液科，（苏州，215699）
 8. 常州市第二人民医院血液科，（常州，213004）
 9. 苏州大学第二附属医院血液科，（苏州，215004）
 10. 淮安市第一人民医院血液科（淮安，223399）
11. 南京中医药大学附属医院 江苏省中医院血液科（南京，210004）
12. 江苏大学附属医院 镇江市第一人民医院血液科（镇江，212002）
13. 南京医科大学附属江宁医院血液科（南京，211199）
 14. 江阴市人民医院血液科（无锡，214499）
 15. 宿迁市第一人民医院血液科（宿迁，223812）
 16. 江苏大学附属宜兴医院血液科（无锡，214206）
17. 南京医科大学附属苏州医院 苏州市立医院血液科（苏州，215008）
 18. 无锡市第二人民医院血液科（无锡，214001）
 19. 泰州市第二人民医院血液科（泰州，225511）
 20. 太仓市第一人民医院血液科（苏州，215413）
 21. 连云港第二人民医院血液科（连云港，222002）
 22. 淮安市第二人民医院血液科（淮安，223022）
 23. 淮安市淮阴医院血液科（淮安，223399）
 24. 沭阳县中医院血液科（宿迁，223614）
 25. 扬州市江都人民医院血液科（扬州，225202）
 26. 昆山第三人民医院血液科（苏州，215316）
 27. 江苏省淋巴瘤合作组（JCLG）（南京，210000）

目的 本研究旨在了解中国江苏省老年淋巴瘤患者疫苗接种、淋巴瘤状态及治疗、新型冠状病毒感染临床特征和结局转归

方法 对江苏省 2022 年 12 月至 2023 年 6 月就诊的老年淋巴瘤患者（年龄≥60 岁）的 COVID-19 感染情况，采取问卷及电话随访调研，调研内容包括：基本信息、淋巴瘤状态及治疗、COVID-19 感染严重程度及结局等

结果 本研究共随访 402 名患者，其中 364 人在随访期间确诊新型冠状病毒感染。中位年龄 70 岁（60-92 岁）。根据我国新型冠状病毒感染诊疗方案（试行第十版），这些患者中 45.6%（166/364）诊断为轻型 COVID-19 感染，54.4%（198/364）诊断为重型 COVID-19 感染，所有重型感染患者均住院治疗。只有 43.9% 的患者在感染新冠前接种过两剂及以上的新冠疫苗接种。在整个队列的单因素分析中，年龄>70 岁（OR 1.88；95% CI 1.24-2.85, p=0.003）、合并其他疾病（OR 1.41；95% CI 1.41-1.11, p=0.005）、活动性淋巴瘤（进展期或复发/难治性淋巴瘤，OR 2.02；95% CI 1.53-2.67, P<0.001）、既往治疗≥2 线（OR 1.88, 95% CI 1.42-2.47, P<0.001）和新冠感染前 1 月内接受淋巴瘤治疗（OR 1.90, 95% CI 1.53-2.36, P<0.001）与重型 COVID-19 感染相关。在淋巴瘤治疗方面，过去 6 个月内接受过 CD20 单抗治疗在侵袭性淋巴瘤队列（OR 2.17, 95% CI 1.21-3.88, p=0.009）和惰性淋巴瘤队列（OR 5.67, 95% CI 1.97-16.29, p=0.001）中都与重型

COVID-19 感染有关。而在惰性淋巴瘤队列中，BTK 抑制剂单药维持治疗可能使 COVID-19 感染症状较轻 (OR 0.44, 95% CI 0.20-0.97, $p=0.043$)。随访期间 7.7% (28/364) 的患者死亡，死亡率随淋巴瘤状态越差升高 [疾病控制: 8.67% (15/173); 病情稳定: 9.80% (5/51); 活动期: 16.67% (6/36), $P=0.006$]

结论 老年淋巴瘤患者 COVID-19 疫苗接种比例低，重型 COVID-19 感染比例高。疾病处于活动期、既往多线治疗、高龄患者、合并多个疾病、6 个月内 CD20 单抗治疗可能是加重 COVID-19 感染的风险因素。

PO-1188

炎症因子水平在艾滋病合并非霍奇金淋巴瘤诊断中的预测价值

陈星好、周奇文、陶鹏飞、钱川、王丹青、林森、闵海燕
云南省传染病专科医院 (云南省艾滋病关爱中心云南省心理卫生中心)

目的 探讨血清 C 反应蛋白 (CRP)、降钙素原 (PCT)、白介素 6 (IL-6) 及 D-二聚体 (D-D) 四个炎症因子水平在艾滋病 (AIDS) 合并非霍奇金淋巴瘤 (NHL) 诊断中的预测价值。

方法 选取云南省传染病专科医院 2017 年 6 月至 2021 年 6 月因 NHL 住院的 78 例艾滋病患者，分析血清 CRP、PCT、IL-6 及 D-D 水平与 NHL 临床病理特征的关系，评价其对预后不良 NHL 患者的诊断价值。

结果 78 例患者中，男 58 例，女 20 例，发病年龄 21-73 岁，中位年龄 46 岁。NHL 临床诊断分期：II 期 6 例 (7.7%)，III 期 18 例 (23.1%) 和 IV 期 54 例 (69.2%)。ECOG 评分：0-1 分 16 例 (20.5%)，2-4 分 62 例 (79.5%)。国际预后指数 (IPI) 评分：预后良好组 ($IPI \leq 2$) 26 例 (33.3%)，预后不良组 ($IPI > 2$) 52 例 (66.7%)。CRP 水平与患者 NHL 分期、ECOG 评分及 IPI 评分相关 ($P < 0.05$ 或 $P < 0.01$)，PCT 水平与患者 NHL 分期、有无 B 症状、ECOG 评分及 IPI 评分相关 ($P < 0.05$ 或 $P < 0.01$)，IL-6 水平与患者 NHL 分期、ECOG 评分及 IPI 评分相关 ($P < 0.05$)，D-D 水平与患者 NHL 分期、ECOG 评分及 IPI 评分相关 ($P < 0.01$)。AIDS 合并 NHL III、IV 期患者血清 CRP、PCT、IL-6 及 D-D 水平高于 I、II 期 ($P < 0.05$)；AIDS 合并 NHL 患者预后不良组血清 CRP、PCT、IL-6 及 D-D 水平高于预后良好组 ($P < 0.05$)。血清 CRP、PCT、IL-6 及 D-D 水平与 NHL 分期及 IPI 评分呈正相关 ($P < 0.05$)，且 CRP、PCT、IL-6 及 D-D 四者之间具有相关性 ($P < 0.05$)。CRP、PCT、IL-6 及 D-D 诊断预后不良 AIDS 合并 NHL 患者的 AUC 分别是 0.791、0.859、0.720、0.854，四者联合检测时 AUC 为 0.899。

结论 AIDS 合并 NHL 高危及预后不良患者血清 CRP、PCT、IL-6 及 D-D 水平明显升高，可作为 AIDS 合并 NHL 潜在的诊断和预后生物标志物，四者联合检测可提高预后不良 NHL 患者的诊断效能。

PO-1189

中国 EBV 相关淋巴细胞增殖性疾病 住院儿童的流行病学和疾病负担

迪拉热·迪力木拉提、王然、谢正德
首都医科大学附属北京儿童医院

目的 淋巴细胞增殖性疾病 (LPD) 是一组涉及淋巴组织或淋巴细胞、具有谱系的淋巴增殖性疾病，包括非肿瘤性增殖性疾病和肿瘤性疾病。EB 病毒 (EBV) 属于人疱疹病毒 γ 亚科，原发性 EBV 感

染主要累及 B 淋巴细胞，最常见的表现为传染性单核细胞增多症（IM），系良性自限性疾病。少数情况下，EBV 也可感染 T 淋巴细胞或 NK 细胞，导致持续活动性感染或者病毒的再激活，引起 EBV 相关 LPD（EBV-LPD）。除 IM 以外，EBV-LPD 表现各异、预后差异大、疾病负担较重，因此，了解 EBV-LPD 流行病学和疾病负担有助于制定疾病监测和控制策略、指导病因研究和治疗策略，然而针对我国住院患儿的相关数据尚较缺乏。

方法 基于福棠中心病历首页（FUTURE）数据库，本研究收集了自 2016 年 1 月至 2021 年 12 月全国共 27 家三级儿童医院的出院病历首页信息，统计分析了 EBV-LPD 住院患儿的社会人口学和基本医疗信息。根据 WHO 分类，我们统计了噬血细胞淋巴组织细胞增生症（HLH）、EBV 阳性 T 细胞增殖性疾病（EBV+ T-LPD）、NK/T 细胞淋巴瘤（NKTL）、结外 NK/T 细胞淋巴瘤（鼻型）、未明确分类的 T 细胞淋巴瘤（TCL）、儿童系统性 EBV 阳性 T 细胞增殖性疾病、慢性 NK 细胞淋巴组织增生性疾病（CLPD-NK）和移植后淋巴增殖性疾病（PTLD）8 种 EBV-LPD。

结果 本研究共纳入 479 例 EBV-LPD 住院患儿，占同期总体住院患儿比例为 0.06%（100/1,592,103）。患儿男女比例为 1.40:1，发病年龄较多分布于 6~12 岁。8 种 EBV-LPD 中，TCL 病例数最多（201 例）。EBV-LPD 患儿均存在并发症，主要为呼吸道感染、肝功能损害、HLH 等。死亡病例共 7 例，其中 HLH 4 例、EBV+ T-LPD 1 例和 TCL 2 例。NKTL 的疾病负担最高，住院时长中位数为 26.5 天（IQR 3–42），住院费用中位数为 8,833.31 USD（IQR 1,104.24–26,001.48）。

结论 EBV-LPD 于各年龄段均可发病，但以学龄期儿童多见，疾病负担整体较重，以 NKTL 的疾病负担最高。总之，本研究对我国 EBV-LPD 住院患儿的疾病负担的分析将有助于合理配置卫生资源，也为制定措施提供参考依据。

PO-1190

Application of Comprehensive Nursing Program Based on Evidence-based Concept in Patients with HIV-related Lymphoma

Jing Lv, Xiang Xu, Cuiting Jiang, Xia Wang, Yuhong Deng, Qin Luo, Tingting Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective To explore the application and effect of comprehensive nursing program based on evidence-based concept in patients with HIV-related lymphoma.

Methods 148 patients with HIV-related lymphoma were randomly divided into control group and observation group, with 74 cases in each group. The control group was given routine nursing, while the observation group was given comprehensive nursing on the basis of routine nursing. The HIV Self-management Scale, Herth Hope Index and WHO Quality of Life Questionnaire for HIV Brief Version were used to evaluate the score of self-management, hope and quality of life of patients in the two groups before and after intervention. The level of chemotherapy compliance and the incidence of complications were also compared between the two groups.

Results Compared with the control group, the scores of self-management, hope and quality of life in the observation group were significantly higher ($P < 0.05$), the compliance of chemotherapy and the incidence of complications in the observation group were significantly lower than those in the control group ($P < 0.05$).

Conclusion The comprehensive nursing program based on evidence-based concept can effectively improve the self-management ability, the level of hope and quality of life of the patients with HIV-related lymphoma after chemotherapy, it is worth popularizing in clinic to improve the compliance of patients and reduce the incidence of complications.

PO-1191

High frequency mutant genes and prognosis value of HIV-related diffuse large B-cell lymphoma

Yu Peng, Longrong Ran, Mingyu Zhao, Zailin Yang, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective Diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) is the most common subtype in AIDS-related lymphoma (ARL) in HIV-infected patients, and the probability of DLBCL in HIV-infected patients is up to 17 times higher than that of the healthy population. However, the genetic mutation profile of HIV-associated DLBCL is still controversial, and the gene regulatory mechanism of HIV infection leading to the high incidence of DLBCL is still unclear.

Methods A total of 12 HIV-positive DLBCL and 39 HIV-negative DLBCL patients who treated in Chongqing University Cancer Hospital from March 2022 to October 2022 were enrolled. Tumor tissue samples were selected to detect by second-generation sequencing technology, and gene heat mapping was used to analyze the high-frequency mutant genes in HIV-positive lymphoma patients, comparing the differences mutant genes between HIV-positive and HIV-negative DLBCL patients. The specific mutant genes in HIV-positive DLBCL were screened, and Kaplan-Meier estimate the impact of specific gene changes on disease prognosis in analyze DLBCL lymphoma.

Results Compared with HIV-negative DLBCL patients, 12 patients with HIV-positive DLBCL were mostly male (91.7%), and the disease subtype was mostly germinal center B-cell like(GCB) subtype (75%). HIV-positive DLBCL patients were associated with EBV infection, elevated LDH, increased proportion of CD4+ cells < 200 (cell/ul), and more aggressive. The gene heat mapping results showed that TP53, TBL1XR1 and KMT2D had higher mutations in HIV-positive DLBCL and HIV-negative DLBCL patients. Compared with HIV-positive DLBCL, HIV-negative DLBCL patients were more likely to have gene mutations such as IGLL5, KMT2C, CD79B, BTG1, HIST1H1E, TNFRSF14, B2M. Compared with HIV-negative DLBCL patients, HIV-positive DLBCL patients detected more complex gene mutation sites, and were more common to have gene mutations including TP53, LRP1B, MYC, NOTCH2, SPEN, EP300, SOCS1, TYK2, ARID1A, GNA13, MAP2K1. Among those gene mutations, LRP1B, MYC, TYK2 have a higher probability in HIV-positive DLBCL patients ($P < 0.05$). Compared with HIV-negative DLBCL patients, HIV-positive DLBCL patients have a worse prognosis by Kaplan-Meier analysis, and patients with LRP1B, MYC, TYK2 mutations had a longer time to achieve complete remission.

Conclusion HIV-positive DLBCL patients are more prone to gene mutations, and the mutant genes are more complex and diverse. LRP1B, MYC and TYK2 gene mutations may play an important role in the occurrence and development of HIV-positive DLBCL and affect the prognosis of patients.

PO-1192

一例继发中枢神经系统淋巴瘤及噬血细胞综合征、EB病毒阳性的原发皮肤 DLBCL 的诊治及文献复习

蒋端凤、张英辉、孟杰、钟瑞兰、吉训秀、纪懿、梁昌玖、颜悦、董敏
海南医学院第二附属医院（海南医学院附属农垦总医院）

目的 探索新型 BTK 抑制剂奥布替尼在罕见类型结外 DLBCL 中的治疗作用。

方法 对 1 例 PC-DLBCL 患者接受以奥布替尼为基础的方案治疗的病史资料进行分析，并复习相关文献。

结果 男性患者，52 岁，于 2022-5-27 因“发现小腿皮疹 2 月，新发左手臂、前胸壁皮疹硬结 1 月”

至外院行皮肤活检示肿瘤待排。于 2022-6-4 因“头痛 1 月，发热伴左眼睑下垂半月”住神经内科，脑脊液 mNGS 示高序列 EB 病毒，诊断“EB 病毒性脑炎”；经地塞米松、更昔洛韦等治疗，小腿皮疹好转。于 2022-6-15 经会诊考虑 HLH 转入血液科，经评估患者特点如下：1.病理示左上臂真皮层及皮下组织内见结节状、弥漫分布淋巴细胞，呈浸润性生长、中等大小，部分围绕神经，结合免疫组化符合 EBV 阳性 DLBCL，生发中心外来源。2.以左小腿皮疹首发，继而左手臂及左胸前壁红色或梅花色皮疹、皮下硬结，全身 CT 增强、骨髓活检未见特殊。3.头颅 MRI 增强及血管 CTA 未见占位及脑血管疾病，脑脊液 EBV-DNA、蛋白、IgA 和 IgG 定量、单个核细胞均明显增高，抗感染、抗病毒效果不佳。4.反复高热，血细胞减少，高甘油三酯，高铁蛋白，骨髓噬血细胞增多，sCD25 增高。因此诊断 1.PC-DLBCL（ABC 亚型，EBV+，IVB 期）；2.淋巴瘤噬血细胞综合征；3.继发中枢神经系统淋巴瘤（CNSL）可能大。淋巴瘤病理分期明确前给予地塞米松联合依托泊苷治疗噬血，发热症状改善后序贯 R-CHOP 方案化疗+每周 1-2 次腰穿鞘注治疗，1 疗程后症状消失，血象正常，皮疹明显吸收；2 疗程后偏瘫体征、皮疹消失，脑脊液正常。于 2022-8-3 行第 3 疗程化疗前淋巴瘤进展：再次发热、头痛、偏瘫；头颅 MR 增强可见一 2cm 病灶，部分强化；脑脊液蛋白、细胞数增高；全身 CT 增强及骨髓活检无特殊。考虑继发 CNSL，因患者无 CAR-T 序贯自体或异基因 HSCT 意愿、无合适临床试验，选择奥布替尼+利妥昔单抗联合 Hyper-CVAD 方案治疗，大剂量 MTX 期间暂停三联鞘注。2 个疗程后症状好转，脑脊液正常，颅内病灶消失。因骨髓毒性不耐受，奥布替尼+利妥昔单抗联合 COP 或 mini-CHOP 方案化疗 3 疗程后复查头颅 MR、脑脊液、全身 CT 增强无特殊。于 2022-11 月继发严重肺部感染，经抗感染好转出院。一个月后，新冠疫情爆发期间患者肺部感染加重最终死亡。

结论 奥布替尼治疗继发 CNSL 有效，改善高危 DLBCL 预后。

PO-1193

Cinobufagin Induces Apoptosis of DLBCL Cells By Targeting the Inhibition of G6PD Activity

Sanxiu He,Liuyue Zhai,Xiaomei Zhang,Huihui Fu,Jun Li,Yao Liu
The First Affiliated Hospital of Chongqing Medical University

Objective Globally, there are 150,000 new cases of diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) each year, accounting for approximately 30% of all non-Hodgkin lymphoma cases. Although most patients can be cured with R-CHOP immunochemotherapy, 30-40% of patients progress or relapse after treatment. Therefore, there is an urgent need to find new treatments to improve the survival rate of this group of patients. Natural small molecule drugs have unique advantages as anticancer agents due to their low toxicity and multiple targets. This project aims to explore potentially effective natural compounds as new therapeutic strategies for DLBCL.

Methods Search for suitable natural compounds through GEO database, CMAP server and bioinformatics analysis. The effects of natural compounds on the biological function of DLBCL cells were studied by IC50 assay, apoptosis assay, cell cycle assay and subcutaneous transplanted tumor model. RNA sequencing, metabolomics detection, SEA server and 3D molecular simulation docking analysis were used to explore the drug target. The drug mechanism was verified by G6PD activity assay, EdU incorporation assay, NADPH assay and ROS assay.

Results We used GEO and CMAP databases to identify 20 natural compounds that target DLBCL prognostic genes. Cinobufagin, a natural bufodienol isolated from toad venom, became the main object of this study because of its low IC50 value. Flow cytometry analysis showed that cinobufagin can effectively induce G2 arrest and apoptosis of DLBCL cells. In addition, cinobufagin significantly inhibited the growth of tumor tissue in a mouse model of heterotopic subcutaneous tumor transplantation. The results of transcriptome sequencing suggested that cinobufagin treatment inhibited multiple metabolism-related pathways. Metabolomic analysis showed a decrease in nucleoside metabolite content and inhibition of niacinamide synthesis.

Through SEA server and 3D molecular docking simulation analysis, it was found that glucose-6-phosphate dehydrogenase (G6PD) may be a potential target of cinobufagin. G6PD activity assay showed that cinobufagin could inhibit the catalytic ability of G6PD. EdU incorporation experiments showed that cinobufagin inhibited DNA synthesis in DLBCL cells. In addition, cinobufagin also promoted the up-regulation of NADP⁺/NADPH ratio and the increase of ROS. The addition of ROS scavengers and nucleotides partially reversed the apoptosis-inducing ability of cinobufagin. **Conclusion** G6PD is a target of cinobufagin. By inhibiting the enzyme activity of G6PD, cinobufagin can inhibit DNA synthesis and the production of reducing NADPH, thereby inducing apoptosis of DLBCL cells. This suggests that Cinobufagin has potential application as a new drug for the treatment of DLBCL.

PO-1194

放射治疗对弥漫性大 B 细胞淋巴瘤化疗后的总生存获益与无进展生存获益的相关性

王婧男
中国医学科学院肿瘤医院

In RCTs, strong correlations were found between HR_{PFS} and HR_{OS} at trial-level ($r = 0.876$), and PFS and OS at treatment arm-level, regardless of treatments ($r = 0.945-0.964$). In retrospective studies, similar correlations between HR_{PFS} and HR_{OS} ($r = 0.639-0.650$), and PFS and OS rates ($r = 0.882-0.910$) were observed, independent of treatments or rituximab. Adding RT into rituximab-based CT increased the average PFS rate from $63.6 \pm 18.9\%$ to $81.5 \pm 10.6\%$ ($P < 0.001$), with differential OS benefits of RT between studies. Patients were stratified into four PFS patterns ($>80\%$, $>60\%-80\%$, $>40\%-60\%$, and $\leq 40\%$), which was consistent with DLBCL risk-stratified subgroups ($\kappa > 0.6$). Absolute gain in OS from RT ranged from $\leq 5\%$ at PFS $>80\%$ to $\sim 21\%$ at PFS $\leq 40\%$, with pooled HR_{OS} from 0.70 (95%CI: 0.51–0.97) to 0.48 (95%CI: 0.36–0.63) after rituximab-based CT.

PO-1195

Association of overall survival benefit of radiotherapy with progression-free survival after chemotherapy for intermediate and high risk diffuse large B-cell lymphoma

Jingnan Wang¹, Xin Liu¹, Fei Luo^{1,2}, Xin Wang¹, Yue Liu¹, Chen Hu³, Shunan Qi¹, Yexiong Li¹

1. National Cancer Center/National Clinical Research Center for Cancer/Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences (CAMS) and Peking Union Medical College (PUMC)

2. Department of Radiation Oncology, Beijing Shijitan Hospital

3. Division of Biostatistics and Bioinformatics, Sidney Kimmel Comprehensive Cancer Center, Johns Hopkins University School of Medicine

Objective This present study aimed to evaluate whether improved progression-free survival (PFS) from radiotherapy (RT) translates into an overall survival (OS) benefit in the management of diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL).

Methods A systematic literature search was conducted to identify randomized controlled trials (RCTs) and retrospective studies that compared combined-modality therapy (CMT) with chemotherapy (CT) alone. Weighted regression analyses were used to estimate the correlation between OS and PFS benefits. Cohen's kappa statistic was used to assess the consistency

between conventional DLBCL risk stratification and PFS patterns. Furthermore, the benefit trend of radiotherapy (RT) was analyzed by fitting a linear regression model to the pooled hazard ratio (HR) according to the PFS patterns.

Results In 7 RCTs, strong correlations were found between HR_{PFS} and HR_{OS} at trial-level ($r = 0.876$), and PFS and OS at treatment arm-level, regardless of regimens ($r = 0.945-0.964$ for all, CMT or CT). In 52 retrospective studies, similar correlations between HR_{PFS} and HR_{OS} ($r = 0.639-0.650$), and PFS and OS rates ($r = 0.882-0.910$) were observed, independent of treatments or rituximab. Adding RT into rituximab-based CT increased the average PFS rate from $63.6 \pm 18.9\%$ to $81.5 \pm 10.6\%$, with differential OS benefits of RT between studies. Patients were stratified into four PFS patterns ($>80\%$, $>60\%-80\%$, $>40\%-60\%$, and $\leq 40\%$), which was consistent with DLBCL risk-stratified subgroups ($\kappa > 0.6$). Absolute gain in OS from RT ranged from $\leq 5\%$ at PFS $>80\%$ to $\sim 21\%$ at PFS $\leq 40\%$, with pooled HR_{OS} from 0.70 (95% CI: 0.51–0.97) to 0.48 (95% CI: 0.36–0.63) after rituximab-based CT. The OS benefit of RT was predominant in intermediate- and high-risk patients with PFS $\leq 80\%$, but very limited in low-risk patients with PFS $>80\%$.

Conclusion We demonstrated a varied OS benefit profile of RT on CT-generated PFS patterns, and provided valuable data to inform treatment decisions and clinical trial design. The use of RT will need careful tailoring in clinical practice and in RCTs, to optimize outcomes.

PO-1196

Immuno-microenvironment features after successful treatment with anti-PD-1 antibody for an EBV-related extranodal NK/T-cell lymphoma with multiple skin involvement

Jingnan Wang¹, Xin Liu¹, Fei Luo^{1,2}, Xin Wang¹, Yue Liu¹, Min Deng¹, Shunnan Qi¹, Yexiong Li¹

1. Department of Radiation Oncology, National Cancer Center/National Clinical Research Center for Cancer/Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences (CAMS) and Peking Union Medical College (PUMC)

2. Department of Radiation Oncology, Beijing Shijitan Hospital

Objective Extranodal nasal-type natural killer/T-cell lymphoma (ENKTCL) represents a highly aggressive and heterogeneous subtype of non-Hodgkin lymphoma, often characterized by an unfavorable prognosis in advanced stages. Despite the notable clinical effectiveness of anti-PD-1 treatment across various malignancies, the precise underlying mechanisms responsible for ENKTCL remain incompletely elucidated. With the aim of acquiring comprehensive insights into the therapeutic response to immune checkpoint blockade (ICB), we use ENKTCL tumor tissues before and after anti-PD-1 monotherapy for single-cell RNA sequencing (scRNA seq) and single-cell TCR sequencing (scTCR seq). We aimed to unravel the mechanisms governing the response to ICB within the immuno-microenvironment of ENKTCL.

Methods Single cells were extracted from tumor tissues both before and after three cycles of Tislelizumab treatment. Subsequently, we conducted an integrative analysis of single-cell transcriptomes to discern the cellular composition and immuno-microenvironment features before and after effective treatment with anti-PD-1 antibody for the EBV-related ENKTCL patient with multiple skin involvement. T cell clonotypes were analyzed through TCR repertoire. Furthermore, the prognostic value of T subpopulations were externally validated using bulk RNA sequencing data of an ENKTCL cohort in our institution as well as a publicly available GEO dataset (GSE90597).

Results In this study, we present a case of EBV positive ENKTCL with multiple skin metastases that achieved clinical complete remission (CR) after undergoing six cycles of anti-PD-1 monotherapy. Through analyses of the transcriptional profiles and assembled T cell receptor sequences, we identified 8 major cell clusters in ENKTCL tumor tissues. Notably, a subset of the T-cells exhibited specific EBV-recognizing TCR clonotypes. ENKTCL tumor cells enriched in cell cycle and mitosis-related pathways, corresponding to their malignant proliferation behavior.

Furthermore, our findings showed significant expansion CXCL13⁺T cells post ICB, including precursor exhausted T (p-CD8^{CXCL13}Tex) and CD4^{CXCL13}Th1^{like} cells. These expanded cell subsets demonstrated enhanced anti-tumor activity. Our data suggested the reinvigoration of preexisting precursor exhausted T cells, boosted by ICB, contributed to the expansion of p-CD8^{CXCL13}Tex cells. Interestingly, we revealed that the EBV-recognizing TCR clonotypes especially were particularly abundant in the p-CD8^{CXCL13}Tex and CD4^{CXCL13}Th1^{like} subtypes, which correlated with their potent anti-tumor capabilities. Moreover, two external bulk RNA sequencing datasets validated that the presence of p-CD8^{CXCL13}Tex and CD4^{CXCL13}Th1^{like} cells correlated with favorable prognosis in ENKTCL patients.

Conclusion Our study enhances the understanding of the cellular composition and immunomicroenvironment characteristics in EBV-related ENKTCL. Furthermore, it provides valuable insights into the mechanisms underlying successful anti-PD-1 treatment. These findings inspire further exploration into the potential of immunotherapy in expanding and rejuvenating precursor T-cells, leading to effective management of ENKTCL.

PO-1197

外周 T 细胞淋巴瘤患者的异基因造血干细胞移植 ——一项单中心、回顾性研究

高弘焯、王佳丽、姜尔烈
中国医学科学院血液病医院

目的 外周 T 细胞淋巴瘤 (PTCL) 是一组高度异质性的疾病, 预后较差。对某些亚型采用自体移植 (ASCT) 治疗的长期随访发现, 复发仍在持续, 这表明部分 PTCL 患者应用 ASCT 不能治愈。异基因造血干细胞移植 (allo-SCT) 在 PTCL 的治疗中是重要的治愈手段, 但与此相关的治疗相关死亡限制了其临床应用。与 ASCT 相比, 关于 allo-SCT 在治疗 PTCL 方面的报告较少。在新药物时代, 一些更有希望的方法, 如 BV、HDACi 和 PI3Ki, 显著改善了复发/难治性 PTCL 的生存。在这种背景下, 需要进一步研究 allo-SCT 在淋巴瘤治疗中的作用。因此, 我们旨在回顾过去 20 年接受 allo-SCT 的 PTCL 患者的特征、治疗和生存情况。

方法 我们回顾了中国医学科学院与北京协和医学院血液学研究所血液病医院造血干细胞移植科于 2001 年至 2022 年之间接受 allo-SCT 的淋巴瘤患者。筛选了在我们医院被诊断为 PTCL 并接受 allo-SCT 的患者, 其中有些患者在此之前是否接受过自体移植。本研究排除了伴发的恶性实体瘤、治疗相关性 AML、骨髓增生异常改变的 AML 和 T 淋巴母细胞淋巴瘤患者。

结果 共有 13 名 PTCL 患者接受了 allo-SCT。大多数患者 (92.3%) 在 2019 年之后接受了 allo-SCT。移植时的中位年龄为 38 岁 (范围: 32-45 岁), 男女比例为 1:1。NK/TCL 和 HSTCL 是最常见的淋巴瘤组织学类型 (各有 4 例, 分别为 31%), 其次是 AITL (2 例, 15%)。只有 5 名患者 (38.5%) 在接受 allo-SCT 之前没有接受含新药物的联合方案治疗 (NK/TCL: 2 例; HSTCL: 2 例; ALK+ALCL: 1 例)。先前病程中只有 2 名患者接受了 ASCT。有 4 名患者 (31%) 将 allo-SCT 作为一线巩固治疗。53.8% 的患者接受了半相合性造血干细胞移植。从 allo-SCT 开始到中性粒细胞移植和血小板移植的中位时间分别为 16 天和 26 天。CMV 检测呈阳性的患者占 72.7%, 急性移植物抗宿主病 (acute GVHD) 的患者占 82.4%。在这个队列中, 只有 4 名患者在随访期间接受了 allo-SCT 后出现疾病复发。

结论 Allo-SCT 可以作为治愈 PTCL 的重要手段之一。

PO-1198

应用 CD3/CD19 双特异性抗体治疗后 发生 CRS 及 ICANS 护理探究

程立杰、崔岩
中国医学科学院血液病医院

目的 总结 2 例患者应用 CD3/CD19 双特异性抗体治疗复发/难治滤泡性淋巴瘤发生 CRS 和 ICANS，探究其诱发的高危因素、发作时间、作用机制及应对策略。

方法 通过总结 2 例患者应用 CD3/CD19 双特异性抗体后发生 2、3 级 CRS 及 3 级 ICANS，介绍相关临床表现、根据 ASTCT 共识准确分级，标准化治疗；使用非甾体退热药物、托珠单抗及地塞米松 10mg 静脉输注控制 CRS，物理降温，静脉补液、吸氧等支持治疗，并积极排除其他导致发热的相关因素；地塞米松 10mg 静脉输注 Q6h 或甲泼尼龙等效药物治疗 ICANS；密切观察患者意识状态、生命体征变化，应用简易 ICE 评估工具对患者进行评估；监测血清 CRP、细胞因子、铁蛋白水平及电解质水平，备齐抢救物品及药品，发现病情变化及时配合医生抢救。加强基础护理及安全管理；予患者及家属提供全面的健康教育及专业的心理支持。

结果 经过及时有效的治疗及护理，两例患者的 CRS 及 ICANS 得到控制和停止。

结论 ICANS 不仅局限于 CAR-T 细胞治疗，也适用于其他免疫效应细胞参与的治疗。本文通过介绍 2 例患者经 CD3/CD19 双特异性抗体治疗后发生的严重 CRS 及 ICANS，强调了对于其毒副作用的早期预防、早期发现、及时治疗 and 护理的重要性。然而，相关报道较少，治疗护理经验和方法还需进一步积累和探究。

PO-1199

POD24 在套细胞淋巴瘤中的预后意义

陈伟、陈惠敏、桑威、徐开林
徐州医科大学附属医院

目的 探讨 24 个月内疾病进展（POD24）对套细胞淋巴瘤（MCL）患者总生存的影响，比较 POD24 和非 POD24 患者的临床特征。

方法 回顾性分析 2010 年 1 月至 2020 年 8 月徐州医科大学附属医院收治的有治疗指征且经过正规治疗的 MCL 患者评估 POD24（排除因非进展因素发生死亡的患者），进行预后评估及临床特征比较。

结果 单因素 Cox 回归分析结果显示，是否发生 POD24、PLT<100×10⁹/L、白蛋白<40g/L、MIPI 评分、ECOG PS 评分、LDH≥240U/L 是初诊 MCL 患者 OS 的影响因素（均 P<0.05）。对单因素分析中有意义的指标进行多因素 Cox 回归分析，结果显示是否发生 POD24、白蛋白<40g/L、LDH>240U/L、ECOG PS 评分是 MCL 患者 OS 的独立影响因素（均 P<0.05）。POD24 患者较非 POD24 患者起病时 PLT<100×10⁹/L 的发生率（33.3%对 5.9%，P=0.033）及 ECOG≥2 分的发生率（45.5%对 5.9%，P=0.04）明显增高。

结论 POD24 为影响 MCL 患者总生存的独立预后不良因素，起病时伴 PLT<100×10⁹/L、ECOG≥2 分的患者发生 POD24 比例更高。

PO-1200

The prognostic significance of POD24 in peripheral T-cell lymphoma

Wei Chen,Huimin Chen,Wei Sang,Kailin Xu

Department of Hematology, the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

Objective The goal of this study was to determine the prognostic significance of progression of disease within 2 years (POD24) on overall survival of patients with peripheral T-cell lymphoma (PTCL), and to compare clinical characteristics between patients with PTCL who experienced POD24 those who did not.

Methods A retrospective analysis was performed on patients with newly diagnosed PTCL who received chemotherapy at the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University from January 2010 to September 2021. Patients who could be evaluated for POD24 were selected for prognosis assessment and clinical characteristics analysis.

Results A total of 108 PTCL patients were enrolled, 67 experienced POD24 (POD24 group), and the other 41 patients did not experience POD24 (no POD24 group). The median survival time of patients in the POD24 group (11.9 months) was significantly shorter than that in the no POD24 group (not reached; $P < 0.001$). Decreased albumin and POD24 were independent prognostic factors for OS in patients with PTCL. We found significant differences between the POD24 group and the no POD24 group in terms of clinical stage, Eastern Cooperative Oncology Group (ECOG) performance status (PS), International Prognostic Index (IPI) score, lactate dehydrogenase (LDH) levels, β 2-MG levels, and prealbumin and albumin levels.

Conclusion POD24 is a prognostic factor of poor outcome in patients with PTCL, and can be used to screen high-risk patients and guide treatment.

PO-1201

Endothelial activation and stress index (EASIX) is a reliable predictor for overall survival in patients with peripheral T-cell lymphoma

Wei Chen,Huimin Chen,Wei Sang,Zhenyu Li,Kailin Xu

Department of Hematology, the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

Objective The endothelial activation and stress index (EASIX) score has been reported to predict overall survival (OS) in hematological malignancies. However, it has not been validated as a prognostic marker for peripheral T-cell lymphoma(PTCL) to date.

Methods This retrospective study analyzed 117 patients with newly diagnosed PTCL who received chemotherapy in the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University between January 2010 and September 2021. Serum lactate dehydrogenase (LDH), creatinine, and platelet count at diagnosis were measured in all included patients. EASIX scores were calculated using the formula-LDH (U/L) \times creatinine (mg/dL) / platelet count (109/L) .

Results The median age of patients was 52 years (range, 12–85).The optimal cutoff value of EASIX according to the receiver operating characteristic analysis for OS was 1.66.The median OS and progression-free survival (PFS) were significantly shorter in the high EASIX group than in the low EASIX group(9.3 months vs not reach, $p < 0.001$ and 5.7 months vs 24.1 months, $p < 0.001$).In multivariate Cox analysis, high EASIX was an independent poor prognostic factor for OS(hazard ratio, 3.033; 95%CI, 1.442-6.379; $p = 0.003$).

Conclusion EASIX score at diagnosis is a simple and strong predictor for OS in patients with newly diagnosed PTCL.

PO-1202

四特异性抗体免疫治疗恶性血液病患者的护理对策

袁新伟、崔岩
中国医学科学院血液病医院

目的 总结四特异性抗体免疫治疗恶性血液病患者在用药过程中的护理经验。

方法 时间段为 2020 年 11 月至 2023 年 7 月，我科共收入符合试验要求的 9 名恶性血液病患者作为研究对象，本组患者均采用四特异性抗体免疫治疗的放法。通过对用药期间患者出现的不同的用药反应进行统计观察，并给予针对性的护理干预，并对护理效果进行评价。

结果 药物在使用过程中采用专用溶剂，使用蠕动泵，10ml/h，每日 24h 连续输入，共输入 28 天。用药开始第一天发生不同程度 CRS 的患者占 77.8% (7/9)，后期出现 CRS 反应的占 44.4%，均出现不同程度的发热、血氧饱和度下降和低血压。护理措施：1.规范药液配置流程并记录 2.初次用药时备好抢救物品并联系麻醉医生。3.输液前给予激素，抗过敏药物预防治疗，建立两组及以上静脉通路 4.记录患者输液速度，定时记录液体输入体积 5.出现药物反应时给予退热、吸氧、补液和激素治疗等 6.合理调节输液速度 7.建立访视周期表，针对出院患者进行定期回访。所有患者均完成输液治疗，取得良好的护理效果。

结论 四特异性抗体免疫治疗输液反应重点观察患者有无出现高热、低血氧和低血压等不适症状，通过预防给药，输液过程中合理调节输液速度，及时对症处理等护理措施，可有效降低不良反应。

PO-1203

基于生物信息学方法分析影响外周 T 细胞淋巴瘤发生发展的差异基因

孟祥月、张蕊
中国医科大学附属第一医院

目的 通过生物信息学的方法挖掘基因综合表达数据库 GEO 中与外周 T 细胞淋巴瘤发生发展相关的差异表达基因 (DEG)，并分析其生物信息学功能，为外周 T 细胞淋巴瘤的诊断和治疗提供理论依据。

方法 分析来自 GEO 数据库中的 4 个微阵列数据集 (GSE59037、GSE58445、GSE19069、GSE6338)。通过构建 WGCNA 共表达网络筛选关键基因，使用 RStudio 软件以 $|\log_2FC| \geq 1$ 且 $P < 0.05$ 作为筛选标准，筛选数据集中的差异基因，通过 R 语言完成关键 DEG 的基因本体论 (GO) 以及京都基因和基因组数据库 (KEGG) 分析，通过 LASSO 回归、SVM 分析整合系数筛选 DEG，通过免疫浸润分析探索 DEG 影响外周 T 细胞淋巴瘤的发生发展的途径。

结果 筛选出 9 个 DEG (C1QC、CCL18、CCL8、CCR1、HLA-DMB、IFI27、MS4A7、RNASE6、RP1-93H18.6) 表达与外周 T 细胞淋巴瘤发生发展相关，免疫浸润分析显示这 9 个基因通过影响免疫细胞改变机体免疫反应、细胞因子活性最终影响外周 T 细胞淋巴瘤的发生发展。

结论 外周 T 细胞淋巴瘤具有的独特基因表达可成为外周 T 细胞淋巴瘤诊断和后续治疗的潜在新靶点。

PO-1204

嵌合抗原受体 T 细胞治疗中枢神经系统淋巴瘤疗效持久性的 Meta 分析

周静、曹阳

华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 系统性评价嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 治疗中枢神经系统淋巴瘤 (CNSL) 的疗效持久性。

方法 我们检索了 Pubmed、Embase、the Cochrane Library、Web of Science 等数据库, 收集了从建库到 2023 年 7 月之间关于 CAR-T 治疗 CNSL 的临床试验文献。两位研究员根据制定的纳入和排除标准独立进行文献筛选, 对纳入的文献质量进行评价并提取数据。我们采用 R 软件进行 Meta 分析, 评估 CAR-T 治疗 CNSL 的疗效持久性。

结果 经过筛选, 共纳入 12 项临床研究, 包含了 69 例患者。在 CNSL 患者获得最佳总体疗效后, 复发率为 0.45 [95%CI (0.35, 0.56)]。亚组分析结果表明: 接受不同治疗方案的 CNSL 患者的 CAR-T 疗效持久性存在差异, 且有统计学意义 ($P = 0.003$), 其中, ASCT + CAR-T 治疗组复发率最低, 其次是 CAR-T + 维持治疗组复发率, 单独 CAR-T 治疗组复发率最高。脑实质和脑膜均有病变组比单一病变组的 CAR-T 疗效持久性更差, 更易复发, 差异有统计学意义 ($P < 0.0001$)。共刺激分子 4-1BB + CD28 组复发率显著低于 CD28 组和 4-1BB 组 ($P = 0.0151$)。单因素 Cox 回归分析, 多因素 Cox 回归分析以及 Kaplan-Meier 生存分析均发现, ASCT + CAR-T 组患者的疗效持续时间更长, 其次是 CAR-T + 维持治疗组患者, 而单独 CAR-T 治疗组患者的疗效持续时间最短 ($P = 0.0165, 0.0431$ 以及 0.016)。

结论 相较于只接受 CAR-T 治疗的 CNSL 患者, 接受 ASCT + CAR-T 治疗或者 CAR-T + 维持治疗的 CNSL 患者获得最佳总体疗效后的复发率都更低, 疗效持续时间更长, 其中 ASCT + CAR-T 治疗组疗效更为显著。

PO-1205

血管免疫母 T 细胞淋巴瘤一线治疗中, 单纯化疗与西达本胺联合化疗的比较

顾思梦、牛挺

四川大学华西医院

目的 血管免疫母 T 细胞淋巴瘤 (AITL) 是外周 T 细胞淋巴瘤 (PTCL) 的一种独特亚型, 其预后不良, 目前尚缺乏有效的一线治疗方案, 西达本胺是一种选择性组蛋白去乙酰化酶抑制剂, 已被批准用于治疗复发难治 PTCL, 本研究旨在比较在未经治疗的 AITL 患者中, 单纯化疗与西达本胺联合化疗的疗效及安全性差异。

方法 我们回顾性分析了 2015 年 1 月至 2021 年 6 月期间在四川大学华西医院治疗的 57 例初诊 AITL 患者, 其中单纯化疗组 24 例, 西达本胺联合化疗组 33 例, 比较两组患者的 ORR、CR、PFS、OS 及不良事件。

结果 单纯化疗组和西达本胺联合化疗组中位年龄分别为 64 岁和 56 岁, 两组患者的基线特征 (年龄、性别、B 症状、Ann Arber 分期、ECOG 评分、IPI 评分、PIT 评分、骨髓侵犯、是否合并噬血、结外侵犯、LDH、白蛋白、血红蛋白、血小板计数) 均无明显差异 ($P > 0.05$), 西达本胺联合化疗与单纯化疗组患者的 ORR 分别为 81.8% 和 50.0% ($P = 0.011$), CR 率分别为 60.6% 和 29.2% ($P = 0.019$), 中位随访 41 个月, 与单纯化疗组相比, 联合西达本胺组患者 PFS 显著延长 ($P = 0.022, 27$ 个月 vs 7 个月), 但是两组的 OS 未发现显著差异 ($P = 0.165$, 未达到 vs 41 个

月)。单纯化疗组和联合西达本胺组中最常见的 3-4 级不良反应为血液学毒性 (71% vs 73%, $P=0.875$)，化疗后感染事件大多 <3 级 (75% vs 70%, $P=0.660$)。

结论 研究表明，在 AITL 患者一线治疗中，西达本胺联合化疗方案安全有效，可在不增加化疗毒性情况下显著提高 ORR、CR 和 PFS，但 OS 未观察到差异。

PO-1206

生物信息学方法筛选 c-MYC 重排的弥漫 大 B 细胞淋巴瘤发病中的关键基因

李泓毅、卢学春

中国人民解放军总医院第二医学中心

目的 存在 c-MYC 和 BCL-2 易位的“双打击”淋巴瘤(DHL)属于高度侵袭性 B 细胞淋巴瘤，患者预后差。本研究拟探明 c-MYC 和 BCL-2 易位的 DHL 发生发展及预后不良相关的核心基因，为后续研究 c-MYC 及 BCL-2 易位的 DHL 提供基础。

方法 在 GEO 中以“double hit lymphoma”为关键词，检索 DHL 的基因表达谱数据。建立双打击淋巴瘤的二级数据库。筛选差异表达基因 (DEGs)。同时应用 WGCNA 软件包构建加权共表达网络。将 WGCNA 网络中与肿瘤发生密切相关模块基因与上述 DEGs 进行关联分析。通过 STRING 数据库 PPI 网络，使用 Cytoscape 软件筛选核心基因。通过 STRING 数据库筛选与 c-MYC 和 BCL-2 基因相互作用的基因。应用 Western Blot 及第二代高通量测序验证上述核心基因在 c-MYC 及 BCL-2 易位的 DHL 细胞系中的表达情况。

结果 最终选取编号为 GSE44164 为实验组，GSE43677 为对照组。共得出 835 个 DEGs，WGCNA 分析得出与肿瘤正相关性最高的模块内基因 357 个，关联基因共 287 个。构建 PPI 网络构建共得到 284 个蛋白。通过 STRING 及 TIMER 数据库，我们发现 MMP2 基因可能通过 HDAC7 基因干预 c-MYC 基因表达。在 DHL 细胞系 DOHH-2 及 c-MYC 重排的单打击淋巴瘤细胞系 OCI-LY7 发现，c-MYC 蛋白、HDAC-2 蛋白、MMP2 蛋白均高表达。但在 c-MYC 表达阴性的 DHL 细胞系 SU-DHL-10 中，MMP2、HDAC7 蛋白均表达不显著。

结论 c-MYC 蛋白的高表达对 DHL 的发生及预后不良相关。其机制可能是通过 MMP2 及 HDAC7 等发挥疾病不良预后的作用。

PO-1207

Comparison of variety lymphodepletion preconditioning in immunocompetent mouse model undergoing anti-CD19 CAR-T cell therapy

Ying Wang^{1,2}, Li Zhang², Bin Pan^{1,2}, Chenyuan Hu^{1,2}, Chong Chen^{1,2}, Lingyu Zeng^{1,2}, Zhenyu Li^{1,2}, Kailin Xu^{1,2}

1. Department of Hematology, The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University, Xuzhou, China

2. Blood Diseases Institute, Xuzhou Medical University, Xuzhou, China

Objective Chimeric antigen receptor (CAR) -T cell therapy targeting CD19 achieved impressive results in patients with B-cell malignancies. Lymphodepleting preconditioning prior to CAR-T cell infusion is important. The study was aimed to compare lymphodepletion preconditioning regimens with cyclophosphamide (CTX) or total body irradiation (TBI).

Methods In this study, we established a syngeneic mouse B-cell lymphoma model based on immunocompetent mouse and compared the effects of different preconditioning regimens on the

persistence and killing activity of mCD19 CAR-T cells in response to endogenous B cells and CD19+ lymphoma cells.

Results Results showed that mCD19 CAR-T cells induced more durable response to endogenous B cells after preconditioning with TBI in non-tumor-bearing mice. In tumor-bearing mice, the synergistic antitumor effect of CTX-preconditioning and mCD19 CAR-T cells prolonged the survival. Preconditioning with TBI may enhance anti-tumor efficacy of CAR-T cells by activating Dendritic cells (DCs) and promoting the migration of DCs to lymph nodes.

Conclusion mCD19 CAR-T cells induced more durable response to endogenous B cells after preconditioning with TBI in non-tumor-bearing mice. In tumor-bearing mice, the synergistic antitumor effect of CTX-preconditioning and mCD19 CAR-T cells prolonged the survival of mice. Preconditioning with TBI may enhance anti-tumor efficacy of CAR-T cells by activating DCs and promoting the migration of DCs to lymph nodes.

PO-1208

抑制 MMP2 基因对高级别 B 细胞淋巴瘤结外侵袭影响的研究

李泓毅、卢学春

中国人民解放军总医院第二医学中心

目的 存在 c-MYC 和 BCL-2 重排的高级别 B 细胞淋巴瘤(High grade B cell lymphoma, HGBCL)属于高度侵袭性淋巴瘤，患者预后差。本研究拟探明 c-MYC 和 BCL-2 重排的 HGBCL 发生发展及预后不良相关的核心基因 MMP2，为后续研究 c-MYC 及 BCL-2 重排的 HGBCL 提供基础。

方法 通过 GEO 数据库检索 HGBCL 的基因表达谱数据。是使用生物信息学方法筛选差异基因 (DEGs) 及 WGCNA 正相关表达基因，并取交集。通过 STRING 数据库及 Cytoscape 软件验证 MMP2 在核心基因中的权重。并通过 Western Blot 及二代高通量测序筛选其核心基因。并通过 EpiMed 表观精准治疗药物预测平台筛选出了来曲唑为 MMP2 抑制剂，通过 Transwell 实验验证 MMP2 基因抑制剂来曲唑可以通过抑制 MMP2 基因表达影响淋巴瘤细胞的侵袭。

结果 选取编号为 GSE44164 为实验组，GSE43677 为对照组。共得到关联基因 287 个。构建 PPI 网络构建共得到 284 个蛋白。通过 Cytoscape 软件验证了 MMP2 处于此类淋巴瘤的核心地位。通过使用 MMP2 抑制剂来曲唑阻碍了淋巴瘤的侵袭，证明了 MMP2 基因在淋巴瘤结外侵袭中起到关键作用。

结论 c-MYC 蛋白的高表达对 HGBCL 的预后不良相关，其中与之相关的 MMP2 基因在其侵袭中起到关键作用。

PO-1209

ENKTCL PET 代谢影像组学模型的建立与验证

朱英明、亓姝楠、李晔雄

医科院肿瘤医院

目的 基于既往建立并验证的 Nomogram 改进版风险指数 (NRI) 模型，利用临床数据和 18F-FDG PET/CT 代谢影像信息，建立并验证临床代谢影像组学模型，对结外鼻型 NK/T 细胞淋巴瘤 (ENKTCL) 的患者进行更精准的预后分层。

方法 纳入 133 例 ENKTCL 患者，按照 6:4 随机分为训练集 (n = 73) 和验证集 (n = 50)。基线 PET 图像中提取了 107 个代谢影像特征和 7 个代谢参数 (SUVmax、MTV、TLG、SD、TLR、TAR 和 TBR)。采用 LASSO 结合 Cox 回归选择最佳特征和参数。利用最佳特征及参数建立并验证 NRI-代谢放射组学模型，并与 NRI 模型和 NRI-代谢模型进行预后性能的比较。

结果 LASSO 及 Cox 回归筛选出 TLG 及 5 个代谢组学特征。基于 NRI、TLG 和选择的 5 个放射组学特征，建立 NRI-代谢（NRI-TLG）模型和 NRI-代谢放射组学（NRI-TLG-RAD）模型。与 NRI 模型和 NRI-TLG 模型相比，NRI-TLG-RAD 在训练集（C-index 0.791 vs. 0.743 vs. 0.690）和验证集（C-index 0.785 vs. 0.707 vs. 0.610）均显示出更好的 PFS 区分度。此外，与 NRI 模型相比，NRI-TLG-RAD 模型及 NRI-TLG 模型将更多患者分为低风险组（患者数量：66 vs. 42 vs. 20）和极高风险组（患者数量：25 vs. 25 vs. 9）。

结论 代谢和影像组学的加入显著提高了 NRI 模型的预后性能。新的 NRI-TLG 和 NRI-TLG-RAD 模型具有更好的预后判别能力和更合理的患者分组，为未来 ENKTCL 更精确的治疗方式提供基础。

PO-1210

“双打击”淋巴瘤预后不良相关基因探索

智鹏

解放军医学院

目的 存在 c-MYC 和 BCL-2 易位的“双打击”淋巴瘤(double hit lymphoma, DHL)属于高度侵袭性 B 细胞淋巴瘤，患者预后差。本研究拟探明 c-MYC 和 BCL-2 易位的 DHL 发生发展及预后不良相关的核心基因，为后续研究 c-MYC 及 BCL-2 易位的 DHL 提供基础。

方法 在 GEO 中以“double hit lymphoma”为关键词，检索 DHL 的基因表达谱数据。采用 edgeR 软件包筛选差异表达基因（DEGs）。同时应用 WGCNA 软件包构建加权共表达网络。将 WGCNA 网络中与肿瘤发生密切相关模块基因与上述 DEGs 取交集。交集基因通过 STRING 数据库构建蛋白质互作网络（PPI），使用 Cytoscape 软件筛选核心基因。采用 GEPIA 在线工具确定核心基因与高级别 B 细胞淋巴瘤无病生存期（DFS）间的关系。应用 STRING 数据库筛选与 c-MYC 和 BCL-2 基因相互作用的基因。应用 Western Blot 验证上述核心基因在 c-MYC 及 BCL-2 易位的 DHL 细胞系中的表达情况。

结果 最终选取编号为 GSE44164 为实验组，GSE43677 为对照组。共得出 835 个 DEGs，WGCNA 分析得出与肿瘤正相关性最高的模块内基因 357 个，二者交集基因共 287 个。构建 PPI 网络构建共得到 284 个蛋白。DFS 分析排名前 20 的基因发现：COL1A1、FN1、C1QB、C1QA、MMP2 表达水平与 DHL 患者生存显著相关（ $P < 0.05$ ）。通过 STRING 及 TIMER 数据库，我们发现 MMP2 基因可能通过 HDAC7 基因干预 c-MYC 基因表达。在 DHL 细胞系 DOHH-2 及 c-MYC 重排的单打击淋巴瘤细胞系 OCI-LY7 发现，c-MYC 蛋白、HDAC-2 蛋白、MMP2 蛋白均高表达。但在 c-MYC 表达阴性的 DHL 细胞系 SU-DHL-10 中，MMP2、HDAC7 蛋白均表达不显著。

结论 c-MYC 蛋白的高表达对 DHL 的发生及预后不良相关。其机制可能是通过 MMP2 及 HDAC7 等发挥疾病不良预后的作用，在今后的研究工作中可以据此发现 DHL 的新治疗靶点，从而提高患者的预后水平。

PO-1211

Predictive Modeling of Hematopoietic Stem Cell Mobilization and Collection Based on Peripheral Blood Marker

Longrong Ran, Yu Peng, Mingyu Zhao, Xin Luo, Shuang Chen, Zailin Yang, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective Autologous stem cell transplantation (ASCT) is the major transplantation therapy for

patients with lymphoma and MM, and the success of auto-HSCT depends on the mobilization efficiency of peripheral blood HSC. In clinical practice, CD34+ cell count in peripheral blood is often monitored to predict the collection effect and determine the collection time. However, prediction of poor mobilizers is still difficult.

Methods We retrospectively analyzed 108 patients with lymphoma and multiple myeloma(MM) at Chongqing University Cancer Hospital who underwent autologous hematopoietic stem cell (HSC) collection between January 2021 to August 2022. There are two groups: collection success group and collection failure group. Compared the differences of clinical characteristics and impact of peripheral blood related detection indexes before autologous HSC collection. Logistic regression analysis was used to establish a prediction model for the successful collection by multi-marker and further evaluated multi-marker prediction models.

Results There was no significant difference in sex, disease type, disease stage, age, disease status before mobilization, mobilization drugs and chemotherapy courses between the successful collection group and the failed collection group ($P > 0.05$). The proportion of patients with mobilization days less than 5 days was higher in the successful collection group ($P < 0.05$). The platelet count (PLT), mononuclear cell count (MNC) and absolute CD34+ cell count in the successful collection group were significantly higher than those in the failure group. The sensitivity, specificity and area under the curve (AUC) of combining three indexes were 80.9%, 95.9% and 0.944, respectively. Applied the Logistic regression models to the absolute count of PLT, MNC and CD34+ cells to construct the multi-marker prediction algorithms. The 3-marker model of PLT+MNC+CD34+ cells had the lowest AIC, BIC and high AUC. A prediction model was established based on the absolute count of PLT, MNC and CD34+ cells.

Conclusion Patients with less than 5 days of mobilization have a higher success rate of collection. PLT, MNC and CD34+ cell counts before collection can reflect HSC mobilization in patients with lymphoma and MM, and the combination of the three can improve the accuracy of prediction of collection effect. The predictive model based on the absolute number of PLT, MNC and CD34+ cells have good predictive value. Our study suggests that multi-markers are important diagnostic tools for predicting successful collection.

PO-1212

Analysis of Influencing Factors of Positive Antiplatelet Antibody in Patients with Diffuse Large B-cell Lymphoma

Wei Zhang, Longrong Ran, Mingyu Zhao, Yu Peng, Xin Luo, Lian Li, Shuang Chen, Zailin Yang, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective Diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) is a common malignant tumor of the hematological system. Chemotherapy is the main treatment. As a cytotoxic drug, chemotherapeutic drugs can lead to thrombocytopenia, increase the risk of bleeding and require platelet transfusion if necessary. Since platelet antibody is the main cause of ineffective platelet transfusion, the detection of platelet antibody is of great significance to prevent the inefficacy of platelet transfusion in patients with diffuse large B-cell lymphoma. To analyze the screening results of antiplatelet antibodies in patients with diffuse large B-cell lymphoma and to explore the main factors affecting the production of antiplatelet antibodies so as to provide basis for safe blood transfusion.

Methods Patients with diffuse large B-cell lymphoma treated in our department from August 2022 to May 2023 were selected as subjects. Antiplatelet antibodies (GP IX, GP I b, GPIIb, GPIIa, GMP140) were detected by flow cytometry. The factors affecting the positive antiplatelet antibodies were analyzed from the aspects of clinical characteristics and laboratory indexes.

Results In 155 patients with diffuse large B-cell lymphoma, the positive rate of antiplatelet antibody was 63.23% (98/155). Among them, the positive rate of antiplatelet antibody in male patients was 63.75% (51/80), higher than that in female patients was 62.67%(47/75), and the

difference was statistically significant ($P < 0.05$). The positive rate of antiplatelet antibody in patients over 60 years old was 65.18% (43/67), higher than that in patients aged ≤ 60 years old was 62.5% (55/88). The difference was statistically significant ($P < 0.05$). In addition, the positive detection of antiplatelet antibody was related to the abnormal results of large platelet ratio, mean platelet volume, D-dimer and aspartate aminotransferase. In the positive distribution of antiplatelet antibodies, the positive rates of GP IX, GP I b, GPIIb, GPIIa and GMP140 autoantibodies were 1.29% (2/155), 29.03% (45/155), 37.42% (58/155), 1.29% (2/155), 49.68% (77/155), respectively. The positive number of antiplatelet antibodies was related to the abnormal results of partial prothrombin time, prothrombin time, prothrombin activity, international standardized ratio, thrombin time, fibrin (prothrombin) degradation products, globulin, alanine aminotransferase and aspartate aminotransferase.

Conclusion Patients with diffuse large B-cell lymphoma with abnormal results of large platelet ratio, mean platelet volume, D-dimer and aspartate aminotransferase should pay attention to the detection of antiplatelet antibodies before platelet transfusion to prevent transfusion failure.

PO-1213

Stratified management based on surface antibody for prevention of hepatitis B virus reactivation in lymphoma patients

Hailing Liu¹, Lei Cao¹, Zhen He¹, Jingjing Guo², Lvwen Chen¹, Miao Zhong¹, Renfu Gui¹, Jianyong Li¹, Lei Fan¹
1. Jiangsu Province Hospital and Nanjing Medical University First Affiliated Hospital
2. Nanjing Second Hospital

Objective Reactivation of hepatitis B virus (HBV) is a known complication for lymphoma patients undergoing immunochemotherapy. However, the effectiveness of a stratified management approach based on the status and levels of HBV surface antibody (anti-HBs) to prevent HBV reactivation (HBVr) remains unclear.

Methods We conducted a retrospective study including 209 lymphoma patients with a seroprotective baseline anti-HBs titer (≥ 10 IU/L) and either positive or negative for HBV core antibody (anti-HBc) undergoing anti-lymphoma therapy. Our objective was to explore temporal variations in anti-HBs levels and the associated risk of HBVr and develop a comprehensive management protocol for this patient cohort.

Results Among the patients with isolated positive anti-HBs, no cases of HBVr were observed, though 11.8% lost HBV serological protection (anti-HBs < 10 IU/L) after 6 months of therapy. For double-positive patients, 17.3% and 4% experienced loss of HBV seroprotection and HBVr, respectively. Since the loss of HBV seroprotection is a prerequisite for HBVr, we developed a predictive model to identify patients at high risk of losing HBV seroprotection, with baseline anti-HBs titer < 127.7 IU/L as the strongest predictor. The high-risk group had significantly higher rates of loss of HBV serological protection (30.3% vs. 1.7%) and HBVr (12.1% vs. 0%) than the low-risk group among double-positive patients without HBV intervention. Entecavir prophylaxis was effective in reducing HBVr rates in our study.

Conclusion Lymphoma patients receiving immunochemotherapy are at risk of losing HBV seroprotection and developing HBVr despite the presence of anti-HBs. Patients with isolated positive anti-HBs are relatively safe, while active surveillance is recommended for low-risk double-positive patients and antiviral prophylaxis necessary for high-risk patients.

PO-1214

基于生物信息学分析方法探索霍奇金淋巴瘤一线治疗药物的优势与不足

张昊军¹、卢学春^{1,2}

1. 山西医科大学

2. 中国人民解放军总医院第二医学中心

目的 本研究旨在使用生物信息学分析方法探索霍奇金淋巴瘤（Hodgkin's Lymphoma, HL）一线治疗药物的优势与不足，为其临床治疗提供新思路

方法 检索 HL 各国临床诊疗指南，对其临床治疗药物进行汇总，通过 drugbank 数据库和 CTD 数据库建立药物与靶点之间的映射关系。同时使用 biopython 包在 PubMed 数据库中检索 HL 相关文献，剔除没有摘要的题录，使用 PubTator 对获得的摘要进行实体提取、清洗，得到 HL 相关基因。构建药物-基因网络，并对其进行关联分析。最后，我们利用基因本体学（GO）和京都基因与基因组百科全书（KEGG）分别对药物靶点和疾病基因进行功能富集分析

结果 最终共得到 20 个 HL 的常规治疗药物，包括依托泊苷、甲泼尼龙、阿糖胞苷、多柔比星等，共得到 18 个药物的作用靶点与 93 条药物-基因关系对，绝大多数药物得作用靶点或者作用机制都与 MAPK1, CD40, NFKB1A 基因相关。文本挖掘共得到 338 个疾病相关基因。药物靶点与疾病相关基因取交集发现共有 8 个基因，包括 MAPK1, NFKB1A 等，且 MAPK1, NFKB1A 在网络分析的四个衡量指标上皆排名靠前，但仍有 330 个疾病基因没有参与药物作用途径。富集分析发现，NF-kappa B 信号通路和免疫应答等在药物靶点富集结果和疾病富集结果中出现，但仍有部分富集结果为疾病所独有，如 FoxO 信号通路等

结论 目前 HL 的常规治疗方法是较为准确的，但仍有可完善部分，可针对其余疾病相关基因和信号通路进行药物筛选

PO-1215

Tislelizumab combined with gemcitabine and oxaliplatin for extranodal NK/T-cell lymphoma failing L-asparaginase

Hailing Liu¹, Kaiyang Ding², Lixia Sheng³, Jie Ma⁴, Xiaohui Zhang⁵, Hongming Huang⁶, Wei Shi⁷, Hongling Peng⁸, Lei Cao¹, Wei Wu¹, Zhen He¹, Jianyong Li¹, Lei Fan¹

1. Jiangsu Province Hospital, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University

2. Department of Hematology, Anhui Provincial Hospital, the First Affiliated Hospital of USTC

3. Department of Hematology, Ningbo First Hospital

4. Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

5. Department of Hematology, the Second Affiliated Hospital of Soochow University

6. Department of Hematology, the Affiliated Hospital of Nantong University

7. Department of Hematology, the Friendship Hospital of Ili Kazakh Autonomous Prefecture

8. Department of Hematology, the Second Xiangya Hospital, Central South University

Objective Extranodal natural killer/T-cell lymphoma (ENKTCL) is almost always fatal after the failure of L-asparaginase-based regimens. The present phase II, multicenter, single-arm study attempted to investigate the efficacy and safety of the combination of tislelizumab with gemcitabine and oxaliplatin (Tisle-GemOx) in patients with ENKTCL failing L-asparaginase.

Methods Eligible patients received Tisle-GemOx as initial induction (gemcitabine 1 g/m² on day 1, oxaliplatin 100 mg/m² on day 1, and tislelizumab 200 mg on day 2) for 6-8 cycles at 21-day intervals. Responders continued tislelizumab maintenance every two months for two years. The primary endpoint was the complete response rate (CRR) based on the best response.

Results As of February 2023, 32 patients were enrolled in our study. Approximately 90% of patients belonged to the intermediate-/high-risk cohorts, and 31.2% had hemophagocytic syndrome. Among the 30 efficacy-evaluable patients, the best CRR was 56.7% (95% confidence interval [CI], 37.4-74.5%), meeting the primary efficacy endpoint. The best overall response rate was 70.0% (95% CI, 50.6-85.3%). With a median follow-up of 5.6 months, the median progression-free survival (PFS) was 9.1 months (95% CI: 4.2 - not estimable), and the 6-month PFS rate was 52% (95%CI: 32.6 - 68.3%). Subgroup analyses showed that shorter PFS was associated with previous lines of systemic therapy ≥ 2 ($P = 0.018$), concomitant hemophagocytic syndrome ($P = 0.030$), and poor performance status ($P = 0.036$). Eight of the 21 responders (38.1%) maintained remission for over one year. Pseudo-progression was observed in three patients (10%). All 32 patients presented at least one adverse event (AE), with 17 patients (53.1%) experiencing at least one AE of grade ≥ 3 . The most common grade ≥ 3 AEs were lymphopenia (25%) and anemia (15.6%). About 37.5% of patients had immune-related AEs possibly related to tislelizumab, with predominance in grades 1-2 (91.7%).

Conclusion Conclusions: Tisle-GemOx exhibits promising anti-tumor activity and manageable toxicities as a salvage therapy for ENKTCL failing L-asparaginase. Further long-term follow-up is necessary to evaluate the durability of the response with tislelizumab maintenance in this patient population.

PO-1216

基于生物信息学分析方法探索弥漫大 B 细胞淋巴瘤一线治疗药物的优势与不足

李泓毅、Li

中国人民解放军总医院第二医学中心

目的 本研究旨在使用生物信息学分析方法，将患者突变基因、疾病固有突变基因与药物治疗靶点相结合的方法，来探索弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）一线治疗药物的优势与不足，为其临床治疗提供新思路。

方法 检索 DLBCL 各国临床诊疗指南，对其临床治疗药物进行汇总，通过 drugbank 数据库和 CTD 数据库建立药物与靶点之间的映射关系。同时使用 biopython 包在 PubMed 数据库中检索 DLBCL 相关文献，使用 PubTator 对获得的摘要进行提取、清洗，得到 DLBCL 相关基因。构建药物-基因网络，并对其进行关联分析。最后，我们利用基因本体学（GO）和京都基因与基因组百科全书（KEGG）分别对药物靶点和疾病基因进行功能富集分析。

结果 最终共得到 12 个 DLBCL 的常规治疗药物，包括依托泊苷、甲泼尼龙、阿糖胞苷、多柔比星等，共得到 13 个药物的作用靶点与 82 条药物-基因关系对，绝大多数药物得作用靶点或者作用机制都与 MMP2、MMP9、TIMP1、JAK2、STAT1、STAT4 基因相关。文本挖掘共得到 223 个疾病相关基因。药物靶点与疾病相关基因取交集发现共有 8 个基因，包括 JAK2、STAT1、STAT4 等，且 JAK2、STAT4 在网络分析的四个衡量指标上皆排名靠前，但仍有 310 个疾病基因没有参与药物作用途径。富集分析发现，JAK-STAT、NF-kappa B 及 PI3K-AKT 信号通路和免疫应答等在药物靶点富集结果和疾病富集结果中出现，但仍有部分富集结果为疾病所独有，如铁死亡信号通路等。

结论 目前 DLBCL 的常规治疗方法是较为准确的，但仍有可完善部分，可针对其余疾病相关基因和信号通路进行药物筛选。

PO-1217

Effectiveness and safety of Orelabrutinib with Rituximab and Lenalidomide in low KPS score and elder patients with newly diagnosis primary central nervous system lymphoma

ziyuan nie, Jin-Hai Ren, Xiao-Ling Guo
Second hospital of Hebei Medical University

Objective Primary central nervous system lymphoma (PCNSL) is a rare extranodal non-Hodgkin lymphoma with poor prognosis, which is prone to the elderly. Traditional treatment regimens are less effective because of poor tolerance in elder patients with low KPS scores. In-depth research into the pathogenesis of PCNSL has confirmed that the activation of the B-cell receptor pathway, tumor immune microenvironment, and immune evasion all play important roles in the development of PCNSL

Methods Here, we performed a retrospective study of 4 elderly PCNSL patients with KPS score who were treated with Orelabrutinib with Rituximab and Lenalidomide regimen as first-line treatment from November 2020 to May 2021 in The Second Hospital of Hebei Medical University.

Results After 8 cycles of treatment, the overall response rate (ORR) of 4 patients was 100% (4/4), and the complete remission (CR) rate was 100% (4/4). No hematologic toxicity of grade 3/4 or above occurred. The quality of life was significantly improved.

Conclusion In conclusion, the present study demonstrated that Orelabrutinib with Rituximab and Lenalidomide is effective and safe in the treatment of elder PCNSL patients with low KPS score and can improve the quality of life quickly.

PO-1218

8例侵犯骨髓的血管免疫母细胞性细胞淋巴瘤免疫表型分析

何雨蓉、黄林林、樊家梅、敬敏、欧何听雨、余文蝶
四川金域医学检验中心有限公司

目的 分析侵犯骨髓的血管免疫母细胞性细胞淋巴瘤(AITL)流式细胞术(FCM)的检测结果,探讨其骨髓侵犯的免疫表型。

方法 回顾8例侵犯骨髓AITL的FCM检测结果,分析异常T淋巴细胞的抗原表达情况。

结果 结果8例侵犯骨髓的血管免疫母细胞性细胞淋巴瘤患者中,所有患者骨髓中均检出免疫表型异常的T淋巴细胞;8例免疫表型异常的T淋巴细胞均为CD4阳性T细胞来源,表达T系相关抗原cCD3、CD5和CD2,不表达CD8;4例CD3阴性,2例CD3表达减弱;5例CD7表达强度正常,3例CD7表达减弱;8例患者中,5例异常T淋巴细胞CD10阳性,2例CD10弱表达,1例骨髓活检形态及免疫组化支持AITL骨髓侵犯而CD10阴性;8例患者免疫表型异常的T淋巴细胞均不表达髓系、B系及原始/幼稚标记。

结论 AITL骨髓侵犯的免疫表型整体符合外周T细胞淋巴瘤的异常表型(应正常表达的抗原不表达或减弱),部分病例可丢失特征性抗原CD10表达,AITL是否骨髓侵犯需结合临床表型、涂片中异形细胞情况、骨髓活检形态及免疫组化综合分析。

PO-1219

套细胞淋巴瘤患者骨髓中 CD34+造血干细胞的表达及其克隆成球能力的分析

张力¹、郑丽¹、王丽¹、刘仟千¹、吴佳霏¹、张庭强¹、刘永生²、唐君玲¹

1. 重庆医药高等专科学校附属第一医院职业病与中毒医学科

2. 重庆医药高等专科学校

目的 研究 CD34+造血干细胞 (hematopoietic stem cells, HSCs) 在初诊 IV 期套细胞淋巴瘤 (mantle cell lymphoma, MCL) 患者骨髓单个核细胞中的表达及其克隆成球能力的差异。

方法 首先流式细胞术检测 HSCs 在两组中的总占比, 其次行 HSCs 克隆成球实验, 最后检测 HSC 在两组 CD19-/IgM-、CD19-/IgM+、CD19+/IgM+、CD19+/IgM- 四个亚群中的比例。

结果 HSCs 在 MCL 组占 (3.40±0.72)% 较健康供者组 (2.13±0.08)% 高约 1.6 倍 (p=0.3479); 四个亚群的比例 MCL 组均较健康供者组增高 (p>0.05); MCL 组内比例 CD19-/IgM+ (3.57±1.10)% 较 CD19-/IgM- (1.01±0.40)% 增高 (p=0.0437), 此差异在健康供者组内消失。MCL 组 HSCs 较健康供者组具有异常增强的克隆成球能力 (p<0.0001)。

结论 HSCs 在 MCL 组较健康供者组升高, 并具有极其显著的克隆成球能力; 其中 CD19-/IgM-、CD19-/IgM+ 两个亚群中具有显著的表达差异, 提示 MCL 骨髓病灶中的 HSCs 存在表达及克隆成球能力的异常, 从而可能参与了 MCL 的发生发展。

PO-1220

基于生物信息学方法探讨铁死亡相关基因在高级别 B 细胞淋巴瘤发病机制的研究

李泓毅、卢学春

中国人民解放军总医院第二医学中心

目的 存在 c-MYC 和 BCL-2 重排的高级别 B 细胞淋巴瘤 (HGBCL) 属于高度侵袭性 B 细胞淋巴瘤, 患者预后差, 耐药性强。本研究拟探明铁死亡相关基因在 c-MYC 和 BCL-2 重排的 HGBCL 发病机制中的作用, 以此为基础探究铁死亡相关抑制剂在治疗此类淋巴瘤中的效果, 为后续治疗 c-MYC 及 BCL-2 重排的 HGBCL 提供基础。

方法 通过 GEO 数据库检索 HGBCL 的基因表达谱数据。对表达谱数据进行差异分析及 WGCNA 分析。使用 FerrDb 铁死亡数据库筛选铁死亡相关基因, 最终与 WGCNA 正相关模块基因、差异基因共同取交集获得与疾病疾病相关的铁死亡基因 (FRGs)。通过对细胞提取全 RNA 后进行高通量测序, 分析 FRGs 表达情况。通过 PanDrugs 数据库输入 FRGs 筛选潜在铁死亡抑制剂。对此类淋巴瘤细胞系 DOHH-2、SUDHL-10、VAL 进行 CCK-8、EdU 荧光染色法验证筛选药物的抑制细胞增殖作用及联合铁死亡抑制剂 Fer-1 是否可以挽救细胞死亡; 通过 Western blot 验证 FRGs 是否在上述三种细胞系中表达; 在药物干预后使用 GSH 及 MDA 试剂盒分别 DOHH-2 内谷胱甘肽及脂质表达变化情况进一步验证铁死亡是否发生。

结果 选取编号为 GSE44164、GSE43677 数据集。共得出 12 个 FRGs, 并通过 PanDrugs 数据库筛选获得药物 24 种, 最终选择得分最高的 BELZUTIFAN 药物。CCK-8 验证 BELZUTIFAN 对 DOHH-2 具有杀伤作用, IC50 平均值为 12.3umol/L。BELZUTIFAN 与 Fer-1 联合处理细胞发现能够挽救对淋巴瘤细胞的杀伤作用; 此外药物处理后 DOHH-2 内谷胱甘肽及脂质表达变化验证 BELZUTIFAN 通过铁死亡通路对细胞起到杀伤作用。

结论 通过生信方法筛选出药物 BELZUTIFAN 可能对 c-MYC/Bcl-2 重排的 HGBCL 具有治疗作用, 通过 CCK-8 及转录组测序结果发现, 来曲唑对其的杀伤效果可能是通过铁死亡途径发生作用。

PO-1221

普鲁士蓝纳米粒联合甲氨蝶呤/藤黄酸纳米胶束 对双表达淋巴瘤多模态治疗的实验研究

王梦瑶^{1,2,3}、牛挺^{1,2,3}、钱志勇⁴、杨云⁴、胡丹蓉¹、袁立萍⁴、胡倩^{2,3}、虞正禹^{2,3}

1. 四川大学华西医院

2. 四川大学华西医院血液科

3. 四川大学华西医院血液病研究所

4. 四川大学生物治疗国家重点实验室

目的 甲氨蝶呤 (MTX) 是淋巴瘤化疗方案中的基石药物。近期研究显示, MTX 不仅干扰 DNA 合成, 还通过抑制多种还原酶减少四氢生物喋呤、谷胱甘肽等还原性物质, 导致胞内活性氧 (ROS) 水平升高, 促进脂质氧化而诱导铁死亡。MTX 存在水溶性差、单药疗效不足、毒副作用大等问题。我们前期的研究中, 构建了共载 MTX 和广谱小分子抗肿瘤药物藤黄酸 (GA) 纳米胶束, 促进药物向肿瘤组织递送, 且 MTX 与 GA 具有协同效用, 提升了抗淋巴瘤疗效。

双表达淋巴瘤 (DEL) 等高度侵袭性淋巴瘤, 肿瘤负荷高, 易形成大包块, 药物渗透不足, 且对传统治疗反应差。光热治疗通过光热效应, 利用肿瘤和正常细胞热耐受差异诱导肿瘤细胞凋亡, 是安全高效的治疗方法。普鲁士蓝 (PB) 是一种混合价态六氰合铁酸盐, 在近红外区域有强吸收, 有良好的光热转换性能, 同时 PB 升高了细胞内铁离子浓度, 为诱导铁死亡奠定基础。基于此, 我们构建一种 PB 联合 MTX/GA 胶束的治疗体系, 对 DEL 进行光热/化疗多模态治疗, 热消融作用及药物诱导凋亡及铁死亡, 以高效杀伤淋巴瘤。肿瘤组织局部温度升高, 可使胶束负载药物定向释放, 以减轻对正常组织的毒副作用。

方法 运用 MPEG-PCL 以薄膜水化法制备了共载 MTX/GA 的胶束 (MTX/GA-M), 通过一锅法制备 PB, 在其表面修饰了透明质酸以改善其稳定性及靶向性, 对所得纳米药物进行理化表征。以 DEL (DOHH2) 为模型, 通过 CCK8 等实验考察体外 PB 联合 MTX/GA-M 抗淋巴瘤疗效。建立高负荷 DEL 模型 (体积 500mm³), 考察联合体系疗效及系统毒性。通过检测 ROS 水平、铁死亡标志物及 HSP 等指标, 对联合体系抗淋巴瘤机制进行初步考察。

结果 PB 溶液呈深蓝色, 微观为分散球形结构, 粒径中等大小, 分散均匀。PB 在 808 nm 激光辐照后温度显著升高, 达 50-55°C。体外实验显示, PB 联合 MTX/GA-M 后在药物极低剂量时, 即可实现淋巴瘤的高效杀伤 (IC₅₀ MTX 62ng/ml), 激光辐照后, 抗淋巴瘤作用进一步增强 (IC₅₀ 15.6ng/ml)。体内实验显示, 在高负荷双表达淋巴瘤模型中, PB 联合 MTX/GA-M 具有最强的抗肿瘤疗效及最小的系统毒性。机制研究显示, 联合体系杀伤淋巴瘤机制包括: PBNP 热消融作用、PBNP 与 MTX 联合诱导铁死亡、PBNP 与 GA 联合促进凋亡等。

结论 我们构建了一种多模态纳米治疗体系, 对 DEL 的治疗具有重要临床意义。

PO-1222

Prognostic and clinicopathological value of systemic immune-inflammation index in patients with diffuse large B-cell lymphoma: a meta-analysis

Zongxin Zhang
Huzhou central hospital

Objective The systemic immune-inflammation index (SII) is an immunoinflammatory score and prognostic marker, however, the relationship between SII and prognosis of diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) patients remains conflicting. Therefore, we implemented this meta-analysis to comprehensively evaluate the association between SII and prognosis in patients with DLBCL.

Methods The electronic databases of PubMed, Web of Science, Embase, and Cochrane Library were comprehensively and thoroughly searched from inception to March 16, 2023. The combined hazard ratios (HRs) and 95% confidence intervals (CIs) were calculated to estimate the prognostic significance of SII for overall survival (OS) and progression-free survival (PFS) in DLBCL. Odds ratio (ORs) and their 95% CIs were used to determine the correlation between SII and clinicopathological parameters of DLBCL.

Results A total of five studies involving 592 patients were included in the current meta-analysis. The pooled results displayed that elevated SII was significantly correlated to worse OS (HR=3.87, 95%CI=2.48-6.04, $p<0.001$) and inferior PFS (HR=2.38, 95%CI=1.12-5.08, $p=0.024$) in DLBCL. Furthermore, a high SII was significantly associated with presence of B symptoms (OR=2.52, 95%CI=1.66-3.81, $p<0.001$), III-IV Ann Arbor stage (OR=2.86, 95%CI=1.84-4.45, $p<0.001$), high-intermediate/high NCCN IPI (OR=2.25, 95%CI=1.52-3.31, $p<0.001$), increased NLR (OR=33.76, 95%CI=17.18-66.35, $p<0.001$), and increased PLR (OR=44.65, 95%CI=5.80-343.59, $p<0.001$). However, there was non-significant correlation between SII and gender, age, lactate dehydrogenase (LDH) level, Eastern Cooperative Oncology Group performance status (ECOG PS), or histology.

Conclusion This meta-analysis revealed that a high SII was a significant prognostic factor for inferior OS and PFS in DLBCL. Furthermore, increased SII was also significantly correlated to some clinicopathological features representing disease progression of DLBCL. SII is a promising prognostic indicator for DLBCL patients in clinical practice.

PO-1223

血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤游离 DNA 重现性突变及预后分子标志物

张春兰、牟必琴、徐娟、徐才刚
四川大学华西医院

目的 血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤 (AITL) 患者的临床和分子学分层不尽如人意, 阻碍了个性化治疗的发展。本研究旨在利用细胞游离 DNA (cfDNA) 这种无创性的方法, 鉴定出可用于预测 AITL 病人预后及指导治疗的分子标志物。

方法 研究采用含有 46 个基因的个性化定制组合, 对来自 3 个临床中心的 64 例中国 AITL 患者进行治疗前 cfDNA 和配对肿瘤组织行靶向基因测序, 并评估 cfDNA 和肿瘤组织中基因突变的一致性。同时, 分析基因突变与预后的相关性, 并进行功能富集分析。

结果 测序结果显示 cfDNA 样品与配对肿瘤组织样品之间具有良好的一致性。研究发现了 AITL 中新的具有重现性突变的基因, 包括 KDM5A, STAT1, FANCM, ERBB4, PIK3R5 和 NSD1。同

时,我们发现,具有 FANCM 突变或同时具有 RHOA, KDM5A 和 FAT1 突变的患者生存率较低。此外,功能分析显示, RHOAG17 可能有预测 PD-1 抑制剂治疗效果的潜在价值。

结论 本研究结果证实了 cfDNA 作为液体活检在 AITL 中的有效性,并鉴定出了 cfDNA 中对 AITL 患者具有分层及预后意义的分子标志物。

PO-1224

预后营养指数、控制营养状态评分在初诊弥漫性大 B 细胞淋巴瘤患者中的预测价值

谢凤阳、朱馨玉、李冰、朱晶晶、卢盛仙、傅建非、梁爱斌、修冰
上海市同济医院

目的 探讨预后营养指数(PNI)及控制营养状态(CONUT)评分在弥漫性大 B 细胞淋巴瘤(DLBCL)患者中的预测价值。

方法 本研究为回顾性研究,收集 2013 年 3 月至 2023 年 7 月 160 例初诊 DLBCL 患者临床资料,通过 ROC 曲线获得患者治疗前 PNI、CONUT 评分评估预后不良的最佳临界值,采用两独立样本 t 检验、非参数秩和检验分析分类变量, Kaplan-Meier 法分析患者总生存率(OS)和无进展生存期(PFS)情况,应用 Cox 比例风险回归模型进行单因素和多因素分析。

结果 PNI 最佳临界值为 44.65, CONUT 评分最佳临界值为 4.5 分。PNI \leq 44.65 与 CONUT $>$ 4.5 分患者的共同特点是高龄患者占比多、Ann Arbor 分期和 IPI 积分高、合并 B 组症状比例高、体力状态差、多种炎症指标升高、肿瘤负荷重。PNI \leq 44.65 较 PNI $>$ 44.65 患者总生存率、无进展生存期更短, CONUT $>$ 4.5 分的总生存率、无进展生存期低于 CONUT \leq 4.5 分患者。单因素回归分析显示,年龄、Ann Arbor 分期、IPI 积分、有无合并 B 组症状、PNI、CONUT 评分、白细胞计数、超氧化物酶、白介素 2 受体是预后不良的危险因素(P $<$ 0.05)。多因素回归分析显示, IPI 积分、PNI 是预后不良的独立危险因素(P $<$ 0.05)。

结论 PNI、CONUT 评分在初诊 DLBCL 患者预后评估中有较好的预测价值,其中 CONUT $>$ 4.5 分是预后不良的危险因素, PNI \leq 44.65 是预后不良的独立危险因素。

PO-1225

CD19/22 CAR-T 治疗 CD58 突变的复发/难治性大 B 细胞淋巴瘤的安全性及有效性研究

吕秋霞、杨漾、王高翔、曹阳
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 回顾性收集了本中心接受 CD19/22 CAR-T 治疗的复发/难治性(R/R)大 B 细胞淋巴瘤(LBCL)患者的临床数据,对 CAR-T 细胞治疗 R/R CD58 突变 LBCL 的安全性和有效性进行分析,以更好地指导 CD58 突变型淋巴瘤的治疗。

方法 共收集 2018 年 1 月 1 日至 2020 年 12 月 31 日期间在本中心治疗的 122 例 R/R LBCL 患者。随访截止时间为 2022 年 07 月 31 日。根据是否接受过第三代 CD19/22 CAR-T 治疗、临床数据的完整性以及新一代测序结果是否显示 CD58 突变对患者进行分组。分组包括 CD58 突变型 CAR-T (n=13)、CD58 野生型 CAR-T (n=100) 和 CD58 突变型 (n=9)。对有效性和安全性进行了评估。

结果 22 例患者中存在不同类型的 CD58 突变,通过多重生信(PUBMED、COSMIC、Clinvar、

SIFT, Polyphen2_HAVR, Polyphen2_HDIV) 预测均为致病性突变。未接受 CAR-T 治疗的 CD58 突变型患者的中位 OS 为 6.2 月 (0.6-55.7)。CAR-T 治疗组中, 两个亚组在 CAR-T 输注后 30 天内的毒性反应类似, 差异无统计学意义 ($P=0.88$)。所有患者的中位随访时间为 30.2 月 (0.2~66.0)。CD58 突变型 CAR-T 组中, 5 例患者达到 CR, 4 例获得 PR, ORR 为 69.2%; CD58 野生型 CAR-T 组中, CR 率为 44.0%, PR 率为 26.0%, ORR 为 70.0%, ORR 在两组之间无统计学差异 ($P=0.38$)。CD58 突变型 CAR-T 组的中位 OS 为 7.4 月 (0.7-54.9), 中位 PFS 为 2.6 月 (0.2-54.9); 而 CD58 野生型 CAR-T 组中位 OS 为 32.1 月, 中位 PFS 为 12.3 月。CD58 突变型 CAR-T 组和 CD58 野生型 CAR-T 组 2 年 OS 率分别为 52.8% 和 46.2% ($P=0.41$) 及 2 年 PFS 率分别为 45.5% 和 43.9% ($P=0.57$), 差异无统计学意义。

结论 CD19/CD22 C-ART 细胞疗法对 CD58 突变型 R/R LBCL 具有与野生型一致的疗效和安全性。通过多重生信预测 CD58 不同突变类型可能存在蛋白功能受损, 也没有影响 CAR-T 的疗效, 推测很可能与 CAR-T 刺激信号结构有关。但仍需要进一步开展大样本前瞻性研究, 并进一步探索 CD58 不同突变类别和疗效的相关性以及确定优化的 CAR-T 结构设计。

PO-1226

OX40 shapes an inflamed tumor immune microenvironment and predicts response to immunochemotherapy in diffuse large B-cell lymphoma

Yaxiao Lu, Shen Meng, Jingwei Yu, Xianhuo Wang, Huilai Zhang
Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital

Objective OX40 enhances the T-cell activation via costimulatory signaling. However, its molecular characteristics, tumor immune microenvironment (TiME) and value in predicting response to immunochemotherapy in diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) remain largely unexplored.

Methods GEPIA and Oncomine database were used to analyze the expression of OX40 in different cancers. We then performed RNA-sequencing and deep-targeted sequencing to detect the expression characteristics and clinical value of OX40, as well as immune infiltration cells or immune-related molecules in DLBCL. And molecular features of OX40 protein and TiME were characterized using multiplex immunofluorescence staining.

Results We found that abnormally higher expression of OX40 occurred in DLBCL. Elevated OX40 help patients exhibit an improved response to immunochemotherapy by activating T cells and driving the recruitment of abundant infiltrating lymphocytes, leading to a higher immune score for TiME. OX40 upregulation simultaneously happened with immune-related genes, including PD-1, CTLA4, TIGIT, VISTA, ICOS, GITR, 4-1BB and CD28, as well as frequently BIRC6, STAT6 and TNFRSF14 mutations. Patients with high OX40 expression exhibited a lower Ann Arbor stage ($p=0.039$) and IPI score ($p=0.047$) and more easily achieved a complete response/partial response, particularly those with high expression of both OX40 and OX40L, and these patients had a longer OS ($p=0.008$) and PFS ($p=0.010$). An analysis of the infiltrated T-cell subset revealed that patients with a greater number of CD4+/OX40+ or CD8+/OX40+ T cells had a longer OS ($p=0.021$; $p=0.009$) and that CD8+/OX40+ T cells maintained an independent prognostic value for survival (HR=0.517; CI=0.276-0.968; $p=0.039$).

Conclusion Our findings indicated that OX40 shapes an inflamed tumor immune microenvironment and predicts response to immunochemotherapy, providing insights for the application of OX40 agonist in DLBCL patients.

PO-1227

Integrative genomic and transcriptomic analysis reveals genetic alterations associated with the early progression of follicular lymphoma

Fenghua Gao, Hengqi Liu, Xianhuo Wang, Huilai Zhang
Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital

Objective Follicular lymphoma (FL), the most common indolent lymphoma, is a clinically and genetically heterogeneous disease. However, the prognostic value of driver gene mutations and copy number alterations has not been systematically assessed.

Methods Here, we analysed clinical-biological features of 415 FL patients to identify variables associated with disease within 24 months of first-line therapy (POD24). In addition, we applied whole exome sequencing (WES) to identify genomic alterations that predict POD24 based on 102 FL patients. Furthermore, we characterize the cellular and molecular heterogeneity within and across patients through bulk RNA sequencing and at single cell resolution.

Results POD24 occurred in 21% of evaluable FL patients. To further examine the effect of POD24 on OS, we used a 24-month landmark approach for Kaplan-Meier curve analysis. As expected, POD24 was related to poor OS, and the 3- and 5-year survival probabilities of patients in whom the disease progressed within the first 24 months were 89.2% (95% CI, 84.5-93.9) and 78.6% (95% CI, 70.4-86.8), respectively, compared with 98.5% (95% CI, 97.8-99.2) and 96.2% (95% CI, 95.0-97.4) in patients who were progression free at 24 months, respectively. Moreover, patients without progression at 24 months were more likely to exhibit a CR to front-line treatment (54% vs. 35%, $P = 0.001$) compared to the POD24 cohort. Patients with B symptoms, elevated lactate dehydrogenase and β 2-microglobulin levels, unfavourable baseline haemoglobin levels, advanced stage, and high-risk FL International Prognostic Index (FLIPI) scores had an increased risk of POD24, with FLIPI being the most important factor in logistic regression. HIST1H1D, known as a driver mutation, was correlated with POD24. Gains of 6q22.2 (HIST1H1D) and 18q21.33 (BCL2) and loss of 1p36.13 (NBPF1) predicted POD24 independent of FLIPI. Integration of the four variants led to the identification of 76% of POD24 patients. Gene expression profiling of FL samples showed that the POD24 cohort was significantly enriched in the inflammatory response (mediated by interferon and tumour necrosis factor), cell cycle regulation (transcription, replication and proliferation) sets and PI3K-AKT-mTOR signalling. This result was further validated with transcriptome-wide information provided by RNA-seq at single-cell resolution.

Conclusion Our study, performed on a large cohort of FL patients, highlights the importance of distinctive genetic alterations and gene expression relevant to disease diagnosis and early progression.

PO-1228

以眼部肿物首发套细胞淋巴瘤 1 例

张研、张茜
中国人民解放军联勤保障部队第 940 医院

目的 套细胞淋巴瘤 (MCL) 是一种比较罕见的、好发于老年男性的 B 细胞非霍奇金淋巴瘤 (NHL)。病变呈高度侵袭性和惰性, 对常规化疗不敏感。常见的淋巴结外受累部位为胃肠道和韦氏环, 少见侵犯眼眶, 首发眼眶 MCL 更是罕见。大多数眼眶 MCL 患者呈现为 IV 期疾病、易复发、生存时间短的特点。现将我院收治的一例以眼眶首发的套细胞淋巴瘤诊疗经过报告并文献复习, 以提高以眼

眶肿物为首表现的 MCL 的认识。

方法 回顾性分析 2022 年 1 月解放军联勤保障部队第九四〇医院收治的 1 例眼眶肿物为首表现的 MCL 患者的临床资料及诊疗经过, 并进行相关文献复习。

结果 结合临床表现及相关辅助检查最后诊断为: 非霍奇金淋巴瘤 套细胞淋巴瘤 经典型 IV 期 A 组。确诊后在局麻下行左眼眶内肿物切除术+眶膈加固术, 术后予以环磷酰胺+长春瑞滨+泼尼松片 (COP 方案) 治疗, 病情稳定后规律口服奥布替尼治疗, 定期门诊随访。

结论 眼眶 MCL 早期症状不明显, 起病较为隐匿, 往往首诊于眼科, 眼科医生在诊疗中应注意对眼眶 MCL 疾病分析并及时作出准确的判断, 必要时请血液科医生协助诊断, 做到早诊断、早治疗。

PO-1229

134 例慢性淋巴细胞白血病的分子细胞遗传学特征

王晓英、孙媛、程建超、黄晓丽、邓胜
北京海思特医学检验实验室

目的 探讨常规细胞遗传学 (CC) 和荧光原位杂交 (FISH) 技术检测慢性淋巴细胞白血病 (CLL) 患者的分子细胞遗传学异常特点及意义。

方法 对 134 例 CLL 患者的外周血采用 G 显带技术进行染色体核型分析, 同一样本运用 CLL 组合探针 TP53 (17p13.1)、RB1 (13q14.1)、ATM (11q22)、CEP12 (12p11.1-q11)、D13S25 (13q14.3) 进行 FISH 检测, 并对两种检测结果进行比较。

结果 134 例 CC 分析结果为: 无分裂相占 7% (10/134), 正常核型占 51% (68/134), 异常核型占 42% (56/134)。56 例异常核型中 37.5% (21/56) 存在 1 种核型异常, 62.5% (35/56) 存在 2 种及以上核型异常。染色体异常主要涉及+12 占 39% (22/56)、del(13q) 占 11% (6/56)、del(11q) 占 14% (8/56)、del(6q) 占 11% (6/56)、del(17p) 占 5% (3/56), 涉及其他染色体异常如-Y、add(2p)、-9、t(11;14)、t(14;18) 等。组合探针 FISH 检测结果显示: 37% (49/134) 的患者无分子遗传学异常, 63% (85/134) 的患者至少含有 1 种以上的分子遗传学异常。85 例 FISH 结果异常的患者中, 单一异常占 64% (54/85), 合并 2 种异常的占 26% (22/85), 合并 3 种异常的占 8% (7/85), 合并 4 种异常的占 2% (2/85)。其中 TP53 阳性为 16% (14/85)、RB1 阳性为 26% (22/85)、ATM 阳性为 19% (16/85)、CEP12 阳性为 24% (20/85)、D13S25 阳性为 62% (53/85)。在 68 例 CC 核型结果正常的 CLL 患者中, 应用 FISH 检测技术检出 38 例存在异常; 10 例 CC 检测无分裂相患者中, 应用 FISH 技术检出 7 例异常, 2 例为+12, 2 例为 del(13q), 1 例存在单一的 del(17p), 1 例为 del(11q), 1 例为 del(11q) 伴 del (13q)。

结论 由于 CLL 细胞染色体检测的局限性, FISH 技术不仅可以避免无分裂相影响, 也可以明显提高异常检出率, 为 CLL 的诊断、治疗、预后提供参考依据。

PO-1230

以自身免疫性溶血性贫血为首表现的华氏巨球蛋白血症临床特点

李云凡、陈香丽
河南省人民医院

目的 探讨以自身免疫性溶血性贫血为首表现的华氏巨球蛋白血症的临床表现及实验室特点, 为这类患者的早期诊断提供依据。

方法 收集 2018 年 10 月 31 日到 2023 年 7 月 5 日期间就诊我院的 46 例华氏巨球蛋白血症的初诊临床资料，筛选同时符合自身免疫性溶血性贫血及华氏巨球蛋白血症诊断标准的病例，得到以自身免疫性溶血性贫血为首表现的 5 例病例，占 9%，分析并总结临床特点。

结果 1、5 例患者中有 3 例女性，2 例男性，诊断时中位年龄为 68 岁（50~80 岁）；中位确诊时间 1 个月（半月~半年）；2、临床表现：入院时主要表现为乏力、头晕，2 名患者伴纳差，1 例伴有黄染，3 例患者出现脾大；3、实验室检查：平均血红蛋白水平为 60g/L（44~97g/L），平均血小板水平 $130 \times 10^9/L$ （78~165 $\times 10^9/L$ ）；4 例患者出现网织红细胞升高，1 例未查；3 例患者出现胆红素升高，2 例以间接胆红素升高为主；3 例出现不同程度的 IgM 升高，平均值为 3.73g/L（2.4~4.75g/L）；5 例患者的免疫固定电泳均出现 IgMk 单克隆条带；3 例患者 MYD88 基因突变检测阳性，2 例确诊时未行基因检测，1 例确诊时骨髓象可见浆样淋巴细胞占 8.4%。

结论 自身免疫性溶血性贫血为首表现的华氏巨球蛋白血症主要临床表现为头晕、乏力、纳差等贫血相关症状，查体可出现脾大，实验室检查表现为网织红细胞的升高及以间接胆红素为主的高胆红素血症，且免疫固定电泳出现异常的 IgM 单克隆条带。因此，当表现为自身免疫性溶血性贫血患者出现 IgM 水平升高及出现单克隆条带时，应当尽早完善 MYD88 基因突变检测、骨髓穿刺及活检，警惕华氏巨球蛋白血症的发生。

PO-1231

奥妥珠单抗治疗 B 细胞淋巴瘤疗效与安全性分析

赵杨祉、白鸥、国巍、王兴彤、李佳、万鑫、李军娜、曹鹿鸣、王浩天、郭静、李哲、王博文
吉林大学第一医院

目的 分析我中心应用奥妥珠单抗治疗 B 细胞淋巴瘤的疗效与安全性。

方法 回顾性分析在 2021 年 9 月至 2023 年 7 月，于我中心接受奥妥珠单抗联合化疗或单药维持治疗患者，中位随访 9 月（1-20），评价疗效及主要不良反应。

结果 165 例患者中，男性 88 例（53%），女性 77 例（47%），中位年龄 56 岁（26-83）。其中滤泡性淋巴瘤 80 例（48%），边缘区淋巴瘤 22 例（13%），慢淋/小淋巴细胞淋巴瘤 13 例（8%），弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 42 例（25%），其他 8 例（5%）。初诊 114 例（69%），复发/难治 51 例（31%）。I-II 期 33 例（20%），III-IV 期 131 例（79%），低中危 91 例（55%），中高危 74 例（45%）。124 例患者接受奥妥珠单抗联合治疗，42 例患者接受维持治疗，中位治疗 4 周期（1-11）。ORR 66.7%，CRR 40.6%。3 例因疾病进展死亡。进一步亚组分析显示，初诊患者在 ORR（78% vs 22%， $p < 0.001$ ）与 CRR（81% vs 19%， $p = 0.02$ ）方面均优于复发/难治患者。不同分期患者 CRR 无差别（I-II vs III-IV，24% vs 76%， $p = 0.424$ ）。低中危与中高危患者 ORR（58% vs 42%， $p = 0.373$ ）、CRR（63% vs 37%， $p = 0.481$ ）均无差异。接受 4 周期以上治疗患者具有较好的 ORR（ $p < 0.001$ ）与 CRR（ $p < 0.001$ ）。第一周期奥妥珠单抗加密治疗（第 1、8、15）可提高 ORR（87% vs 13%， $p = 0.036$ ），同时可降低 IgM 水平，但并未影响 CRR（87% vs 13%， $p = 0.343$ ）、IgG 与 IgA 水平。维持治疗可导致 IgM 减低，但是不影响 IgG 或 IgA 水平。在治疗相关副反应方面，任意级别的不良事件为 42 例（25%），III 级以上不良反应为 18 例（11%），肿瘤溶解综合征 11 例（7%），其中仅有 1 例患者需血液净化治疗并恢复。肝损伤 8 例（5%）。输注反应为 23 例（14%），均为 I-II 级，仅有 2 例患者因输注反应延迟治疗。

结论 奥妥珠单抗治疗 B 细胞淋巴瘤安全、有效，对于 III-IV 期或中高危患者与 I-II 期、低中危患者疗效相近，仍需长期随访进一步明确疗效与安全性。

PO-1232

一例皮肤 T 细胞淋巴瘤患者合并多重耐药菌的皮肤及导管护理

刘晓荣、许梦

苏州大学附属第一医院

目的 总结一例复发型皮肤 T 细胞淋巴瘤化疗后合并多重耐药菌及全身炎症反应、弥漫性脱屑患者的皮肤管理和导管护理方法。

方法 2023 年 3 月我科收治一位皮肤 T 细胞淋巴瘤复发患者，女，50 岁，患者有糖尿病病史十余年，9 年前出现手足脱皮，治疗效果不佳。2021 年 1 月出现背部、颈部大片红斑伴瘙痒至当地医院就诊，考虑蕈样肉芽肿，行免疫治疗时出现淋巴结肿大，PET-CT 考虑自身免疫性疾病可能。骨穿及皮肤活检：诊断为皮肤 T 细胞性淋巴瘤伴淋巴结累及免疫表型改变。外院多次化疗，予抗感染、调节免疫等减轻皮肤炎症反应。期间多次发热，血培养、PICC 管培养及输液港培养均提示：金黄色葡萄球菌。先后拔除 PICC 管、输液港。皮肤分泌物培养提升铜绿假单胞菌。后行自体移植、粪菌移植病情稍有控制，提示本病缓解，皮肤状况未见明显改善。2023-02-21 骨穿：骨髓增生活跃，淋巴瘤治疗后可见 5.5% 的异常细胞。MRD:38.6%。免疫分型：可见 75.75% 的异常 T 淋巴细胞，血培养提示表皮葡萄球菌，分泌物培养提升为肺炎克雷伯菌。为治疗予 3/21 入我科。查体：全身弥漫性脱屑伴瘙痒感，全身皮肤呈现红褐色，头皮干裂。右下肢浮肿，B 超：右侧下肢动脉粥样斑。入院后反复发热，峰值 38.1，胸部 CT:左上肺肺大疱、肺气肿，病毒性肺炎可能。对症治疗后体温正常，置入右手臂 PICC 置管。3/27 起予维耐克拉口服，3/29 地西他滨静脉治疗。化疗期间反复高热，峰值 39.6，3/26 分泌物培养、痰培养：金黄色葡萄球菌，4/2 血 NGS：多重耐药鲍曼不动杆菌。床边接触隔离，多粘 E+泊沙康唑+替加环素+达托霉素联合抗感染效果不佳。头皮灭菌石蜡油湿敷，皮损处破溃根据创面细菌培养选择合适抗生素。针对破溃的创面行湿性愈合的方法，记录皮损范围、颜色、程度、渗液情况，予相应的护理措施，全身皮肤脱屑较前好转，4/13 日患者出院

结果 患者全身皮肤情况较前好转，PICC 置管期间得到有效的维护。

结论 复发型皮肤 T 细胞淋巴瘤发生率低，但容易被误诊。患者生活质量下降，外形改变。良好的皮肤管理、有效的管道护理，可提高病人的舒适度，改善生活质量，保证治疗稳步进行。

PO-1233

Clinical Study of the R-CDOP Regimen in Previously Untreated DLBCL with High Tumor Burden - An interim analysis of Multicenter, Prospective cilinical

Wei Guo,Ou Bai,Yangzhi Zhao,Xingtong Wang,Junna Li,Chunshui Liu,Jia Li
Department of Hematology, Cancer Center, The First Hospital of Jilin University

Objective The treatment of DLBCL with high tumor burden is facing severe challenges. The response rate and survival of R-CHOP treatment still need to be further explored in these patients. Pegylated liposomal doxorubicin (PLD) is a promising alternative drug to the current regimen, with a safety and efficacy profile through the enhanced permeability and retention effect and longer circulation¹⁻³, and especially less cardiotoxic compared with traditional anthracyclines⁴. We conducted this prospective study to evaluate the efficacy and safety of PLD combined with R-COP (R-CDOP) regimen in treatment for previously untreated (TN) NHL with high tumor burden.

Methods This study was a single-arm, multicenter, prospective clinical trial (NCT05040555). TN Patients with CD20+ diffuse large B-cell lymphoma with high tumor burden were recruited. Patients are considered to have high tumor burden if they meet at least one of the following criteria: (1) presence of at least three lymph nodes with a diameter of 3 cm or more; (2) presence

of any lymph nodes or extranodal masses with a diameter of 7 cm or more; (3) presence of hepatomegaly and splenomegaly confirmed by PET-CT; Spleen: female > 15cm, male > 16cm); (4) presence of pleural and peritoneal effusions determined through cytological examination, flow cytometry, or diagnosed by PET-CT, (5) LDH levels exceeding 3 times the upper limit of normal value, and (6) PET-CT TMTV exceeding 220cm³. The patients received PLD (30-35mg/ m², d1) plus Rituximab (375mg/m², d0), Cyclophosphamide (750mg/ m², d1), Vindesine (3mg/ m², d1) / Vincristine (1.4mg/m², d1) and Prednisone (60mg/ m², d1-5) Q3W for 4 (Limited-stage lymphoma) or 6 (Advanced lymphoma) cycles with an additional 2 cycles of Rituximab therapy. The primary endpoints was objective response rate (ORR). The secondary endpoint were complete response rate (CRR), disease control rate (DCR), progression-free survival (PFS), overall survival (OS) and safety.

Results At the data cut-off of 5 June 2023, 44 eligible pts were enrolled (Table 1). The ORR and CRR was 84.2% (32/38) [95%CI, 68.8%-94.0%] and 60.5% (23/38) [95%CI, 43.4-76.0%], respectively. The DCR was 89.5% (34/38) [95%CI, 75.2%-97.1%]. The median PFS was 14.4 months [95%CI, 4.7%-24.2%], and the median OS was not reached. The median PFS and OS will be updated after long-term follow-up. The most common grade 3/4 AEs were neutropenia (29.5%), leucopenia (25.0%) and anemia (11.4%). Left ventricular ejection fraction (LVEF) declined in 1(1/44, 2.3%) pt, but did not fall below 50%. Congestive heart failure was not occurred. Dose adjustment and treatment delay due to AE occurred in only one pt, and no treatment termination due to AE occurred except for 1 patient death.

Conclusion The preliminary results of the study indicate that the R-CDOP regimen is safe and shows promising efficacy for treating TN NHL with a high tumor burden.

PO-1234

维布妥昔单抗诱导后序贯西达本胺治疗 PTCL 的临床研究

李朝霞、白鸥、国巍、赵杨祉、王兴彤、李军娜、刘春水、李佳、万鑫
吉林大学第一医院

目的 评估外周 T 细胞淋巴瘤 (PTCL) 经维布妥昔单抗 (BV) 诱导治疗后序贯西达本胺维持治疗的疗效和安全性。

方法 回顾性收集经标准治疗联合 BV 诱导治疗后序贯西达本胺维持治疗的 10 例不同亚型 PTCL 患者的临床资料, 分析无进展生存期 (PFS)、总生存期 (OS) 和安全性。

结果 1、10 例患者中, 男性 6 例 (60%), 女性 4 例 (40%), 中位年龄 60.5 岁 (44~71 岁); 病理亚型: 血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤 6 例 (60%), 外周 T 细胞淋巴瘤, 非特指型 1 例 (10%), NK/T 细胞淋巴瘤 1 例 (10%), 蕈样肉芽肿 1 例 (10%), 肠病型 T 细胞淋巴瘤 1 例 (10%); Ann Arbor 分期: II 期 1 例 (10%), III 期 3 例 (30%), IV 期 6 例 (60%); IPI 评分: 1 分 1 例 (10%), 2 分 2 例 (20%), 3 分 1 例 (10%), 4 分 6 例 (60%)。2、10 例患者中 9 例 (90%) 经 BV 治疗有效, 这部分患者在随访期间的最佳缓解均为 CR/PR, 其中完全缓解 (CR) 6 例 (60%), 部分缓解 (PR) 3 例 (30%), 疾病进展 (PD) 1 例 (10%), 客观缓解率 (ORR) 为 90%, 这与我们先前的研究结果基本一致。其中 9 例缓解患者 (9/10) 在序贯西达本胺维持治疗后, 有 1 例失访, 3 例持续 CR, 剩余 5 例再次出现 PD; 1 例未缓解患者 (1/10) 改为 CHOP 联合西达本胺治疗, 再次评估为 PD。ORR 为 33.3% (CR 33.3%)。3、9 例缓解患者进行了后续西达本胺维持治疗, 6 例 (6/9) 评估为 PD, 其中 3 例 (3/6) 经再治疗后死亡, 1 例 SD (1/6), 2 例 (2/6) 再次缓解。中位随访时间 16 个月, 中位 PFS 时间 12 个月, 中位 OS 时间 30 个月。4、BV 治疗的 10 例患者中最常见的不良反应 (AE) 为贫血 (70%)、中性粒细胞减少 (60%)、血小板减少 (40%)、电解质紊乱 (40%), 但仅有 1 例 AE≥3 级; 西达本胺治疗的 9 例患者中最常见的 AE 为贫血 (55.6%)、肝损害 (44.4%)、肺炎 (44.4%)、中性粒细胞减少 (33.3%)、血小板减少 (33.3%), 未有患者 AE≥3 级; 未有患者因不良反应而停药或死亡。

结论 本研究结果显示 BV 诱导后序贯西达本胺治疗 PTCL 安全性良好, 但未见明显疗效, 主要原因或许在于样本量少, 随访时间短, 未来需要进一步大样本随机化研究来验证本研究方案对 PTCL 的疗效, 以期实现对 PTCL 的精准分型分层治疗。

PO-1235

来那度胺联合利妥昔单抗维持治疗在初治弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的疗效及安全性分析

郭静、白鸥、国巍、李佳、王浩天
吉林大学第一医院

目的 分析我中心接受来那度胺联合利妥昔单抗维持治疗的初治弥漫大 B 细胞淋巴瘤的疗效及安全性。

方法 回顾性分析在 2019 年 1 月至 2023 年 7 月, 于我中心应用来那度胺联合利妥昔单抗维持治疗的初治弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者, 探索 R2 方案在初治 DLBCL 维持治疗中的精准应用, 分析其疗效及安全性。

结果 共纳入 28 例患者, 其中, 男性 10 例 (35.7%), 女性 18 例 (64.3%), 中位年龄 69.5 岁 (54-84)。老年患者 (年龄大于等于 60 岁) 24 例, 老年患者中总缓解率 (ORR) 60.7%, 完全缓解率 (CRR) 50.0%。GCB 起源的弥漫大 B 细胞淋巴瘤 5 例 (17.9%), non-GCB 起源的弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 23 例 (82.1%)。总缓解率 (ORR) 67.9%, 完全缓解率 (CRR) 57.1%。3 例因疾病进展死亡, 1 例不明原因猝死 (心源性可能性较大)。在治疗相关副反应方面, 任意级别的不良反应事件共 20 例 (71.4%), III 级以上不良反应为 5 例 (17.8%), 其中 II-III 度粒缺共 14 例 (50%), 均可通过应用粒细胞刺激因子恢复血象, 皮疹 6 例 (21.4%), 其中仅 2 例患者因无法耐受不良反应而停药, 2 例患者出现不良反应减量后, 不良反应较前减轻。

结论 目前, 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤维持治疗是否能使患者获益仍存在争议, 已有研究证明来那度胺联合利妥昔单抗组成 R2 方案可通过增加 NK 细胞数量、激活 NK 细胞活性增强 ADCC 效应、修复免疫突触功能辅助 CD20 单抗 (利妥昔单抗) 靶向杀伤作用, 改善患者预期生存效果。我们的研究显示虽然来那度胺联合利妥昔单抗出现不良事件比例较高, 但大部分可通过减量或对症治疗改善不良反应, 仍有较为广泛的应用前景。由于纳入病例有限, 仍需进一步扩展病例, 并继续长期随访以明确安全性及疗效。

PO-1236

以全血细胞减少为首要表现的 B 细胞慢性淋巴增殖性疾病患者的临床特征

郭梦露、陈香丽
河南省人民医院

目的 归纳总结以全血细胞减少为首要表现的 B 细胞慢性淋巴增殖性疾病 (B-CLPD) 患者初诊时的临床特征。

方法 以 MYD88 基因检测为切入点, 收集 2018 年 7 月至 2023 年 7 月间就诊的 94 例患者初诊时的临床资料, 分析并总结临床特点。

结果 结果一: 在本次回顾性研究中, 共有 58 例患者确诊为 B 细胞慢性淋巴增殖性疾病, 以全血细胞减少为首表现的患者占 9 例。结果二: 1、男性 7 例, 女性 2 例, 男女比例 7: 2, 中位确

诊年龄 71 (50-88) 岁。9 例患者亚型分布为淋巴浆细胞淋巴瘤/华氏巨球蛋白血症(LPL /WM)6 例 (66.6%)，套细胞淋巴瘤(MCL)1 例 (11.1%)，小淋巴细胞淋巴瘤(SLL)1 例 (11.1%)，边缘区淋巴瘤(MZL)1 例 (11.1%)。2、9 例患者入院初诊时血常规均提示三系减少，白细胞中位数 $3 \times 10^9/L$ ，血红蛋白中位数 83g/L，血小板中位数 $72 \times 10^9/L$ 。其中 44.4% 的患者以乏力等全身症状就诊，余以双下肢水肿、腹部包块、发热等异常表现就诊。8 例患者伴有不同程度的髓外累及，主要累及脾 (62.5%)，肝 (37.5%)，淋巴结 (50%)。3、在 9 例患者的血清免疫固定电泳检测结果中，5 例患者出现明显浓集条带，均为 IgMk 型，IgM 水平中位数 8.5g/L，4 例患者检测结果中无 M 带。4、在 6 例确诊华氏巨球蛋白血症的患者中，MYD88L256P 基因阳性的患者占 4 例 (66.7%)。

结论 B-CLPD 是一种临床发展过程多数呈惰性的成熟 B 细胞增殖性肿瘤，以全血细胞减少为首要表现的 B-CLPD 患者多以乏力初次就诊，常常伴有不同程度的髓外浸润，IgM 升高，MYD88L256P 基因阳性常常提示华氏巨球蛋白血症，临床上需要全面认识 B-CLPD 的临床表现，及早确诊，降低误诊率。

PO-1237

DLBCL 合并小 B 细胞淋巴瘤的诊断思路及临床意义

李钦璐、张恒、邢树刚、王滢
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 我们报告了一例罕见的淋巴结 (LN) 活检病理诊断为 DLBCL 而同时在骨髓 (BM) 活检中诊断为 CLL 的病例，我们研究了两种组织学亚型之间的克隆关系，探讨其与 CLL 的 Richter 转化之间的关系及临床意义。

方法 在 LN 中诊断为 DLBCL，在 BM 中诊断为 CLL，通过对两种组织进行两轮细胞遗传学 (FISH) 检测以研究它们之间的克隆关系。

结果 LN 进行大 B 细胞淋巴瘤组合探针 FISH 检测 (BCL2, BCL6, CMYC, IgH/CMYC, TP53)，发现 BCL6 重排阳性，而 BM 样本在进行 CD19 分选后按照 CLL FISH 套餐进行检测 (Rb1, D13S25, ATM, TP53, +12, IgH/CCND1)，发现+12 异常；接着进行第二轮 FISH 检测，即对 LN 进行+12FISH 检测，并与 BCL6 阳性进行对比，发现这些大 B 细胞+12 阴性，而其混杂的其它淋巴细胞+12 阳性；另一方面，对 BM 进行 BCL6 检测，结果为阴性；可以判断 LN 中的大 B 细胞淋巴瘤和 BM 中的 CLL 无克隆相关性。

结论 对于没有 CLL 病史，首发症状又在 LN，且诊断为 DLBCL 时，临床很容易忽略 BM 中的组织学以及克隆相关性的检测，尤其当 BM 中异常侵犯的淋巴细胞为小 B 淋巴细胞且比例低，克隆相关性的检测存在一定难度，但其结果至关重要，关系病人的治疗和预后转归。细胞遗传学 (FISH+染色体核型) 是克隆相关性非常重要的检测手段；当克隆相关时，一般为 CLL-Richter 转化，此时预后差，应采取新药联合化疗，造血干细胞移植及 CAR-T 等方法；当克隆不相关时，就按照常规初诊 DLBCL 治疗，此时并不影响病人的预后 (如采用 R-CHOP 治疗)，同时这类病人也不应排除在 DLBCL 的相关临床实验外。

PO-1238

PD-1 抑制剂联合化疗序贯联合西达本胺维持治疗 单形性嗜上皮性肠道 T 细胞淋巴瘤疗效分析

王兴彤、白鸥、国巍、赵杨祉、李佳、万鑫、李军娜、曹鹿鸣、王浩天、郭静、李哲、王博文
吉林大学第一医院

目的 单形性嗜上皮性肠道 T 细胞淋巴瘤 (Monomorphic Epitheliotropic Intestinal T-cell Lymphoma, MEITL) 是一种罕见高侵袭性外周 T 细胞淋巴瘤, 死亡率高, 预后差。亚洲人群、男性、老年多见, 典型临床表现包括腹泻、腹痛、体重减轻等症状。目前, 尚无 MEITL 的标准化治疗方案。本研究拟分析我中心 PD-1 抑制剂联合西达本胺治疗单形性嗜上皮性肠道 T 细胞淋巴瘤疗效与安全性。

方法 回顾性分析在 2021 年 9 月 1 日至 2023 年 7 月 1 日于我中心诊断的 7 名 MEITL 患者。一线应用 PD-1 抑制剂信迪利单抗与化疗联合治疗: 化疗方案包括 CHOPE 方案 (环磷酰胺 750 mg/m²、阿霉素 50 mg/m²、长春新碱 1.4 mg/m²、依托泊苷 50 mg/m² 静点, 和强的松 100 mg 口服 d1-d5, 加用 PD1 抑制剂信迪利单抗 200mg, 21 天/周期, 4-6 个周期)。完全缓解患者应用信迪利单抗 200mg 21 天/周期联合西达本胺 30 毫克, 每周两次口服维持治疗。

结果 共统计 7 名患者, 中位年龄为 55.4 岁 (范围 50-61 岁), 最常见的症状是腹泻 (71.4%) 和体重减轻。病理结果其中突出显示亚洲 MEITL 患者 (85.7%) 的 CD30 表达呈阴性。苏木精和伊红 (HE) 染色和免疫组织化学分析显示肠粘膜内弥漫性淋巴细胞浸润。这些淋巴细胞呈 CD3、CD8 和 CD56 阳性。PET-CT 成像显示空肠和回肠的明显高代谢。在研究队列中, 7 名患者接受信迪利单抗联合化疗的初步治疗, 其中 6 名患者均达到了总体缓解率 (ORR)。5 名患者 (75%) 获得完全缓解 (CR), 并进入信迪利单抗和西达本胺联合维持治疗阶段, 中位随访时间为 8 个月, 中位无进展生存期 (PFS) 和总生存期 (OS) 分别为 11.5 个月。最长维持患者达 24 个月。在治疗相关副反应方面, III 级以上不良反应为 2 例 (28.7%) 主要为血小板减少, 给予西达本胺减量后恢复。

结论 MEITL 预后差, 一线应用 PD-1 抑制剂与化疗联合, 序贯联合西达本胺维持治疗有效且安全。

PO-1239

来那度胺联合依托泊苷治疗 DLBCL 机制探索

李佳、白鸥
吉林大学第一医院

目的 探讨来那度胺联合依托泊苷在弥漫性大 B 细胞淋巴瘤中的作用并探索其可能机制。

方法 1、2019-2 至 2023-6、60 岁以上 DLBC、二线 R2-ICE 治疗的患者, 分析疗效及不良反应。2、通过 CCK-8 的方法筛选出够协同杀伤 DLBCL 细胞的药物, 分别针对空白组和铁死亡抑制剂 Fer-1 处理组细胞给与药物联合治疗, 再通过细胞内铁含量检测、MDA 实验、H₂O₂ 及 OH⁻水平检测, ROS 实验, 线粒体膜电位检测, Hochest 染色实验探讨药物处理后铁死亡是否发生。

结果 1、符合入排标准且完成≥2 疗程治疗并可评估疗效共 19 例, ORR 81% (43.75% CR, 37.5% PR), 中位随访 30 个月, 1y PFS 42.9%, 2y PFS 32.1%; 1y OS 75%, 2y OS 37.5% (Figure1.A, B)。三级以上 AE 发生率 67.8% (粒细胞减少, 血小板减少, 贫血, 乏力, 皮疹), 3.6%因 AE 导致停药, 32%因 AE 导致减量。2、通过 CCK-8 细胞增殖实验观察到来那度胺、依托泊苷、卡铂对 SU-DHL-4、U2932 细胞均有时间及剂量依赖性增殖抑制作用, 分别给与来那度胺联合依托泊苷或卡铂, 发现来那度胺与依托泊苷对于 DLBCL 细胞系具有协同抑制增殖的作用, Fer-1 处理后细胞能够部分抵抗来那度胺联合依托泊苷 (LE) 的杀伤作用 (差异均具有统计学意义, Figure1. C-E), 说明来那度胺联合依托泊苷通过铁死亡途径抑制 DLBCL 增殖。2、铁死亡主要是

升高的铁离子通过芬顿反应生成过多的活性氧造成细胞膜、线粒体膜功能障碍、DNA 损伤。实验分四组：对照组，单药来那度胺及依托泊苷组，来那度胺联合依托泊苷组，通过细胞内铁含量检测、MDA 实验、H₂O₂ 及 OH·检测，ROS，线粒体膜电位，Hochest 染色实验证明 LE 通过铁死亡途径诱导 DLBCL 细胞死亡（figure2）。3、提前给与铁死亡抑制剂 Fer-1 处理 SU-DHL-4 细胞，将实验分为以下四组：对照组，对照组+Fer-1，LE，LE+Fer-1，再次通过上述实验证明铁死亡抑制剂 Fer-1 能够逆转 LE 诱导的氧化损伤（figure3）。

结论 来那度胺与依托泊苷能够协同抑制 DLBCL 细胞增殖，该抑制作用是通过提高细胞内铁含量，促进芬顿反应生成更多的活性氧，同时抑制细胞内还原系统功能（GSH），导致细胞膜、线粒体膜、DNA 发生氧化损伤而引起细胞死亡。

PO-1240

使用冷冻水垫对淋巴瘤发热患者的降温效果观察

唐薇婷

陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 分析应用冷冻水垫对淋巴瘤发热患者的降温效果和满意度情况。

方法 选取 2023 年 1 月~2023 年 07 月在新桥医院血病医学中心行化疗后腋温大于 39℃ 以上的发热患者 80 例,根据患者的相同疾病诊断分为对照组和研究组,各 40 例。对照组给予常规腋下冰袋冰敷或温水擦浴全身行物理降温。研究组在常规物理降温的同时给予水垫冷冻制作成 0℃ 的冰垫后,在冰垫上方加垫一张干净毛巾置于患者的背部进行物理降温,时间不超过 30min。比较两组治疗后不同时间段的体温降低值、体温恢复正常时间,再发热比例、患者满意度和使用冰冻水垫时发生不良问题的比例。

结果 两组治疗后 30min 后体温降低值比较差异无统计学意义($P>0.05$),研究组治疗后 1h、2h 和 3h 后体温降低值明显高于对照组($P<0.05$);研究组体温恢复正常时间明显低于对照组($P<0.05$);研究组患者对降温处理的满意度明显高于对照组($P<0.05$);两组再发热率比较差异无统计学意义($P>0.05$);研究组在使用冰垫时未发生寒战和冻伤,2 例发生床单浸湿,已及时给予相应处理。

结论 使用水垫冷冻制作成冰垫给予背部物理降温的方法,操作简单,经济适用,明显优于冰袋冰敷或温水擦浴物理降温方法,为病情改善起到较好效果。操作简单,经济适用,能够有效提高发热患者的降温效果,缩短患者的退热时间,减少因发热而使用抗生素而产生的费用,提高了患者的满意度。

PO-1241

基于微信平台信息共享的多维照护策略对淋巴瘤化疗患者恶心呕吐、心理应激的影响

肖韶连、兰大华

陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 探讨基于微信平台信息共享的多维照护策略对淋巴瘤化疗患者恶心呕吐、心理应激的影响。

方法 选取我中心 2022 年 1 月 1 日~2022 年 6 月 31 日收治的 80 例淋巴瘤患者为研究对象,根据入院时间分为对照组和观察组各 40 例,对照组采用常规照护干预,观察组采用基于微信平台信息共享的多维照护策略;比较两组恶心呕吐发生情况,干预前后心理状态[采用正负性情绪量表(PANAS)]、心理弹性[采用心理弹性量表(CD-RISC)]及睡眠质量[采用匹兹堡睡眠质量指数(PSQI)]。

结果 观察组恶心、呕吐分级均低于对照组($P<0.01,P<0.05$);干预后,观察组 PANAS 中正性情绪、

负性情绪评分均优于干预前和对照组($P<0.05, P<0.01$);干预后, 观察组 CD-RISC 中坚韧性、力量、乐观评分及总分均高于干预前和对照组($P<0.01, P<0.05$);干预后, 两组 PSQI 各维度评分及总分均低于干预前($P<0.05$),且观察组低于对照组($P<0.05$)。

结论 基于微信平台信息共享的多维照护策略能减少淋巴瘤患者化疗性恶心呕吐的发生, 缓解患者负性情绪, 提高心理弹性, 改善睡眠质量。

PO-1242

Silencing CD38 enhances anti-CD38 CAR-T anti-lymphoma activity

Xiuying Liu, Jianxun Wang

School of Life Sciences, Beijing University of Chinese Medicine, Beijing 102488

Objective Construct shRNA targeting CD38 anti-CD38 CAR-T cells, and observe their proliferation and anti-lymphoma ability.

Methods Construct shRNA targeting CD38 CAR-T CAR molecules, transduce human primary T cells to prepare CAR-T cells with retroviral vectors. Two groups of shRNA CD38 CAR-T cells were used as the experimental group, and CD38 CAR-T cells were used as the control group. QPCR method was used to detect the CD38 mRNA expression level of CAR-T cells; CFSE method was used to detect the proliferation of CAR-T cells co-cultured with Raji-luc (human Burkitt lymphoma); Using luciferase chemiluminescence to detect the killing efficiency of CAR-T cells on Raji-luc cells at different target ratios (1:1, 1:2, 1:4, 1:8); ELISA method was used to detect the level of interferon gamma (IFN- gamma) in the supernatant after CAR-T cells killed Raji-luc; Flow cytometry was used to detect the expression level of PD-1, a biomarker of exhaustive T cells on the surface of CAR-T cells.

Results CAR positive rate of CD38 CAR-T, shRNA1-CD38 CAR-T and shRNA2-CD38 CAR-T cell was 65.3%, 63% and 60.4%, respectively, and CAR-T cells were successfully constructed. Compared with the CD38 CAR-T group, the expression of CD38 mRNA in the shRNA2-CD38 CAR-T group was significantly reduced ($P<0.01$); Stronger ability to culture in vitro proliferation ($P<0.05$); When killing Raji-luc tumor cells, the killing efficiency is higher ($P<0.05$); The release level of interferon gamma is higher (all $P<0.05$); The expression level of PD-1 on the surface was lower ($P<0.05$). Compared between the shRNA1-CD38 CAR-T group and the CD38 CAR-T group, there were no significant differences in the experimental results (all $P>0.05$).

Conclusion successfully constructed an anti-CD38 CAR-T cell that targets CD38 by shRNA, which can effectively kill Raji-luc. Compared with anti-CD38 CAR-T cells, it has stronger proliferation ability and anti-lymphoma ability, and reduces the exhaustion of CAR-T cells.

PO-1243

联合 BTK 抑制剂诱导治疗提高原发中枢神经系统淋巴瘤患者的疗效及改善预后生存

白斯君²、杨林花¹

1. 山西医科大学附属第二医院

2. 山西省人民医院

目的 回顾性分析多中心 PCNSL 患者的临床特征及联合 BTK 抑制剂治疗方案对患者生存及预后的影响。

方法 回顾性分析山西省多中心自 2018 年 1 月 1 日至 2023 年 7 月 1 日收治的 86 例 PCNSL 患者的临床资料，剔除 1 例外周 T 细胞淋巴瘤及 B 细胞淋巴瘤中诱导治疗未接受化疗及放疗的患者，共 75 例 PCNSL 患者根据诱导治疗方案分为 MTX 组、BTKi-MTX 组，计算两组中位总生存（OS）、无进展生存（PFS）、缓解持续（DOR）时间，并进行单因素、多因素预后分析，比较两组患者的生存预后。

结果 MTX 组的中位 OS 时间为 47.1 月、BTKi-MTX 组的中位 OS 时间未达到（ $P=0.038$ ），MTX 组的中位 PFS 时间为 35.8 月、BTKi-MTX 组的中位 PFS 时间未达到（ $P=0.004$ ），MTX 组的中位 DOR 时间为 34.1 月、BTKi-MTX 组的中位 DOR 时间未达到（ $P=0.006$ ）。多因素预后分析表明是否合并神志及精神障碍、病灶是否累及深部脑结构和 4 疗程是否获得客观缓解（ORR）是 PCNSL 患者的预后影响因素。

结论 含 BTKi 的诱导治疗方案有巨大潜力，对于高龄、不耐受大剂量化疗及放疗患者有良好前景。

PO-1244

93 例华氏巨球蛋白血症的临床特征及预后的单中心分析

梁杰宏

福建医科大学附属协和医院

目的 分析初诊和或初治的华氏巨球蛋白血症（Waldenström Macroglobulinemia, WM）患者的临床基线特征并寻找影响生存预后的危险因素。

方法 收集 2009 年 10 月至 2023 年 7 月期间于福建医科大学附属协和医院初次确诊和或初次治疗且获得相对完整基线资料及随访的华氏巨球蛋白血症患者共 93 名，汇总其年龄、性别、危险分层、实验室指标、基因突变、治疗方案等临床资料，并进行单因素分析寻找影响生存时间的危险因素，多因素分析以期寻找影响患者生存结局的潜在独立预后因素。

结果 1.本研究总体中位 OS（Overall Survival,总生存期）为 39.73 个月，平均 OS 为 46.51 个月，2 年、3 年、5 年 OS 率分别为 70.97%，54.84%、25.81%。中位 PFS（Progression-Free Survival,无进展生存期）为 29.77 个月，平均 PFS 为 38.49 个月，2 年、3 年、5 年 PFS 率分别为 63.44%，45.16%，19.35%，DCR（Disease Control Rate, 疾病控制率）为 63.44%。

2.Log-rank 检验的单因素分析得出：年龄（ $P<0.001$ ），IPSSWM 危险度分组（ $P=0.019$ ）、rIPSSWM 危险度分组（ $P=0.001$ ），中性粒细胞计数（ $P=0.002$ ），白蛋白（ $P=0.008$ ），D 二聚体（ $P=0.011$ ），治疗分组 2（ $P=0.005$ ）与患者的 PFS 与 OS 均存在统计学相关性。而 Hb（ $P=0.047$ ）仅与 PFS 存在相关性。

3.其余性别、白细胞计数、血小板、球蛋白、血肌酐、血 β 2-微球蛋白、IgM、IgA、补体 C3、MYD88 基因突变、CXCR4 基因突变、是否使用 BTKi 治疗（治疗分组 1）、化疗组是否含 CD20 单抗（治疗分组 3）等因素的生存预后差异无统计学意义。

4.采用 Cox 比例风险回归模型进行多因素分析得出：治疗分组 2（泽布替尼组与伊布替尼组）是影响 WM 患者生存结局的独立预后因素，泽布替尼组生存率明显较伊布替尼组升高。

结论 1.本研究生存分析提示年龄 >65 岁以及 >75 岁、IPSSWM 高危组、rIPSSWM 高危与极高危组、中性粒细胞减少、贫血、低白蛋白血症、D 二聚体升高、淋巴细胞计数降低，补体 C4 降低，LDH $>230IU/L$ 可能与较差生存率相关。虽研究提示作为独立危险因素的伊布替尼治疗组预后较泽布替尼组差，但亦不能排除样本量少所致偏差，以及因伊布替尼价格昂贵所致患者长期依从性差。WM 是惰性淋巴瘤，需要长期随访监测甚至治疗，故诊治时仍需综合评估患者疾病状态、经济条件及依从性，个体化制定合适的治疗方案以改善预后。

PO-1245

非霍奇金淋巴瘤伴骨髓纤维化的临床特征及发病机制的探索

李燕、王俊暖、杨洁、李杰
河北省人民医院

目的 探讨非霍奇金淋巴瘤伴骨髓纤维化患者的临床特征、实验室特征以及潜在的发病机制。

方法 本研究回顾性分析了 2017 年 1 月 1 日至 2023 年 8 月 31 日在河北省人民医院血液科诊治的 332 例 NHL 患者的临床资料。根据 2016 年欧洲 MF 分级标准及患者首次化疗前的骨髓活检报告，将 MF 0-1 分为不伴 MF 组，MF 2-3 分为伴 MF 组。应用 SPSS 25.0 比较两组间临床特征、实验室检查及治疗疗效等差异，并分析细胞因子的表达与 MF 的相关性。总生存时间（overall-survival, OS）及无进展生存时间（progression-free survival, PFS）采用 Kaplan-Meier 方法进行预测，分别采用 Log-rank 检验及 COX 回归统计进行单因素、多因素生存分析， $P < 0.05$ 有统计学意义。

结果 1. 17 例完善骨髓免疫组化染色（IHC）且伴 MF 的 NHL 患者中，13 例（76.5%）患者 TGF- β 阳性、10 例（58.8%）患者 PDGF 阳性。5 例完善骨髓和淋巴结组织 IHC 患者中，80% 患者在骨髓和淋巴结组织中均表达 TGF- β ；80% 患者在骨髓组织中表达 PDGF，60% 患者在淋巴结组织中表达 PDGF。

2. 8 例完善治疗前和中期评估后骨髓 IHC 患者中，5 例患者在治疗前表达 TGF- β ，治疗后均不表达 TGF- β ；4 例患者在治疗前表达 PDGF，治疗后 3 例患者不表达 PDGF。相关性分析提示 TGF- β 、PDGF 与 MF 的发生呈正相关，具有统计学意义。

结论 1. 处于 III-IV 期、合并脾大的 NHL 患者更易发生骨髓纤维化，伴 MF 的患者骨髓增生活跃、骨髓侵犯发生率更高。

2. DLBCL 患者亚型中，GCB 表型、双表达、Ki-67 \geq 80%、EB 病毒感染在伴 MF 组和不伴 MF 组之间无统计学差异。

3. NHL 患者 CR 率在伴 MF 组和不伴 MF 组之间无统计学差异。

4. MF 是 NHL 患者预后的危险因素，合并 MF 可缩短 NHL 患者的 OS 和 PFS。亚组分析提示，在 B 细胞来源的患者中，合并 MF 可缩短 NHL 患者的 OS 和 PFS；在 T 细胞来源的患者中，两组之间无统计学差异。

5. 较低的 ALB、较高的 LYM# 和 SF 是伴 MF 的 NHL 患者的预后危险因素。

6. TGF- β 、PDGF 可能有助于 MF 的发生；随着原发病的治疗，TGF- β 、PDGF 的表达降低。

PO-1246

一例终末期弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者疼痛及呕吐的安宁疗护

杨澜
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 对一例剧烈疼痛的弥漫大 B 细胞淋巴瘤终末期患者实施疼痛和心理的安宁疗护，为临床护理实践提供经验。

方法 充分评估该终末期患者因癌症所引起的生理、心理、社会、精神等方面的痛苦，运用安宁疗护的理念以帮助患者减轻其身心痛苦和疏导情绪，有尊严的走完人生最后一程。在此过程中，给予患者家属有益的指导，帮助缓解家属焦虑无助的情绪和接受亲人的失去。

结果 该患者在我科接受安宁疗护后，能够正确认识疾病，身心痛苦得到缓解，家属对医护人员的工作表示满意，患者在 5 个月后有尊严的离世。

结论 以多学科团队为支撑的安宁疗护能为终末期血液病患者提供全方位、个性化的服务，力所能及的解除患者痛苦，缓解家属的哀伤。

PO-1247

The causal effect of membranous nephropathy on Diffuse large B-cell lymphoma: a two-sample bi-directional mendelian randomization

Jingjing Ma, Zhengmei He, Chunling Wang, Liang Yu
Department of Hematology, The Affiliated Huaian No.1 People's Hospital of Nanjing Medical University

Objective Membranous nephropathy(MN) has been established as a risk factor of solid tumors. Recently lots of observational studies reported the close relationship between MN and malignant lymphoma. No consensus can be found in the the magnitude and direction of the causal relationships between MN and malignant lymphoma.

Methods Two-sample bi-directional mendelian randomization with Genome-Wide Association Studies(GWAS) summary statistics obtained from public database was performed to explore the causal effect between MN and malignant lymphoma, including hodgkin lymphoma(HL), diffuse large B-cell lymphoma(DLBCL), follicular cell lymphoma(FL), marginal zone cell lymphoma(MZL), mantle cell lymphoma(MCL), mature T/NK cell lymphoma(T/NK), other non-Hodgkin lymphomas(NHL). Inverse variance weighted method(IVW) was applied to assesse causal estimates, while MR-Egger regression, Weighted median, and Weighted mode were used to valid the causal effect. MR-PRESSO, Cochran's Q test and leave-one-out were employed to evaluate sensitivity and pleiotropy.

Results Summarizing all types of MR analysis results of this research, the causal effect of MN on DLBCL can be proved (OR IVW=1.14, 95% CI 1.05-1.24, P = 0.002), while no evidence of causal relationships between MN and other type of lymphomas was provided.

Conclusion This MR study reveals that MN could be a risk factor of DLBCL, which should be concerned by clinicians. More and deeper research should be taken to explore the direct connection between MN and DLBCL.

PO-1248

CD19/BAFFR 全人源双靶点 CAR-T 的开发和临床前功能研究

吴孙桂¹、骆倩²、李飞雨¹、张苏文¹、张翠玲³、刘建伟²、邵棒²、洪阳³、谭涛超²、董晓庆^{1,3}、陈兵^{1,3}

1. 南京中医药大学鼓楼临床医学院

2. 南京驯鹿生物技术股份有限公司

3. 南京鼓楼医院

目的 靶向 CD19 的嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 疗法在治疗晚期 B 细胞血液系统恶性肿瘤方面显示出显著的疗效。然而, 肿瘤抗原阴性逃逸复发可显著缩短患者缓解时间, 同时鼠源性抗体诱导的移植物抗宿主病可加速 CAR-T 细胞耗竭。因此, 当前迫切需要开发新型人源化多靶点 CAR-T 疗法。

方法 将前期获得的人源化 CD19 单链可变片段 (scFvs) 和 BAFFR 单域重链可变片段 (VHH, 也称为纳米抗体) 设计成基于第二代 4-1BB-CD3 ζ 结构的 CAR 构建体, 并在体外和体内对不同结构的 CAR-T 细胞进行功能比较。

结果 最佳的串联和并联结构在抗原结合实验中保留了各自的特异性抗原结合能力。在阳性靶细胞

刺激后,与 Mock T 相比, CAR-T 细胞中 CD107a、CD25 和 CD69 的表达水平显著上调。杀伤试验结果表明,并联 CAR-T 细胞比单靶点 CAR-T 细胞具有更强的肿瘤杀伤能力,此外,并联 CAR 表现出比串联 CAR-T 细胞更好的 IL-2 和 TNF- α 分泌能力。反复刺激实验表明,在阳性靶细胞刺激后所有 CAR-T 细胞均能特异性增殖,且并联 CAR-T 细胞比 CD19 CAR-T 细胞表现出更少的耗竭表型。在动物模型中,并联 CAR 表现出显著优于串联 CAR 的抗肿瘤能力。

结论 我们的研究提供了一种新颖、有效且有前途的 CAR-T 细胞治疗策略,可以克服 CD19 或 BAFFR 抗原丢失。

PO-1249

利妥昔单抗生物类似药与原研药在初治弥漫性大 B 细胞淋巴瘤中的疗效与安全性研究

张杰、徐小红
南通市肿瘤医院

目的 比较利妥昔单抗生物类似药(汉利康®)和原研药(美罗华®)联合 CHOP 方案治疗初治弥漫性大 B 细胞淋巴瘤(diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL)的临床疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2018 年 1 月—2021 年 3 月南通市肿瘤医院收治的采用 R-CHOP 方案免疫化疗的 91 例初治 DLBCL 的临床病理资料。根据所用利妥昔单抗品牌的不同分为美罗华治疗组(R-CHOP 组)(n=50)和汉利康治疗组(H-CHOP 组)(n=41)。基于 2014 版 Lugano 会议修订的淋巴瘤评效标准以客观缓解率(objective response rate, ORR)评判整体治疗效果,无进展生存期(progression free survival, PFS)和总生存期(overall survival, OS)用于评估预后情况。不良事件(adverse event, AE)根据常见不良事件通用术语标准(common terminology criteria for adverse events, CTCAE)5.0 版评定。

结果 中位随访 40 个月,R-CHOP 组和 H-CHOP 组的 ORR 为 74.0% vs 87.8% (P=0.100),两组患者中位 PFS 和 OS 均未达到(P=0.302 和 P=0.284)。安全性方面,R-CHOP 组和 H-CHOP 组最常见的血液学 AE 为白细胞减少和中性粒细胞减少,非血液学 AE 为恶心,两组整体 AE 发生率相当(P=0.887)。

结论 国产利妥昔单抗生物类似药(汉利康®)与原研药(美罗华®)在初治 DLBCL 中疗效和安全性相当,患者耐受性良好。

PO-1250

Analysis of the Real-world Efficacy of Polatuzumab Vedotin Treatment in Diffuse Large B-cell Lymphoma

Jianhong Wang
Air Force Medical University First Affiliated Hospital

Objective To investigate the clinical efficacy and safety of polatuzumab vedotin combined with R-CHOP regimen as a first-line treatment for diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL).

Methods We retrospectively analyzed 15 patients with untreated DLBCL who received a regimen of polatuzumab combined with an immunotherapy at multiple centers in Shaanxi Province, including Xijing Hospital at Air Force Medical University, Second Affiliated Hospital of Xi'an Xi Jiaotong University, and Hanzhong Central Hospital. The clinical characteristics, treatment efficacy, and safety of this regimen were evaluated.

Results Eight (53.3%) and seven patients (46.7%) were aged <60 [Editor1] and ≥60 years, with a male-to-female ratio of 60%. Nine patients had hypertension, diabetes, or hepatitis B virus infection, and one had tuberculosis infection. None of the cases showed central nervous system or bone marrow involvement. There were 12 (80%) patients with advanced DLBCL, of whom 80% had B symptoms. Three patients (30%) had International Prognostic Index (IPI) scores <2 (two with high-risk factors and one with MYC/BCL2 protein coexpression [double-expressed lymphoma, DEL]), and 12 (80%) had IPI scores ≥2. A total of 5 patients (33.3%) had germinal center B-cell-like type (GCB) and 10 (66.7%) had non-GCB. Six (40%) patients had DEL and four (36.4%) had TP53 gene mutations. The patients received 1-6 cycles of polatuzumab plus R-CHP/CDP/HyperCVAD, and 80% completed ≥3 cycles. The overall response rate (ORR) was 92.9%, with a complete response (CR) rate of 80%. The ORR of patients aged <60 and >60 years was 100% and 85.7%, respectively, all achieving CR. Three patients with IPI scores <2 and high-risk factors achieved CR after two cycles of polatuzumab combination therapy, and the CR rate of patients with IPI scores ≥2 was 75%, with an ORR of 90.9%. All 10 patients with non-GCB DLBCL achieved objective responses with an 80% CR rate. The CR rates of early-stage (Ann Arbor stages I-II) and late-stage patients were 100% and 75%, respectively. Among the six patients with DEL, three (50%) achieved CR. The CR rates of the four patients with TP53 mutation were 100%. None of the 15 patients experienced severe adverse reactions, although 2 experienced grade 3 neutropenia. No new safety signals were found.

Conclusion The combination of polatuzumab and immunotherapy was effective for treating DLBCL, particularly in cases of DEL, TP53 mutation, and non-GCB. Further research using larger sample sizes is necessary.

PO-1251

Outcomes of Programmed Death Protein-1 Inhibitors Treatment of Chronic Active Epstein Barr Virus Infection: A Single Center Retrospective Analysis

Yaxian Ma, Peiling Zhang, Yuhan Bao, Jiachen Wang, Qing Yin, Min Liu, Zetong Hong, Miao Zheng
Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan, Hubei, China

Objective Chronic active Epstein-Barr virus (CAEBV) disease is a high-mortality disease, which is characterized by persistent infectious mononucleosis-like symptoms. There is no standard treatment for CAEBV and allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) was considered the only potentially therapeutic approach. PD-1 inhibitors have achieved high response in many Epstein-Barr virus-related diseases. In this single-center retrospective analysis, we report the outcomes of PD-1 inhibitors treatment of CAEBV.

Methods All CAEBV patients without hemophagocytic lymphohistiocytosis (HLH), who were treated with PD-1 inhibitors in our center between 6/1/2017 and 12/31/2021, were retrospectively analyzed. The efficacy and safety of the PD-1 inhibitors were evaluated.

Results Among the sixteen patients with a median age at onset of 33 years (range, 11-67 years), twelve patients responded to PD-1 inhibitors and the median progression-free survival (PFS) was 11.1 months (range, 4.9-54.8 months). Three achieved clinical complete response (clinical CR), as well as molecular CR. Five patients achieved and remained partial response (PR), and four converted from PR to no response (NR). For three CR patients, the median time and cycles from the first application of PD-1 inhibitor to clinical CR were 6 weeks (range, 4-10 weeks) and 3 cycles (range, 2-4 cycles), and molecular CR was achieved after a median of 16.7 weeks (range, 6.1-18.4 weeks) and 5 cycles (range, 3-6 cycles) of PD-1 inhibitor infusion.

No immune-related adverse events have been observed except for one patient who suffered immune-related pancreatitis.

There was no correlation of treatment outcome with blood count, liver function, LDH, cytokine or ferritin levels. Comparing the NK cell function of responders and non-responders, the test results

showed higher numbers of patients with defective NK cell function among non-responders. The immunohistochemical analysis showed that patients with high PD-L1 expression in tumor tissue may have a more significant response to PD-1 inhibitors. Genetic testing indicated that, except for 1 patient without gene sequencing and 8 patients with no related gene mutation detected, the other 7 patients were detected with potentially pathogenic or susceptibility mutations. Although our analysis failed to observe genes with high mutation rates, more gene mutations were observed in NR patients.

Conclusion In patients with CAEBV, PD-1 inhibitors have tolerable toxicity and comparable outcomes while improving quality of life and financial toxicity. The assessment of PD-L1 expression, NK cell function and gene mutation might be helpful for identifying patients more likely to respond to this drug. In addition, patients who fail to achieve clinical CR after 3 cycles of PD-1 inhibitors can consider HSCT or combining therapy with other drugs promptly. In the future, larger, systematically protocol-driven prospective, randomized controlled clinical trials and further mechanism studies are still needed to clarify the actual role of PD-1 inhibitors in CAEBV and its underlying mechanisms.

PO-1252

吡啶菁绿介导的海胆样羟乙基淀粉纳米载体的制备 增强药物肿瘤 EPR 和深度渗透作用

唐宇翔

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 有效的 EPR 和肿瘤穿透是目前纳米药物治疗的瓶颈。为了解决这个问题，利用 Comsol 软件分析了不同形状的纳米粒从血管到肿瘤组织的运动过程。通过计算，海胆样纳米粒比球形纳米粒承受更大的阻力，有利于其 EPR 和肿瘤穿透作用。这提醒我们，设计类似海胆的纳米颗粒应该有利于有效的 EPR 效应。

方法 在此基础上，利用 ICG 对近红外光(NIR)的不稳定性，制备了海胆样吡啶菁绿色负载羟乙基淀粉-胆固醇 ICG@HES-CH 纳米粒。在近红外照射下，ICG 降解并部分分解 ICG@HES-CH 纳米粒，其形态由球形转变为海胆状。长春新碱(VC)作为模型药物，被装载在海胆样 ICG@HES-CH 纳米粒中用于治疗淋巴瘤。采用 A20 淋巴瘤细胞和 3T3-A20 肿瘤类器官研究形状对纳米粒的细胞摄取、渗透途径和细胞毒性的影响。

结果 我们证实了海胆样 ICG@HES-CH 纳米粒主要通过细胞间途径在细胞外基质中运输，容易到达肿瘤深部并获得更高的细胞毒性。体内 VC 分布及抗肿瘤结果表明，海胆样纳米粒提高了 VC EPR 和渗透能力，降低了 VC 的神经毒性，具有较好的抗肿瘤作用。

结论 结果提示，海胆样 ICG@HES-CH 纳米粒可简单、安全地增强 VC 对淋巴瘤的治疗指标。它具有很大的转化潜力，可作为化疗纳米载体用于抗癌治疗。

PO-1253

CD58 genetic variations drive immune escape by inducing PD-L1 and IDO via the LYN/CD22/SHP1 axis in diffuse large B-cell lymphoma

Yidan Zhang, Xiyue Xu, Yaxiao Lu, Xianhuo Wang, Huilai Zhang
Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital

Objective Recurrent abnormalities in immune surveillance-related genes play a crucial role in the progression of diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL). CD58, a key adhesion molecule that acts as a ligand for the T-cell costimulatory molecule CD2, is frequently mutated or deleted in certain hematological malignancies. CD58 genetic variations (mutation/deletion/downregulation) may result in tumor cells evading immune surveillance mechanisms mediated by T/NK cells. Downregulation or loss of CD58 is linked to resistance to Immune Checkpoint Blockade (ICB) therapy in melanoma and CAR-T therapy in B-cell malignancies, indicating that CD58 possesses properties that can impact tumor progression and treatment efficacy. Nevertheless, the role of CD58 in tumors, particularly in DLBCL, is not yet well understood. Thus, the aim of this study was to comprehensively characterize CD58 genetic variations in DLBCL, unveil the multiple roles of CD58 in anti-tumor immunity, and provide insights for potential therapeutic strategies.

Methods

1. Targeted deep sequencing (TDS) (n=176), whole exome sequencing (WES) (n=38), and RNA sequencing (RNA seq) (n=151) were performed on the tumor tissues from newly diagnosed DLBCL patients to detect mutations, copy number variations and gene expression of CD58 in DLBCL.
2. The correlation of CD58 mutation, copy number loss, expression level with treatment efficacy, prognosis, and related clinical indicators in DLBCL patients was analyzed.
3. The impact of CD58 on immune cells and the immune microenvironment was evaluated through RNA-seq and scRNA-seq of tumor samples.
4. DLBCL cell lines with CD58 knockdown (CD58 KD), CD58 mutations (CD58K34A, CD58D56A), and CD58 overexpression (CD58 OE) were constructed.
5. The constructed CD58 mutated/knockdown/overexpressed DLBCL cell lines were co-cultured with T cells. The proliferation of T cells was assessed using flow cytometry (FCM) to evaluate the impact of CD58 mutation, knockdown, or overexpression in DLBCL cells on T cell proliferation. Meanwhile, CD2 monoclonal antibody was added to block the activation of T cells through the CD58-CD2 axis, and changes in T cell proliferation were detected by FCM.
6. High-throughput sequencing data from DLBCL patient tumor samples were analyzed, and Western Blot (WB) and Quantitative Real-time PCR (qPCR) were performed in the constructed DLBCL cell lines (CD58 mutation/downregulation/ overexpression) to analyze the expression of immune checkpoint molecules, such as programmed cell death-ligand 1 (PD-L1) and indoleamine 2,3-dioxygenase (IDO).
7. RNA-seq data from DLBCL patient tumor samples and the constructed DLBCL cell lines were analyzed to perform gene function enrichment analysis. This analysis identified the JAK/STAT signaling pathway as a potential pathway associated with abnormal expression of PD-L1 and IDO after CD58 genetic variations. Additionally, Western blot (WB) was utilized to examine the phosphorylation of JAK/STAT pathway-related molecules in the constructed DLBCL cell lines to validate whether CD58 downregulation or mutation can affect PD-L1 and IDO expression by affecting the activation status of the JAK/STAT pathway.
8. Co-immunoprecipitation (Co-IP) and WB were employed to investigate the interactions between CD58 and Lyn, as well as SHP1/SHP2/SHP1, in the CD58 mutated/knockdown/overexpressed DLBCL cell lines. Additionally, exploring whether CD58 can affect the JAK2/STAT1 pathway through Lyn and SHP1 by knocking down Lyn or adding Lyn inhibitor (Dasatinib) and SHP1 inhibitor (TPI-1).

9. Co-IP was employed to detect the interaction between CD22, Lyn and SHP1 in DLBCL cells. Meanwhile, by knocking down CD22, we explored whether CD58 can affect the JAK2/STAT1 pathway through Lyn/CD22/SHP1, thereby affecting the expression of PD-L1 and IDO.

10. The constructed CD58 mutated/knockdown/overexpressed DLBCL cell lines were co-cultured with CAR-T cells. The cytotoxicity of CAR-T cells was evaluated using FCM to determine whether CD58 alterations affect the killing efficacy of CAR-T cells.

11. Using the constructed CD58 mutated/knockdown/overexpressed DLBCL cells, a subcutaneous xenograft mouse model was established in NSG mice. CAR-T cells were intravenously infused into the mice, and tumor growth was monitored using bioluminescence imaging. In vivo experiments were conducted to assess the impact of CD58 alterations on the antitumor effect of CAR-T cells.

12. The constructed CD58 mutated/knockdown DLBCL cells were co-cultured with T cells or CAR-T cells. Anti-PD-L1 antibody or IDO inhibitor and CD2 agonists (recombinant CD58-Fc chimera protein) was added alone or in combination to the co-culture cells. The proliferation of T cells and the cytotoxicity of CAR-T cells were detected to evaluate the feasibility of the combination strategies.

Results

1. Comprehensively characterize the genetic variations of CD58 in DLBCL. The CD58 mutagenesis rate was 9.1% (n=16/176), with 88.9% of the identified mutations resulting in truncated protein or impairment of its normal function. 61.1% mutations occurred in exon 2, which may disrupt CD58-CD2 binding. The CD58 copy number loss rate was 44.7% (n=17/38).

2. Patients with CD58 mutation, copy number loss or low expression exhibited lower complete response rates following first-line R-CHOP therapy, as well as significantly poorer PFS and OS.

3. To reveal the profound impact of CD58 on the immune cells and the immune microenvironment of DLBCL, we performed bulk and single-cell RNA sequencing and revealed that increased NK cells, activated CD4+/CD8+ T cells, as well as the weaker exhaustion/dysfunction status of CD8+ T cells, correlated with CD58 high expression.

4. Co-culturing the constructed CD58 mutated/knockdown/overexpressed DLBCL cells with T cells, FCM analysis showed that CD58 mutation or downregulation in DLBCL cells significantly inhibited T cell proliferation. Blocking CD58-CD2 signaling with a CD2 antibody did not fully eliminate the inhibitory effect, indicating that CD58 mutation or downregulation could trigger additional immunosuppressive mechanisms.

5. Analysis of high-throughput sequencing data from patient tumor tissues and WB and qPCR assays of DLBCL cell lines indicated that CD58 downregulation or mutation induced upregulation of PD-L1 and IDO.

6. RNA-seq analysis of patient tumor samples and DLBCL cell lines revealed that CD58 mutation/knockdown/overexpression affected the JAK/STAT signaling pathway. WB analysis showed that CD58 downregulation or mutation upregulated the phosphorylation levels of JAK2/STAT1, as well as the expression of PD-L1 and IDO.

7. Co-IP and WB analyses showed that the non-receptor tyrosine kinase Lyn acted as an intermediate regulatory mediator for the downstream regulatory role of CD58. Wild-type CD58 can interact with Lyn, which phosphorylated the ITIM of the inhibitory receptor CD22, leading to the recruitment and activation of the inhibitory phosphatase SHP1. SHP1 could dephosphorylate JAK2. CD58 downregulation or mutation inhibited the negative regulation of the LYN/CD22/SHP1 pathway, thereby promoting the phosphorylation and activation of JAK2/STAT1 and upregulating PD-L1 and IDO expression.

8. In vitro co-culture and in vivo xenograft mouse model assays showed that CD58 downregulation or mutation induced the intrinsic resistance of tumors to CAR T-cell cytotoxicity.

9. To overcome the dual effects induced by CD58 alterations, anti-PD-L1 antibody or IDO inhibitor and CD2 agonist (recombinant CD58-Fc chimera protein) was added alone or in combination to the co-culture cells. We showed that the combination regimens reversed the inhibitory effect of CD58-downregulated or mutated DLBCL cells on T cell proliferation and restored sensitivity to CAR-T cell-mediated killing.

Conclusion

1. The CD58 mutagenesis rate was 9.1%, and the CD58 copy number loss rate was 44.7%.

- Patients with CD58 mutation, copy number loss or low expression exhibited lower complete response rates following first-line R-CHOP therapy, as well as significantly poorer PFS and OS.
2. CD58 genetic variations led to upregulation of PD-L1 and IDO in DLBCL.
 3. CD58 genetic variations induced upregulation of PD-L1 and IDO through the regulation of the LYN/CD22/SHP1-JAK2/STAT1 axis.
 4. Direct activation of the CD2 co-stimulatory signaling or combination with immune checkpoint inhibitors may address the diverse effects of CD58 alterations on antitumor immune responses.

PO-1254

The causal effect of adipose tissue on Hodgkin's lymphoma

Lihua Wu, Nainong Li
福建医科大学附属协和医院

Objective Extensive research has been conducted on the correlation between adipose tissue and the risk of malignant lymphoma. Despite numerous observational studies exploring this connection, uncertainty remains regarding a causal relationship between adipose tissue and malignant lymphoma.

Methods The increase or decrease in adipose tissue was represented by the height of BMI. The BMI and malignant lymphoma genome-wide association studies (GWAS) used a summary dataset from the OPEN GWAS website. Single-nucleotide polymorphisms (SNPs) that met the criteria of $P < 5 \times 10^{-8}$ and LD of $r^2 = 0.001$ in the BMI GWAS were chosen as genetic instrumental variants (IVs). Proxy SNPs with LD of $r^2 > 0.8$ were identified, while palindromic and outlier SNPs were excluded. Mendelian randomization (MR) analysis used five methods, including inverse-variance weighted (IVW) model, weighted median (WM), MR-Egger, simple mode, and weighted mode. Sensitivity assessments included Cochran's Q test, MR-Egger intercept test, and leave-one-out analysis. Participants randomly selected by the National Center for Health Statistics (NHANSE) and newly diagnosed HL patients at Fujian Medical University Union Hospital were used for external validation.

Results The results of the MR analysis strongly supported the causal link between BMI and Hodgkin's lymphoma (HL). The research demonstrated that individuals with lower BMI face a significantly increased risk of developing HL, with a 91.65% higher risk (OR_{IVW} = 0.0835, 95% CI 0.0147 – 0.4733, $P = 0.005$). No signs of horizontal or directional pleiotropy were observed in the MR studies. The validation results aligned with the results from the MR analysis (OR = 0.871, 95% CI 0.826 – 0.918, $P < 0.001$). And there was no causal relationship between BMI and non-Hodgkin's lymphoma (NHL).

Conclusion The MR analysis study demonstrated a direct correlation between lower BMI and HL. This suggested that a decrease in adipose tissue increases the risk of developing HL. Nevertheless, further research is essential to grasp the underlying mechanism of this causal association comprehensively.

PO-1255

单形性亲上皮肠道 T 细胞淋巴瘤肿瘤微环境的单细胞空间转录组及临床病理分析

王季诺¹、程飞¹、张忠民²、田鲁亦²、吴文俊¹、蔡真¹

1. 浙江大学医学院附属第一医院

2. 广州国家实验室

目的 探索单形性亲上皮肠道 T 细胞淋巴瘤(MEITL)的临床表现、病理特征及肿瘤微环境(TME)。

方法 回顾性分析浙江大学医学院附属第一医院 2019 年 1 月至 2023 年 10 月期间诊治的 20 例 MEITL 患者的临床及病理资料，并对其中具有代表性的 4 例病例进行了单细胞及空间转录组测序分析。

结果 20 例 MEITL 患者中男性 13 例，女性 7 例，平均年龄 55.2(16-75)岁。19 例(19/20)病变位于空肠或回肠。腹痛、腹泻及乏力是主要临床症状，肠穿孔为主要并发症。免疫组化结果显示，大部分单形性亲上皮肠道 T 细胞淋巴瘤肿瘤细胞 CD3(20/20)、CD8(17/20)、CD56(19/20)表达阳性，CD5(19/20)、EBER(18/20)表达阴性。19 例患者接受了化疗。随访期间 12 例患者死亡。通过单细胞测序及空间转录组学数据分析，MEITL 肿瘤细胞、肠道上皮细胞、巨噬细胞等多种细胞均分布于肠道病理组织中。其中 3 例患者的肿瘤细胞与巨噬细胞分布存在高度的空间相关性。进一步对巨噬细胞进行差异基因富集分析，我们发现肿瘤细胞与 M1 型巨噬细胞在空间分布上正相关。

结论 单形性亲上皮肠道 T 细胞淋巴瘤起病隐匿，常以急腹症为首要表现，预后极差。根据单细胞测序及空间转录组结果，MEITL 的肿瘤微环境复杂，异质性较强。肿瘤细胞与巨噬细胞存在高度的空间相关性，提示 MEITL 的发生发展与巨噬细胞密切相关。

PO-1256

Consolidation therapy with autologous stem cell transplantation after remission of induction chemotherapy prolongs the survival of patients with peripheral T-cell lymphoma

Lin Shen, Lipan Wu, Yanhui Xie

Department of Hematology, Huadong Hospital Affiliated with Fudan University, Shanghai, China

Objective There was little evidence of autologous stem cell transplantation (ASCT) as consolidation therapy after remission of induction for patients with Peripheral T-cell lymphoma (PTCL). In this study, we conducted a comparative analysis of real-world survival outcomes between consolidation therapy and observation in patients with PTCL.

Methods A total of 92 patients with peripheral T-cell lymphoma (PTCL) who were admitted to the Department of Hematology, Huadong Hospital Affiliated with Fudan University from January 2013 to April 2019 were divided into two groups based on whether they were treated with high-dose therapy (HDT) followed by autologous hematopoietic stem cell transplantation (ASCT): ASCT as consolidation therapy (n=30) and observation (n=62). Clinical characteristics, treatment patterns, and survival outcomes were analyzed between the two groups. Univariate and Cox multivariate regression analyses were also performed to detect prognostic factors of survival.

Results With a median follow-up time of 41 months, the median overall survival (OS) of peripheral T-cell lymphoma patients treated with ASCT was not reached; the median progression-free survival (PFS) was 77.0 months, which was much higher than that of patients without ASCT ($p < 0.003$ for OS, $p = 0.015$ for PFS). Subgroup analysis found that patients with high risks

benefited more from ASCT. Combination with hemophagocytic lymphohistiocytosis (HLH) ($p < 0.001$), clinical stage more than III ($p = 0.014$), IPI score above 3 ($p = 0.049$), and bone marrow involvement ($p = 0.010$) were the independent prognostic factors significantly associated with worse OS and PFS. Additionally, pegylated liposomal doxorubicin (PLD)-containing chemotherapy regimen could bring a higher overall response rate (ORR) and prolong the survival of patients with PTCL who underwent ASCT.

Conclusion ASCT may improve the long-term survival of patients with PTCL as consolidation therapy after achieving complete or partial remission of induction treatment, particularly for those with high risks. The chemotherapy regimen containing pegylated liposomal doxorubicin may induce deeper remission than traditional doxorubicin in PTCL. It is crucial to identify the specific groups most likely to benefit from upfront ASCT.

PO-1257

APOC1 在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的表达及其对恶性生物学行为的影响

梁京京、叶彤彤、陈文阳、刘庭波、沈建箴
福建医科大学附属协和医院

目的

- 1、明确 DLBCL 患者血浆 APOC1 的表达水平与临床特征的关系。
- 2、明确 DLBCL 中 APOC1 的表达水平，探索 APOC1 对 DLBCL 细胞生物学功能的影响。

方法

- 1、收集初治 DLBCL 患者及健康人的血浆标本，通过酶联免疫吸附试验检测 APOC1 的表达水平，分析临床样本中血浆 APOC1 表达水平与临床特征的相关性。
- 2、利用 GEPIA 软件 (<http://gepia.cancer-pku.cn/>) 对 DLBCL 样本与非肿瘤样本中 APOC1 表达进行差异性分析；利用 CCLE 数据库进行 DLBCL 细胞系中 APOC1 表达量的分析。收集初治 DLBCL 患者及健康人临床标本，通过 qRT-PCR 方法进行 APOC1 表达量的验证，同时对 DLBCL 细胞系通过 qRT-PCR 和 Western blot 方法进行 APOC1 表达量的验证。
- 3、通过慢病毒转染构建 APOC1 敲低和过表达的 DLBCL 细胞稳转株，通过荧光显微镜观察、qRT-PCR 和 Western blot 等方法检验稳转株是否构建成功。然后利用 CCK8 增殖实验、克隆形成实验检测 DLBCL 细胞敲低、过表达 APOC1 后的增殖、克隆形成能力；利用流式细胞术检测 DLBCL 细胞凋亡和周期的改变。

结果

- 1、通过 ELISA 检测结果提示初治 DLBCL 患者血浆 APOC1 高表达，临床资料分析提示血浆 APOC1 对 DLBCL 有一定的诊断预测作用，并与 DLBCL 患者的 LDH、IPI 评分呈正相关。
- 2、利用 GEPIA 软件分析得到 APOC1 在 DLBCL 样本中高表达；利用 CCLE 数据库分析得到大多数 DLBCL 细胞系中 APOC1 高表达。qRT-PCR 方法结果提示初治 DLBCL 患者中 APOC1 mRNA 的表达显著高于健康人；qRT-PCR 和 Western blot 方法结果提示 DLBCL 细胞株中 APOC1 高表达。
- 3、通过慢病毒转染成功构建 APOC1 敲低的 SU2/kdSH1、SU2/kdSH2、SU6/kdSH1、SU6/kdSH2 细胞，过表达的 SU4/oeAPOC1 细胞，以及相应的对照组细胞。
- 4、CCK8 增殖实验和克隆形成实验结果提示 APOC1 敲低的稳转株细胞增殖、克隆形成能力减弱，过表达的稳转株细胞增殖、克隆形成能力增强。流式细胞术检测得到 APOC1 敲低的稳转株细胞凋亡增多，细胞周期中 G1 期细胞比例增多，G2 期细胞比例减少；过表达的稳转株细胞凋亡增多，细胞周期中 G1 期、G2 期细胞比例增多，S 期细胞比例减少。

结论

- 1、初治 DLBCL 患者中血浆 APOC1 高表达，血浆 APOC1 对 DLBCL 有一定的诊断预测作用，并与 DLBCL 患者的 LDH、IPI 评分呈正相关。
- 2、APOC1 在 DLBCL 患者和细胞中高表达，敲低

DLBCL 细胞中 APOC1 的表达量可以抑制 DLBCL 细胞的增殖、克隆形成, 促进 DLBCL 细胞凋亡; APOC1 的表达量可以改变 DLBCL 细胞周期进程。

PO-1258

Imbalanced Expression of TACI Isoforms Regulated by TNFRSF13B variants promotes the progression of Epstein-Barr Virus-associated Lymphoproliferative Diseases

Xinyue Deng, Qiang Gao, Kefeng Shen, Tong Ge, Wei Mu, Jia Gu, Min Xiao
Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective In the authors' previous retrospective study, the germline tumor necrosis factor (TNF)-TNF receptor (TNFR) superfamily members variants were frequently found in non-primary EBV-T/NK-LPD patients, with the TNFRSF13B being the most frequent. The authors try to reveal the roles of TNFRSF13B variants in the pathogenesis and development of this spectrum of disease, and investigate the feasibility and efficacy of targeting TACI protein encoded by TNFRSF13B as a new intervention of EBV-LPD.

Methods To investigate the role of recurrent TNFRSF13B variants in the pathogenesis of EBV-LPDs, B lymphoblastoid cell lines (B-LCL) models carrying homozygous TNFRSF13B exon 2 frameshift deletions/insertions was successfully constructed using the CRISPR/Cas9 technique. Several examinations are performed and results are compared to those of wild-type B-LCL models, including the TACI expression, cell viability, immunophenotype, the activation of downstream signaling, the EBV lytic replication/latency program, and the secretion of cytokines. Finally, to verify the potentials of TNFRSF13B-targeting therapy in EBV-LPDs, drugs that regulate TACI expression or the TACI-mediated signaling were applied in B-LCL models.

Results In the cohort of previous research, six non-primary EBV-T/NK-LPD patients carry rare heterozygous pathogenic or likely pathogenic germline TNFRSF13B variants, of which 5 mutations are located at the exon 2 of this gene. Introducing frameshift deletions/insertions at the exon 2 of TNFRSF13B in healthy donor-derived B-LCLs diminishes the expression of long isoforms of TACI (TACI-L) but significantly upregulates the short isoforms of TACI (TACI-S). The enhanced expression of TACI-S mediates more intense activation of NF- κ B, ERK, MAPK, and Rho pathways, induces the reactivation of EBV lytic replication in LCLs, promotes the secretion of viral interleukin (IL)-10, and ultimately leads to the significantly increased EBV loads, rendering the carriers susceptible to EBV-LPDs. Furthermore, the low-affinity 3-mer form of TACI ligand, the B cell activating factor (BAFF) and a proliferation-inducing ligand (APRIL) significantly reduces TACI signaling, suppresses the EBV lytic program, and thus alleviates the EBV infection in B-LCLs.

Conclusion This research proposes that the TNFRSF13B variants plays important roles in the EBV infection processes and the host anti-EBV immune responses. Screening for possibly pathogenic variants of TNF-TNFR superfamily genes in EBV-LPD patients is necessary and valuable for understanding the pathogenesis of EBV-LPDs and optimizing the therapeutic regimen. For patients who carry the gain-of-function germline mutations of TNFRSF13B, the inhibitory TACI-Ig or BAFF/APRIL may efficiently prevent serious progression of their EBV infection.

PO-1259

Natural killer-cell recovery in patients received CD19 CAR T-cell therapy: dynamics and clinical significances

Xindi wang,Heng Mei,Yu Hu

1. Institute of Hematology, Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective The study aimed to track the dynamic changes in NK-cell recovery after CD19 CAR T-cell treatment.

Methods Samples were collected from 10 healthy volunteers and 52 patients with non-Hodgkin lymphoma (NHL), B-cell acute lymphoblastic leukemia (B-ALL), and systemic lupus erythematosus(SLE) during the first year after CAR T-cell infusion (CTI). Multiparameter flow cytometry were performed to longitudinally monitor the dynamics of NK-cell profile.

Results Normalizing the distribution of mature subpopulations of peripheral blood NK cells began on day 7, lagging behind the growth of NK-cell counts starting at day 0. Expressions of CD16 and NKG2D were impaired early after CTI and recovered to normal reference levels at 2–3 months. Among the 3 different diseases, NK cells in B-ALL increased faster and were less impaired. In addition, delayed NK-cell increase and impaired CD16 and NKG2D functions appeared in patients experiencing cytokine release syndrome (CRS) partially due to massive CAR T-cell expansion, excessive inflammatory molecules, and elevated lactic dehydrogenase. CRS ($P=0.0626$) and low NK/T ratio ($<$ median, $P=0.0505$) at one month were risk factors for virus infection/reactivation. Of note, patients rich in the $CD56^{dim}NKG2A^{+}CD57^{-}$ subset were more likely to experience CRS, and those rich in the $CD56^{dim}NKG2A^{-}CD57^{+}$ subset were at high risk of recurrence/progression.

Conclusion Attention should be paid to the differentiated status of NK cells for CRS and inferior prognosis prediction and prevention. Measures taken to stimulate NK cell expansion and prevent virus infection are also necessary when the NK-cell recovery is impaired during CAR T-cell therapy.

PO-1260

格菲妥双抗治疗复发/难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤的有效性 及安全性：一项真实世界观察研究

刘林、崔国惠

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 观察在复发/难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤（R/R DLBCL）患者中行格菲妥双抗治疗的有效性及安全性。

方法 回顾性分析 2024 年 3 月至 2024 年 5 月在华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科及肿瘤中心接受格菲妥双抗治疗的 R/R DLBCL 患者的临床资料。所有患者均接受至少一个周期的格菲妥双抗治疗，以单独治疗、联合化疗或桥接治疗为主。治疗中期及终期采用 B 超/CT/核磁/PET-CT 检查行疗效评估。

结果 共纳入 7 例 R/R DLBCL 患者，男性 2 例，女性 5 例，中位年龄为 59 岁（33~67）。R/R DLBCL de novo 4 例，FL transformed 1 例，PMBCL 1 例，Burkitt 淋巴瘤 1 例。格菲妥双抗的治疗线数：3 线治疗 5 例，4 线治疗 2 例。格菲妥双抗单药治疗 5 例，联合化疗 2 例，其中 1 例为继发性中枢神经系统淋巴瘤，格菲妥双抗单药联合大剂量甲氨蝶呤后桥接自体造血干细胞移植续贯 CART 治疗。所有患者中，格菲妥双抗中位治疗周期数为 3（1~4）。细胞因子释放综合征发生在

2 例患者，1 例表现为皮疹，CRS1 级，未处理；1 例表现为局部红肿，伴发热，CRS2 级，激素有效控制。5 例可评估患者中客观缓解率（ORR）为 80%，其中完全缓解 1 例，部分缓解 3 例，死亡 1 例，考虑原发病进展。

结论 格菲妥双抗在 R/R DLBCL 中起效迅速，疗效确定，安全可控。对于格菲妥双抗的联合治疗及桥接治疗有待更大样本的前瞻性研究。

PO-1261

外周 T 细胞淋巴瘤患者基因突变谱及预后意义

王玲玲¹、杨磊²、管方舒³、陈静³、程月新¹、苗雨青¹、何静松³、蔡真³、黄河³、赵毅³

1. 盐城市第一人民医院血液科

2. 镇江市第一人民医院血液科

3. 浙江大学医学院第一附属医院骨髓移植中心

目的 关于中国成人外周 T 细胞淋巴瘤（PTCL）基因突变谱的研究十分有限。

方法 我们回顾性地分析了 66 例新诊断的中国 PTCL 患者的临床特征和基因突变谱，对所有入组患者的组织标本进行了 NGS 检测。

结果 60 例（90.9%）患者至少检测到一个基因突变，中位突变基因个数为 3（0-7）个，32 例（48.5%）检测到 4 个以上突变。突变频率较高的基因分别是 TET2、RHOA、DNMT3A、IDH2、TP53、STAT3 和 KMT2D。如果按功能组对突变基因进行分类，最常见的突变与表观遗传学和信号转导有关。IPI \geq 2、PIT \geq 2 和未能达到部分缓解（PR）是导致无进展生存期（PFS）和总生存期（OS）降低的因素。多因素分析显示，TP53 是 PFS 的不良预后因素（HR, 3.523; 95% CI, 1.262-9.835; P=0.016），KMT2D 是 OS 的不良预后因素（HR, 10.097; 95% CI, 1.000-101.953; P=0.048）。

结论 TP53 和 KMT2D 突变与外周 T 细胞淋巴瘤预后不良相关。

PO-1262

新型冠状病毒感染继发噬血细胞综合征 2 例报道并文献复习

张雨、管俊

扬州大学

目的 探讨新型冠状病毒感染后继发噬血细胞综合征的临床特点及诊疗方法，提高对新型冠状病毒感染引起的细胞因子风暴的认识。

方法 回顾性分析 2 例成人感染新型冠状病毒后继发噬血细胞综合征患者的诊疗经过，并结合国内外相关文献进行分析。

结果 病例 1，女性，44 岁，反复发热 5 天入院，入院后咽拭子核酸检测查新型冠状病毒阳性，实验室检查发现全血细胞减少，低纤维蛋白原血症，血清铁蛋白明显升高，转氨酶升高，骨髓中可见噬血现象。根据 HLH-2004 诊断标准确诊为 HLH，无遗传基础和其他明确继发因素，考虑由新型冠状病毒感染诱发，给予 HLH-1994 方案联合芦可替尼初始治疗后病情好转。病例 2，女性，78 岁，因间断发热 1 月余入院，病程中出现发热、两系进行性下降、脾大、纤维蛋白原浓度低，甘油三酯 $>3\text{mmol/L}$ ，铁蛋白 $>500\text{ug/L}$ ，NK 细胞活性降低，sCD25 升高，HLH 8 条诊断标准中符合 7 条，诊断 HLH 明确。新型冠状病毒核酸检测阳性，EB 病毒 DNA 定量高，考虑新型冠状病毒感染或 EB 病毒感染诱发，给予 HLH-1994 方案联合芦可替尼治疗后病情好转。

结论 目前新冠病毒感染疫情仍处于低流行水平，新型冠状病毒感染后继发的 HLH 临床较为少见，

但病情危重，预后差，对于新型冠状病毒感染后出现持续发热、血细胞进行性减少、铁蛋白升高、肝功能异常等患者需警惕 HLH 可能，早期诊疗是降低死亡率、提高预后的关键。

PO-1263

AP2M1 的高表达与弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的预后和耐药性相关

刘辛迪、王亮

首都医科大学附属北京同仁医院

目的 本研究应用公共数据库样本数据及北京同仁医院的肿瘤样本，希望可以证明基因 AP2M1 在 DLBCL 中的预后作用和潜在的肿瘤促进机制。

方法 利用公共数据库，主要是 GEO 数据库和 TCGA 数据库中的 DLBCL 公共数据集，分析基因 AP2M1 在介导 R-CHOP 方案化疗耐药性中的作用及其与各种临床参数和预后的相关性。通过使用 R 软件包，评估基因 AP2M1 在调节肿瘤免疫微环境中的作用。最后，通过使用来自北京同仁医院的 DLBCL 肿瘤样本，利用免疫组织化学染色来验证结论。

结果 基因 AP2M1 在 DLBCL 中的表达显著增加，这与患者的不良预后和多种临床指标有关。在富集分析的基础上，可以发现 AP2M1 可能与细胞内受体信号通路有关。通过免疫分析和药物预测，可以发现 AP2M1 的表达影响了 DLBCL 的免疫环境和药物反应，这进一步揭示了基因 AP2M1 在 DLBCL 中的重要作用。通过分析北京同仁医院 61 名已统一接受 R-CHOP 方案治疗的患者数据，本研究验证了上述发现，即 AP2M1 的高表达与 DLBCL 患者的不良预后相关，并影响了患者对 R-CHOP 方案治疗的敏感性。

结论 基因 AP2M1 的表达可能通过影响免疫微环境和药物敏感性来影响 DLBCL 患者的预后，表明基因 AP2M1 是 DLBCL 中潜在的治疗靶点。

PO-1264

一种基于铁蛋白和 Nomogram 风险指数的新型预后模型 可以更好地对结外 NK/T 细胞淋巴瘤患者进行分层

刘辛迪、王亮

首都医科大学附属北京同仁医院

目的 旨在评估 NRI 在统一治疗的 ENKTCL 患者单队列中的作用，探讨铁蛋白的预后价值，并建立新的预后模型以更好地对 ENKTCL 患者进行分层。

方法 本研究纳入了 326 例 ENKTCL 患者，并提供了有关临床特征和生存结果的详细数据。所有患者均接受以天冬酰胺酶为基础的化疗，伴或不伴放疗。使用多个 R 包分析预后因素并推导出新的预后模型。

结果 在包含 236 例 ENKTCL 患者的训练队列中，NRI 与无进展生存期(PFS)和总生存期显著相关 ($p < 0.0001$)。以 $400 \mu\text{g/L}$ 铁蛋白水平为临界值，高铁蛋白水平患者的 PFS 明显较差 ($p = 0.00028$)。结合 NRI 评分和铁蛋白、血红蛋白、白蛋白、d-二聚体 4 个容易获得的临床参数，构建新的预后模型，将 ENKTCL 患者分为 3 个危险组。这种新的预后模型与疾病分期和 NRI 无关，并且优于 NRI。此外，该模型有助于在相同的 NRI 风险组中对患者进行分层。最后，在包括 90 例 ENKTCL 患者的外部验证队列中验证了这种新型预后模型的作用。

结论 血清铁蛋白水平可能是 ENKTCL 患者预后的一个新的因素。结合 NRI 和临床参数的新预后模型可以更好地预测 ENKTCL 的预后，因此值得进一步验证，并有可能指导未来前瞻性临床试验的个体化治疗。

PO-1265

淋巴瘤 FFPE 与 ctDNA 样本一致性检测及临床应用探究

徐海霞、柯蒙蒙、孙黎、马浩然
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 使用淋巴瘤 ctDNA NGS panel 对肿瘤组织 FFPE 与 ctDNA 样本同时进行检测，结果一致性进行分析比较，为临床检测的样本选择提供数据支撑。

方法 为了确定肿瘤组织 FFPE 样本与 ctDNA 样本的一致性，采用武汉海希生物科技有限公司淋巴瘤 ctDNA 突变检测试剂盒（包含淋巴瘤各常见亚型：弥漫大 B 细胞淋巴瘤、高级别 B 细胞淋巴瘤、滤泡细胞淋巴瘤、套细胞淋巴瘤、边缘区淋巴瘤、伯基特淋巴瘤、毛细胞白血病、华氏巨球蛋白血症、霍奇金淋巴瘤、外周 T 细胞淋巴瘤等，共 139 个基因的热点突变和融合基因），对 11 例患者的 FFPE 样本及 ctDNA 样本同时进行 NGS 检测，比较检测结果的一致性。同时对 1 例盲测淋巴瘤样本进行 ctDNA 基因图谱分析。

结果 11 例淋巴瘤患者的 FFPE 样本共检测到 27 个疾病相关的阳性位点，ctDNA 样本检测到 25 个与 FFPE 样本一致的阳性位点，位点一致性率达到 92.59%。其中已检样本中弥漫大 B 细胞淋巴瘤和套细胞淋巴瘤 FFPE 样本和 ctDNA 样本阳性位点检出一致性为 100%。盲测的 1 例淋巴瘤患者的 ctDNA 样本基因突变情况为：EZH2(NM_004456.5):c.1937A>C(p.Tyr646Ser)、IRF8(NM_002163.4):c.323A>G(p.Lys108Arg)、SF3B1(NM_012433.3):c.2294A>G(p.Tyr765Cys)、BORCS8-MEF2B(NM_005919.4):c.209C>G(p.Thr70Arg)、BCL2(NM_000633.2):c.392C>T(p.Ala131Val),c.100G>C(p.Asp34His)和 c.226G>A(p.Ala76Thr)。对这些基因进行基因图谱分析发现符合弥漫大 B 细胞淋巴瘤的基因分布情况，经与临床沟通，该患者确认诊断为弥漫大 B 细胞淋巴瘤。

结论 ctDNA 能够克服肿瘤组织异质性，样本可及性高，在淋巴瘤 FFPE 样本与 ctDNA 检测结果一致性较好的基础上，ctDNA 检测结果可用于淋巴瘤的诊断，分型，预后分层，疗效评估，MRD 监测以及新的治疗方案的选择等。

PO-1266

MEK1/2 抑制剂对 CAR-T 细胞疗法引起的 CRS 的抑制作用及机制研究

李慧、王兴兵
中国科学技术大学

目的 研究发现，CRS 的发生与炎性细胞因子的过度释放密切相关。丝裂原活化蛋白激酶激酶 1/2 (mitogen-activated protein kinase kinase 1/2, MAPKK1/2 or MEK1/2) 抑制剂能够有效抑制包括白介素 6 (interleukin-6, IL-6)、白介素 1 β (interleukin-1 β , IL-1 β) 和肿瘤坏死因子 α (tumor necrosis factor α , TNF- α) 等炎症因子的产生。本研究旨在探讨 MEK1/2 抑制剂在缓解 CAR-T 细胞疗法引起的细胞因子释放综合症 (CRS) 中的作用及机制。

方法 首先，我们构建了 CD19 CAR-T 后 CRS 体外模型，采用 CCK8、实时荧光定量 PCR、蛋白质印迹法、流式细胞术、钙成像和 ELISA 试剂盒进行细胞实验。接着，我们构建了 CD19 CAR-T 后 CRS 动物模型，通过蛋白质印迹法、CBA 检测等方法，测量了细胞因子表达水平、T 细胞和肿瘤细胞凋亡及增殖、细胞内钙离子变化、蛋白质表达等。

结果 U0126 对 CD19 CAR-T 细胞增殖、凋亡和抗肿瘤活性无影响，且能显著降低 CAR-T 后 CRS 体外模型中巨噬细胞培养上清的白介素 6 (IL-6)、白介素 1 β (IL-1 β) 和肿瘤坏死因子 α (TNF- α)

等炎性细胞因子表达水平,此外,U0126抑制了B细胞淋巴瘤细胞/白血病细胞Raji/Nalm6的增殖,以及Raf1-MEK-ERK和JAK2-STAT3信号通路的异常激活。在CAR-T后CRS体内模型中降低干扰素- γ (Interferon-gamma, IFN- γ)等关键细胞因子水平,并抑制了Raf1-MEK-ERK和JAK2-STAT3信号通路的激活,改善小鼠的CRS症状。

结论 这些发现表明,在不影响CD19 CAR-T细胞抗肿瘤活性的情况下,加入MEK1/2抑制剂可以有效降低CRS相关的毒性,从而为CAR-T治疗中预防和管理CRS提供一种新的治疗策略。

PO-1267

弥漫大B细胞淋巴瘤中基于机器学习整合免疫、基质和增殖特征的新风险分层:来自国际多中心研究的单细胞和混合多组学数据

梁晓杰¹、郭嘉¹、骆栢维²、杨裕农³、陈秋敏³、邓业玲³、卢伟祥¹、王亮¹

1. 首都医科大学附属北京同仁医院血液科
2. 南方医科大学南方医院血液科
3. 广东医科大学第一临床医学院

目的 既往报道免疫、基质和增殖均强烈影响弥漫大B细胞淋巴瘤(DLBCL)的预后和治疗反应。然而,先前的研究多集中在免疫或基质或增殖单个方面来评估DLBCL的预后和分子分型,缺乏系统整合三者对DLBCL的风险分层和预后的全面评估工作。本研究旨在整合免疫、基质和增殖特征系统评估DLBCL的预后风险分层,探索新治疗靶点。

方法 基于国际多中心数据,我们使用多种机器学习算法全面评估DLBCL中免疫、基质和增殖特征的特点及预后作用,并用Cox回归开发模型(Psi score),使用相同的截止值,对不同研究中心3229例DLBCL患者风险分层。并利用转录组(n=3229)、基因组(n=576)、单细胞RNA-seq(n=20),研究高危组DLBCL预后不良的机制。

结果 利用国际多中心队列,我们确定并验证一组高危DLBCL亚组(HPSI,占DLBCL的36.1%)。HPSI定义为亚精胺代谢型-冷免疫肿瘤,特征是亚精胺合成酶(SRM)上调伴荒漠样免疫浸润。与低危组(LPSI)相比,HPSI预后较差,3年OS率(51.7% vs. 78.1%, $P < 0.0001$)和PFS率(48.9% vs. 72.6%, $P < 0.0001$),5年OS率(42.7% vs. 72.5%, $P < 0.0001$)和PFS率(45.7% vs. 69.1%, $P < 0.0001$)均显著降低。伴有MYC重排、双表达或分子高级别组(MHG)的DLBCL中一些预后较好的患者,以及完全缓解(CR)组中相对早期死亡的患者均可通过我们的模型识别。此外,HPSI表现出类似伯基特淋巴瘤的恶性增殖表型。基因组分析表明HPSI在趋化因子和干扰素编码区域9p21.3和17p13.1-17p13.3存在广泛拷贝数缺失。混合和单细胞转录组表明SRM上调可能介导了DLBCL的冷免疫浸润,潜在机制包括抑制免疫激活通路、促进树突细胞向免疫耐受型树突细胞转化、促进巨噬细胞向M2极化。最后,我们的模型可有效识别对免疫治疗(CAR-T和免疫检查点抗体)不敏感的肿瘤患者,且我们整合风险模型和多组学数据,开发了DLBCL在线综合数据库,可供计算风险评分和探索DLBCL的分子生物学特点。

结论 我们的研究有效简化了DLBCL的风险分层,揭示亚精胺代谢和免疫微环境共同塑造了一组预后极差的DLBCL。靶向亚精胺代谢可望调节免疫治疗,改善患者预后,为DLBCL的免疫治疗提供新的思路。

PO-1268

成人 T 细胞淋巴瘤/白血病 (ATLL) 流式病例两例并文献复习

沈伟

武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 ATLL 是成人少见的特殊类型的外周 T 细胞淋巴瘤，与人类 T 细胞白血病病毒 1 型 (HTLV-1) 的感染直接相关，呈区域性流行，国内福建沿海地区高发，其他地区发病率较低。本病侵袭型 (包括淋巴瘤型和急性型) 疗效不佳，预后差，且易误诊，确诊不能依靠单一方法学，诊断需结合临床特征、形态学、典型免疫表型、病毒血清学进行综合性诊断。本文主要从流式角度探讨 ATLL 的典型免疫表型特征，与其他外周 T 细胞淋巴瘤类型相鉴别。

方法 对两例疑似病例取其骨髓标本，采用流式细胞术进行分析，复习相关文献并结合其他实验室检查结果进行讨论。

结果 第一例病例流式免疫表型：异常细胞约占有核细胞的 9.5%，表达 CD2、CD3、CD4、CD5、CD25、CD45RO、CD103、TRBC1、TCR α/β ，CD7 表达缺失，CD30 阴性。第二例病例流式免疫表型：异常细胞约占有核细胞的 7%，表达 CD2、CD3dim、CD4dim、CD5、CD25、CD38、CD45RO、TCR α/β ，CD7 表达缺失，CD30 阴性。两例病例均来自福建省，TCR 重排和 HTLV-1 病毒血清学均阳性。

结论 ATLL 肿瘤细胞来源于调节性 T 细胞 (Treg 细胞)，Treg 细胞是一种独特的 T 细胞亚群，参与维持和调节自身耐受和稳态，通常是 CD4+CD25+FOXP3+细胞，约占 CD4+T 细胞总数的 5-10%。所以 ATLL 细胞是 CD4+细胞，肿瘤细胞可以特征性表达 CD25，CD7 通常表达缺失，与正常 T 淋巴细胞相比，CD3 可能是正常或低水平表达，CD103 可以阳性；据部分文章资料，部分转化的大细胞可有 CD30 阳性，本次两例病例 CD30 均阴性。总结：ATLL 典型免疫表型为 CD3+CD4+CD7-CD25 强阳 CD2+CD5+TCR α/β ，流式对 ATLL 具有辅助诊断的价值，确诊仍需结合临床、形态学 (典型花瓣形细胞)，病毒血清学阳性具有确诊意义。

PO-1269

原发胃肠道 T 细胞淋巴瘤 1 例

李梦瑶、张晓红、李霄雨、郭晓玲

河北医科大学第二医院

目的 原发性胃肠道淋巴瘤 (PGIL) 是最常见的结外淋巴瘤，大多数为 B 细胞淋巴瘤，T 细胞罕见。报道 1 例原发胃肠道 T 细胞淋巴瘤病例，以期为临床诊疗提供一定的参考。

方法 回顾性分析河北医科大学第二医院收治的 1 例原发胃肠道 T 细胞淋巴瘤患者的临床资料。

结果 患者，男性，54 岁，主因“间断上腹部不适 1 年”于 2023 年 02 月入院。胃镜：提示胃溃疡、胃底黏膜下肿物。咬检组织活检：结合免疫组化考虑非霍奇金淋巴瘤。免疫组化：Ki-67 (约 30%)、CD79a (弱+)、CD45RO (+++)、CD5 (++)、CD3 (++)。查体未见异常，骨髓象：部分粒系细胞毒性颗粒伴偶见幼淋细胞。流式：未见异常。基因重排-IGH、TCR：均阴性。PET/CT：胃体、胃窦部胃壁弥漫、不均匀增厚、胰腺前方肠系膜根部团块状增厚，均伴不均匀高代谢。考虑原发胃肠道淋巴瘤可能性大 (Lugano 分期，II 期)。综上诊断：非霍奇金 T 细胞淋巴瘤 非特指类型 II 期 (Lugano 分期) A 组。给予西达本胺+CHOPE 联合化疗共 7 个疗程，于第 4 疗程结束后评估达完全缓解 (CMR)，目前规律随诊中。

结论 非特指型外周 T 细胞淋巴瘤 (PTCL-NOS) 无特异性，只有在排除其他独立分型的 T 细胞淋巴瘤后才能诊断。目前多采用 CHOP 或 CHOP 样方案化疗，其侵袭性强、易复发，总体预后较差。

PO-1270

经脑组织立体定向活检诊断原发性中枢神经系统淋巴瘤 1 例

李梦瑶、张晓红、李霄雨、郭晓玲
河北医科大学第二医院

目的 原发性中枢神经系统淋巴瘤（PCNSL）是一种罕见、临床表现多样且预后不良的疾病。本文报道 1 例经脑组织立体定向活检诊断的 PCNSL 病例。

方法 回顾性分析河北医科大学第二医院收治的 1 例 PCNSL 患者的临床资料，分析其诊疗过程。

结果 患者，男性，63 岁，因“左下肢无力 3 个月，加重伴左手麻木 1 个月”就诊。既往体健。NSPE：左下肢肌力 II 级，左侧指鼻试验欠稳准，左侧跟膝胫试验欠合作，余查体未见异常。头颅 MRI+增强+MRS 示：鞍上区、左侧小脑半球-桥臂-延髓偏左侧病变，结合 MRS，考虑肿瘤性病变，淋巴瘤可能。腰椎穿刺术，脑脊液压力为 190 mmH₂O，白细胞 60×10⁶/L，蛋白 2.79 g/L，脑脊液二代测序未见异常，脑脊液细胞学：可见异型淋巴细胞。脑组织立体定向活检术后病理：非霍奇金弥漫大 B 细胞淋巴瘤。免疫组化：CD20（+）、PAX-5（+）、Bcl-6（+）、Bcl-2（+）、MUM-1（+），CD21、CD3、CD5、CD10、CD30、cyclin D1 均为阴性，Ki-67（70%），原位杂交：EGFR（-）。诊断为：PCNSL。给予利妥昔单抗联合 HD-MTX+TMZ 化疗。出院后患者病情持续恶化，于 1 个月后死亡。

结论 病理诊断是确诊 PCNSL 的“金标准”，立体定向活检具有损伤小，风险低，对 PCNSL 具有重要的临床应用价值。

PO-1271

探讨易被误诊为毛细胞白血病的脾边缘区淋巴瘤伴 KLF2 突变一例。

杨利群¹、吴韞里¹、柯晴²

1. 华银康集团

2. 广西医科大学附属肿瘤医院

目的 探讨易被误诊为毛细胞白血病的脾边缘区淋巴瘤伴 KLF2 突变一例。

方法 对一例易被误诊为毛细胞白血病的脾边缘区淋巴瘤伴 KLF2 突变的临床资料、骨髓形态学、骨髓染色体核型分析及二代测序结果进行分析。

结果 老年女性，60 岁，8 年白细胞增高病史，脾脏重度肿大；骨髓涂片示：骨髓增生明显活跃，淋巴细胞比例明显增高（62.5%），可见短毛刺状突起；流式检测到约 68.2%异常成熟 B 淋巴细胞，表达：CD19（100.0%）、HLA-DR（99.8%）、CD11c（99.4%）、CD22（99.8%）；部分表达：CD103（28.0%）、FMC-7（56.7%）、CD79b（51.7%）、CD20（73.3%）；不表达：Kappa、Lambda、CD10、CD23、CD38、CD123、CD5、CD7、CD99、CD3、CD4、CD8、CD25、CD200、CD28、sIgM；骨髓活检示：骨髓增生明显活跃，CD20 阳性 B 淋巴细胞明显增多，考虑成熟 B 细胞淋巴瘤/白血病。骨髓染色体核型分析结果：46,XX[20]，未见克隆性异常。淋巴瘤系血液肿瘤 136 基因突变示检测到 KLF2 基因突变，未检测到毛细胞白血病相关基因突变（包括 BRAF 基因突变）。

结论 脾边缘区淋巴瘤（SMZL）是一种排除性诊断，最常见基因突变是 NOTCH2、KLF2、KMT2D、TNFAIP3、NOTCH1 和 TP53，二代测序检测有助于 SMZL 精准诊断。

PO-1272

一例血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤在自体移植术后 继发急性前体 B 淋巴细胞白血病的病例报告

张晏毓、孙秀丽、张丽芝、申静枝
大连医科大学附属第一医院

目的 报告 1 例血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤 (AITL) 患者经过自体移植后转化为急性前体 B 淋巴细胞白血病 (BCP-ALL) 的诊治过程。

方法 68 岁男性患者, 因发热、皮疹、关节肿痛、淋巴结肿大就诊。淋巴结活检病理符合 AITL, PET/CT: 全身多发肿大淋巴结, 扁桃体及脾脏受累。血常规正常, 骨髓涂片、流式和活检正常。诊断为 AITL III B 期。经 6 周期标准剂量 CHOEP 方案化疗达 CR, 行自体造血干细胞移植 (ASCT) 巩固, +11d 粒细胞植入, +13d 血小板植入。移植后 34 天血常规: WBC 47.59×10⁹/L, Hb 105.00g/L, PLT 79.00×10⁹/L。骨髓涂片: 异常淋巴细胞 28.5%。流式: 符合 BCP-ALL 表型。染色体正常, 白血病相关融合基因及二代测序阴性。骨髓活检: 未见异常 T 细胞增多, CD19+ B 细胞异常增生 (约 20%-30%), 诊断为 BCP-ALL。患者自 2021 年 6 月始予减低剂量化疗, mini-VDP 方案 1 疗程后达 CR, 流式 MRD 阴性, 后续 VP、mini-CAM、mini-VIP、mini-VDCLD 方案巩固, 间断予沙利度胺和西达本胺口服, 三联鞘注防治中枢神经系统白血病。

结果 末次治疗 2022 年 3 月, 后续自行停止治疗, AITL 和 BCP-ALL 持续 CR。

结论 AITL 罕见转化为 B-ALL, 此例 AITL 患者, 经联合化疗后达 CR, 行 ASCT 巩固, 造血重建后出现 BCP-ALL, 继发白血病通常预后差, 但本例患者经过减低剂量的化疗后, 淋巴瘤及白血病均处于持续 CR, 临床罕见。

PO-1273

“18F-FDG PET/CT metrics-based stratification of diffuse large B-cell lymphoma receiving CAR-T cell therapy: immunosuppressive tumor microenvironment as a negative prognostic indicator in patients with high tumor burden

Lingshuang Sheng, Weili Zhao

Shanghai Institute of Hematology, State Key Laboratory of Medical Genomics, National Research Center for Translational Medicine at Shanghai, Ruijin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China

Objective Chimeric antigen receptor T (CAR-T) cell therapy has greatly improved the survival of relapsed and/or refractory patients diagnosed with diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL). Early identification and intervention of patients who may respond poorly to CAR-T therapy will help to improve the efficacy. The main objective of this study was to use 18F-fluorodeoxyglucose positron emission tomography/computed tomography (18F-FDG PET/CT) metrics to stratify patients with poor prognosis on CAR-T cell therapy in advance and to explore possible mechanisms for their poor prognosis.

Methods 90 patients from RJ cohort and 72 patients from Lyon cohort who received CAR-T cell therapy and underwent 18F-FDG PET/CT scan at screening stage, 1- and 3-months after the CAR-T cell infusion were retrospectively reviewed and regularly followed up, with RNA-sequencing conducted for 47 patients of RJ cohort in the screening stage. Progression-free

survival (PFS) and overall survival (OS) was calculated. The occurrences of cytokine release syndrome (CRS) and neurotoxicity (NT) were collected in the medical records of patients.

Results In RJ cohort, patients with $D_{max} < 6\text{cm}$ ($N=60$) at screening stages showed significantly higher 3-months complete response (CR) rate than those with $D_{max} \geq 6\text{cm}$ ($N=30$, 85.0% vs. 33.3%, $P < 0.001$), as well as superior PFS (HR 0.17; 95% CI 0.08-0.35, $P < 0.001$) and OS (HR 0.18; 95% CI 0.08-0.40, $P < 0.001$). The best cut-off values for total metabolic tumor volume (tMTV) and total lesion glycolysis (tTLG) were 50cm^3 and 500g , respectively. Besides, we proposed a prediction model combining M1 SUVmax and tTLG clearance rate to predict progression for patients evaluated as partial response (PR)/stable disease (SD) at M1 after CAR-T cell therapy and validated our model in Lyon cohort. Relevant association of sDmax to the severity of neurotoxicity (AUC=0.74; $P = 0.034$; 95% CI, 0.578-0.899) after CAR-T cell therapy was found in axi-cel-treated patients. In patients with $D_{max} \geq 6\text{cm}$, RNA-sequencing analysis suggested autophagy related biological processes were enriched, and more M2 macrophages, cancer-associated fibroblasts (CAF), myeloid-derived suppressor cell (MDSC) and intermediate exhausted T cell were observed, presented an immunosuppressive immune microenvironment.

Conclusion In this study, we found 18F-FDG PET/CT metrics at screening stage had the predictive value of clinical efficacy, progression, death, and adverse events of CAR-T cell therapy. We proposed and validated a prediction model combining M1 SUVmax and tTLG clearance rate to predict progression for patients evaluated as PR/SD at M1 after CAR-T cell therapy. Autophagy may serve as a possible mechanism for those patients respond poorly to CAR-T cell therapy with high tumor burden.

PO-1274

利妥昔单抗治疗血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤化疗所致自身免疫性血小板减少 1 例报道

张洪勇、程志鹏、武盈盈、夏凌辉、方峻
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨淋巴瘤肿瘤药物相关血小板减少 (CTIT) 的免疫机制及治疗方案。

方法 回顾 1 例利妥昔单抗治疗血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤 (AITL) 化疗所致自身免疫性血小板减少 (ITP) 患者的诊疗经过。

结果 62 岁女性 AITL 患者, IV 期, 有骨髓等多发结外受累, 治疗前血小板 (PLT) 计数正常。行第一周期 CMOP 方案 (M, 米托蒽醌脂质体) 化疗后出现 IV 度 CTIT, 检出血小板特异性抗体抗 GMP140 阳性, 考虑继发 ITP, 给予地塞米松静滴后 PLT 计数恢复正常。继以第二周期 CMOP 方案联合西达本胺治疗, 抗淋巴瘤疗效达 PR。但再次出现 IV 度 CTIT, 未能恢复, 复查骨髓穿刺提示巨核细胞成熟障碍, 骨髓活检未见淋巴瘤细胞。第三周期治疗仅使用米托蒽醌脂质体单药, 仍出现 IV 度 CTIT, 予以地塞米松、静脉注射免疫球蛋白、促造血治疗无效, PLT 计数持续低于 $20 \times 10^9/\text{L}$ 。遂使用利妥昔单抗 ($375\text{mg}/\text{m}^2$, 每 3 周) 治疗 4 周期, PLT 于第 6 天迅速恢复至 $30 \times 10^9/\text{L}$ 以上, 并逐渐恢复至 $100 \times 10^9/\text{L}$ 以上, 抗 ITP 疗效达 CR 且为早期反应。继续使用度维利赛联合西达本胺治疗 2 周期, 抗淋巴瘤疗效持续 PR。

结论 淋巴瘤 CTIT 患者如血小板计数难以恢复, 应排查 ITP, 伴有 ITP 患者可采用糖皮质激素、静脉注射免疫球蛋白等治疗, 反应不佳时利妥昔单抗可能有效, 帮助患者维持抗淋巴瘤治疗、延长生存。

PO-1275

Incidence of hemophagocytic lymphohistiocytosis after immunotherapy in hematological malignancies: A Systematic Review and Meta-Analysis

Yinqiang Zhang^{1,2,3}, Wenjing Luo^{1,2,3}, Heng Mei^{1,2,3}

1. Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology
2. Key Laboratory of Biological Targeted Therapy, the Ministry of Education, Wuhan 430022, China
3. Hubei Key Laboratory of Biological Targeted Therapy, Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan, 430022 China

Objective Immunotherapies such as chimeric antigen receptor T (CAR-T) cells, bispecific T-cell engagers (BiTE) and antibody-drug conjugates (ADC) have shown prominent efficacy in various hematological malignancies. However, the adverse events have received more attention. There is a growing body of research reporting hemophagocytic lymphohistiocytosis (HLH) as a fatal complication related to immunotherapy, but data remains scarce. The meta-analysis was conducted to describe the incidence of HLH in immunotherapies, and subgroup analysis were performed to gain further insights into drivers of immunotherapy-associated HLH.

Methods A literature search was performed on PubMed, Web of Science and Embase with keywords for “hemophagocytic lymphohistiocytosis” and (“CAR-T” or “antibody”) up to January 10, 2024. “R” software was used to conduct this meta-analysis. Sub-analysis by types of therapies, age, diseases, target antigen, prior therapy lines and sources of CAR-T cells was performed.

Results Our search identified 5034 studies and 20 studies were enrolled (n=1039) (Table 1). The pooled incidence of HLH in all studies was 5% [95%CI 0.02, 0.09; p<0.01; I² = 82%]. Significantly higher incidence of HLH was noted among studies with CAR-T therapies compared to studies with non-CAR-T therapies [6% (95% CI 0.02-0.11) vs 1% (95% CI 0.00-0.03), p<0.01]. Children and young adults were more likely to suffer from HLH, whether in CAR-T subgroup [6% (95% CI 0.02-0.11) vs 1% (95% CI 0.00-0.03), p<0.01] or in all studies [6% (95% CI 0.02-0.11) vs 1% (95% CI 0.00-0.03), p<0.01]. subgroups of ≥ 4 lines of prior treatments, diagnosed with ALL/T-LBL, receiving non-CD19 targeting CAR-T or autologous CAR-T cells contained higher proportion of HLH patients, but with no statistical significance.

Conclusion This study suggested the prevention of HLH should be considered in younger populations with CAR-T cells. To utilize the strategy for HLH, more clinical trial data related to HLH needs to be reported.

PO-1276

Exploring the Role of lncRNA CHROMR in DLBCL Pathogenesis and Immune Modulation

Heyang ZHANG

The first hospital of China medical university

Objective Diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) is the most common and aggressive type of non-Hodgkin lymphoma that presents significant therapeutic challenges. In this study, we aimed to investigate the role and molecular mechanism of long non-coding RNA (lncRNA) CHROMR in DLBCL. Our findings demonstrate that lncRNA CHROMR is highly expressed in DLBCL tissues and cells, and its dysregulation influences key cellular processes including proliferation, migration, invasion, and apoptosis. Moreover, CHROMR plays a role in regulating the anti-tumor immune activity of CD8A+ T cells in DLBCL, potentially through its interaction as a competing endogenous RNA (ceRNA) with miR-214-5p and its regulation of PD-L1 expression. Additionally, we

discovered that methyltransferase-like protein 14 (METTL14) induces m6A methylation of CHROMR, enhancing its stability and further impacting the immune response in DLBCL. These findings suggest that lncRNA CHROMR could serve as a potential therapeutic target in the treatment of DLBCL.

Methods Bioinformatics Analysis , Tissue Sample Collection , Cell Culture , Lentivirus Transfection, CCK-8 Assay, , Cell Migration Assay, Cell Invasion Assay, Dual Luciferase Reporter Gene Assay, Nude Mouse Tumor Model, Humanized Immune System Mouse Model, Real-time Quantitative PCR (RT-qPCR) , Flow Cytometry , Western Blot , Immunohistochemistry, Methylated RNA Immunoprecipitation (MeRIP)-PCR Experiment, Statistical Methods

Results 1.lncRNA CHROMR is Significantly Upregulated in Diffuse Large B-cell Lymphoma (DLBCL)

2.lncRNA CHROMR Modulates Proliferation, Apoptosis, and Metastatic Invasion of DLBCL Cells

3.Effect of lncRNA CHROMR Expression on the Growth of Transplanted DLBCL Tumors in Vivo

4.Impact of lncRNA CHROMR on the Growth and CD8A+ T-cell Infiltration of DLBCL OCI-LY1 Cell Transplanted Tumors

5.lncRNA CHROMR Regulates PD-L1 Expression in DLBCL Cells

6.lncRNA CHROMR Affects Anti-Tumor Immune Response of CD8A+ T Cells by Regulating PD-L1 Expression

7.lncRNA CHROMR Modulates PD-L1 Expression Through Targeting the miR-214-5p Pathway

8.lncRNA CHROMR Affects Anti-Tumor Immunity of CD8A+ T Cells in DLBCL Through the miR-214-5p/PD-L1 Axis

9.METTL14 Affects m6A Methylation and Expression of lncRNA CHROMR in DLBCL

10.METTL14 Affects Anti-Tumor Immunity of CD8A+ T Cells in DLBCL through Regulating lncRNA CHROMR Expression

Conclusion Diffuse Large B-cell lymphoma (DLBCL), the most common type of aggressive non-Hodgkin lymphoma, has always been a focal point of research in hematologic malignancies 13. Although significant advancements in DLBCL treatment have been achieved recently, some patients still resist current therapies 14. This study underscores the importance of delving deeper into its pathogenic mechanisms. In recent years, lncRNAs have been increasingly recognized as playing pivotal roles in various cancers. Specifically, the function and mechanism of lncRNA CHROMR in DLBCL remains largely unexplored.

Previous research has revealed certain roles of lncRNA CHROMR in other diseases, such as its aberrant expression 8. In contrast, our study is the first to disclose the significant upregulation of lncRNA CHROMR in DLBCL and its close association with the disease's pathogenesis. This study provides crucial insights into lncRNA CHROMR as a potential therapeutic target.

The relationship between lncRNA and tumors has been extensively studied, particularly in how they modulate the tumor microenvironment and immune responses 15, 16. In our research, we discovered that lncRNA CHROMR participates in DLBCL pathogenesis and impacts tumor progression by affecting the immune response of CD8A+ T cells. This study echoes the roles of other lncRNAs in cancers, but the specific mechanism by which lncRNA CHROMR modulates DLBCL immune responses is being unveiled for the first time.

m6A methylation, a significant RNA modification, is crucial in modulating RNA stability and function 17. In recent years, m6A methylation has been implicated in various cancers' onset, progression, and metastasis 18, 19. In this study, we explored how METTL14 regulates the stability and function of lncRNA CHROMR via m6A methylation, offering a fresh perspective on lncRNA regulation mechanisms.

Although the role of METTL14 in other cancers has been somewhat researched 20, 21, its specific role and mechanism in DLBCL remain undefined. In our study, we found that METTL14 not only affects the m6A methylation of lncRNA CHROMR but also modulates the immune response in DLBCL. This study suggests that METTL14 might be an essential regulator in DLBCL, offering a new therapeutic target.

In DLBCL, the expression of lncRNA CHROMR is significantly upregulated. Our research establishes a direct link between this aberrant expression and the biological functions of DLBCL

cells, such as proliferation, migration, invasion, and apoptosis. Furthermore, the interaction between lncRNA CHROMR and CD8A+ T cells in anti-tumor immunity is explored in-depth. By acting as a ceRNA for miR-214-5p and competitively binding with PD-L1 mRNA, lncRNA CHROMR elevates PD-L1 expression, thereby inhibiting the immune functions of CD8A+ T cells. Additionally, we identified that methyltransferase-like protein 14 (METTL14) augments the stability of lncRNA CHROMR through m6A methylation, thereby enhancing its impact on the immune response of CD8A+ T cells in DLBCL (Figure 12).

The findings of this study bear significant scientific and clinical implications for the field of hematologic malignancies. As potential therapeutic targets, lncRNA CHROMR and METTL14 provide new directions for DLBCL treatment, possibly offering patients more precise and effective treatment options. Moreover, our in-depth investigation into the functions and mechanisms of lncRNA CHROMR grants a more comprehensive understanding of DLBCL pathogenesis and progression. Notably, this research provides fresh perspectives on immunotherapy. Our newfound understanding of lncRNA's role in tumor immune evasion offers invaluable insights for future immunotherapeutic strategies.

Despite the meaningful discoveries made in this study, we must acknowledge its limitations. Our experimental results primarily stem from in vitro cellular experiments and animal models. These experimental conditions differ from the real human environment, so further studies must validate our findings in human subjects. Secondly, while we identified the pivotal role of m6A methylation and METTL14 in regulating lncRNA CHROMR expression, other unknown mechanisms and factors might be involved. Looking forward, we hope to conduct more clinical trials to verify these laboratory findings and delve deeper into the roles and mechanisms of lncRNA CHROMR and other lncRNAs in DLBCL and other diseases. This study will provide more theoretical foundations and practical guidance for future disease treatments.

PO-1277

白细胞介素-2受体和预后营养指数在弥漫性 大B细胞淋巴瘤患者中的预测价值

谢凤阳、马晓霞、朱馨玉、李玉兰、周捷、梁爱斌、修冰
上海市同济医院

目的 探讨白细胞介素-2受体(IL-2R)和预后营养指数(PNI)在初发弥漫性大B细胞淋巴瘤(DLBCL)患者中的预测价值以及在DLBCL各亚型中的适用性。

方法 本研究为回顾性研究,收集2013年至2023年共171例初诊DLBCL患者的临床资料。通过ROC曲线获得治疗前IL-2R、PNI的最佳截断值并将患者分为高、低IL-2R亚组和高、低PNI亚组, χ^2 检验分析分类变量,Log-Rank分析各亚组生存曲线的差异,Cox比例风险回归模型进行单因素和多因素分析。

结果 初发DLBCL患者的IL-2R水平和年龄、C反应蛋白呈正相关性,与绝对淋巴细胞计数、血清白蛋白、总胆固醇呈负相关性。PNI与身体质量指数、TCH呈正相关性,与年龄、CRP、乳酸脱氢酶、铁蛋白呈负相关性。IL-2R截断值为1202U/mL,PNI截断值为44.65,高IL-2R和低PNI亚组的患者高龄、Ann Arbor分期高、较多合并B症状、IPI评分高、中高危患者比例高、体力状态更差。低IL-2R组患者总生存率(OS)、无进展生存期(PFS)更长,低PNI组患者OS、PFS更短。在老年、胃肠、III-IV期、non-GCB这4个亚组中低IL-2R组患者的OS均高于高IL-2R组,高PNI组的OS均高于低PNI组(除胃肠亚组)。单因素和多因素分析分别提示IL-2R > 1202U/mL、PNI ≤ 44.65是初发DLBCL患者预后不良的独立危险因素。

结论 IL-2R、PNI在初诊DLBCL患者预后评估中有较好的预测价值,IL-2R > 1202U/mL和PNI ≤ 44.65是患者预后不良的独立危险因素。

PO-1278

基于 PET 影像特征预测弥漫大 B 细胞淋巴瘤老年患者在 R-CHOP 方案中的疗效及预后评估

赵金城¹、戎剑²、蒋冲³、滕月¹、陈曼¹、陈建新²、许景艳¹

1. 南京大学医学院附属鼓楼医院

2. 南京邮电大学

3. 四川大学华西医院

目的 探索自动化机器学习 (automated machine learning, AutoML) 模型开发和验证 PET 影像组学标签, 用于预测老年弥漫大 B 细胞淋巴瘤(diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL)患者的治疗反应和预后生存。

方法 回顾性分析 2015 年 3 月至 2023 年 3 月于南京大学医学院附属鼓楼医院和四川大学华西医院确诊的 175 例老年 (年龄≥60 岁) DLBCL 患者, 共 1010 个病灶。应用 AutoML 模型之一的 AutoGluon 对训练队列的基线 PET 影像组学特征进行处理, 生成影像组学评分 (radiomics score, radscore), 预测病灶和患者水平的治疗反应。此外, 根据多变量 logistic 分析结果设计并通过校准曲线、受试者工作特征曲线下面积和决策曲线分析在训练和验证队列中评估多参数模型。使用 Kaplan-Meier 曲线评估平均影像组学评分 (average radiomics score, avg-radscore) 的预后意义。

结果 ROC 曲线分析结果表明, AutoML 生成的 radscore 在病灶层面治疗后疗效预测中, 相较于代谢参数 (SUVmax、MTV 和 TLG), 在训练组 (AUC 分别为 0.791、0.542、0.667、0.651) 和验证组 (AUC 分别为 0.712、0.616、0.639、0.657) 均展现出更高的准确性。多因素 logistics 分析显示, NCCN-IPI (OR=5.427, 95% CI: 1.163-25.317)、BCL-2 (OR=3.714, 95% CI: 1.406-9.816)、TMTV (OR=4.324, 95% CI: 1.095-17.067) 和 avg-radscore (OR=3.176, 95% CI: 1.313-7.686) 是预测治疗结束后疗效的独立预测因子。NCCN-IPI、BCL-2、TMTV 和 avg-radscore 构成的多参数模型在预测治疗结束后疗效方面优于传统模型和临床-病理模型。此外, avg-radscore 能将患者的无进展生存期和总生存期显著分层 (P<0.05)。

结论 通过 AutoML 生成的 radscore 能预测老年 DLBCL 患者治疗的疗效反应和预后, 为临床决策提供潜在帮助。

PO-1279

睾丸弥漫大 B 细胞淋巴瘤一例报告

丘丹¹、卢育洪²

1. 广东省人民医院河源医院

2. 河源市深河人民医院 (暨南大学附属第五医院)

目的 患者, 男, 42 岁, 因“睾丸肿大 1 月余”于 2023 年 11 月 12 日入院。患者 1 月前无意间发现睾丸肿大, 约鸡蛋大小, 随后进行性增大, 伴轻微隐痛、纳差、进行性消瘦、远视双眼模糊, 未予重视。2023 年 11 月 5 日患者因痔疮便血于当地医院行全腹部 CT 平扫, 结果报告: 腹膜后、腹腔、盆腔多发淋巴结肿大, 淋巴瘤? 睾丸彩超提示睾丸炎、附睾炎、精索炎、双侧精索静脉曲张, 予抗感染等治疗后无好转, 遂至我院进一步诊治。起病后体重下降 3 公斤, 无发热及皮肤瘙痒等。

方法 生命体征稳定, 消瘦, 神志清晰, 自主体位, 轻度贫血貌, 无黄染、皮疹、出血点及瘀斑, 双侧颈部、锁骨上、腋窝、腹股沟可触及肿大淋巴结, 最大者位于左侧颈部, 约 2*2cm, 质韧, 活动度尚可, 与周围组织边界清, 无触痛; 腹部饱满, 触诊不满意, 移动性浊音可疑, 肝脾触未触及。阴囊肿大, 右侧大小约 7*6cm, 左侧大小约 6*5cm, 无破溃触痛, 透光试验阴性, 心肺未发现异常。

结果 予“R-CHOP 方案”, 已完成 2 程治疗后全身浅表淋巴结消失, 血清 LDH 正常, 未进行影像学

复查。

结论 原发睾丸淋巴瘤是临床上比较罕见的疾病，多见于 60 岁以上男性患者。睾丸淋巴瘤 3 年生存率为 16~50%，中位生存期为 12~24 个月，3 年生存率为 52%，3 年生存率为 48%。且晚期患者预后差，虽然大部分化疗有效，但多数患者会在两年内因为肿瘤复发而死亡，因此，早期准确诊断并及时诊治是关键。淋巴瘤是全身性疾病，睾丸弥漫大 B 细胞淋巴瘤多为中高度恶性，本病例为一中年男性患者，尽管患者在化疗过程中出现不良反应主要为不同程度的骨髓抑制、消化道反应，但经对症处理后症状缓解，予 R-CHOP 方案治疗成人睾丸弥漫大 B 细胞淋巴瘤效果良好，不良反应较轻，患者耐受性好，可作为成人睾丸弥漫大 B 细胞淋巴瘤的治疗方案之一。

PO-1280

Zanubrutinib in combination with R-CHOP (ZR-CHOP) for the treatment of newly diagnosed double-expressor lymphoma (DEL): A multicentre, prospective, single-arm, phase II clinical study

Xia Yin¹, Qiang He¹, Linna Xie¹, Hui Wang¹, Dan Liu¹, Chunyan Chen², Chuanli Zhao², Ningning Shan³, Shanshan Shi², Haichen Wei¹, Ji Ma¹, Ke Lu¹, Liang Wang⁴, Yan Wang⁵, Lijie Xing¹, Zengjun Li¹

1. Shandong Cancer Hospital and Institute, Shandong First Medical University and Shandong Academy of Medical Sciences

2. Qilu Hospital of Shandong University

3. Shandong Provincial Hospital Affiliated to Shandong First Medical University

4. Shengli Oilfield Central Hospital

5. Jining First People's Hospital

Objective Double-expressor lymphoma (DEL) is characterized by high-level co-expression of MYC ($\geq 40\%$) and BCL2 ($\geq 50\%$) proteins without chromosomal rearrangements or translocations. Patients with DEL typically have poorer clinical outcomes compared to the overall Diffuse Large B-cell Lymphoma (DLBCL) population, therefore requiring effective treatment methods.

Methods We conducted a multicenter, prospective, single-arm, phase II clinical study initiated by investigators to evaluate the efficacy and safety of combined zanubrutinib and R-CHOP, which include rituximab, cyclophosphamide, doxorubicin, vincristine, and prednisone, in patients with DEL, as well as to preliminarily explore factors related to efficacy. All patients received zanubrutinib (160 mg po bid) and standardized R-CHOP therapy for 8 cycles. Positron Emission Tomography-Computed Tomography (PET-CT) was used for efficacy assessment at cycles 4 and 8, and adverse events were evaluated according to Adverse Events v5.0 guidelines. Patients were followed up until March 29, 2024, after treatment completion.

Results From November 2020 to July 2022, we enrolled 48 newly diagnosed patients with DEL from five hospitals in Shandong Province, China, and excluded patients with double-hit or triple-hit lymphoma through Fluorescence in Situ Hybridization (FISH) testing. Upon completion of the 8-cycle treatment regimen, the objective response rate (ORR) was 89.58%, with a complete response rate (CRR) of 83.33%. The median follow-up duration was 29.30 months. Median progression-free survival (PFS) and overall survival (OS) were not reached. 2-year PFS and 2-year OS rates were 81.25% and 93.75%, respectively. Grade ≥ 3 AEs were reported in 47.91% of patients, including febrile neutropenia (6.25%), pulmonary infection (22.91%), neutropenia (37.50%), thrombocytopenia (8.30%), and anemia (8.30%). In addition, no patients discontinued medication due to adverse events. Multivariate analysis revealed that BCL-6 gene rearrangement positivity is adverse prognostic factor for both PFS (HR=0.247 95%CI:0.068-0.9 P=0.034) and OS (HR=0.057 95%CI:0.006-0.591 P=0.016), while the number of extranodal involvements also significantly influenced OS (HR=15.12 95%CI:1.07-213.65 P=0.044).

Conclusion Zanubrutinib in combination with R-CHOP may be an effective option for DEL patients and zanubrutinib has good safety, including for patients aged ≥ 60 years. The number of

extranodal involvements and BCL-6 rearrangement positivity may be an adverse prognostic factor for DEL with ZR-CHOP.

PO-1281

红细胞分布宽度/血小板计数对新诊断结外受累弥漫大 B 细胞淋巴瘤预后的影响

刘晓博、刘影、李威亚、白炎亮
河南省人民医院

目的 探讨红细胞分布宽度/血小板计数（RPR）水平与新诊断结外受累弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）患者临床特征和预后的关系。

方法 我们回顾性地分析了新诊断结外受累的 DLBCL 患者 108 例，并以中位数为临界值，将结外受累的 DLBCL 患者分为低 RPR 组和高 RPR 组，应用卡方检验分析两组患者间临床特征的相关性；采用 Kaplan-Meier 法对高 RPR 组和低 RPR 组患者进行生存及预后分析；采用 Cox 比例风险模型进行单因素、多因素分析各指标与 DLBCL 患者预后的关系。

结果 以中位数为临界值，将结外受累的 DLBCL 患者分为低 RPR 组（ $RPR < 0.0554$ ）和高 RPR 组（ $RPR \geq 0.0554$ ）。高 RPR 组患者年龄较大、Ann Arbor 分期较晚、易骨髓侵犯、NCCN-IPI 评分较高、非生发中心较多（ $p < 0.05$ ）。此外，生存分析显示，高 RPR 组的无进展生存期（PFS）（ $p = 0.020$ ）和总生存期（OS）（ $p = 0.001$ ）较 低 RPR 组明显缩短。另外对于中高及高危组患者，高 RPR 组的 PFS 及 OS 显著低于低 RPR 组（ $p < 0.05$ ）。多因素 Cox 分析显示 $RPR \geq 0.0554$ 、LDH 升高是影响新诊断结外受累 DLBCL 患者 OS（ $p < 0.05$ ）的独立危险因素。

结论 新诊断结外受累 DLBCL 患者高 RPR 水平提示预后不良，是影响预后的独立危险因素。并且可以更进一步细化 NCCN-IPI 危险度分层，识别高危患者。

PO-1282

基于 WGCNA 和机器学习分析弥漫大 B 淋巴瘤双硫死亡相关基因及初步验证

何田田
山西医科大学

目的 通过机器学习等生物信息学方法探索双硫死亡相关基因在弥漫大 B 淋巴瘤（diffuse large B-cell lymphoma ,DLBCL）中的表达以及作用机制，并筛选出对 DLBCL 双硫死亡相关基因起调控作用的中药。

方法 从 GEO 数据库中下载 DLBCL 数据集 GSE117556 和 GSE159472 并提取具有差异表达的双硫死亡相关基因 DEGs（differentially expressed disulfidptosis-related genes,DEDRGs），分析 DEDRGs 在 DLBCL 不同亚型之间的免疫浸润和生物学功能。基于 DEDRGs 在 DLBCL 中表达量的不同进行一致性聚类分析和加权基因共表达网络分析（weighted gene co-expression network analysis, WGCNA）来识别疾病核心基因。同时构建机器学习模型筛选 DLBCL 特征基因并验证其对 DLBCL 患病风险的预测能力。最后通过 Coremine Medical 数据库进行中药预测并通过 SymMap v2 数据库进行分析。

结果 基于以上分析共获得 12 个具有显著性差异的 DEDRGs，一致性聚类分析将 DLBCL 分为 2 个亚型，分型 WGCNA 分析共获得 10 个核心基因。4 种机器模型中支持向量机模型（Support vector

machine, SVM) 的预测性能最好, 共得到 10 个 DLBCL 特征基因, 将上述所得核心基因与 DLBCL 特征基因取交集得到包括 COL5A1、POSTN、THBS2 在内的 3 个基因, 并通过第二代高通量测序验证了基因的表达。Coremine Medical 数据库预测出 6 味中药 (海参、桑叶、麝香、茶树根、龙葵、黄芪)。

结论 双硫死亡在 DLBCL 的发展及诊断中起到重要作用。桑叶、龙葵、黄芪、麝香可为 DLBCL 的临床治疗提供参考依据。

PO-1283

水蛭素调控巨噬血细胞极化状态对弥漫大 B 细胞淋巴瘤细胞生物特性的影响

裴强^{1,2}、李自回^{1,2}、胡芑^{1,2}、杨同华^{1,2}

1. 云南省第一人民医院
2. 昆明理工大学附属医院

目的 证实弥漫大 B 细胞淋巴瘤对巨噬血细胞极化状态的影响, 探索水蛭素通过调控巨噬细胞极化状态进而改变淋巴瘤细胞生物特性的可能性及机制

方法 培养弥漫大 B 细胞淋巴瘤 OCI-LY3 细胞株及 THP 细胞株, 建立共培养体系, 将 THP 诱导为 M0 巨噬细胞后, 通过 ELISA 及 qPCR 检测培养体系中细胞因子 (IL-6、TNF α 、IL-1 β 、IL-10、TGF- β 、Arg) 的水平及 mRNA 变化判断 M0 向 M1 或 M2 发生极化; 加入不同剂量重组水蛭素后, 判断其对 M0 极化的影响, 通过 MTT 法及 Transwell 侵袭实验探索其对 OCI-Ly3 细胞增殖、侵袭特性的干预。

结果 1. OCI-LY3 细胞与巨噬细胞共培养后, 培养液中 IL-6、TNF α 、IL-1 β 分子及 mRNA 水平明显下降 ($p < 0.05$), IL-10、TGF- β 、Arg 的水平较单纯巨噬细胞培养液明显升高 ($p < 0.05$)。

2. 在无诱导条件下, 加入 100ug/ml 的重组水蛭素后, 巨噬细胞培养液中 IL-6、TNF α 、IL-1 β 分子及 mRNA 的水平明显升高 ($p < 0.05$), 而 IL-10、TGF- β 、Arg 的水平及 mRNA 则明显下降 ($p < 0.05$)。

3. IL-4 诱导 M0 细胞向 M2 极化后, 培养液中 IL-6、TNF α 、IL-1 β 分子及 mRNA 明显下降 ($p < 0.05$), 而 IL-10、TGF- β 、Arg 则明显上升 ($p < 0.05$), 随着加入重组水蛭素的剂量提高, 培养液中 IL-6、TNF α 、IL-1 β 分子水平逐渐上升 ($p < 0.05$), 而 IL-10、TGF- β 、Arg 则逐渐下降 ($p < 0.05$)。

4. OCI-LY3 细胞与巨噬细胞共培养体系中加入不同浓度重组水蛭素后, OCI-LY3 的增殖、侵袭迁移明显降低。

结论 弥漫大 B 细胞淋巴瘤可以诱导巨噬细胞向 M2 极化, 重组水蛭素可以抑制 M0 巨噬细胞向 M2 巨噬细胞转化, 并有诱导 M0 巨噬细胞向 M1 极化的倾向, 进而降低肿瘤细胞的增殖与侵袭活性

PO-1284

低蛋白血症在淋巴瘤或白血病患者使用大剂量甲氨蝶呤排除时间延长中的影响

史丽君
成都市第五人民医院

目的 探讨低蛋白血症在淋巴瘤或白血病患者使用大剂量甲氨蝶呤清除中的影响。

方法 回顾性分析 167 名白血病或淋巴瘤患者的临床资料，按照血清白蛋白水平分为正常血清白蛋白组（n=135）和低蛋白血症组（n=32），通过比较两组患者 MTX 清除时间和毒副作用来评估血清白蛋白与 MTX 药代动力学之间的关系。

结果 低蛋白血症组患者更容易合并有水肿、腹水或浆膜腔积液（34VS12%，P=0.006），以及伴有相关肾毒性药物（41VS20%，P=0.021）。低蛋白血症与 MTX 清除时间延长显著相关（中位数 96h VS 72h，P=0.004）。此外，低蛋白血症组的患者更容易出现胆红素升高和住院时间的延长（中位数 14VS5 天，P<0.001）。

结论 低蛋白血症与 MTX 清除的时间延长和患者住院时间增加有关。但对于合并有低蛋白水平的患者，如果给予适当的亚叶酸钙解救和有利的支持治疗，使用大剂量 MTX 仍是安全的。

PO-1285

Molecular heterogeneity of BCL2/MYC double expressor lymphoma underlies sensitivity to histone deacetylase inhibitor

Ziyang Shi, Ying Fang, Pengpeng Xu, Hongmei Yi, Jianfeng Li, Yan Dong, Yue Zhu, Mengke Liu, Di Fu, Qing Shi, Rong Shen, Huijuan Zhong, Chaofu Wang, Shu Cheng, Feng Liu, Li Wang, Weili Zhao
Shanghai Ruijin Hospital

Objective Double expressor lymphoma (DEL) overexpressing BCL2 and MYC protein represent a high-risk phenotype of diffuse large B-cell lymphoma. The molecular heterogeneity and potential therapeutic implications of DEL need further investigation. The aim of this study was to identify molecular subtypes of DEL with distinct biological feature and potential therapeutic implications.

Methods Unsupervised clustering was performed on tumor samples from 157 patients with DEL. Genomic, transcriptomic, and tumor microenvironmental analyses were integrated, as compared to 160 patients double negative for BCL2 and MYC protein. Preclinical models including cell lines and patient-derived xenograft models were established to investigate the effect of histone deacetylase inhibitor tucidinostat combined with doxorubicin on each subtype. RNA sequencing and Assay for Transposase Accessible Chromatin sequencing were performed.

Results Three distinct subtypes of DEL were identified, namely, cluster 1 (C1, n=48), cluster 2 (C2, n=63), and cluster 3 (C3, n=46), sharing recurrent high-frequency mutations of PIM1 and MYD88, and upregulation of NF-kappa B pathway. C1 was characterized by KMT2D mutations, upregulation of T-cell receptor pathway, and increased infiltration of exhausted CD8⁺ T-cells and M2 macrophages within the tumor microenvironment. Both C2 and C3 were characterized by CD79B mutations and upregulation of B-cell receptor (BCR) pathway, but differed in oncogenic transcriptional factors, with REL family in C2 and POU family in C3. Dual treatment of tucidinostat and doxorubicin targeted the immune cell dysfunction in C1, and the closure of chromatin and downregulation of target genes involved in BCR signaling pathway in C2 and C3.

Conclusion In conclusion, we identified three molecular subtypes of DEL, unveiled distinct genetic, transcriptional, and microenvironmental properties, and highlighted epigenetic therapeutic approaches for targeting histone acetylation in DEL.

PO-1286

中性粒细胞对 CAR-T 细胞体内扩增和 CRS 的评估和预测能力

张曼
武汉市第一医院

目的 嵌合抗原受体 (chimeric antigen receptor, CAR)-T 细胞疗法是治疗复发难治性 B 细胞恶性肿瘤的一种先进且有效的免疫疗法, 疗效的监测和不良反应的管理对其提高患者总生存期和保证治疗安全性至关重要。本研究试图采用一种新型的、实用的生物标志物来评估和预测 CAR-T 细胞的体内扩增和细胞因子释放综合征 (cytokine release syndrome, CRS) 的发生, 从而最大限度地提高临床疗效和减少治疗毒性, 延长患者生存期。

方法 研究纳入了 45 例复发难治的 B 细胞恶性肿瘤患者, 根据 CAR-T 回输后外周血中性粒细胞绝对计数 (absolute neutrophil count, ANC) 将所有患者分为中性粒细胞缺乏组和非中性粒细胞缺乏组后, 对 CAR-T 拷贝数和 CRS 等级进行组间的差异性分析, 并对 ANC 对 CAR-T 扩增和 CRS 严重程度的预测能力进行可行性分析。同时连续监测所有患者 CAR-T 回输后 14 天内外周血中 48 种细胞因子的血清浓度。

结果 结果显示, 中性粒细胞缺乏组患者的外周血 CAR-T 扩增 (衡量指标 Cmax 和 AUC0-28) 显著高于非缺乏组, 同时中性粒细胞缺乏与 CRS 等级呈正相关, 在对患者 CAR-T 回输 14 天内血清细胞因子浓度进行分析发现, 多种与 CRS 相关的细胞因子血清峰值浓度在中性粒细胞缺乏组患者中显著升高。并且根据 ROC 曲线分析结果提示 ANC 对 CAR-T 扩增速率及 CRS 具有一定的预测能力。

结论 研究提出了一个在治疗期间评估和预测 CAR-T 细胞扩增与 CRS 的新型标志物, 并强调了其临床潜力, 为临床治疗提供了一个新思路。

PO-1287

The importance of hepatic involvement for the diagnosis and treatment of hemophagocytic lymphohistiocytosis (HLH) associated with NK/T cell lymphoma: a single center retrospective study

Yehua Yu, Haifang Hang, Yuyang Pang, Wei Lu, Jiajia Liu, Hui Zhou, Jun Shi
Shanghai Ninth People's Hospital, Shanghai Jiao-Tong University School of Medicine, Shanghai

Objective Hemophagocytic lymphohistiocytosis (HLH) is a highly life-threatening syndrome in natural killer/T cell lymphoma (NK/T), usually complicated by uncontrolled organ injury. Hepatic involvement is a common clinical manifestation of HLH. However, its diagnostic criteria and prognosis significance in HLH associated with NK/T (NK/T-HLH) are unclear.

Methods We retrospectively compared the clinical records and laboratory parameters of 15 NK/T-HLH patients with 27 NK/T patients without HLH (NK/T-NHLH).

Results NK/T-HLH patients were more likely to have elevated GGT, ALT, AST, DBIL, and IBIL, they all can effectively discriminate patients with HLH or not, with an AUC of >0.7. Combined of AST, GGT, and DBIL, which we term the GSD index, resulted in an improved diagnostic prediction (AUC 0.9, sensitivity, 82%; specificity, 81%) and mortality predictive (AUC 0.83, sensitivity, 67%; specificity, 85%). Levels of GGT, AST, and DBIL were strongly correlated not only with LDH but also with cytokines, especially IFN- γ . Finally, we report two successful cases of NK/T-HLH patients with severe hepatic failure using a combination treatment of

chemotherapy and emapalumab, a fully human anti-IFN- γ monoclonal antibody approved for treatment of patients with primary HLH.

Conclusion Altogether, these results suggest that hepatic involvement has critical clinical significance in diagnosing and predicting poor prognosis for NK/T -HLH. Emapalumab combined with chemotherapy might be an effective treatment for NK/T-HLH with severe hepatic impairment.

PO-1288

淋巴瘤患者应用泽贝妥单抗出现不良反应的预防和护理效果观察

彭美玲

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 观察淋巴瘤患者应用泽贝妥单抗出现不良反应的预防和护理效果。

方法 选取我病区 2023 年 12 月~2024 年 5 月收治的淋巴瘤患者 60 例作为研究对象,按照计算机随机分配方法分为对照组与观察组各 30 例,对照组给予常规护理,观察组给予预防性护理。分析比较两组患者的不良反应发生率(发热、寒战、胸闷、血氧饱和度下降等)、焦虑抑郁情绪。

结果 观察组患者不良反应发生率(发热、寒战、胸闷、血氧饱和度下降等)比对照组低,SAS 评分及 SDS 评分比对照组低,差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 淋巴瘤患者应用泽贝妥单抗治疗过程中,给予患者预防性护理,能减少不良反应的发生,缓解患者不良情绪,效果较好,值得借鉴。

PO-1289

泊马度胺为基础的新联合方案治疗 PCNSL 的临床研究

陈菲菲、杨力

南通大学附属医院

目的 研究对比分析以泊马度胺为基础的新联合方案治疗及传统方案治疗的原发性中枢神经系统淋巴瘤患者治疗后的效果、安全性及预后,探索原发性中枢神经系统淋巴瘤新的治疗方案。

方法 收集 2021 年 9 月-2024 年 1 月于本院就诊的经影像学和组织病理诊断为 PCNSL 的患者为研究对象,分别以 POM 为基础的新联合方案治疗的 PCNSL 患者为 POM 组共 19 例;以传统方案治疗的 PCNSL 患者为非 POM 组共 34 例。收集比较两组患者的一般基线数据,分析评估两组患者的近期疗效和远期疗效,并绘制 Kaplan-Meier 生存曲线。采用 IPCG 疗效评估标准定义有效性,计算治疗前后的 ORR、DCR,由此比较两组间的疗效并随访不良反应比较两组间安全性。

将入组的 19 例 POM 组患者进一步分为两组:治疗有效组(CR+PR)13 例,其中 2 例缺乏足够的淋巴细胞亚群临床数据,治疗无效组(SD+PD)6 例,比较 POM 组内获得不同疗效患者的基线数据,通过分析患者治疗前后淋巴细胞亚群计数,分析比较 POM 组患者治疗期间淋巴细胞亚群的变化情况,比较两组患者的差异。

结果 1.组间比较: POM 组与非 POM 组组间的年龄、性别、病理类型等均无统计学差异($P>0.05$)。POM 组和非 POM 组的 ORR 分别为 68.42%和 38.24%,差异有统计学意义($P<0.05$); DCR 分别为 94.74%和 88.24%,差异无统计学意义($P>0.05$)。POM 组中位 PFS 为 9.58 月长于非 POM 组 6.74 月,且差异有统计学意义($P<0.05$); POM 组中位 OS 为 9.74 月,长于非 POM 组 9.47 月,差异无统计学意义($P>0.05$)。在随访过程中, POM 组不良反应的发生率要略低于非 POM 组,但差异均无统计学意义($P>0.05$)。

2.组内比较:将入组的 19 名 POM 组患者进一步分为两组,通过对比 POM 组基线数据,结果显示疗效与 IELSG 评分相关,差异有统计学意义($P<0.05$);而与患者年龄、性别、是否行手术、脑

脊液蛋白水平、乳酸脱氢酶水平、KPS 及 ECOG 评分无关，差异均无统计学意义 ($P>0.05$)。CR+PR 组中，治疗后 CD3+、CD4+、CD8+细胞的水平明显高于治疗前，且差值具有统计学意义 ($P<0.05$)，治疗后 CD19+、NK 细胞水平均比基线水平减少，但差异无统计学意义 ($P>0.05$)。而在 SD+PD 组中，治疗后 CD3+、CD8+、NK 细胞数均较基线增多，但差异均无统计学意义 ($P>0.05$)，治疗后 CD19+、NK 细胞数较前下降，其中 CD19+差异有统计学意义 ($P<0.05$)，NK 细胞数差异无统计学意义 ($P>0.05$)。

结论 研究发现对于治疗 PCNSL,相对于传统治疗方案，以泊马度胺为基础的新联合方案治疗对短期疾病控制效果更佳，且不良反应发生率无明显增加，安全性可控。淋巴细胞亚群可能对评估原发性中枢神经系统淋巴瘤患者的临床疗效具有一定的指导意义。

PO-1290

潜在类别分析衍生的分类改善了淋巴瘤的癌症 特异性死亡分层：一项大型回顾性队列研究

梁晓杰¹、吴煜哲²、卢伟祥¹、李彤²、刘丹³、林炳昱⁴、周昕雨⁵、金志灏⁵、骆栢维⁴、刘洋²、田晟宇¹、王亮¹

1. 首都医科大学附属北京同仁医院血液科

2. 南方医科大学口腔医学院

3. 南方医科大学顺德医院

4. 南方医科大学南方医院血液科

5. 广东医科大学

目的 淋巴瘤患者因易于受到非淋巴瘤相关死亡的影响，生存率估算存在困难。本研究旨在开发一种新的淋巴瘤分类系统，利用潜在类别分析 (LCA) 结合人口统计学和临床病理学因素，以提高生存估算的准确性。

方法 研究基于 SEER 数据库中 221,812 名原发性淋巴瘤患者的数据，运用 LCA 识别出不同的亚组 (LCACs)。用累积发病率函数 (CIF) 和 Aalen-Johansen 方法计算并比较校正竞争风险后的死亡风险，并在外部队列中验证 LCA 模型。

结果 研究结果显示在随访期间 121,493 名患者死亡，其中 50.79%的死亡归因于非淋巴瘤原因。LCA 模型根据贝叶斯信息准则 (BIC) 和样本大小调整的 BIC (SABIC) 选择了四类解决方案，并通过熵值确认了类别的良好分离。LCA 衍生分类有效地根据淋巴瘤特异性和非淋巴瘤相关死亡对患者进行了分层。与使用指标变量单独相比，LCA 衍生分类在淋巴瘤患者中展现了显著的预后差异。此外，LCA 衍生分类与特定原因生存率相关。

结论 LCA 衍生分类模型对淋巴瘤患者进行分类，调整非淋巴瘤相关死亡对预后预测的偏差，并有助于新靶向治疗策略的开发，增强分子亚型的临床应用性。本研究提供了一种新的方法，用于在死亡原因信息不足时调整预后预测中的竞争事件偏差。

PO-1291

原发性骨淋巴瘤患者的流行病学和生存率： 一项大型回顾性队列研究

梁晓杰¹、李彤²、吴煜哲²、卢伟祥¹、林超然³、刘洋²、王亮¹

1. 首都医科大学附属北京同仁医院血液科

2. 南方医科大学口腔医学院

3. 广东医科大学

目的 原发性骨淋巴瘤（PLB）是一种罕见的结外淋巴瘤，其流行病学和预后因素存在争议。本研究利用 SEER 数据库，对 1,222 例 PLB 进行回顾性分析，旨在调查其流行病学特征和预后因素。

方法 回顾性分析 40 年来共 1,222 例 PLB 患者的发病率趋势，评估影响总生存期（OS）和疾病特异性生存期（DSS）的预后因素。进一步集成了 99 种机器学习算法，筛选出最优的模型预测 PLB 的预后，并在训练集和验证集进行多维度评估预后模型的性能。

结果 PLB 的发病率在 1992 年达到峰值，之后总体呈下降趋势。大多数患者年龄在 60-80 岁之间（43.8%），男性（57.4%），已婚（75.2%）。白人占 88.9%，黑人占 6.0%，其他种族占 5.2%。多数患者为 Ann Arbor 分期 I 和 II（64.9%），非霍奇金淋巴瘤（83.3%），肿瘤主要位于躯干骨骼（49.7%）。生存分析显示，年龄、分期、侧位、化疗和原发部位是影响 OS 和 DSS 的重要预后因素。在 99 种机器学习模型中，随机生存森林（RSF）模型显示出最高的预测准确性。根据 RSF 模型评分的统一 cutoff 值，训练集和验证集的患者被有效地分为低、高风险组。与低风险组相比，高风险组的预后较差（3 年 OS: 55.5% vs. 90.8%; 5 年 OS: 46.0% vs. 89.8%; 3 年 DSS: 64.8% vs. 92.3%; 5 年 DSS: 58.3% vs. 92.0%）。ROC 曲线、校准曲线和决策曲线进一步证实我们的模型优越性和鲁棒性。

结论 研究揭示了 PLB 在过去 40 年间的发病率变化，识别了关键的预后因素。我们的预后模型为临床医生提供了有力的工具，可早期识别预后并改进临床结局，修正管理策略和改善患者护理，为 PLB 患者定制个性化的治疗方案，从而改善患者的生存率和生活质量。

PO-1292

淋巴瘤患者全程管理信息化平台的构建与应用

徐禄香

重庆大学附属肿瘤医院

目的 构建淋巴瘤患者全程管理信息化平台并探讨其应用效果。

方法 选取 2023 年 6 月至 8 月重庆市某三甲医院血液肿瘤科收治的 156 例淋巴瘤患者，随机分为对照组和观察组各 78 例，对照组患者给予常规护理干预，观察组患者在常规护理基础上使用淋巴瘤患者全程管理信息化平台进行管理。该平台包括医护、患者、管理员 3 个端口，入出院、诊疗、护理、随访 4 个模块，计划、提醒、预约、预警、评估、线上答疑、健康宣教、分组管理、数据管理和信息管理 10 个功能。采用淋巴瘤患者生命质量测定量表比较两组患者生命质量，比较两组患者规范治疗完成率、随访率、满意度。

结果 观察组患者生命质量测定量表评分高于对照组（ $P < 0.05$ ），观察组规范治疗完成率、随访率、满意度均高于对照组。

结论 应用淋巴瘤患者全程管理信息化平台能有效提高患者生命质量，提高患者规范治疗完成率、随访率和满意度。

PO-1293

以嗜血细胞综合征起病的弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 1 例病例报道

林海燕、鲍颖

湖北医药学院第 4 临床学院（襄阳市第一人民医院）

目的 提高嗜血细胞综合征（HLH）的认识，以及淋巴瘤相关嗜血细胞综合征的诊断及治疗的认识
方法 回顾性分析 2023 年 12 月湖北医药学院第 4 临床学院收治 1 例以“高热，肝脾、淋巴结肿大及血细胞减少”为特征的患者，诊断为嗜血细胞综合征（HLH），最终确诊为弥漫性大 B 细胞淋巴瘤引起的 HLH，分析临床资料及诊疗过程，并复习相关文献

结果 患者，男性，35 岁，反复高热超过 10 天为主要临床表现，伴肝脾、多发淋巴结肿大，经验性抗感染治疗及对症处理无效，结合临床指标“血小板 $56 \times 10^9/L$, HB 68g/L，骨髓中有嗜血现象，铁蛋白 821.4ng/ml，sCD25 > 5125U/mL”，诊断“HLH”，予以经典 94-HLH 方案化疗，治疗过程中完善淋巴结穿刺活检，病因明确为弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL），过渡化疗方案为针对 DLBCL 的方案，予以 4 周期 R-CHOEP 化疗，中期评估进展，后续调整治疗为 2 周期 BTKi+R-DHAP 方案化疗，6 疗程治疗后评估进展，调整至 Pola+BR 方案治疗，目前在化疗治疗中。

结论 发热，伴肝脾淋巴结肿大，血细胞减少，应注意排查 HLH，该病死亡率高、进展快，明确诊断后应积极寻找病因，以免延误治疗时机

PO-1294

LymphGen 分型在二代测序技术中对 DLBCL 诊断分层的应用初探

王萍萍、孙小娇、徐海霞、孙黎、马浩然、柯蒙蒙

武汉康圣达医学检验中心

目的 Staudt 团队通过外显子组测序、转录组测序、芯片分析和目标区域测序技术对 DLBCL 分型从 COO 分型进一步细化为七分类（LymphGen 分型），然而在常规临床实践中，常需要对那些可立即进行临床治疗的起关键作用的有限基因集进行检测。本实验室通过对既往诊断为 DLBCL 的样本，采用实验室 MicroLym-B 细胞淋巴瘤基因突变检测(NGS)进行 LymphGen 分型，以探讨 LymphGen 分型在靶向 panel 中对 DLBCL 精准分层的应用价值。

方法 选取 2021 年 10 月到 2023 年 12 月在武汉康圣达医学检验所有限公司送检的 300 例 MicroLym-B 细胞淋巴瘤基因突变 panel(NGS)结果进行回溯性分析。该 panel 包含 NCI DLBCL 队列的已发表数据中的关键基因和相关融合基因 MYC/BCL2/BCL6（panel 暂未纳入 TP53 缺失）。所有检测结果根据 LymphGen 进行分层分析，探讨 LymphGen 分型模型在实验室的应用可行性。

结果 300 例 B 细胞淋巴瘤样本 191 例可以分型，分型率为 63.7%(NCI:63.1%)。MCD 亚型 49 例，占比 15.3%(NCI:13.9%)；BN2 亚型 47 例，占比 15.7%(NCI:16.1%)；EZB 亚型 29 例，占比 9.6%(NCI:13.2%)；A53 亚型 23 例，占比 6.6%(NCI:7.6%)；N1 亚型 8 例，占比 2.7%(NCI:2.8%)；ST2 亚型 33 例，占比 11.3%(NCI:4.7%)；复杂型别 7 例，占比 2.6%(NCI:5.7%)。除了 ST2 亚型，其他型别基于靶向 panel 的分型与 NCI 分型的结果均较为接近。进一步查询中国人群中分型相关报道。有文献指出，对 155 例初诊 DLBCL 患者进行分型，ST2 型 20 例(12.9%)。ST2 亚型的分型差异可能是人群的差异造成的。

结论 对包含 DLBCL 分型关键基因型的 NGS 靶向 panel 检测结果进行 LymphGen 分型，在 DLBCL 精准分层显现出了较好的应用前景。

PO-1295

弥漫性大 B 细胞淋巴瘤治疗过程中出现第二原发结肠腺癌 1 例

林海燕、鲍颖
襄阳市第一人民医院

目的 认识淋巴瘤出现重复癌的特点，为临床上诊断及治疗重复癌提供参考意见，减少漏诊及误诊机率

方法 回顾性分析湖北医药学院第 4 临床学院在 2020 年 5 月诊断的 1 例弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）治疗过程中出现第二原发肿瘤的临床资料、诊治经过，并且复习相关文献

结果 患者，男性，60 岁，在该例 DLBCL 诊断明确予以 4 个疗程标准 R-CHOP 方案治疗后，进行中期评估，提示横结肠新发第二肿瘤，即重复癌，而后继续 2 疗程规范化治疗结束后，立即前往外科行结肠手术及消化道肿瘤化疗治疗，目前患者随访 4 年，仍然处于淋巴瘤及结肠腺癌双重肿瘤治疗后完全缓解状态

结论 本文报道 1 例弥漫性大 B 细胞淋巴瘤治疗 4 个疗程后出现原发结肠腺癌的病例。基于大多数临床医生受到固有思维及“一元论”影响，临床上往往把所有临床表现用一种疾病来解释，本文章主要报道一例在治疗过程中发生重复癌的患者，此病例旨在提高临床医生对重复癌的认识及关注度，减少漏诊及误诊

PO-1296

散发性成人伯基特淋巴瘤的临床特征及预后分析

董长明、邹鹤松、刘薇、张卓新、谢婷、邱录贵、邹德慧
中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 探讨散发性成人伯基特淋巴瘤（Burkitt lymphoma, BL）的临床特征、治疗效果与预后因素。

方法 回顾性分析 2011 年 6 月至 2022 年 6 月在中国医学科学院血液病医院诊治的 28 例初诊 BL 患者的临床和生存资料。

结果 28 例患者的中位年龄为 43（24~58）岁，男女比例为 1.8:1。85.7%患者 Ann Arbor 分期为 III~IV 期，82.1%伴有结外侵犯，57.1%伴骨髓侵犯，42.9%为白血病期，14.2%伴中枢侵犯。BL-IPI 评分为低危、中危和高危的患者比例分别为 10.7%、35.7%和 53.6%。所有患者均采用利妥昔单抗联合高强度化疗作为诱导治疗方案，诱导治疗后的客观缓解（objective response,OR）率和完全缓解（complete response,CR）率分别为 82.1%和 71.4%。中位随访时间为 53(5~153)个月，5 年的无进展生存（progression-free survival,PFS）率和总体生存（overall survival,OS）率分别为 67.9%和 74.7%。诱导治疗后 20 例获得首次完全缓解（first complete response,CR1）的患者与 8 例未达 CR1 的患者的 5 年 PFS 率与 OS 率分别为（90.0% vs 12.5%, P<0.0001）、（95.0% vs 25.0%,P<0.0001）。诱导治疗后 23 例患者获得 CR/PR，其中 10 例患者序贯自体造血干细胞移植（autologous hematopoietic stem cell transplantation, ASCT），与 13 例继续原诱导治疗方案治疗的患者相比，其 5 年 PFS 率（90.0% vs 76.9%, P=0.4655）和 OS 率（90.0% vs 84.6%,P=0.6517）无显著差异。单因素分析显示，结外侵犯部位≥2 个和诱导治疗未达 CR1 与较短的 OS 和 PFS 相关。

结论 成人 BL 具有高度侵袭性，一线利妥昔单抗联合高强度化疗具有良好的疗效；诱导治疗后达到 CR1 的患者有更好的长期生存；结外侵犯部位≥2 个和诱导治疗未达 CR1 是成人 BL 患者的预后不良因素。

PO-1297

四种自身免疫性疾病对六种淋巴瘤亚型的影响： 一项双样本孟德尔随机研究

卢伟祥¹、梁晓杰¹、林炳显²、王亮¹

1. 首都医科大学附属北京同仁医院血液科

2. 广东医科大学

目的 本研究目的是使用两样本孟德尔随机化分析方法，来探索常见的 4 种自身免疫性疾病与 6 种不同类型淋巴瘤之间的潜在遗传因果关系。

方法 我们利用来自 FinnGen 数据库的四种自身免疫疾病（系统性红斑狼疮、类风湿关节炎、干燥综合征和银屑病）和六种不同类型淋巴瘤（弥漫大 B 细胞淋巴瘤、非霍奇金淋巴瘤、滤泡淋巴瘤、霍奇金淋巴瘤、未特指的非霍奇金淋巴瘤、成熟 T/N K 细胞淋巴瘤）的全基因组关联研究数据进行分析，主要分析方法为随机效应逆方差加权方法，并进行了一系列敏感性分析。

结果 研究发现，系统性红斑狼疮和干燥综合征与弥漫大 B 细胞淋巴瘤和未特指的非霍奇金淋巴瘤之间存在正向的遗传相关性。结果显示，系统性红斑狼疮患者发生弥漫大 B 细胞淋巴瘤的风险增加 27%，对于未指明类型的 NHL，SLE 与其发生风险显著相关。另外，分析证实干燥综合征与弥漫大 B 细胞淋巴瘤及未特指的非霍奇金淋巴瘤之间存在因果关系。

结论 系统性红斑狼疮和干燥综合征可能是特定的淋巴瘤亚型的一个易感因素，提示系统性红斑狼疮或干燥综合征的患者应对警惕潜在的淋巴瘤风险。同时，淋巴瘤患者也应意识到与系统性红斑狼疮和干燥综合征相关的潜在风险。

PO-1298

肾脏累及的弥漫性大 B 细胞淋巴瘤患者的临床病理特征、 基因突变谱与预后分析

王博恩、许彭鹏

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 探究肾脏累及的弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）患者的临床与病理特征、基因突变谱与预后相关因素

方法 回顾性分析 2005 年 7 月至 2021 年 11 月上海交通大学医学院附属瑞金医院收治的 149 例 DLBCL 肾脏累及的患者的临床病理资料，采用靶向测序（55 个淋巴瘤相关基因）评估患者的基因突变情况，并进行生存和预后因素分析。

结果 149 例 DLBCL 肾脏累及患者中 87 例患者（58.3%）年龄大于 60 岁、121 例患者（81.2%）Ann Arbor 分期 III-IV 期、27 例患者（18.1%）美国东部肿瘤协作组（ECOG）评分大于等于 2 分、121 例患者（81.2%）血清乳酸脱氢酶（LDH）大于正常值上限，111 例患者（74.5%）至少存在 2 个及以上淋巴结外器官受累，131 例患者（87.9%）国际预后指数大于等于 2 分，所有患者 5 年总生存率和 5 年无进展生存率分别为 52.2%和 50.4%。单因素分析显示：血清 LDH 升高是肾脏累及 DLBCL 患者总体生存（ $P=0.048$ ）和无进展生存（ $P=0.033$ ）的不良预后因素；75 例肾脏累及的 DLBCL 患者的靶向测序显示 PIM1（ $n=23$, 31%）、MYD88（ $n=22$, 29%）、CD79B（ $n=21$, 28%）和 KMT2D（ $n=18$, 24%）存在高频突变，其中 CD79B 突变与较差的总体生存相关（ $P=0.034$ ）

结论 肾脏累及的 DLBCL 患者临床特征中血清 LDH 升高与不良预后有关；基因突变谱中 CD79B 突变与不良预后有关。

PO-1299

Survival Comparison of Relmacabtagene Autoleucel vs usual care in Relapsed/Refractory Follicular Lymphoma: A Matching-Adjusted Indirect Analysis

Cong Sun, Xianhuo Wang, Huilai Zhang
天津市河西区天津医科大学肿瘤医院

Objective In the open, single-arm, multi-center, pivotal RELIANCE study (NCT04089215), relmacabtagene autoleucel (relma-cel, a novel CD19-targeted CAR-T cell therapy) demonstrated high response rates in relapsed/refractory (r/r) follicular lymphoma (FL) patients. In addition to investigate the advantages of relma-cel in r/r FL, we compared the outcomes of relma-cel from RELIANCE to usual care from a real-world study (RWS) in China.

Methods Usual care data was obtained from a real-world study (RWS) in China, including 926 FL patients at Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital (TMUCIH) between March 2002 and August 2020. To make patients baseline characteristics comparable to those in RELIANCE, the eligibility criteria were set as follows. Inclusion criteria: 1) patients diagnosed with FL grade 1-3a; 2) patients received at least 2 prior lines of systemic therapy (LoT) which included at least anthracyclines and rituximab (or other CD20-targeted therapies); 3) Eastern Cooperative Oncology Group (ECOG) 0 or 1; 4) initial treatment in TMUCIH; 5) absolute neutrophil count $\geq 1,000/\mu\text{L}$, platelet count $\geq 75,000/\mu\text{L}$, and absolute lymphocyte count $\geq 100/\mu\text{L}$. Exclusion criteria: 1) age < 18 ; 2) previously treated with CAR-T or other gene modified T cells; 3) incomplete medical records; 4) transformed FL; 5) patients with HBsAg positive, HBcAb positive or HCV infected. Clinical characteristics and survival differences were compared after propensity score matching. Published SCHOLAR-5 data were used as an external control.

Results An indirect treatment comparison was performed for 27 patients from RELIANCE and 53 patients from the RWS in China. After propensity score matching, disease status (FLIPI2 score, histological grade, relapsed status, POD24) of patients in the relma-cel group appeared to be more severe.

The median follow-up time was 11.7 months (95% CI, 6.21-17.68) for the relma-cel group and 20.0 months (95% CI, 10.09-27.07) for the usual care group. Median OS was not reached (NR) and 77.04 months (95% CI, 26.02-NR) in the relma-cel group and usual care group, respectively. The median PFS was NR (95% CI, 8.97-NR) in the relma-cel group and 19.98 months (95% CI, 16.03-28.98) in usual care group, leading to a hazard ratio (HR) of 0.40 (95% CI, 0.13-1.23). The 6-month PFS in the relma-cel group was 96% (95%CI, 89%-100%) and in usual care group was 76% (95%CI, 62%-95%). The 12-month PFS in the relma-cel group was 76% (95%CI, 47%-90%) and in usual care group was 76% (95%CI, 55%-89%). At 24 months, all patients in the relma-cel group survived. Compared to the usual care group, the relma-cel group had a higher estimated OS rate and PFS rate (OS 100% vs 96%, PFS 76% vs. 38.2%). During the whole follow-up period, relma-cel always had a higher survival probability than SCHOLAR-5 cohort. Both the median PFS and OS was NR in the relma-cel cohort. While in the SCHOLAR-5 cohort, the median PFS was 12.7 months (95%CI, 6.33-15.18) and the median OS was 60.2 months (95%CI, 26.69-NR). At 24 months, no patients died after relma-cel infusion, and 62.7% of patients survived in SCHOLAR-5.

Conclusion In conclusion, relma-cel exhibits superior survival outcome compared to the current conventional therapies, indicating a significant clinical benefit in r/r FL patients after ≥ 2 treatment lines.

PO-1300

以反复发热，双下肢疼痛麻木为首表现的血管内大 B 细胞淋巴瘤 1 例并文献复习

段小琼
遂宁市中心医院

目的 探讨血管内大 B 细胞淋巴瘤患者的临床特征、诊治方法与预后

方法 报道 1 例血管内大 B 细胞淋巴瘤患者的诊疗结果，结合文献复习，探讨该疾病的发病机制、诊断、治疗与预后特征

结果 患者男 47 岁。以“反复发热，伴有双下肢疼痛麻木 6 月余”

为主要表现。随机切取腹部及双大腿内侧梭形皮肤组织送病检。病理诊断：成熟 B 细胞淋巴瘤，符合血管内大 B 细胞淋巴瘤，免疫组化 Hans 分型提示可能为非生发中心 B 细胞来源（Non-GCB），免疫表型提示 BCL-2、C-MYC 双表达（WHO 分类：侵袭性）。分别予以 1 疗程 R-CHOP 方案化疗，2 疗程大剂量 MTX 方案化疗+R-CHOP 方案化疗，联合奥布替尼 150mg 每日 1 次。化疗期间未出现严重感染及出血并发症。经第一疗程 R-CHOP 方案化疗后，患者体温恢复正常，双下肢疼痛好转，肢体麻木等神经病变未进一步加重。

截止 2024 年 5 月 21 日患者病情处于稳定状态。

结论 血管内大 B 细胞淋巴瘤是一种结外大 B 细胞淋巴瘤的罕见亚型，恶性程度高、侵袭性强，预后很差。目前对该疾病的认识尚未统一，诊治尚不规范，确诊主要依靠病理及免疫组织化学检查。我们使用 R-CHOP +大剂量 MTX 联合奥布替尼方案，治疗伴有中枢累及 IVLBCL，获得较好的疗效。但因病例数少及缺乏大规模临床验证，其疗效有待进一步评价。

PO-1301

工程菌细胞外膜囊泡治疗淋巴瘤

邹超瑜¹、余泓彬¹、周西坤²、吴保¹

1. 四川大学华西医院血液内科

2. 四川大学华西医院生物治疗国家重点实验室/生物治疗协同创新中心

目的 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（diffuse large B lymphoma, DLBCL）是一种来源于成熟 B 细胞的侵袭性肿瘤。在 DLBCL 患者中，PD-L1 表达异常率约 20%，基于 PD-1/PD-L1 的免疫治疗有望成为特定 DLBCL 患者的治疗方案之一。细菌外膜囊泡（Outer membrane vesicles, OMVs）是源自革兰阴性细菌细胞壁外膜的单层磷脂双分子层囊泡样结构，能够展示纳米抗体和装载效应物质，同时还能激活宿主免疫。因此，本研究拟使用 OMVs 展示抗 PD-L1 纳米抗体治疗高表达 PD-L1 的淋巴瘤。

方法 通过构建“外膜铆钉蛋白-纳米抗体融合蛋白”的质粒，得到能在细菌外膜稳定展示抗 PD-L1 纳米抗体的工程菌株。大量培养该菌，收集上清液，经过高速离心、超滤浓缩、差速离心和滤器过滤，得到 OMVs 溶液。将 KA202 细胞系接种于 C57BL/6 小鼠皮下，经过 14 天成瘤后再通过瘤内注射或尾静脉注射治疗，通过肿瘤体积、生存率等观察工程菌囊泡治疗淋巴瘤的效果。

结果 基于该支架表达的抗 PD-L1 纳米抗体的工程菌和 OMVs 都表现出对 PD-L1 的高亲和力：CO-IP 共沉淀提示仅纳米抗体的 OMV 可被 PD-L1 蛋白下拉。流式亲和实验提示，短时孵育纳米抗体 OMV 的 KA202 细胞染色比例（50.97%）比短时孵育空载 OMV 的 KA202 细胞（25.45%）更高。皮下淋巴瘤模型中，通过瘤内注射或尾静脉注射，空载细菌外膜囊泡和展示纳米抗体的囊泡均表现出显著的治疗效果。在尾静脉治疗中，治疗后 60 天，纳米抗体 OMV 组小鼠（n=8）存活率 88.9%；空载 OMV 组小鼠（n=9）存活率 55.6%。

结论 本研究表明 OMVs 和展示纳米抗体的 OMVs 均表现出显著的治疗效果。

PO-1302

弥漫大 B 细胞淋巴瘤中 PD-L1 基因表达特征的研究

周围¹、胡东²、舒思敏¹、陶文庭¹

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司
2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 程序性死亡分子配体 1 (programmed death-ligand 1, PD-L1) 是重要的免疫检查点分子和免疫治疗靶点。已有研究也表明 PD-L1 表达水平与 DLBCL 预后不良相关。本研究重点分析弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 中 PD-L1 RNA 表达水平在 DLBCL 中的表达特征。

方法 我们利用 NanoString 数字基因表达谱技术分析了 65 例 DLBCL 患者的 FFPE (福尔马林固定石蜡包埋) 样本中细胞来源 (Cell of origin, COO) 分型, PD-L1, MYC 和 BCL2 等相关基因的表达水平。应用二代测序方法检测 DLBCL 组织的相关致病基因突变。应用 fisher's exact test 分析 PD-L1 表达水平与 COO 分型, 双表达亚型, 及主要致病性突变的相关性。

结果 65 例 DLBCL 患者中, ABC (活化 B 细胞样) 40 例, GCB (生发中心 B 细胞样) 23 例, UD (未分类型) 2 例, 其中 PD-L1 高表达与 COO-ABC 正相关 ($P=0.0285$)。共检出 7 例双表达样本, 其中 PD-L1 高表达 1 例, 与 PD-L1 表达水平无显著的相关性 ($P=0.2458$)。DLBCL 患者中 PD-L1 表达水平与 CD79B 突变 ($P>0.9999$), MYD88 突变 ($P=0.6948$), TP53 突变 ($P=0.6614$) 无显著的相关性。

结论 PD-L1 高表达与 DLBCL 的 COO-ABC 亚型显著正相关, 与双表达, CD79B、MYD88、TP53 基因突变等不良预后因子没有显著的相关性。COO-ABC 型 DLBCL 预后差, 治疗药物不敏感, 本研究结果提示 COO-ABC 型 DLBCL 中 PD-L1 表达水平较高可能为其预后不良机制之一。COO-ABC 型患者在免疫检查点中能否获益需要进一步的研究。

PO-1303

CT 影像组学鉴别淋巴瘤和淋巴结炎

张可杰、钟华、叶丽婷、王勇
厦门大学附属中山医院

目的 探索基于 CT 平扫的影像组学辅助诊断淋巴瘤的价值。

方法 收集我院在 2018 年 10 月 01 日至 2022 年 11 月 10 日收治的 57 例淋巴瘤及 55 例淋巴结炎患者的 CT 平扫图像和相关临床指标。利用 Pyradiomics 平台在 CT 图像上进行特征提取。构建影像组学预测模型并计算每位患者的影像组学评分 (Rad-score)。将 Rad-score 与临床指标相结合, 以多因素 logistic 回归在训练组中构建组合预测模型。使用验证组数据对模型进行验证。

结果 构建的影像组学列线图模型在训练集和验证集中表现出良好的预测能力: 训练集 (AUC: 0.868, 95%CI: 0.788-0.948), 验证集 (AUC: 0.794, 95%CI: 0.640-0.948)。校准曲线提示模型的预测概率和实际概率具有良好的一致性, Hosmer-Lemeshow 拟合优度检验显示该预测模型校准度良好 (训练组 $P=0.132$, 验证组 $P=0.690$)。将 Rad-score 与 LDH 相结合, 建立组合列线图模型。构建的组合列线图模型训练集 (AUC: 0.933, 95%CI: 0.881-0.985), 验证集 (AUC: 0.824, 95%CI: 0.675-0.972), 提示模型具有良好的预测能力。校准曲线提示组合模型的预测概率和实际概率具有良好的一致性, Hosmer-Lemeshow 拟合优度检验显示该组合预测模型校准度良好 (训练组 $P=0.996$, 验证组 $P=0.672$)。

结论 我们建立的基于 CT 影像组学特征的列线图模型，可通过常规 CT 平扫检查和 LDH 计算得出，耗费金额小，数据容易获得，在临床工作中可用于辅助诊断或排除淋巴瘤的参考工具。

PO-1304

基于 CT 影像组学模型预测弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者生存期

张可杰、何婉艺、王勇
厦门大学附属中山医院

目的 探讨基于计算机断层扫描（Computed Tomography, CT）平扫的影像组学特征联合临床指标预测初诊 DLBCL 患者无进展生存期（Progression-Free Survival, PFS）的可行性，并进一步探索新模型在预测总生存期（Overall Survival, OS）方面的潜在价值。

方法 收集我院血液科在 2016 年 01 月 01 日-2022 年 12 月 01 日收治的 70 例经病理明确诊断为 DLBCL 患者的 CT 平扫影像和相关的临床资料进行回顾性分析。利用 Radiomics 分析在 CT 图像上进行特征提取并进行多因素 Cox 回归分析计算每位患者的影像组学评分（radscore）。同时对收集的 70 例患者的临床指标，进行单因素及多因素 Cox 回归分析筛选出 DLBCL 患者无进展生存期的独立预后指标。将 radscore 与临床指标相结合进行多因素 Cox 回归分析构建组合生存期预测模型。

结果 将 radscore 与 ECOG 评分、Ann Arbor 分期、Hb 相结合，建立组合预后列线图模型，可视化初诊 DLBCL 患者的 1 年、3 年无进展生存概率。该模型总体 C 指数为 0.773（95%CI [0.691-0.855]），通过 1000 次重抽样法和 5 折交叉验证的结果显示出良好的预测效果，该模型的校准曲线对 1 年和 3 年无进展生存和总生存期的预测效能更佳，对低危组和高危组两个群体的区分度更大。

结论 基于 CT 影像组学可以有效提高临床指标预测 DLBCL 患者 PFS 和 OS 的效果，对临床医师评估初诊 DLBCL 患者的预后和制定个体化治疗方案具有重要的指导作用。

PO-1305

BCOR 基因突变抑制 PD-L1 的表达 导致 NKTCL 对 PD-1 免疫治疗耐受

程琳娜^{1,2,3}、郭利群^{1,2,3}、张惠阳^{1,2,3}、朱尊民^{1,2,3}

1. 河南省人民医院
2. 郑州大学人民医院
3. 河南大学人民医院

目的 研究 NK/T 细胞淋巴瘤（NKTCL）对 PD-1 抑制剂耐药的分子机制。

方法 通过多组学检测，绘制 PD-1 免疫治疗响应与不响应两组患者的基因突变和表达图谱，寻找与 PD-1 免疫治疗耐药相关的基因；利用慢病毒感染系统构建细胞模型，CCK8 实验检测候选基因对细胞增殖能力的影响；运用 qPCR 与 Western blot 技术，检测候选基因变异对 NKTCL 细胞 PD-L1 表达水平的影响；利用 ActSep® CD3/CD28 磁珠从人外周血中分选并激活 T 细胞，将 T 细胞分别与实验组/对照组 SNK6 细胞以 10:1 的比例共孵育，并添加 PD-1 抗体 tislelizumab 处理细胞，24 小时后收取细胞，进行流式检测分析。

结果 基于 NGS 筛选到 BCOR 等为 NKTCL PD-1 免疫治疗耐药的候选基因；BCOR 基因敲减抑制了 SNK6 细胞的增殖能力；BCOR 基因敲减下调 SNK6 细胞中 PD-L1 的表达水平；空载组中 CD69+T 细胞的比例随着 PD-1 抑制剂的使用而显著增加，BCOR 敲减 SNK6 组中 CD69+T 细胞的

比例并没有显著变化。

结论 BCOR 基因突变通过抑制 PD-L1 的表达水平导致 NKTCL 对 PD-1 免疫治疗耐受。

PO-1306

靶抗原修饰细胞外囊泡定向投递细胞因子增强 CAR-T 细胞功能

张元元、黄美娟、李登举、穆伟、赵磊、王珏、周剑峰
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 CAR-T 细胞在体内无法持续抗肿瘤是其疗效受限的主要原因之一，白细胞介素-12 (IL-12) 可促进 CAR-T 细胞持续抗肿瘤，然而临床试验提示 IL-12 的体内应用会产生严重的系统毒性。本研究旨在构建靶抗原修饰的细胞外囊泡 (EVs) 向 CAR-T 细胞定向投递 IL-12 促进其体内抗肿瘤能力，同时解决 IL-12 安全性差的临床困境。

方法 本研究构建了 HEK293T 细胞来源的，表面单独或共同表达 IL-12 及靶抗原 CD19 的 EVs (CD19 EVs, IL-12 EVs, CD19/IL-12EVs)。通过 ELISA 测定 IL-12 EVs 浓度，并评估 CAR-T 细胞在 EVs 处理后细胞因子分泌、增殖、杀瘤及亚群的变化。同时采用成像流式细胞术检测 IL-12 EVs 和 CD19/IL-12 EVs 在体外结合 CAR-T 细胞的效率。最后在淋巴瘤异种移植小鼠模型中评估 CAR-T 细胞联合瘤内注射 CD19/IL-12 EVs 的体内有效性及安全性。

结果 IL-12 EVs 可剂量依赖性促进 T 细胞分泌 IFN- γ ，并能有效增强 CAR-T 细胞的细胞因子分泌、增殖和杀瘤效应，同时促进 CAR-T 细胞向中央记忆亚群分化，其增强效应明显优于相同浓度的可溶性 IL-12。与 IL-12 EVs 相比，CD19/IL-12 EVs 更易与 anti-CD19 CAR-T 细胞结合，进一步增强 CAR-T 细胞功能。在淋巴瘤小鼠模型中，瘤内注射 CD19/IL-12 EVs 能够促进 CAR-T 细胞在体内持续存在并加速肿瘤消减，其效应优于 CD19 EVs 或 IL-12 EVs，且未观察到 IL-12 相关的系统毒性。

结论 利用 CAR 靶抗原修饰 EVs 实现对体内 CAR-T 细胞定向精准递送细胞因子，为协同增强 CAR-T 细胞功能提供了一种安全有效的策略。

PO-1307

塞替派为基础的预处理方案用于中枢淋巴瘤自体造血干细胞移植的疗效观察

魏道林、郑雪倩、刘慧霞、赵初嫻、蒋瑛、邵珊、朱骏、王椿
上海市闸新中西医结合医院

目的 观察塞替派为基础预处理方案用于中枢神经系统淋巴瘤自体移植的临床疗效。

方法 2021.12.1 至 2022.12.31 间 11 例中枢淋巴瘤患者 (10 例 PCNSL, 1 例 SCNSL) 于本院进行了自体移植，中位年龄 42 岁 (27-60)；既往中位治疗 2 线 (1-3)、中位 6 程化疗 (4-24)，3 例曾全脑放疗；移植前 7 例 CR1、3 例 CR2、1 例 SD；ECOG 评分 7 例 1 分、3 例 3 分、1 例 4 分。预处理以塞替派联合卡莫司汀和利妥昔单抗为骨干方案 [塞替派 5mg/kg x3 天 (1 例围产期女患及 4 例 >50 岁患者减为 2 天)，卡莫司汀 300 mg/m² x1 天，利妥昔单抗 375mg/m² x2 天 (化疗前及回输后)] ± 伊达比星或阿糖胞苷。依据增强 MRI 评估疗效。以回输日为起始时间，截止时间为 2024.2.29。采用 SPSS 17.0 软件进行统计分析。

结果 中位随访 504 天 (159-1123)。11 例均植入成功，粒系植入 10 天 (9-16)，血小板植入 11 天 (9-21)。未发生移植相关死亡。移植后 30 天 11 例均达 CR。3 例 (均 >50 岁) 在移植后 1 年内死亡：1 例死于复发进展，2 例死于病毒感染继发肺炎、呼衰。1 年及 2 年估算 PFS 均为 90%，

1 年及 2 年估算 OS 均为 89%。

结论 塞替派为基础方案用于中枢淋巴瘤自体移植预处理未增加 TRM、疗效及生存与国际报道接近，提示其安全、有效。

PO-1308

以皮肤黄染为首表现的 ALK+间变大细胞性淋巴瘤个案报道

王晓英、马红玲
大同市第二人民医院

目的 以皮肤黄染为首表现的 ALK+间变大细胞性淋巴瘤个案报道。

方法 1 例 ALK+间变大细胞性淋巴瘤患者，首发症状以皮肤损害为主，接受 4 疗程的 BV+CHP 方案化疗。治疗过程中皮肤黄染渐消退。

结果 BV+CHP 使患者病情得到改善。

结论 维布妥昔单抗联合 CHP 方案，（维布妥昔单抗 1.8 mg/kg，d1，静脉点滴；环磷酰胺 750mg/m² d1，吡柔比星 60-80mg/m²，d1，静脉滴点，泼尼松 100mg，d1-5。3 周 1 疗程，共 4 疗程。）2 疗程后复查腹部增强 CT 示疾病为 PR，4 疗程后待行 PET-CT 评估病情。

间变性大细胞淋巴瘤是临床上比较少见的一种肿瘤细胞呈间变性，CD30+的非霍奇金淋巴瘤，其发病率为 NHL 的 2%-7%。ALCL 根据第 5 版 WHO 淋巴瘤分类分为 ALK 阳性的 ALCL,ALK 阴性的 ALCL 和乳腺植入物相关性 ALCL。目前 ALCL 的诊断须结合形态学、组织病理学、免疫组化甚至细胞和遗传学技术等多方面的指标方能确诊。ALK+ALCL 患者的 5 年生存率为 71%~93%，明显优于 ALK-AICL 患者(15%~40%)。ALK+ALCL 患者的 5 年无失败生存率和总生存率分别为 60%和 70%，明显优于 ALK-ALCL 患者(15%~40%)。本例患者治疗后皮肤黄染及腹痛症状明显好转，待 PET-CT 评估病情后再序贯后自体移植或者免疫化疗。

PO-1309

大剂量 MTX 联合利妥昔单抗和奥布替尼治疗 初治原发中枢神经系统淋巴瘤

赵世华¹、刘耀²、贺建霞⁴、朱尊民³、高大⁵、杨威⁸、刘丽宏⁷、王晓波⁶、赵玉霞⁹、李猛¹、黄文荣¹

1. 解放军总医院第五医学中心
2. 重庆大学附属肿瘤医院
3. 河南省人民医院
4. 山西省人民医院
5. 内蒙古医科大学附属医院
6. 大连医科大学附属第二医院
7. 河北医科大学第四医院
8. 中国医科大学附属盛京医院
9. 内蒙古自治区兴安盟医院

目的 旨在观察在传统利妥昔单抗+大剂量 MTX 的基础上，联合 BTK 抑制剂奥布替尼治疗原发中枢神经系统淋巴瘤（PCNSL）的安全性和有效性。

方法 研究者发起的前瞻性多中心 2 期临床研究(NCT05549284)，针对初治 PCNSL，符合研究入组患者接受 RMO 方案治疗（利妥昔单抗 375 mg/m² d1，MTX 3.5 g/m² d2，奥布替尼 150 mg/d 持续口服，每 3 周为 1 疗程），治疗 4 疗程后获得 PR 以上疗效患者进行巩固治疗，未进行巩固治疗患者治疗 6 疗程。治疗期间监测不良反应和疗效。

结果 2021年6月至2023年9月,9家中心68例新诊断的PCNSL患者接受了RMO方案治疗。男性37例,女性31例;中位年龄60(30-80)岁;病理亚型51(75)例为非生发中心来源;病灶为多发患者46(67.6%)例;具有深部病灶患者46(67.6%)例。40例患者进行肿瘤组织的NGS检测,其中MYD88突变30(75.0%)例,CD79b突变16(40%)例,CARD11突变4(10%)例,P53突变6(15%)例。67(98.5%)例患者完成了4疗RMO方案诱导治疗,最佳反应率为98.5%,最佳完全缓解率为75%。例获得CR。诱导治疗期间57例患者出现不良事件,51例患者出现1级不良事件,15例患者出现2级不良事件,13例患者出现3级及以上不良事件(7例3度骨髓抑制、3例肺炎、1例肝损伤和1例急性肾损伤)。27(39.7%)例患者在诱导治疗后接受了自体造血干细胞移植进行巩固治疗,5(7.4%)患者接受了全脑放疗进行巩固治疗;24(35.3%)例患者接受了奥布替尼维持治疗。中位随访16.4m,2年PFS为92.5%,2年OS为92.8%。

结论 大剂量MTX基础上联合BTK抑制剂奥布替尼治疗PCNSL安全可行,显著提高了诱导治疗缓解率。

PO-1310

The effects of 5-Aza-dC and TSA on the function of EZH2-mutated DLBCL cells

chengbo xu,min hu,enai yang,yan qi,bin liao

The Affiliated People's Hospital of Fujian University of Traditional Chinese Medicine

Objective This study aims to explore the impact of 5-Aza-2'-deoxycytidine (5-Aza-dC) and Trichostatin A (TSA) on the functional characteristics of EZH2-mutated diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) cells using the SU-DHL-6 cell line.

Methods SU-DHL-6 cells were treated with 5-Aza-dC (1-60 $\mu\text{mol/L}$) and TSA (100-1000 nmol/L), and the proliferation inhibition rate was assessed using the CCK-8 method. SU-DHL-6 cells were intervened with 5-Aza-dC (10 $\mu\text{mol/L}$) and Trichostatin A (600 nmol/L) for 48 hours, and the apoptosis rate and cell cycle were analyzed using Annexin V-FITC/PI and flow cytometry. Differences in cell proliferation, apoptosis, and cell cycle among the different groups were compared. Real-time quantitative reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) and Western blot techniques were employed to assess the expression of EZH2, while methylation-specific polymerase chain reaction (MSP) was utilized to analyze alterations in the methylation status of EZH2.

Results Both 5-Aza-dC and TSA exhibit inhibitory effects on the proliferation and apoptosis of SU-DHL-6 cells in a dose-dependent manner, with a significantly higher inhibition rate observed when used in combination ($P < 0.01$). Moreover, a rise in the concentration of 5-Aza-dC or TSA is associated with an increase in the percentage of SU-DHL-6 cells in the S phase and G2/M phase. EZH2 is observed to be fully methylated in SU-DHL-6 cell lines, and administration of either 5-Aza-dC or TSA leads to partial reversal of EZH2 methylation and decreased EZH2 expression. Intriguingly, concurrent treatment with both substances results in total reversal of EZH2 methylation, leading to a notable reduction in both mRNA and protein expression levels.

Conclusion The compounds 5-Aza-dC and TSA have been shown to inhibit the proliferation of EZH2 mutant DLBCL cell lines, induce cell apoptosis, disrupt the cell cycle, and markedly decrease EZH2 expression and methylation levels. These findings suggest that 5-Aza-dC and TSA may modulate the biological activities of DLBCL by suppressing EZH2 methylation levels.

PO-1311

大剂量甲氨蝶呤治疗原发性中枢神经系统淋巴瘤的护理研究

孙培娟

郑州大学第一附属医院（郑东院区）

目的 分析大剂量甲氨蝶呤治疗原发性中枢神经系统淋巴瘤的护理研究。

方法 以 2023 年 1 月至 2023 年 12 月间我院收治的大剂量甲氨蝶呤治疗原发性中枢神经系统淋巴瘤患者 40 例作为本次研究的对象，根据患者治疗时间将患者分为对照组（20 例，常规护理：全面监测患者生命体征的变化情况，遵医嘱给予患者进行用药，告知患者相关并发症并有效地展开预防，全面保证患者的基础护理需求。）与观察组（20 例，针对性护理：并发症护理：患者在护理过程中易出现心律失常、休克等各类并发症，需及时做好并发症的预防护理，以患者为中心评估患者并发症的发生风险，积极的展开预防。心理干预：淋巴瘤患者在发病后心理负面情绪严重，需采用音乐疗法、注意力转移等各种方式强化患者的内心状态，改善患者不良情绪。），比较两组患者护理并发症发生率及护理满意度。

结果 观察组患者护理过程中并发症的发生率为 3.12%，低于对照组 15.69%；观察组患者的护理满意度评分为 91.43%，高于对照组 86.72%，差异有统计学意义，P 小于 0.05。

结论 大剂量甲氨蝶呤治疗原发性中枢神经系统淋巴瘤的护理护理效果较为理想，有利于强化中枢神经系统淋巴瘤患者护理过程中的满意度，降低患者治疗并发症的发生率，在今后护理的过程中值得推广。

PO-1312

A retrospective comprehensive analysis of mature T- and NK-cell lymphomas

Junlei Jia, Xianhuo Wang, Huilai Zhang

Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital

Objective Mature T- and NK-cell lymphomas are a group of heterogeneous malignant lymphoid neoplasms with many pressing clinical issues to be addressed. However, real-world data is still insufficient. This study was designed to determine the subtype distribution, treatment, survival outcomes, and prognostic factors of this rare disease. The new agent chidamide and other issues of clinical concern were also considered.

Methods Patients diagnosed with mature T- and NK-cell lymphomas between January 2010 and May 2020 at Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital (TMUCIH) were included in this retrospective study. Furthermore, we conducted comparisons and verifications based on a large database from the Surveillance, Epidemiology, and End Results (SEER) database.

Results Among all patients (n=443) included in the study, the most common subtype was extranodal NK/T-cell lymphoma [ENKTL; n=169 (38.15%)], followed by peripheral T-cell lymphoma, not otherwise specified [PTCL, NOS; n=125 (28.22%)], angioimmunoblastic T-cell lymphoma [AITL; n=86 (19.41%)], systemic anaplastic large cell lymphoma [sALCL; n=25 (5.64%)], and primary cutaneous T-cell lymphoma [PC-TCL; n=17 (4.97%)]. Compared to the patients in the SEER database (n=17,639), TMUCIH had more ENKTLs and fewer PC-TCLs, especially mycosis fungoides (MF).

A total of 319 patients had available survival data. With a median follow-up of 56.4 months (range, 1.5–144.1 months), the median PFS and OS were 16.8 months (95% CI: 12.8–20.9 months) and 63.5 months (95% CI: 46.6–80.3 months), respectively, among patients with all subtypes other than ENKTL. The 1-, 3-, and 5-year PFS and OS were 60.4% and 82.7%, 33.1% and 58.7%, and 26.9% and 51.4%, respectively. Survival outcomes according to pathologic

subtype showed that the prognoses for patients with ENKTL, sALCL, and PC-TCL were better than AITL, and PTCL, NOS. Additionally, a survival analysis of 7,768 patients from the SEER database revealed similar survival outcomes, except that the ENKTL patients in our study had a longer OS. According to univariate and multivariate analysis, only plasma EBV-DNA positivity was an independent prognostic factor for PFS (HR=4.48, P=0.015) and OS (HR=13.93, P=0.005) in ENKTLs.

In previously untreated patients with ENKTL, asparaginase-based chemotherapy and the combination of radiotherapy and chemotherapy substantially improved prognosis. Regarding nodal PTCL, anthracycline-based chemotherapy yielded a 5-year PFS and OS of 23.4% and 47.1%, respectively. The addition of etoposide to CHOP improved the CRR and resulted in a trend toward an improved OS (P=0.087) in the younger cohort (age < 60 years), but there was no advantage when patients of all ages were included. In addition, first-line treatment with chidamide tended to improve survival compared to treatment without chidamide, but the difference was not significant.

A total of 20 patients underwent autologous transplantation (autoHCT). Patients received autoHCT as first-line consolidation therapy exhibited improved survival compared with non-transplant patients. The PFS and OS rates for first-line transplant consolidation therapy were 68.8% and 81.3% 5 years post-transplantation, respectively.

Conclusion Overall, we provided an overview of mature T- and NK-cell lymphomas and focused on issues of clinical concern, with the expectation of providing a valuable reference for further research.

PO-1313

A retrospective analysis of mature T- and NK-cell lymphomas

Junlei Jia, Xianhuo Wang, Huilai Zhang
Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital

Objective Mature T- and NK-cell lymphomas are a group of heterogeneous malignant lymphoid neoplasms with many pressing clinical issues to be addressed. However, real-world data is still insufficient. This study was designed to determine the subtype distribution, treatment, survival outcomes, and prognostic factors of this rare disease. The new agent chidamide and other issues of clinical concern were also considered.

Methods Patients diagnosed with mature T- and NK-cell lymphomas between January 2010 and May 2020 at Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital (TMUCIH) were included in this retrospective study. Furthermore, we conducted comparisons and verifications based on a large database from the Surveillance, Epidemiology, and End Results (SEER) database.

Results Among all patients (n=443) included in the study, the most common subtype was extranodal NK/T-cell lymphoma [ENKTL; n=169 (38.15%)], followed by peripheral T-cell lymphoma, not otherwise specified [PTCL, NOS; n=125 (28.22%)], angioimmunoblastic T-cell lymphoma [AITL; n=86 (19.41%)], systemic anaplastic large cell lymphoma [sALCL; n=25 (5.64%)], and primary cutaneous T-cell lymphoma [PC-TCL; n=17 (4.97%)]. Compared to the patients in the SEER database (n=17,639), TMUCIH had more ENKTLs and fewer PC-TCLs, especially mycosis fungoides (MF).

A total of 319 patients had available survival data. With a median follow-up of 56.4 months (range, 1.5–144.1 months), the median PFS and OS were 16.8 months (95% CI: 12.8–20.9 months) and 63.5 months (95% CI: 46.6–80.3 months), respectively, among patients with all subtypes other than ENKTL. The 1-, 3-, and 5-year PFS and OS were 60.4% and 82.7%, 33.1% and 58.7%, and 26.9% and 51.4%, respectively. Survival outcomes according to pathologic subtype showed that the prognoses for patients with ENKTL, sALCL, and PC-TCL were better than AITL, and PTCL, NOS. Additionally, a survival analysis of 7,768 patients from the SEER

database revealed similar survival outcomes, except that the ENKTL patients in our study had a longer OS. According to univariate and multivariate analysis, only plasma EBV-DNA positivity was an independent prognostic factor for PFS (HR=4.48, P=0.015) and OS (HR=13.93, P=0.005) in ENKTLs.

In previously untreated patients with ENKTL, asparaginase-based chemotherapy and the combination of radiotherapy and chemotherapy substantially improved prognosis. Regarding nodal PTCL, anthracycline-based chemotherapy yielded a 5-year PFS and OS of 23.4% and 47.1%, respectively. The addition of etoposide to CHOP improved the CRR and resulted in a trend toward an improved OS (P=0.087) in the younger cohort (age < 60 years), but there was no advantage when patients of all ages were included. In addition, first-line treatment with chidamide tended to improve survival compared to treatment without chidamide, but the difference was not significant.

A total of 20 patients underwent autologous transplantation (autoHCT). Patients received autoHCT as first-line consolidation therapy exhibited improved survival compared with non-transplant patients. The PFS and OS rates for first-line transplant consolidation therapy were 68.8% and 81.3% 5 years post-transplantation, respectively.

Conclusion Overall, we provided an overview of mature T- and NK-cell lymphomas and focused on issues of clinical concern, with the expectation of providing a valuable reference for further research.

PO-1314

Associating Dynamic Changes in Metabolic Syndrome Components with Clinical Outcomes in Diffuse Large B-Cell Lymphoma

Dewan Zhao¹, He Xu¹, Fengrao Tang², Tongcheng Cui², Guirong Song², Xiuli Sun¹

1. The First Affiliated Hospital of Dalian Medical University

2. Department of Health Statistics, School of Public Health, Dalian Medical University

Objective The impact of Metabolic Syndrome (MetS) components on DLBCL treatment efficacy and prognosis is unclear, and there is a lack of studies analyzing their dynamic changes during treatment. This study aims to explore the impact of baseline levels and dynamic changes of MetS components on DLBCL treatment outcomes, identify significant metabolic indicators and provide scientific evidence to improve clinical efficacy and prognosis for DLBCL patients.

Methods This retrospective study analyzed clinical data from patients newly diagnosed with DLBCL who completed 6-8 cycles of CHOP or CHOP-like regimens (with or without rituximab) at our center between May 2010 and May 2022. MetS components were collected before and during treatment, and group-based trajectory models (GBTM) were used to analyze the dynamic changes in MetS components. Factors influencing treatment efficacy and prognosis were assessed using logistic and Cox regression, respectively.

Results A total of 125 newly diagnosed DLBCL patients were included in the final effective analysis dataset (median age 58 years, 49.6% male). Post-chemotherapy, 89 patients (71.20%) achieved CR. The median follow-up time was 24 (2-151) months. The 2-year PFS and OS rates were 70.0% and 82.0%, respectively. Baseline HDL-C levels were higher in the CR group than in the non-CR group (P = 0.019). Multivariate analysis showed baseline LDL-C significantly affected treatment efficacy (P = 0.033), with each unit increase reducing CR rate by 34.9% (OR = 0.651). In the PFS analysis, baseline HDL-C (P = 0.015) and LDL-C (P = 0.011) were significant factors, with each unit increase in baseline HDL-C reducing the progression rate by 82.9% (HR = 0.271), and each unit increase in baseline LDL-C increasing progression risk by 1.781 times (HR = 1.781). Baseline MetS component indicators were not related to OS. Group trajectory model analysis divided each MetS component into three subgroups: "Low-Level Group," "Medium-Level

Group," and "High-Level Group," based on stable baseline levels with no significant changes over time. The trajectories of LDL-C ($P = 0.023$) and BMI ($P = 0.049$) were significant factors affecting treatment efficacy. Compared to the Low-Level Group, the High-Level LDL-C trajectory group had a 90.4% decrease in CR rate ($OR = 0.096$), and the Medium-Level BMI trajectory group had a 2.810-fold increase in CR rate ($OR = 2.810$). In the PFS analysis, BMI trajectory ($P = 0.012$) was a significant factor. The Medium-Level BMI trajectory group showed a 67.1% reduction in progression rate compared to the Low-Level Group ($HR = 0.329$). In the OS analysis, BMI trajectory ($P = 0.011$) was also significant. The Medium-Level BMI trajectory group showed an 80.8% reduction in mortality risk compared to the Low-Level Group ($HR = 0.192$).

Conclusion Maintaining a moderate BMI during chemotherapy benefits CR and reduces the risks of disease progression and death. High baseline LDL-C levels or consistently high LDL-C levels during chemotherapy hinder CR. High baseline HDL-C levels improve prognosis, while high baseline LDL-C levels worsen it.

PO-1315

活化淋巴细胞因子在弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床应用

唐书翰、黄德智、李甫、蔺诗佳、黄文秋、高力、饶军、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探索在 DLBCL 中淋巴细胞因子与临床特征及预后的关系

方法 回顾性分析 2021 年 1 月到 2023 年 9 月陆军军医大学第二附属医院就诊的初治 148 例 DLBCL 患者的临床资料, 收集患者生存资料、临床特征、淋巴细胞因子、实验室检查指标及病理学检查结果, 通过 SPSS 软件进行数据分析, 采用卡方检验分析淋巴细胞因子与临床特征的相关性, 采用 Kaplan-Meier 和 Cox 回归进行生存和预后因素分析。

结果 我们共统计了 2021 年 1 月到 2023 年 9 月于我院诊断, 有完整治疗前淋巴细胞因子 IL2、IL4、IL6、IL10、TNF α 、TNF β 、IL17A 的 148 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤的患者, 其中男性 81 例, 女性 67 例, 男女比例 1.21: 1, 中位诊断年龄为 58 岁 (17 岁-90 岁), 44.6% (66/148 例) 的患者初诊时年龄 ≥ 60 岁, 61.5% (91/148 例) 为 nonGCB 亚型, 27.0% (40/148 例) 患者初诊时 LDH 升高, 63.5% (94/148 例) 初诊时分期为 III、IV 期, 51.4% (76/148 例) 初诊时结外受累 ≥ 2 处, 12.8% (19/148 例) 患者初诊时有骨髓受累, 54.7% (81/148 例) 初诊时国际预后指数 (IPI) 评分为 0-2 分, 26.4% (39/148 例) 初诊 IPI 评分为 3 分, 18.9% (28/148 例) 初诊 IPI 评分为 4-5 分。临床特征方面, 初诊时 IL2 升高跟骨髓受累相关 ($p=0.032$), 初诊时 IL6 升高跟结外受累 ≥ 2 处 ($p=0.012$)、骨髓受累 ($p=0.025$)、IPI ($p=0.000$)、分期 ($p=0.003$) 相关, 初诊时 IL10 升高跟结外受累 ≥ 2 处 ($p=0.005$)、骨髓受累 ($p=0.022$)、LDH 升高 ($p=0.001$)、IPI ($p=0.000$)、分期 ($p=0.000$) 相关。预后方面, 中位随访时间是 16.1 月 (1-38 月), 初诊时 IL6 升高 ($p=0.021$)、IL17A ($p=0.049$) 跟较差的 OS 相关, 亚组分析中, nonGCB 亚组中初诊时 IL6 升高 ($p=0.016$) 跟较差的 OS 相关, 进一步多因素分析示初诊时 IL6 升高 (0.043) 是影响 OS 的独立危险因素, 治疗后 IL4 升高 ($p=0.027$)、IL17A 升高 (0.026) 跟较差的 PFS 相关, 进一步多因素分析示治疗后 IL4 升高 ($p=0.018$)、中期疗效 ($p=0.023$)、结外受累 ($p=0.027$) 是影响 PFS 的独立危险因素。

结论 在 DLBCL, 初诊时 IL6 及 IL10 与患者的肿瘤负荷及恶性程度密切相关, 同时 IL6 和 IL17A 升高跟较差的 OS 相关。在 nonGCB 亚型中, 初诊时 IL6 跟较差的 OS 相关, 而治疗后 IL4 升高和跟较差的 PFS 相关, 综上, 患者外周血淋巴细胞因子的表达水平可用于患者的恶性生物学行为的检测, 有利于指导患者的精准治疗。

PO-1316

TET2 突变在弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者中的临床意义分析

胡雨菡^{1,2}、王杰浩^{1,2}、纪旭^{1,2}、侯降雪^{1,2}、姚志华^{1,2}、高雪^{1,2}、杜建伟^{1,2}、董丽华^{1,2}、王业生^{1,2}、李玉富^{1,2}、林全德^{1,2}

1. 郑州大学附属肿瘤医院

2. 河南省肿瘤医院

目的 探索 TET2 基因突变对弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者临床特征及预后的影响。

方法 回顾性分析郑州大学附属肿瘤医院 2019 年 1 月至 2021 年 12 月收治的 200 例行二代基因测序检测的初诊 DLBCL 患者临床资料，比较 TET2 突变组与 TET2 未突变组患者分期、危险分层及预后等差异。

结果 亚组分析显示 PSM 后 TET2 突变组 III~IV 期患者为 20 例 (66.7%)、未突变组 III~IV 期患者为 15 例 (50.0%)，差异无统计学意义 ($\chi^2=1.111$, $P=0.190$)；TET2 突变组 IPI 评分中高危组 (3-5 分) 为 14 例 (46.7%)、未突变组 10 例 (33.3%)，差异无统计学意义 ($\chi^2=1.714$, $P=0.292$)。TET2 突变组中位 PFS 为 20 个月，未突变组中位 PFS 为 30 个月；TET2 突变组中位 OS 为 29 个月，未突变组中位 OS 未达到。PSM 后 TET2 突变组和 TET2 未突变组的患者的 3 年 PFS 率为 40% vs 53.3% ($P=0.033$)，3 年 OS 率为 53.3% vs 70.0% ($P=0.029$)，差异均有统计学意义。

结论 本研究显示 TET2 突变组与未突变组在 IPI 评分、分期中无显著差异，但伴 TET2 突变的 DLBCL 患者与较差的 PFS、OS 相关。

PO-1317

Marco+肿瘤相关巨噬细胞促进 T 细胞淋巴瘤进展的机制研究

张兵雷¹、闫媚妹²、高乐¹、李梦佳¹、高梦雅²、刘泽星²、李旭东¹、姜中兴¹、宋永平¹、李威¹

1. 郑州大学第一附属医院

2. 郑州大学附属肿瘤医院

目的 探索 Marco+肿瘤相关巨噬细胞 (TAMs) 在 T 细胞淋巴瘤 (TCL) 中的作用及潜在机制，为 TCL 患者提供新的治疗靶标。

方法 免疫组化分析 75 例不同分期 TCL 患者肿瘤组织 MARCO 表达水平及其对 TCL 患者预后的影响；体外不同来源的巨噬细胞与 TCL 细胞系共培养，观察 TCL 细胞对巨噬细胞表型的影响，体内动物实验观察 Marco 对 TCL 疾病进展的作用及敲除 Marco 对肿瘤生长的影响，单细胞及转录组测序分析 Marco+ TAMs 对肿瘤微环境的影响。

结果 MARCO 主要表达在 TAMs，且 MARCO+TAMs 在 III/IV 期患者中的表达水平明显高于 I/II 期患者 ($P<0.001$)，其高表达与 TCL 患者不良预后呈正相关 ($P=0.0379$)；TCL 促进巨噬细胞 Marco ($P<0.05$)、CD163 ($P<0.01$)、CD206 ($P<0.05$) 表达，抑制 CD80 ($P<0.01$)、CD86 ($P<0.05$) 的表达，同时降低 TNF- α ($P<0.001$)、iNOS ($P<0.01$)、和 IL-1 β ($P<0.05$) 在巨噬细胞中的表达，增加 Arg1 ($P<0.001$) 的表达；TCL 小鼠模型敲除 Marco 能够显著抑制肿瘤生长 ($P<0.001$)，H&E 和免疫组化显示 Marco 敲除小鼠有丝分裂数目 ($P<0.001$) 和 Ki67 ($P<0.001$) 显著降低；测序结果显示敲除 Marco 能够促进 NK 细胞、T 细胞向肿瘤部位浸润，减少 Treg 细胞浸润，进一步分析结果显示敲除 Marco 可以通过 CCL5 促进 NK 细胞浸润、增强其抗肿瘤活性。

结论 MARCO+TAMs 在 TCL 中高表达，并可促进 TCL 疾病进展，靶向 Marco 可能通过增加 NK 细胞数量和活性发挥抗肿瘤作用。

PO-1318

单细胞测序技术解析 CD19 CAR-T 治疗 MCL 的骨髓微环境

张兵雷¹、闫媚妹²、高乐¹、李梦佳¹、李旭东¹、黄正华¹、姜中兴¹、宋永平¹、李威¹、邢海洲¹

1. 郑州大学第一附属医院

2. 郑州大学附属肿瘤医院

目的 套细胞淋巴瘤 (MCL) 兼具侵袭性淋巴瘤疾病进展迅速和惰性淋巴瘤不可治愈的特点，复发患者预后极差，尽管 CAR-T 细胞治疗能够使 MCL 患者获益，但其抗肿瘤活性有限、过敏原戒断、抗原逃逸等仍是 CAR-T 细胞治疗的主要障碍。免疫微环境在肿瘤的发生发展中起重要作用，但 MCL 患者的骨髓微环境尚不完全明确。本研究通过单细胞测序深入探索 CAR-T 治疗 MCL 的骨髓微环境改变，以全面解析 MCL 的免疫分子机制。

方法 分别对 CAR-T 治疗前、治疗后部分缓解 (PR) 和完全缓解 (CR) 及治疗后复发的 MCL 患者骨髓 CD45⁺细胞进行单细胞测序和分析。

结果 CAR-T 治疗前后不同疗效 MCL 患者骨髓免疫微环境具有高度异质性。与治疗前患者相比，治疗后 PR、CR 及复发患者 B 细胞淋巴瘤细胞均明显减少，治疗后 PR 和 CR 患者巨噬细胞、T/NK 细胞比例明显增加，治疗后 CR 患者粒细胞比例较治疗前、治疗后 PR 及治疗后复发患者明显较少，而治疗后 PR 和复发患者粒细胞比例较治疗前显著增多。B 细胞亚群 KEEG 分析结果显示治疗后 CR 患者吞噬和凋亡等信号通路明显被上调，而 EBV 感染、HTLV1 感染等显著下调；单核巨噬细胞群体分析结果显示，治疗后 CR 患者单核巨噬细胞、T 细胞、抗原提呈及补体相关细胞比例明显升高，KEEG 通路富集分析也显示出相似的结果。NK/T 细胞群体分析显示，治疗后 CR 患者 CD4⁺T 细胞、NK 细胞增加，Treg 细胞和 CD8⁺T 细胞下降。

结论 CD19 CAR-T 细胞治疗 MCL 可能通过增加单核巨噬细胞、NK 细胞、CD4⁺T 细胞的数量和活性发挥抗肿瘤作用，粒细胞的增加可能促进 CAR-T 治疗后的 MCL 复发。

PO-1319

一例霍奇金淋巴瘤 Richter 转化合并噬血综合征 1 例并文献复

陈珍¹、苏梅芳¹、吴耀辉²

1. 黄冈市中心医院

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨淋巴瘤合并噬血综合征的治疗选择；

方法 对一例霍奇金淋巴瘤 Richter 转化合并噬血综合征患者的临床特征、病理组织学特点、个体化治疗及预后进行分析，并复习相关文献

结果 患者，男，55 岁，2022 年主因“淋巴结肿大 1 月余”首次入院；骨髓及病理诊断为成熟 B 淋巴细胞增殖性疾病，后合并噬血细胞综合征、EB 病毒感染，予以 R+HLH1994 方案，效果欠佳，铁蛋白持续升高，于 2023-04-11 行卢克替尼+DEP+利妥昔单抗方案，且后续加用 BTK 抑制剂泽布替尼联合，患者噬血综合征指标较前下降，全身淋巴结部分缩小，行第 2 周期 DEP 方案后患者噬血临床表现及指标再次升高，并部分淋巴结增大，考虑是否病理诊断有误或存在淋巴瘤 Richter 转化；再次淋巴结穿刺活组织病理提示霍奇金淋巴瘤，

2023-06-23 行 ABVD，4 个周期后 PET-CT 评估 CR，后进入随访。

结论 霍奇金淋巴瘤合并噬血细胞综合征相比 T 细胞淋巴瘤、非霍奇金淋巴瘤少见，高 EB 病毒复制可能有助于霍奇金淋巴瘤诱发噬血细胞综合征，传统 HLH、DEP 可作为清除 EB 病毒，部分控制噬血细胞综合征的方案，但远期疗效需原发病得到控制。

PO-1320

74 例血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤患者的临床特征及预后分析

田雅茹¹、陈艺卓²、白斯君³、康建民¹、董春霞¹、侯淑玲²、杨林花¹

1. 山西医科大学第二医院

2. 山西白求恩医院

3. 山西省人民医院

目的 回顾性分析血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤 (AITL) 患者的临床特点, 探讨 AITL 患者的临床特征及影响预后的因素。

方法 收集 2011 年 5 月至 2023 年 7 月就诊于山西医科大学第二医院、山西省白求恩医院、山西省人民医院的 74 例 AITL 患者临床资料, 对其临床表现、诊疗经过、生存状况及预后影响因素进行回顾性分析。

结果 共纳入经淋巴结病理及免疫组织化学检查确诊为 AITL 患者 74 例, 男女比例 2.2: 1, 中位发病年龄 64.5 岁 (35 岁-88 岁), 年龄 >60 岁者 45 例 (60.8%)。AnnArbor 分期 III~IV 期者 72 例 (97.3%), 初诊时伴 B 症状者 54 例 (72.9%)。ECOG 评分 0~1 分 34 例 (45.9%), 2~4 分 40 例 (54.1%); IPI 低危 4 例 (5.4%)、低中危 15 例 (20.3%)、中高危 28 例 (37.8%)、高危 27 例 (36.5%); PIT 低危 3 例 (4.1%)、中低危 9 例 (12.2%)、中高危 31 例 (41.9%)、高危 31 例 (41.9%)。共 69 例患者接受治疗, 可评估疗效者 54 例, 其中 30 例获得完全缓解/部分缓解, 总缓解率为 55.6%。直至末次随访时间, 74 例患者中, 56 例死亡, 5 例失访, 接受治疗的 69 例患者 5 年 OS 率为 29.5%, 总人群 5 年 OS 率为 27.2%。单因素分析显示, β_2 微球蛋白升高、血清白蛋白下降、LDH 升高、嗜酸性粒细胞值异常、初诊时伴 B 症状、有体表水肿、有体内多浆膜腔积液、确诊前合并重症感染、EBV 感染、合并噬血细胞综合征、合并 DIC、淋巴结病理 Ki67>50%、未使用依托泊苷、未使用血管内皮抑制素是影响 AITL 患者 OS 的不良预后因素。多因素分析显示, 血清白蛋白下降、合并 DIC、EBV 感染、未使用依托泊苷、未使用血管内皮抑制素是影响患者 OS 不良预后的独立因素。

结论 AITL 是一种侵袭性高、进展快、预后差的非霍奇金淋巴瘤。血清白蛋白下降、合并 DIC、EBV 感染、未使用依托泊苷、未使用血管内皮抑制素是影响患者 OS 不良预后的独立因素。目前 AITL 仍缺乏标准治疗方案, 靶向药物的使用是未来治疗的新模式, 亟需探索治疗 AITL 的新方法以改善患者的预后。

PO-1321

认知-行为干预在淋巴瘤患者化疗后癌因性失眠中的应用

冯雪

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨分析认知-行为干预在淋巴瘤患者化疗后癌因性失眠中的应用

方法 选取 2023 年 10 月至 2023 年 12 月我科收治淋巴瘤化疗后 347 例患者作为研究对象, 采用 SPIEGEL 量表对 387 例淋巴瘤患者化疗后的睡眠障碍程度进行评估分析, 同时予以认知-行为干预包括: 睡眠卫生教育、刺激控制疗法、睡眠限制疗法、放松训练、重建睡觉相关信念, 来改善患者的睡眠质量, 观察患者在干预前后的睡眠变化。

结果 干预前, 睡眠正常患者有 80 例(23%), 失眠患者 95 例(27.5%), 轻度失眠患者 94 例(27%), 中度失眠患者 59 例(17%), 重度失眠患者 19 例(5.5%); 干预后的睡眠正常患者 225 例(65%), 失眠患者 52 例(15%), 轻度失眠患者 26 例(7.5%), 中度失眠患者 35 例(10%), 重度失眠患者 9 例(2.5%), 干预前后

比较差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 淋巴瘤患者化疗后癌因性失眠是常见问题, 为患者实施有效的认知-行为干预能提高淋巴瘤患者化疗后的睡眠质量。

PO-1322

风险预警评分表在血液肿瘤心脏毒性药物输注管理中的应用

冯雪

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨风险预警评分表在血液肿瘤心脏毒性药物输注管理中的应用

方法 随机选择 2023 年 3 月-2023 年 10 月在我院因淋巴瘤需输注单抗类且具有心脏毒性药物治疗的患者 360 例为研究对象, 按随机数字表法分为观察组 ($n=180$, 实施风险预警评分表评分后根据评分等级进行分级规范化输注) 和对照组 ($n=180$, 常规流程输注)。风险预警评分表分为五个级别, 分别为: 无风险、低风险、中风险、高风险、极高风险, 根据评分分级采取不同的输注方法、输注速度、观察要点等, 比较两组的不良反应发生率、生活质量、心脏毒性各项监测指标情况。

结果 观察组用药后的不良反应发生率 2.13% 明显低于对照组的 24.46%、生活质量各项评分均高于对照组, 心脏毒性各项监测指标优于对照组, 差异有统计学意义 ($P<0.5$)。

结论 风险预警评分表不仅促进患者按时完成治疗方案, 减轻患者不良反应发生率, 减轻肿瘤心脏毒性, 同时能显著提高患者生活质量, 值得临床推广。

PO-1323

人源化抗 CD19 CAR-T 细胞免疫原性对其疗效及预后影响研究

黄钟霏、梅恒

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 嵌合抗原受体 T 细胞 (chimeric antigen receptor T, CAR-T) 治疗已在血液肿瘤取得良好效果, 但仍受限于疗效的持续性不佳和耐药问题。研究者普遍认为导致问题的重要原因之一是 CAR-T 自身的免疫原性。本文针对 CAR-T 免疫原性对 B 系肿瘤治疗疗效及预后的影响, 以及发生的可能机制进行了探讨。

方法 本文主要针对免疫原性指标 ADA (anti-drug antibody, 抗药抗体) 和可能导致免疫原性升高的临床策略二次回输开展研究。首先定量检测了本中心人源化 CD19 CAR-T 临床试验的 58 例 NHL 及 B-ALL 患者血浆内 ADA 水平, 通过统计学方法分析了 ADA 水平、重复输注与 CAR 扩增的关系, ROC 曲线验证 ADA 水平预测 CAR 扩增的能力; 并探究了与 ADA 升高相关的实验室指标。其后通过 K-M 生存曲线讨论免疫原性与预后的相关性。最后挑选了免疫原性强和弱的患者各 2 名, 使用单细胞免疫组库测序, 对两类患者进行拟时序、差异基因和通路富集分析。

结果 患者 ADA 水平分析显示, ADA 可作为 CAR-T 细胞扩增的实用生物标志物, 且患者经历二次回输后 ADA 升高的患者 CAR-T 细胞扩增更明显受限。ADA 的升高与 B 细胞重建、IgM 升高相关, 且 ADA 升高可显著增加患者生存期缩短风险 ($HR=4.82$, $95\%CI$ 1.24~18.96, $p=0.0023$)。单细胞测序共收集了 20490 个通过质控的细胞, 拟时序分析结合 TCR 测序验证, 发现免疫原性较低的患者体内效应记忆 CAR-T 细胞具有转化为细胞毒性 CAR-T 细胞的能力, 且 CAR-T 持续性更强; 对免疫原性更强患者的 B 细胞研究发现其细胞增殖、免疫功能活化相关的基因上调, 相关通路富集, 可能产生更强的免疫效应。

结论 本研究通过本中心的实验和生物信息学验证, 证明 CAR-T 的免疫原性对治疗中 CAR-T 的扩

增和预后都有重要的影响，未来应将 CAR-T 免疫原性作为生物标志物常规监测，并可进一步深入研究，以更好地指导临床策略，提升诊疗个体化程度。

PO-1324

新一代 BTK 抑制剂联合利妥昔单抗、甲氨蝶呤、替莫唑胺治疗初诊原发中枢神经系统淋巴瘤患者的探索性研究

吴晨雪、薛磊、陈二玲、张旭晗、代香萍、陈元禄、王兴兵
中国科学技术大学附属第一医院（安徽省立医院）

目的 原发中枢神经系统淋巴瘤（primary CNS lymphoma, PCNSL）是一种侵袭性非霍奇金淋巴瘤，目前尚无标准的一线治疗方案。这项前瞻性研究旨在评估新一代 BTK 抑制剂联合利妥昔单抗、甲氨蝶呤、替莫唑胺（RMT）治疗初诊 PCNSL 患者的疗效与安全性。

方法 新诊断的 PCNSL、年龄大于 18 岁的患者入组，接受奥布替尼联合 RMT（ORMT）或泽布替尼联合 RMT（ZRMT）。给药：第 0 天利妥昔单抗 375 mg/m²，第 1 天甲氨蝶呤 3.5g/m²，第 2 天至第 6 天替莫唑胺 150mg/m²，第 4 天至第 28 天奥布替尼 150mg Qd 或泽布替尼 160mg Bid。每 28 天为 1 周期。

结果 截至 2024 年 5 月 8 日，共入组 8 例患者（ORMT 组 2 例，ZRMT 组 6 例），中位年龄为 59（31-71）岁。所有患者病变均累及颅脑深部且为多个病灶。总缓解率（ORR）为 100%，完全缓解（CR）为 62.5%（5/8），部分缓解（PR）为 37.5%（3/8）。中位随访时间为 11 个月，1 年总生存率（OS）和无进展生存率（PFS）均为 86%。ORMT 组 2 例均达 PR。ZRMT 组 ORR 为 100%，其中 CR 为 83.3%（5/6），PR 为 16.6%（1/6）。最常见的不良反应是贫血(50%)和白细胞减少(50%)，所有患者均未发生三级及以上不良反应。

结论 新一代 BTK 抑制剂联合 RMT 作为初诊 PCNSL 患者的一线治疗具有良好的疗效及安全性。

PO-1325

XPO1 Inhibitor Enhances Radiosensitivity in Central Nervous System Lymphoma

Yuchen Zhang, Bingzong Li
the Second Affiliated Hospital of Soochow University

Objective This study aims to explore the effects and molecular mechanisms of XPO1 Inhibitor combined with radiotherapy on lymphoma cells, providing new therapeutic strategies for patients with relapsed and refractory central nervous system lymphoma.

Methods 1. The proliferation inhibition effect of irradiation on three human lymphoma cell lines was initially evaluated using the CCK-8 assay (Cell Counting Kit-8, CCK-8). Subsequently, the proliferation inhibition effects of five small molecule drugs—XPO1 inhibitor KPT-330, immunomodulator lenalidomide, and BTK inhibitors ibrutinib, orelabrutinib, and zanubrutinib—on the same cell lines were assessed. The CCK-8 assay was also used to detect the proliferation inhibition effects of these five small molecule drugs combined with irradiation on the three lymphoma cell lines. Combination index (CI) values for KPT-330, lenalidomide, ibrutinib, acalabrutinib, zanubrutinib, and irradiation in lymphoma cells were calculated and compared using Calcsyn 2.0 software. To detect the proportion of apoptosis induced by KPT-330, radiotherapy, and their combination in lymphoma cells, Annexin V-FITC/7AAD double staining was performed. Lymphoma cell lines were treated with combinations showing better synergistic

indexes, and the apoptosis rate of cells in each group was detected by flow cytometry. Additionally, flow cytometry was used to examine the effect of KPT-330 and irradiation on the cell cycle of lymphoma cells. 2. Using a mouse central nervous system lymphoma orthotopic transplantation model, tumor size was monitored with a small animal magnetic resonance imaging system. The body weight and survival period of mice in different treatment groups were recorded to evaluate the efficacy of the therapies. Additionally, the safety of the treatment regimen combining KPT-330 with radiotherapy was assessed through hematoxylin-eosin staining to examine potential histopathological damage in major organs. 3. After treating the SU-DHL-2 lymphoma cell line with KPT-330 and irradiation, differential protein-coding genes were analyzed using high-throughput transcriptome sequencing. Enrichment analysis of these differential genes was performed using GO (Gene Ontology Resource), KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes), and GSEA (Gene Set Enrichment Analysis) databases. This comprehensive analysis aimed to elucidate changes at the transcriptome level, including cellular signaling pathways and biological processes in lymphoma cells. To further investigate, DNA damage and repair levels in lymphoma cells treated with KPT-330, IR, and the combination of KPT-330+IR were detected using qPCR and western blot. The expression levels of DNA damage repair-related proteins BRCA1 and BARD1 were measured. Furthermore, potential transcription factors that may regulate BARD1 were screened using promoter data from the UCSC Genome Browser. These transcription factors were verified by ChIP-qPCR to confirm their regulatory roles.

Results 1. Irradiation at different doses inhibited the viability of lymphoma cells, demonstrating a proliferation inhibition effect. Lenalidomide, ibrutinib, acalabrutinib, and zanubrutinib alone had no significant effects on the three lymphoma cell lines. The IC₅₀ values of ibrutinib in the three lymphoma cell lines were 6.49 μ M, 10.77 μ M, and 12.84 μ M, while the IC₅₀ values of KPT-330 were 1.98 μ M, 1.29 μ M, and 5.25 μ M, respectively. The combination of the five drugs with irradiation exhibited varying degrees of cytotoxic effects on lymphoma cells. Specifically, lenalidomide, ibrutinib, acalabrutinib, and zanubrutinib combined with irradiation did not show synergistic effects. In contrast, KPT-330 combined with irradiation exhibited synergistic effects, enhancing the sensitivity of lymphoma cells to radiotherapy. Flow cytometry results indicated that, compared to the single drug group and the radiotherapy alone group, the combination therapy group significantly increased the apoptosis rate of lymphoma cells. After 48 hours of KPT-330 intervention, lymphoma cells were induced to arrest in the G1 phase of the cell cycle. Cells exposed to irradiation alone were induced to arrest in the S phase of the cell cycle, whereas the combination therapy group induced lymphoma cells to arrest in the G1 phase of the cell cycle. 2. In vivo results demonstrated that the combination therapy group significantly prolonged survival compared to the single drug and radiotherapy alone groups. The body weight of mice in the single drug and radiotherapy alone groups was better maintained than that of the control group, and the body weight of mice in the combination therapy group was better maintained than in the single drug and radiotherapy alone groups. KPT-330 combined with radiotherapy showed a strong synergistic effect, effectively inhibiting the growth of central nervous system lymphoma. Histopathological analysis revealed no significant damage to major organs such as the heart, liver, spleen, lungs, and kidneys in the KPT-330 group, 4Gy group, KPT-330+4Gy group, 8Gy group, and KPT-330+8Gy group compared to the control group. Additionally, KPT-330 combined with radiotherapy did not cause adverse reactions in systemic organs, indicating the safety of this combination therapy. 3. Significant changes in gene transcription levels were observed across the single drug, radiotherapy alone, and combination therapy groups. Compared to the control group, a total of 1,627 genes were differentially expressed in the KPT-330 group, with 432 genes significantly upregulated and 1,195 genes significantly downregulated. RNA sequencing analysis indicated that KPT-330 may exert synergistic effects with irradiation through mechanisms involving DNA damage repair. The combination of KPT-330 and irradiation markedly increased the level of DNA damage in lymphoma cells. KPT-330 reduced the expression of BARD1, a protein related to DNA damage repair, thereby inhibiting DNA repair and synergistically enhancing the cytotoxic effects of radiotherapy on lymphoma cells. Using data from the University of California Santa Cruz (UCSC) Genome Browser to predict potential transcription factors that might regulate BARD1, we intersected these predictions with proteins affected by KPT-330-mediated nuclear export. Correlation analysis identified IRF3 as the only transcription factor

negatively correlated with BARD1. Western blot validation showed that IRF3 is activated and enriched in the nucleus following KPT-330 treatment. ChIP-seq analysis revealed that after KPT-330 treatment, IRF3 binds to the BARD1 promoter and inhibits its transcription, thereby impacting the DNA damage repair pathway.

Conclusion KPT-330, selected through small molecule drug screening, has demonstrated good synergistic effects with irradiation, effectively inhibiting the growth of lymphoma cells. KPT-330 combined with radiotherapy can inhibit the growth of central nervous system lymphoma and prolong the survival of mice. KPT-330 inhibits IRF3 nuclear export, leading to IRF3 binding to the BARD1 promoter and inhibiting its transcription, thereby impacting the DNA damage repair pathway. This mechanism enhances tumor sensitivity to radiotherapy, suggesting a potential therapeutic strategy for central nervous system lymphoma.

PO-1326

达雷妥尤单抗联合维奈克拉为基础的联合方案治疗复发难治 T 淋巴母细胞白血病/淋巴瘤的疗效研究

邵珊、刘慧霞、蒋瑛、李肃、魏道林、朱骏、王椿、赵初娴
上海闸新中西医结合医院

目的 探讨达雷妥尤单抗联合维奈克拉为基础的化疗方案在复发/难治 T 淋巴母细胞白血病/淋巴瘤 (T-ALL/LBL) 患者中的近期疗效。

方法 本研究纳入了 2023 年 1 月至 2024 年 5 月间上海闸新中西医结合医院收治的应用达雷妥尤单抗联合维奈克拉为基础化疗方案治疗的复发/难治的 T-ALL/LBL 患者 12 例。男性 9 例，女性 3 例，位年龄 25 (15-57) 岁。所有患者均应用维奈克拉 400mg 每天，依据患者血象及感染情况至第 14-21 天，维持最高血药浓度大于 2000ng/mL；达雷妥尤单抗 16mg/kg，每周一次，应用 2-4 周。部分患者加用脂质体米托蒽醌，培门冬酶，吡柔比星联合化疗，移植后复发患者连用短效干扰素行免疫诱导治疗。所有患者入组前均为未缓解，且接受过两次以上治疗，中位治疗次数为 4 (2-6) 次。

结果 达雷妥尤单抗联合维奈克拉为基础的治疗方案的总体有效率 75.0%，完全缓解率为 58.8%。既往治疗方案中不包含异基因造血干细胞移植的患者 7 例，4 例患者在 CR 后桥接移植均无病生存。3 例患者无效，均因疾病进展死亡，其中 1 例为挽救性移植后仍进展死亡，2 例更换其他化疗方案仍持续进展死亡。5 例为异基因移植术后入组者，4 例为移植后复发，1 例为 AML 移植继发第二肿瘤。其中 3 例患者获得 CR，均无病生存中，1 例患者获得 PR 后因经济原因未继续，后疾病进展死亡。1 例患者无效死亡。一年总生存为 58.3%。中位生存期未达到。仅有 2 例患者在首次应用达雷妥尤单抗时发生输注反应，无严重治疗相关不良事件。

结论 达雷妥尤单抗联合维奈克拉为基础的治疗方案在复发难治 T-ALL 患者中有较高的治疗反应率。可以作为未行异基因移植患者的桥接治疗方案，对于移植后复发的患者也可以作为维持治疗方案，延长无病生存期。

PO-1327

基于糖酵解相关基因构建弥漫大 B 细胞淋巴瘤预后模型

陈茵婷、李娟
中山大学附属第一医院

目的 弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (Diffuse Large B-cell Lymphoma, DLBCL) 是一种高度异质性疾病，这使得 DLBCL 的预后预测具有挑战性。糖酵解及其代谢产物乳酸在促进肿瘤发展方面起着至关重要

要的作用。本研究基于糖酵解、乳酸代谢相关基因构建 DLBCL 预后模型，旨在对 DLBCL 进行早期风险分层并探索不同预后 DLBCL 患者之间的功能差异。

方法 从 GEO 和 TCGA 数据库中获得 DLBCL 患者的基因表达谱和临床信息。通过共识聚类鉴定糖酵解相关分子亚型，采用单因素、多因素 Cox 分析、LASSO-Cox 回归构建 DLBCL 预后模型。使用外部数据集对所建立的预后模型进行验证。GO 和 KEGG 用于探索不同预后组之间功能富集的差异，并采用 GSEA 评估免疫浸润情况和免疫检查点差异。

结果 建立了包含 23 个基因的 DLBCL 预后模型，基于该模型所区分的高、低风险组患者生存具有显著差异 ($P < 0.001$)。ROC 曲线证实该模型对 DLBCL 预测效果良好。单因素和多因素 cox 回归分析提示该预后模型的风险评分可作为 DLBCL 患者的独立预后因素。此外，外部数据集也验证了模型的有效性及其准确性。功能富集分析发现高风险组和低风险组 DLBCL 的免疫微环境具有显著差异 ($P < 0.05$)。

结论 我们提出了一个可靠的 DLBCL 预后模型，该模型能够准确预测 DLBCL 患者的预后。功能富集分析提示免疫微环境差异是导致患者预后差异的重要因素。

PO-1328

华氏巨球蛋白血症合并急性淋巴细胞白血病一例并文献复习

黄磊、郭淑利
洛阳市中心医院

目的 华氏巨球蛋白血症是一类惰性淋巴瘤，临床特征为单克隆 IgM 升高，常伴有 MYD88L265P 和 CXCR4 基因突变。急性 B 淋巴细胞白血病临床特征为未成熟的淋巴细胞在骨髓、淋巴组织中增殖、聚集。这两类疾病同为 B 细胞来源血液系统恶性肿瘤，但其具有完全不同的临床表现和生物学特征，本文报道一例罕见的华氏巨球蛋白血症合并急性淋巴细胞白血病病例，通过文献复习，旨在提高临床淋巴瘤、白血病诊疗水平。

方法 病例特征：

2017 年 8 月，一名 60 岁男性，因“发热、纳差、消瘦半月”到我院就诊，检查示：贫血、单克隆 IgM 升高，骨髓可见大量 CD5-CD10-单克隆 B 淋巴细胞，基因示 MYD88L265P 阳性，诊断为 WM，予 R-CHOP 方案化疗 3 周期，M 蛋白下降不明显。2017 年 11 月起，予 VCD 方案化疗六周期，M 蛋白较前下降；后患者拒绝化疗，2018 年 6 月起服用沙利度胺维持治疗。2021 年 5 月，患者骨髓异常淋巴细胞、M 蛋白较前升高，予 R-CP 方案化疗两疗程，VCD 方案化疗两疗程，后因患者化疗耐受性差，更换为泽布替尼。至 2023 年 3 月，复查示白细胞明显升高 ($95 \times 10^9/L$)，骨髓示：原始/幼稚 B 淋巴细胞 45.7%，CD5-CD10-单克隆 B 淋巴细胞 39.7%，IgM 单克隆免疫球蛋白 0.8g/L，测序示：I 类变异 MYD88L265P，II 类变异 BCORL1、NR3C1、TET2、PHF6 等，淋系相关融合基因、Ph like、MEF2D、ZNF384 基因均阴性。合并 ALL，予 VDCP 方案化疗，后出现骨髓抑制、肺部感染，予抗感染、输血等支持治疗。复查骨髓 MRD 示：78.1%B-ALL 肿瘤细胞，12.7%CD5-CD10-单克隆 B 淋巴细胞，患者合并多重感染，体质差，不能耐受强化疗，更换为维奈克拉控制病情。

结果 患者出现重症感染、多脏器功能衰竭，最终死亡。

结论 WM 和 ALL 共存是非常罕见的，极少报道，且合并多种基因突变 (MYD88L265P, BCORL1、NR3C1、TET2、PHF6 等)，常规化疗效果较差，预后不良。维奈克拉在此类疾病中的疗效，有待进一步验证。

PO-1329

金雀异黄素对淋巴瘤荷瘤小鼠增殖与凋亡的体内外作用机制研究

陈祉悦^{1,2}、孙幸^{1,2}、倪军^{1,2}、施青青^{1,2}、孙梅^{1,2}、王方方^{1,2}、顾昊³、顾健^{1,2}

1. 江苏省苏北人民医院

2. 扬州市血液病研究所

3. 南京医科大学脑科医院神经内科

目的 探讨中药金雀异黄素对淋巴瘤鼠增殖、淋巴瘤细胞抑制、促进细胞凋亡的抗肿瘤效应及其作用机制。

方法 体外实验：采用金雀异黄素（Genistein, GEN）和环磷酰胺（Cyclophosphamide, CTX）对38B9淋巴瘤细胞予体外干预24h后，观察细胞活性（CCK-8检测法）、细胞凋亡（FCM法）、细胞线粒体膜电位（JC-1法）、凋亡蛋白Bcl-2和Bax（Western Blot法）。体内实验：采用鼠源淋巴瘤细胞株38B9对40只5-6周龄Balb/c雌性小鼠构建淋巴瘤小鼠模型，随机分对照组、荷瘤后未干预组、GEN组和CTX组等，每组10只，予影像学、组织病理学、FCM法评价成瘤。GEN组和CTX组按40mg/kg/d/只予不同药物灌胃7d，荷瘤未干预组予等量生理盐水灌胃7d，观察记录各组荷瘤鼠生存、体重及瘤径等，并于干预d7后予影像学评价各组小鼠肿瘤大小变化。瘤径约1.5cm时处死小鼠并取出瘤体组织，Western Blot检测凋亡蛋白表达。

结果 结果1、经GEN和CTX体内外干预均可有效降低淋巴瘤细胞活性、增加凋亡、下降凋亡蛋白Bcl-2/Bax表达，体外可降低线粒体膜电位（ $P<0.05$ ）。2、荷瘤未干预组小鼠体重随荷瘤时间延长先增加后降低，生存期明显短于干预鼠（ $P<0.05$ ）。3、GEN组鼠瘤细胞体积增长延缓、CTX组显著缩小，两组小鼠瘤重明显降低，生存期显著延长（ $P<0.01$ ）。

结论 GEN体内外均可抑制淋巴瘤细胞增殖、促进凋亡，具有良好的抗淋巴瘤效应。

PO-1330

ALK+间变性大细胞淋巴瘤合并噬血细胞综合征2例并文献复习

李梦瑶、张晓红、李霄雨、郭晓玲

河北医科大学第二医院

目的 探讨ALK+间变性大细胞淋巴瘤合并噬血细胞综合征的临床特点、诊断及有效治疗方案。

方法 回顾性分析河北医科大学第二医院收治的2例ALK+间变性大细胞淋巴瘤合并噬血细胞综合征临床资料，并进行文献复习。

结果 病例1，男性，58岁，以持续高热起病，经淋巴结活检确诊ALK+间变性大细胞淋巴瘤，抗感染治疗后症状未见好转，后确诊噬血细胞综合征，给予4个疗程CHOPE方案同时治疗淋巴瘤和噬血细胞综合征，评估噬血细胞综合征达部分缓解，淋巴瘤为完全缓解，出院后18个月评估疾病呈持续缓解状态。病例2，男性，17岁，以急性胰腺炎起病，腹部CT提示多发肿大淋巴结，经淋巴结活检确诊ALK+间变性大细胞淋巴瘤，同时合并噬血细胞综合征，先后给予依托泊苷+地塞米松联合化疗治疗噬血细胞综合征，BV+CHPE方案治原发病，因患者病情危重，治疗1个疗程后自动出院。

结论 ALK+间变性大细胞淋巴瘤合并噬血细胞综合征罕见且病情凶险，两者症状存在交叉重叠之处，不易诊断，所以临床医师应早发现、早诊断、早治疗，以提高患者生存率及预后。

PO-1331

探究伴包块弥漫大 B 细胞淋巴瘤的预后分析

戴敏、苏畅

中山大学附属第一医院

目的 旨在分析伴可测量包块弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (Diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL) 的预后因素, 并探讨可能影响 DLBCL 预后的最大肿瘤直径 (Maximum Tumor Diameter, MTD) 界值。

方法 回顾性分析 2011 年 8 月至 2023 年 9 月在中山大学附属第一医院诊断的 441 例具有可测量包块的 DLBCL 患者。采用 ROC 曲线得出 MTD 界值, 并以阈值为界分组比较。组间比较采用 Mann-WhitneyU 检验、 χ^2 检验或 Fisher 精确概率法。采用 Kaplan-Meier 法及 Log-rank 检验比较组间总生存期的差异。采用单因素分析法评估临床特征、实验室检查及病理特征的预后意义。采用 Cox 比例风险模型多因素分析 MTD \geq 5cm 是否为总生存期的独立预后危险因素。

结果 ROC 曲线分析结果显示, MTD 的最佳阈值为 5cm。与 MTD $<$ 5cm 组 DLBCL 患者相比, MTD \geq 5cm 组 DLBCL 患者具有更差的总体生存期, 差异具有统计学差异 ($P=0.000$)。单因素分析结果显示发病年龄 \geq 60 岁、LDH 水平异常、ALB 水平降低、ALC $<$ 1 \times 10⁹/L、结外受累数目 \geq 2 个、中枢受累、MTD \geq 5cm、ECOG 评分 $>$ 1 分、IPI 评分 \geq 3 分、Ann Arbor 分期为进展期 (III-IV 期) 为伴包块 DLBCL 的不良预后因素。多因素分析结果显示发病年龄 \geq 60 岁 ($P=0.003$)、中枢受累 ($P=0.025$) 和 MTD \geq 5cm ($P=0.000$) 是伴包块 DLBCL 的独立危险因素。

结论 1、MTD \geq 5cm 是 DLBCL 患者的一个独立的预后不良因素。

2、与 MTD $<$ 5cm 组 DLBCL 患者相比, MTD \geq 5cm 组 DLBCL 患者具有更差的总体生存期。

PO-1332

CAR-T 细胞治疗复发/难治性 CD5 阳性弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的治疗优势及安全性研究

罗辉、李童娟、孟凡凯、洪振亚、曹阳、王高翔、周晓曦

华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 CD5 阳性 (CD5+) 的弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 约占 DLBCL 的 5%-10%, 相比于 CD5 阴性的具有更差的预后, 更容易进展为复发/难治性 (r/r) 的 DLBCL。r/r CD5+ DLBCL 对二线及以上治疗和移植的治疗反应性都很差, 迫切需要探索新的治疗方法来提高这类 DLBCL 的治疗效果。本研究首次总结了 CAR-T 治疗在 r/r CD5+ DLBCL 中的治疗效果和安全性。

方法 本研究纳入了 25 例 r/r CD5+ DLBCL, 包括 14 例 CAR-T 治疗患者 (13 例来自 NCT05388695 临床试验和 1 例来自 ChiCTR-OPN-16008526) 和 11 例非 CAR-T 治疗患者作为对照, 应用统计学的方法比较两组之间基线、治疗反应性和生存期。

结果 CAR-T 组与非 CAR-T 患者的基线均无显著差异。与非 CAR-T 组相比, CAR-T 组具有更高的客观缓解率 (18.18% versus 85.71%, $P = 0.001$) 和完全缓解率 (18.18% versus 65.29%, $P = 0.042$)。CAR-T 组的 1 年无进展生存率 (77.9% versus 18.2%, $P = 0.007$) 和总生存率 (84.4% versus 43.6%, $P = 0.020$) 均显著优于对照组。6 例接受 CAR-T 联合自体造血干细胞移植 (ASCT) 的患者在治疗 3 个月内均达到完全缓解, 随访期间无疾病进展或死亡。此外, 大部分 CAR-T 治疗的患者治疗期间仅出现轻微不良反应, 无治疗相关死亡。

结论 我们的研究表明 CAR-T 疗法对于 r/r CD5+ DLBCL 在缓解率和远期疗效方面相比于非 CAR-T 治疗具有明显优势。CAR-T 单药或联合 ASCT 治疗 r/r CD5+ DLBCL 是一种非常有前景的选择。

PO-1333

对比 GDP 与 CHOP 方案在非特异性 外周 T 细胞淋巴瘤中的治疗效果

李英新
邢台市第一医院

目的 对比 GDP 与 CHOP 方案在非特异性外周 T 细胞淋巴瘤中的治疗效果。

方法 将 2016 年 1 月-2021 年 8 月在我院血液科治疗的 110 例非特异性外周 T 细胞淋巴瘤患者随机分为两组，每组各 55 例，对照组使用 CHOP 方案，观察组使用 GDP 方案，对比两组的近期疗效、毒副反应、T 淋巴细胞亚群变化、生存时间。

结果 观察组治疗有效率为 49.09%、临床控制率为 80.00%，明显高于对照组的 25.45%、61.82% ($P < 0.05$)；观察组恶心呕吐发生率低于对照组 ($P < 0.05$)，两组中性粒细胞减少、贫血、血小板减少、感染、心脏毒性、转氨酶升高等毒副反应发生率相当 ($P > 0.05$)；观察组治疗后 CD4+、CD4+/CD8+、VEGF、iNOS 明显高于对照组，CD8+ 明显低于对照组 ($P < 0.05$)；观察组 PFS、OS 均长于对照组，1 年、2 年生存率明显高于对照组 ($P < 0.05$)。

结论 GDP 方案在非特异性外周 T 细胞淋巴瘤中的治疗效果更好，有助于调节 T 淋巴细胞亚群，降低恶心呕吐发生率，延长 PFS 及 OS。

PO-1334

评价和分析普拉曲沙对促进外周 T 细胞淋巴瘤患者 预后改善所发挥的作用

原现华
邢台市第一医院

目的 评价和分析普拉曲沙对促进外周 T 细胞淋巴瘤患者预后改善所发挥的作用。

方法 将 2016 年 1 月-2021 年 8 月在我院血液科治疗的 110 例外周 T 细胞淋巴瘤 (PTCL) 患者随机分为两组，对照组使用 CHOP 方案化疗，在此基础上，观察组使用普拉曲沙治疗，对比两组的近期疗效、毒副反应、肿瘤及生存情况、各项血生化指标。

结果 观察组治疗有效率为 50.91%、临床控制率为 81.82%，明显高于对照组的 27.27%、61.82% ($P < 0.05$)；观察组恶心呕吐、乏力、脱发、PLT 减少、IV 度粒细胞减少、贫血、肝功能异常、心脏毒性、口腔炎、肺部感染等毒副反应发生率与对照组相当 ($P > 0.05$)；观察组骨髓中瘤细胞中位比例、包块直径均低于对照组，PFS、OS 均长于对照组 ($P < 0.05$)；观察组治疗后 CRP、LDH、WBC 均低于对照组，Hb、PLT 高于对照组 ($P < 0.05$)。

结论 普拉曲沙对促进 PTCL 预后改善有积极作用，能缩小肿瘤，提高生存受益，为临床靶向治疗提供了有力支持。

PO-1335

伴 11q 异常的伯基特样淋巴瘤 8 例临床研究

郭江睿、陈鹭珊、乐少华、邱燕燕、潘丽丽、刘庭波
福建医科大学附属协和医院

目的 探讨伴 11 号染色体长臂 (11q) 异常的伯基特样淋巴瘤的临床特征及预后。

方法 回顾性分析 2021 年 2 月至 2023 年 10 月福建医科大学附属协和医院收治的 8 例伴 11q 异常的伯基特样淋巴瘤患者的临床资料。

结果 8 例 11q 异常患者中男 6 例，女 2 例，中位年龄 10 (3-48) 岁，中位病程 1.5 (10 天~4 个月) 个月。临床表现为腹痛、腹胀 6 例，其中 4 例以肠腔占位、不全肠梗阻为主要表现；另腮腺肿物 2 例，其中 1 例为全身多系统侵犯。2 例系腮腺组织穿刺、1 例系胃镜组织活检，1 例系盆腔软组织穿刺活检标本，4 例系手术切除肿物标本，病理形态均呈典型生发中心 B 细胞淋巴瘤，类似伯基特淋巴瘤的特征和表型。FISH 11q 探针检测显示，6 例 11q23.3 的获得，8 例 11q24.1 的端粒缺失，6 例上述位点获得和缺失同时存在。FISH 显示 8 例患者 C-MYC、BCL2、BCL6 等基因断裂重排均阴性。PET/CT、MR 及骨髓病理、流式免疫分型等评估 1 例患者均存在中枢神经系统，2 例骨髓累及。根据 Lugano 分期，II 期患者 2 例，III-IV 期患者 6 例，有大包块患者 4 例。治疗方面 2 例分别因“重症甲流感染、全身多系统浸润”，病程进展迅猛，无化疗机会。2 例儿童患者予 SCCCGBL-2017 方案化疗，2 例成人患者予 R-Hyper-CVAD 方案，另 2 例成人患者予 R-CHOP21 方案化疗，早期评估疗效 6 例患者均达到完全缓解，中位随访 22.5 (15~38) 个月均无事件生存。

结论 伴 11q 异常的伯基特样淋巴瘤发病率极低，较为罕见，临床表现多样，诊断主要根据 FISH 检测存在 11q 异常，无 MYC、BCL2、BCL6 重排为其重要诊断要点。该类疾病部分侵袭性极强，对免疫化疗敏感，取得完全缓解的患者预后良好。

PO-1336

The m6A reader IGF2BP2 Regulates natural killer cell inhibition by attenuating cGAS-STING pathway

Song Hu
医学基因组学国家重点实验室

Objective N6-Methyladenosine (m6A) modification and its modulators play critical roles and show promise as therapeutic targets in human cancers, including Peripheral T-cell lymphoma (PTCL). IGF2BP2 was recently reported as an m6A binding protein that enhances mRNA stability and translation. However, its function in PTCL remains largely elusive.

Methods Here we report the oncogenic role and the therapeutic targeting of IGF2BP2 in PTCL. High expression of IGF2BP2 is observed in PTCL. Loss of IGF2BP2 prolonged animal survival in a human PTCL xenograft model.

Results IGF2BP2 promotes PTCL development by attenuating immune responses, especially the immune infiltration of NK cells in an m6A-dependent manner.

Conclusion Collectively, our results reveal a role of IGF2BP2 and m6A modification in immune responses and highlight the potential of targeting IGF2BP2 as a promising therapeutic strategy in PTCL.

PO-1337

Baseline total lesion glycolysis of 18F-FDG PET/CT predicts clinical outcome in early-stage natural killer/T-cell lymphoma

Xiao Gao, Jie Xiong, Xin-Yun Huang, Hao-Xu Yang, Hui-Juan Zhong, Shu Cheng, Wei-Li Zhao
Shanghai Jiao Tong University School of Medicine Affiliated Ruijin Hospital

Objective To investigate baseline positron emission tomography (PET)/computed tomography (CT) as a measure of total tumor burden to better identify high-risk patients with early-stage natural killer/T-cell lymphoma (NKTCL).

Methods Patients with stage I/II NKTCL receiving pegaspargase-based regimens originated in two individual clinical trials (NCT02825147 and NCT02631239) from 11 clinical centers in China (M-HOPES network) with available PET/CT were included. Total lesion glycolysis (TLG), standardized uptake value, and metabolic tumor volume were measured on baseline PET. The interim or endpoint Deauville scale (DS) was calculated by comparing post-treatment and baseline PET/CT. Circulating EBV DNA was dynamically documented pre-and post-treatment. A total of 249 patients were eligible, of whom 219 were included in this study. The prognostic value of TLG was evaluated in training (n = 147) and validation cohort (n = 72) with a median follow-up of 37 months and compared with DS and EBV DNA.

Results TLG was a prognosticator of progression-free survival (PFS) and overall survival (OS), with 86.11% and 91.30% sensitivity and 55.77% and 53.25% specific, respectively, which outperformed the risk model based on post-treatment DS and circulating EBV DNA. Five-year PFS and OS were 69.46% and 77.24% in the high-TLG group (≥ 75 g), vs 92.19% and 96.82% in the low-TLG group (< 75 g). Exploratory biomarker analysis showed that high TLG may reflect an immunosuppressive signature with tumor infiltration with inflammatory dendritic cells.

Conclusion Baseline TLG, reflecting an immunosuppressive status, was a strong prognostic marker for therapeutic response and long-term survival in patients with early-stage NKTCL treated with pegaspargase-based regimens.

PO-1338

EB 病毒过度激活 STING 通路抑制 CD8+T 细胞功能介导外周 T 细胞淋巴瘤免疫逃逸的机制研究

黄耀慧、赵维莅
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 外周 T 细胞淋巴瘤 (PTCL) 是一类高度异质性和侵袭性的淋巴瘤亚型, 患者 5 年生存率不到 30%。EB 病毒 (EBV) 是一种线性双链 DNA 病毒, 与淋巴瘤发生密切相关。我们近期研究显示约 50% PTCL 患者检测出 EBV 感染, 而 EBV 在 PTCL 中的致病机制尚未阐明。

方法 通过 PTCL 患者肿瘤组织 RNAseq、scRNAseq 分析 EBV 对患者肿瘤信号通路和肿瘤微环境的影响; 并从患者、细胞和动物模型三个层面, 应用 qPCR、WB、共培养、多色流式等确认 EBV 对肿瘤细胞的促癌作用和微环境的影响。

结果 结合患者 RNAseq 数据分析发现 EBV 阳性 PTCL 患者存在包括 STING 通路在内多个信号通路活化, 以及色氨酸代谢酶 IDO1 的表达上调。体外实验验证 EBV+T 淋巴瘤细胞株中 STING 通路相关蛋白及 IDO1 表达升高。结合患者 scRNAseq 发现 EBV 阳性患者肿瘤微环境中 CD8+T 细胞增加, 且 LAG3 表达升高, 提示 CD8+T 细胞呈现耗竭状态。

结论 EBV 感染引起 PTCL 中 STING 通路失调，促使 IDO1 表达升高，进而诱导耗竭型 CD8+T 细胞增多，最终促使肿瘤细胞免疫逃逸。

PO-1339

经超声内镜引导细针穿刺联合辅助技术在淋巴瘤诊断及分型中的价值

张涵、赵楠平、程桂莲、张晓慧、陈萍、李炳宗
苏州大学附属第二医院

目的 评估经超声内镜引导细针穿刺（EUS-FNA）联合流式细胞术（FCM）、二代测序（NGS）等辅助技术在淋巴瘤诊断及分型中的作用。

方法 对苏州大学附属第二医院 2015 年 2 月至 2023 年 9 月期间疑诊为淋巴增殖性疾病（LPD）接受 EUS-FNA 的患者进行回顾性分析，收集患者的人口统计学、临床特征、恶性肿瘤病史、术前影像学、内镜检查、病理诊断、最终诊断、并发症等资料及随访信息。阳性病例定义为通过 EUS-FNA 获得的所有淋巴瘤结果。阴性病例定义为 1.病理为良性病变、经过至少 3 个月随访无任何临床、影像学进展且未接受其他干预性治疗 2.实体肿瘤。使用 MedCalc 软件对所有接受 EUS-FNA 的患者进行 2×2 四格表检验，包括敏感性、特异性、阳性预测值（PPV）、阴性预测值（NPV）和准确率评估。

结果 共纳入 106 例患者，其中男性 61 例（57.5%），中位年龄 62 岁，14 例患者有恶性肿瘤病史，其中血液系统肿瘤 7 例。30 例（28.3%）使用 19G 穿刺针，76 例（71.7%）使用 22G 穿刺针，目标穿刺病灶包括胃（n=5）、肝脏（n=5）、胆囊（n=1）、胆总管（n=1）、小肠（n=1）、胰腺（n=11）、肾上腺（n=4）、淋巴结（n=95，纵隔 26 例，腹腔 69 例），17.9% 的患者同时接受了前述 2 个类型目标病灶的穿刺。49 例（46.2%）最终确诊为淋巴瘤，46 例通过 EUS-FNA 诊断，其中 33 例可确定正确的病理学亚型。23 例进行了 FCM，69.5% 为阴性结果，但这些患者中仅 1 例为 LPD，其余 15 例最后均诊断为淋巴瘤，FCM 诊断淋巴瘤的敏感性为 31.9%。16 例进行了 NGS 检测，在 15 例中检出淋巴瘤相关病理性突变和/或 IGH 重排，其中仅 1 例最终病理诊断为 LPD，且长期随访无任何恶性进展，其诊断淋巴瘤的敏感性为 86.7%，其特异性病理性突变及 IGH 重排可进一步辅助淋巴瘤亚型诊断。低级别非霍奇金淋巴瘤（NHL）的灵敏度较高，所有患者均未发生 EUS-FNA 相关不良事件。EUS-FNA 诊断淋巴瘤的灵敏度、特异度和准确率分别为 87.8%、100.0% 和 94.3%，联合辅助技术可将准确率提高至 97.2%。

结论 对于疑诊淋巴瘤患者，EUS-FNA 是一种灵敏及安全的诊断技术，联合 FCM、NGS 等辅助技术可进一步提高诊断准确率。

PO-1340

血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤的细胞来源特征研究

仇昱然
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 本研究旨在使用单细胞转录组测序技术鉴定正常 TFH 细胞和肿瘤 TFH 细胞的发育差异，以及鉴定血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤（AITL）的肿瘤来源，为后续靶向治疗提供依据。

方法 我们采用单细胞转录组测序技术对正常 TFH 细胞和 AITL 患者的肿瘤 TFH 细胞进行了比较分析。通过对单个细胞的基因表达模式、发育轨迹、转录因子网络、细胞互作进行分析，探究其发育

差异及肿瘤来源。

结果 我们发现正常 TFH 细胞和 AITL 患者的肿瘤 TFH 细胞在基因表达模式上存在显著差异，揭示了 AITL 发生过程中 TFH 细胞的发育阻滞。此外，我们成功鉴定了 AITL 的肿瘤来源，为该疾病的治疗提供了重要线索。

结论 本研究通过单细胞转录组测序技术深入探究了 AITL 的细胞来源特征，揭示了正常 TFH 细胞和 AITL 患者的肿瘤 TFH 细胞在基因表达模式上的差异，并成功鉴定了 AITL 的肿瘤来源。这为未来的靶向治疗提供了重要依据。

PO-1341

患者及其家庭成员对华氏巨球蛋白血症的知识、 态度和实践（KAP）的研究

杨杨、蔡真
浙江大学医学院附属第一医院

目的 华氏巨球蛋白血症（WM）属于惰性非霍奇金淋巴瘤（NHL），临床表现包括疲乏发热、体重减轻，及与高粘滞血症相关的症状。由于临床症状多样且复杂，可能导致诊断和治疗延迟。在公共卫生领域中进行 WM 的研究具有重要意义，定期参与随访和实施基本生活方式改变对 WM 患者的整体健康做出重要贡献。因此，强调在 WM 患者及其家属中进行 KAP 研究的必要性，有望加强沟通，指导治疗策略，并最终提高该特定患者群体的生活质量。

方法 以加入中国 WM 患者群的患者及其家属为对象。通过自填问卷收集人口学特征和 KAP 评分。

结果 共分析了 220 份有效问卷，其中 98 份（44.55%）来自患者。平均知识、态度和实践评分分别为 10.38 ± 4.07 （可能范围：0-16）、 15.78 ± 2.34 （可能范围：5-25）和 23.19 ± 3.31 （可能范围：6-30）。相关分析显示知识与态度（ $r = 0.1879$, $P = 0.0052$ ）以及知识与实践（ $r = 0.1670$, $P = 0.0132$ ）呈正相关。然而，态度和实践之间的相关性并不显著。结构方程建模（SEM）结果显示知识与态度（ $P = 0.312$ ）、知识与实践（ $P = 0.067$ ）之间没有直接影响。相反，态度对实践有直接且负面的影响（ $\beta = -0.10$, $P = 0.036$ ）。

结论 WM 患者及其家庭成员展现出中等水平的知识、态度和次优的实践。为了改善临床结果，考虑到干预措施对实践的直接和负面影响，干预措施应着重于改善态度。

PO-1342

Tislelizumab in combination with CPEL (Chidamide, Prednisone, Etoposide, Lenalidomide) followed autologous stem cell transplant (ASCT) in Patients with Relapsed or Refractory Hodgkin Lymphoma

yawen wang, Hongwei Xue, Wei Song, Shuxin Xiao
the affiliated hospital of Qingdao University

Objective Hodgkin lymphoma (HL) is a potentially curable disease. However, approximately 10% to 30% of patients experience primary refractory or relapsed (R/R) disease. Therefore, our objective was to assess the efficacy and safety of tislelizumab in combination with chidamide, prednisone, etoposide and lenalidomide (T-CPEL) as introductory treatment following autologous hematopoietic stem cell transplantation (ASCT) or tislelizumab and bendamustine (TB) as consolidation in R/R HL.

Methods Patients with R/R classic HL (cHL) who were received with tislelizumab in combination with the CPEL regimen were included in our retrospective cohort study.

Results Between January 2020 and December 2021, a total of 11 patients with R/R cHL were enrolled in the study. Out of these patients, five patients (45.5%) had refractory disease. The average number of previous systemic therapies was 1.9 (range, 1–6). All patients received at least 4 cycles of the T-CPEL regimen as an introductory treatment. Among the evaluable patients, there was an overall response rate (ORR) of 90.9%, with a complete remission (CR) rate of 36.4%. Five eligible patients underwent ASCT after receiving tislelizumab and bendamustine (TB), while six ineligibles only received TB consolidation therapy. The median follow-up was 21.6 months, and the expected 3-year PFS and OS rate was estimated to 81.8% and 100.0%, respectively. During the introduction regimen using the T-CPEL regimen, a total of 14 AEs were recorded, most of which were grade 1 or grade 2. No treatment - related deaths or discontinuation occurred.

Conclusion The salvage therapy consisting of tislelizumab plus CPEL demonstrated both effectiveness and tolerability in treating R/R cHL cases. Furthermore, following ASCT or TB therapy, there was an increased likelihood for achieving cure.

PO-1343

Molecular mechanisms and therapeutic prospects of immunotherapy in primary central nervous system lymphoma

Lin Zhong, Hong wei Wu
成都医学院第一附属医院

Objective Primary central nervous system lymphoma (PCNSL) is a rare extranodal non-Hodgkin's lymphoma that is confined to the brain, eyes, spinal cord, and cerebrospinal fluid (CSF). This disease is highly aggressive. Decades, high-dose methotrexate-based combination induction chemotherapy has become the standard treatment for PCNSL and has significantly improved patients' outcomes. However, some patients still develop disease recurrence or primary drug resistance. With an in-depth understanding of the pathophysiology of PCNSL, some immunotherapies, such as CD20 monoclonal antibodies, bruton tyrosine kinase (BTK) inhibitors, immunomodulatory drugs, immune checkpoint inhibitors, PI3K (phosphoinositide 3-kinase)/mTOR (mammalian target of rapamycin) inhibitors, and chimeric antigen receptor (CAR) - T cells have been gradually applied to PCNSL and have shown good efficacy. These immunotherapy drugs have led to new treatment strategies for PCNSL and have become a very promising area. Exploring the mechanisms, specific targets, and signalling pathways of immunotherapy and their interactions with the tumour immune microenvironment can provide a favourable basis for further exploration of immunotherapy. This review is aimed to explore the molecular mechanisms of different immunotherapies in PCNSL and summarize the recent progress in PCNSL immunotherapy.

Methods -

Results -

Conclusion -

PO-1344

ORP4/IP3R2 通过细胞内 Ca²⁺信号维持 Oxphos DLBCL 线粒体能量代谢的机制研究

崔杰克、王卫敏、李继伟
郑州大学第一附属医院

目的 Oxphos DLBCL 是 DLBCL 的一个亚型，其能量代谢模式不同于 warburg effect 效应，Oxphos DLBCL 通过氧化磷酸化供能，但机制尚未明了。本项目将探讨 ORP4 通过与 IP3R2 相互作用维持细胞内 Ca²⁺信号进而提供氧化磷酸化供能的机制。

方法 (1) 通过转录组测序比较 OxPhos DLBCL 和 no-OxPhos DLBCL 蛋白表达差异，进一步免疫组化和 western blot 验证 ORP4 表达差异；(2) 敲减氧化固醇结合蛋白相关蛋白 4 (ORP4) 后，检测 ATP、耗氧量 (OCR) 和乳酸含量，体内检测细胞生长；(3) 酵母双杂交筛选与 ORP4 相互作用蛋白，进一步免疫共沉淀和激光共聚焦验证相互作用蛋白；(4) ORP4 敲减后，激光共聚焦检测细胞内 Ca²⁺信号，western blot 检测自噬相关蛋白表达。

结果 (1) ORP4 在 OxPhos DLBCL 表达明显升高；(2) ORP4 敲减后导致 OxPhos DLBCL 细胞内 ATP 水平和 OCR 降低，乳酸含量升高，并引起 OxPhos DLBCL 自噬性死亡；(3) ORP4 与细胞内 Ca²⁺通道蛋白 IP3 受体 2 (IP3R2) 相互作用；(4) ORP4 敲减后细胞内 Ca²⁺水平明显降低，自噬相关蛋白表达明显升高。

结论 ORP4/IP3R2 通过细胞内 Ca²⁺水平维持 OxPhos DLBCL 氧化磷酸化供能，为 DLBCL 诊治提供新的靶点。

PO-1345

外周血脂代谢活化反映了外周 T 细胞淋巴瘤的预后且与肿瘤免疫抑制微环境相关

秦瑶、夏盼慧、高晓、仇昱然、胡松、王聪、蔡铭慈、王文芳、熊杰、赵维莅
上海交通大学附属瑞金医院

目的 本研究旨在探讨外周血脂代谢活化和外周 T 细胞淋巴瘤 (PTCL) 患者中的预后意义及其与肿瘤免疫抑制微环境的关系。目标包括：(1) 分析 PTCL 患者脂代谢状态与临床基线特征的关联；

(2) 评估脂代谢活化对不同 PTCL 亚组患者预后的影响；(3) 通过转录组和单细胞转录组数据，揭示脂代谢活化在 GPCR 信号通路及免疫细胞类型上的特异性变化，及其与免疫检查点基因、细胞因子和肿瘤代谢指标的相关性。

方法 我们收集了瑞金医院 2013 年 1 月至 2023 年 6 月初诊的 PTCL 患者，根据 FFA 和 HDLC 的中位数，将其分为两组：FFA 高且 HDLC 低为脂代谢活化组，FFA 低且 HDLC 高为脂代谢非活化组。在临床基线特征、转录组和单细胞转录组层面进行了多方面分析。

结果 本研究共纳入 621 例 PTCL 患者，其中 NKTCL 280 例 (45.09%)，AITL 138 例 (22.22%)，PTCL-NOS 92 例 (14.81%)，ALK+ALCL 48 例 (7.73%)，ALK-ALCL 45 例 (7.25%)，MEITL 18 例 (2.90%)。我们主要对占比超过 10% 的亚组进行后续分析。在临床基线特征方面，脂代谢活化组患者的 LDH、ECOG、Ann Arbor、IPI 评分显著高于非活化组，且 EBV-DNA 阳性显著多于非活化组。在预后方面，脂代谢活化患者在三亚组中的 PFS 显著低于非活化组患者，P 值分别为 0.001、0.006 和 0.003，OS 也显著低于非活化组患者，P 值分别为 <0.001、0.017 和 0.001。在转录组层面，GESA 分析显示三亚组均与 GPCR 信号通路显著富集，其中 NKTCL 显著负富集 (NSE=-1.508, FDR q-value=0.009)，AITL (NSE=1.120, FDR q-

value=0.254) 和 PTCL-NOS (NSE=1.309, FDR q-value=0.125) 显著正富集。NKTCL 显著负富集的基因主要为 A 类孤儿受体, AITL 显著正富集的基因主要为趋化因子配体, PTCL-NOS 显著正富集的基因主要为 G 蛋白和 G 蛋白信号调节因子。在单细胞转录组层面, NKTCL 中 FFA 与 M-MDSC 细胞显著正相关, HDLC 与有效 CD8+T 细胞显著正相关。在 AITL 中, FFA 与 pDC 细胞显著负相关。此外, 在 NKTCL 和 AITL 中, FFA 和 HDLC 与多个免疫检查点基因、外周血细胞因子 (IL2R、IL6 和 IL10)、肿瘤代谢指标 (LDH、PET-CT 指标 MTV 和 TLG) 均有显著相反的相关性。

结论 在异质性很高的 PTCL 中, 脂代谢活化是影响预后的共性。脂代谢活化反映了 PTCL 患者 G 蛋白偶联受体信号通路的变化, 也反映了 PTCL 患者肿瘤免疫抑制微环境。这些发现为 PTCL 的临床管理和新型治疗策略提供了新的见解。

PO-1346

Single-Cell Atlas of CD19 CAR-T Cells from 85 Patients with Relapsed/Refractory Large B-Cell Lymphoma: Unveiling Potential Resistance Mechanisms

梁晓杰¹、卢伟祥¹、骆栢维²、林炳昱²、王亮¹

1. 首都医科大学附属北京同仁医院血液科

2. 南方医科大学南方医院血液科

目的 CART19 细胞疗法在复发/难治性大 B 细胞淋巴瘤 (rrLBCL) 治疗中展现出突破性疗效。然而, 患者间持久反应的差异提示我们, 深入理解治疗响应与抵抗的分子机制对优化 CART19 疗法至关重要。

方法 采用 scRNA-seq 分析, 对 85 名接受 CART19 治疗的 rrLBCL 患者的输注产品进行深入研究, 共 432,770 个细胞, 旨在探究 CD4+ 和 CD8+ T 细胞亚群的异质性及其与治疗反应的关系。

结果 我们发现了 CD4+ 和 CD8+ T 细胞亚群在治疗反应性上的差异。在 CD4+ T 细胞中, 识别了 17 个细胞簇共五个主要群体: 幼稚 T 细胞、辅助记忆细胞、细胞毒性 T 细胞、调节性 T 细胞和处于增殖状态的 T 细胞群。比较 CR (完全缓解) 组和 NR (无反应) 组患者的 T 细胞亚群分布时, 发现 CR 组中大部分类型的辅助记忆细胞的比例更高, 而 NR 组中 Th2 和 Treg 细胞的比例更高, 已知这两种细胞与 CART19 的治疗抵抗性有关。此外, 终末分化效应记忆或效应细胞 (Temra) 在 CR 组中比例较高, 而终末效应细胞 (Terminal effector) 在两组间无显著差异。CD8+ T 细胞聚类为 5 大类共 14 个细胞簇, 包括幼稚 T 细胞、中央记忆细胞 (Tcm)、效应记忆细胞 (Tem)、未特殊分类的记忆细胞和其他处于较为活跃的增殖状态的 T 细胞群。在其他活跃增殖状态的 T 细胞群中, 大部分细胞在 CR 组的比例更高, 除了 STAT1+NPM1+ CD8+ T。值得注意的是, Tem 中除了 Temra 在 CR 组的比例更高外, 其余 Tem 类型细胞在 NR 组的比例相对更高。幼稚 CD8+ T 细胞在两组间无明显差异。功能富集分析揭示, 在 NR 组中, 无论是 CD4+ T 还是 CD8+ T 细胞, 多种代谢通路、剪接体通路、细胞周期和 RNA 加工处理通路的抑制, 而免疫反应、抗病毒反应、外源性细胞凋亡和双链 RNA (dsRNA) 传感下游信号传导调节等通路上调。这些发现与剪接体抑制诱发的“病毒拟态”现象相符, 即剪接体抑制可通过激活内源性逆转录病毒元件, 引起内源性核酸 (如 dsRNA) 增多, dsRNA 会激活 RIG-I/MDA5-MAVS 通路及其下游抗病毒免疫通路, 如干扰素通路, 并导致细胞外源性凋亡。基于以上数据和背景, 我们提出假设: 剪接体抑制可能导致内源性逆转录病毒元件激活, 引起细胞内 dsRNA 增多, 激活干扰素通路和外源性细胞凋亡, 导致 CART 细胞自身加速死亡, 这可能是 CART 细胞体内持久性差、治疗抵抗的原因之一。这一假设得到了我们对免疫相关通路、dsRNA 结合蛋白、dsRNA 传感器、外源性细胞凋亡关键酶等在 NR 组的 CD4/8 T 细胞中上调的分析结果的支持。

结论 本研究揭示了 CART 治疗中 CD4+ 和 CD8+ T 细胞亚群的异质性, 并在“病毒拟态”现象的框架

下提出了治疗抵抗性的分子机制。我们认为，这些发现对于提高 CART 治疗的响应性和持久性具有重要意义，并期待未来研究能进一步验证和扩展我们的发现。

PO-1347

PD-1 抑制剂为基础的方案成功治疗 肺淋巴瘤样肉芽肿 1 例病例报告和文献复习

刘晓艳、高琪、仵菲斐、贾君丽、曹莉、余庆峰、张丹丹、赵武干、马杰
郑州大学第一附属医院

目的 提高对淋巴瘤样肉芽肿(Pulmonary lymphomatoid granulomatosis, PLG)的认识，探索新的治疗方案。

方法 回顾性分析我院收治的 1 例肺淋巴瘤肉芽肿患者的诊治经过。

结果 老年患者，以“体检发现右上肺占位 8 月余”于 2021 年 5 月 12 入院，PET-CT 示右上肺软组织影（5.3cm×6.7cm，SUVmax 19.8），纤维支气管镜穿刺活检病理：肉芽肿性炎伴坏死，倾向结核，送检样本中未检测到结核分枝杆菌 DNA，后肺穿刺活检病理回示：淋巴瘤样肉芽肿,3 级，免疫组化：EBER(+,>50 个/HPF), PD-L1(+约 60%),PD-1(+),P53(+约 60%,强弱不等)，血浆 EBV-DNA 低于检测下限，诊断为：淋巴瘤样肉芽肿，3 级（累及右肺上叶，右肺门、纵隔、左肺门淋巴结）给予“利妥昔单抗+PD-1 单抗”方案化疗 6 疗程，期间 2 疗程 CT 评效 PR，4 疗程 CT 评效 SD，6 疗程后 PET-CT 评效 PD，又给予“PD-1 单抗+GemOx”方案 6 疗程，CT 评效 PR，给予“PD-1 单抗”维持治疗 1 年，截至最近一次随访，患者的总生存期(OS)为 40 个月，无疾病进展。

结论 PD-1 抑制剂为基础的方案可能为 PLG 提供另一种治疗选择。

PO-1348

米托蒽醌脂质体、吉西他滨和长春瑞滨联合或不联合 CD20 单抗（GVM±R）治疗复发难治侵袭性 非霍奇金淋巴瘤的 I 期临床研究

刘薇、黄文阳、徐燕、王婷玉、易树华、隋伟薇、王轶、王齐、于滕滕、阎禹廷、张帅帅、邹德慧、邱录贵
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 评估 GVM±R 方案治疗复发难治侵袭性非霍奇金淋巴瘤（RR aNHL）患者的安全性和有效性。

方法 一项单臂、开放、3+3 剂量递增的 I 期研究（NCT05299164），纳入 RR aNHL 患者。米托蒽醌脂质体共设定 4 个剂量水平：16、18、20、22 mg/m²。主要研究终点为米托蒽醌脂质体最大耐受剂量。

结果 截止 2024 年 3 月分析，共纳入患者 18 例，其中米托蒽醌脂质体 16、18、20 mg/m² 剂量组各纳入 6 例，均发生 1 例剂量限制性毒性（DLT），为 IV 级中性粒细胞减少症持续超过 7 天。所有患者均为 III-IV 期，既往治疗中位线数 1.5，中位年龄 47.5 岁（范围 23-70），IPI 评分 3-5 分 10 例（55.6%）。

所有患者最佳客观缓解率（ORR）为 66.7%（12/18），完全缓解率（CRR）为 50%（9/18），其中 18mg/m² 剂量组患者疗效最佳，ORR 83.3%（5/6）和 CRR 50%（3/6）。不同亚型 DLBCL，ORR 和 CRR 均 71.4%（5/7），T/NK 细胞淋巴瘤 ORR 63.6%（7/11），CRR 36.4%（4/11）。中位随访时间为 9.10 个月（95%CI: 6.41-11.79 月），中位无进展生存期为 11.04 个月（95%CI:

0.00-22.62 月), 中位总生存期未达到。与治疗相关不良事件 (≥ 3) 级主要为血液学毒性、发热性中性粒细胞减少症 (16.7%)、肺部感染 (16.7%)。

结论 GVM±R 治疗 RR aNHL 的 I 期初步数据显示一定的疗效和可控安全性, 经数据安全监查委员会综合方案多周期累及血液学毒性和初期疗效, 最终以 18mg/m² 作为 II 期推荐剂量继续探索。

PO-1349

Incidentally cured psoriasis in a patient with refractory diffuse large B cell lymphoma receiving CD19 CAR-T cell therapy: a case report

Songyun Wang,Zhang Bin,Wang Zesong,Huirui Wang
The Second Affiliated Hospital of Henan University of Science and Technology

Objective Chimeric antigen receptor T (CAR-T) cell therapy as a new treatment for cancers, there have been limited reports on the cure of immune-related skin diseases. We firstly report a case of successful CAR-T cell therapy on a patient with Refractory/Relapsed Diffuse large B cell lymphoma (R/R DLBCL) and incidentally cured his chronic generalized plaque psoriasis. The results of using CAR-T cell therapy to achieve an incidentally cure of psoriasis highlights the potential for exploring cell-based therapy in complex immune-related skin diseases.

Methods Molecular biology, CT, biopsy and other detection methods were used to diagnose the patient's disease.

CD19 CAR-T cells were prepared from autologous T cells, and patients were transfused multiple times.

PASI and the five-point method were used to record the area of psoriasis lesions in patients.

A one-year follow-up was conducted to record the efficacy of CD19 CAR-T cells in the treatment of refractory diffuse large B Cell lymphoma and psoriasis.

Results A 65-year-old male with known history of psoriasis for 43 years was initially admitted because of fever, fatigue, night sweats, and abdominal pain. Skin examination showed diffuse flaky erythema of difference sizes on trunk and limbs with fused plaques associated with silvery dry scales, consistent with known history of chronic generalized plaque psoriasis, Psoriasis area and severity index(PASI) score 64.8, which was not particularly treated by systemic therapies including biologics or other immunomodulators. Molecular biology, CT scans and enteroscopic biopsy showed that the patient was revealed ileocecal diffuse large B-cell lymphoma, non-germinal centre type. After several weeks standard dose of R-CHOP (Rituximab, Cyclophosphamide, Adriamycin, Vincristine, Prednisone) chemotherapy, there was partial remission, but the patient relapsed according to CT, and there was no significant improvement in patient's psoriasis symptoms. Subsequently, the patient was enrolled in the CD19 CAR-T cell therapy group. After 4 weeks of CAR-T cell infusion, the patient's abdominal pain was disappeared and there was significant improvement in overall skin lesions.

Conclusion As a surprising effect of CAR-T therapy on severe psoriasis besides lymphoma. One year later, follow-up results indicated a complete remission of R/R DLBCL (confirmed by PET-CT), with only minimal residual psoriatic skin lesions limited to the patient's neck. This case shed light on a novel and new therapeutic option for refractory psoriasis, which has always been challenging for dermatologists, and may provide inspiring evidence in better understanding the immunological mechanism of psoriasis. The significance of the finding is limited by its nature of a single case report and lack of further mechanistic exploration, which should warrant for future larger scale and more in-depth studies.

PO-1350

纳基奥仑赛注射液治疗复发或难治性大 B 细胞淋巴瘤的 I 期临床试验长期随访结果

刘薇¹、周可树²、宋永平²、邱录贵¹、王建祥¹、黄文秋³、冯义³、辛帅³、石琳³、王永增³、吕璐璐³、邹德慧¹

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

2. 河南省肿瘤医院

3. 合源生物科技（天津）有限公司

目的 探索纳基奥仑赛注射液（CNCT19）在复发或难治性大 B 细胞淋巴瘤（r/r-LBCL）适应症的 II 期推荐剂量，安全性以及初步疗效。

方法 研究采用 I 期、单臂、开放标签、“3+3”剂量递增的总体设计（NCT04232826）。纳入至少接受过二线系统性治疗的 r/r-LBCL 患者。在进行 FC 清淋预处理后，患者接受 CNCT19 回输，试验中设有三个剂量水平组（A:1×10⁸；B: 2×10⁸；C:4×10⁸ CAR+T 细胞）。

结果 2020-01-15 至 2022-11-01 期间，共 9 例患者单采并接受细胞回输（含 5 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤和 4 例滤泡转化的大 B 细胞淋巴瘤），中位年龄为 50 岁（范围 36 ~ 65 岁），77.8% 为 III/IV 期；既往接受过 2 ~ 4 线系统治疗，2 例接受过自体造血干细胞移植，且 55.6% 的患者基线肿瘤负荷 SPD>5000mm²。9 例患者中 3 例接受 A 剂量，6 例接受 B 剂量，均没有发生剂量限制性毒性。细胞因子释放综合征发生率 66.7%，均为低级别，未观察到免疫效应细胞相关神经毒性综合征。截止 2022-11-01，中位随访时间 24.1 个月，客观缓解率为 66.7%，完全缓解率为 55.6%，中位 DOR、OS 尚未到达，2 年的 PFS 率和 OS 率分别为 33.3% 和 66.7%。经数据监查委员会评估，A、B 剂量组疗效已达预期，因此未探索 C 剂量。

结论 纳基奥仑赛在 r/r-LBCL 患者中显示出良好的安全性和疗效，目标剂量 2×10⁸(±20%)CAR+T 细胞的 II 期临床试验(NCT04586478)正在全国多中心开展中。

PO-1351

Clinical and Molecular Characteristics of Patients with Double/Triple Hit Diffuse Large B-Cell Lymphoma

Yige Shen, Meng-Meng Ji, Qing Shi, Wei Tang, Hong-Mei Yi, Si-Yuan Chen, Zhong Zheng, Shu Cheng, Peng-Peng Xu, Wei-Li Zhao, Li Wang
Ruijin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

Objective High-grade B-cell lymphoma with MYC and BCL2 and/or BCL6 rearrangements (HGBL-DH/TH) represents a category of diffuse large B-cell lymphomas (DLBCLs) with poor response to standard immunochemotherapy. This study highlighted the significance of genetic and microenvironment alterations of HGBL-DH/TH to formulate potential treatment strategies. This study aimed to investigate the clinical characteristics and prognostic outcomes, and performed genomic and transcriptomic analyses to link the oncogenic mutations and microenvironment alterations of HGBL-DH/TH.

Methods A total of 116 patients with newly diagnosed HGBL-DH/TH were analyzed and further categorized as DHL-BCL2 (MYC and BCL2 translocation), DHL-BCL6 (MYC and BCL6 translocation), and THL. For genetic aberration detection, DNA sequencing was performed on 102 patients. Additionally, RNA sequencing was carried out on 27 patients to analyze the immune microenvironment.

Results When compared to DHL-BCL6, DHL-BCL2/THL possessed distinct features according to cell-of-origin (COO), with increased prevalence of germinal center B-cell-like (GCB)

subtype. THL had elevated serum lactate dehydrogenase (LDH) and a higher proportion of double expression (DE) than DHL-BCL2 and DHL-BCL6. In terms of prognosis, patients in the DHL-BCL2 and THL group presented dismal survival when compared with those in the DHL-BCL6 group. Moreover, intensive immunochemotherapy or combination with novel targeted agents tended to improve outcomes compared with those who received standard R-CHOP regimen. Autologous stem cell transplantation (ASCT) significantly improved the survival for patients who achieved complete remission or partial response upon first-line therapy. As for genetic mutations, the dominant lesions in DHL-BCL2/THL were alterations associated with epigenetic regulation and oncogenic pathways. Meanwhile, the dominant genetic lesions in DHL-BCL6 were alterations associated with cellular differentiation. The EZB genotype was more frequently observed in patients with DHL-BCL2 and THL, while the BN2 genotype was more frequently observed in patients with DHL-BCL6. DHL/THL with TP53 abnormalities had an inferior outcome. Further analysis revealed that the negative impact of genetic mutations on prognosis could be overcome by ASCT. As for immune microenvironment, the LME-DP subtype tended to be more frequent in DHL/THL patients, while no immune cell subsets showed significant differences among groups.

Conclusion DHL-BCL2/THL exhibited similar clinical characteristics, prognostic outcomes, and molecular features other than DHL-BCL6. Intensive immunochemotherapy and ASCT could be beneficial, but more evidence was required to optimize standard treatment, shedding lights on novel targeted therapies in HGBL-DH/TH.

PO-1352

The efficacy and safety of brentuximab vedotin for peripheral T-cell lymphoma: A systemic review and meta-analysis

Jiarun Li^{1,2}, Xiaoqi Wang^{1,2}, Xi Zhang^{1,2}

1. Medical Center of Hematology, Xinqiao Hospital of Army Medical University

2. Chongqing Key Laboratory of Hematology and Microenvironment

Objective Peripheral T-cell lymphoma (PTCL) is an extensive class of heterogeneous diseases with dismal outcomes. Brentuximab vedotin (BV) is an antibody–drug conjugate (ADC) comprising CD30-directed antibody. This review aimed to evaluate the efficacy and safety of BV for treating PTCL.

Methods We searched the PubMed, Embase, Cochrane Library and Web of Science databases for studies evaluating the efficacy of BV alone or in combination with other drugs for treating PTCL. The primary outcome measures included objective response rate (ORR), complete remission (CR), progression-free survival (PFS) and overall survival (OS). The secondary outcomes included 5-year OS, 5-year PFS and adverse events.

Results 22 studies involving 1137 patients were included. These studies reported the use patterns of BV, ORR, CR, PFS, OS, and adverse events. The pooled ORR and CR rate were 68% (95% CI: 59%–75%) and 43% (95% CI: 34%–53%). For survival outcomes, the longest median PFS was 8.3 months, and the longest median OS was 26.3 months. The most common adverse event was peripheral neuropathy and neutropenia.

Conclusion The analysis suggested that BV alone or in combination with other drugs improved the response and survival rates in PTCL patients and was associated with tolerable adverse effects.

PO-1353

Endothelial Activation and Stress Index (EASIX) to predict survival in T or NK cell lymphoma-associated hemophagocytic lymphohistiocytosis

Yimin Ren^{1,2}, Yi Miao^{1,2}, Wenyu Shi^{2,3}, Jianyong Li^{1,2}

1. 江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

2. Jiangsu Cooperative Lymphoma Group (JCLG) and Jiangsu Histiocytosis Association Lymphoma Group (JHALG), Nanjing, China

3. Affiliated Hospital of Nantong University, Nantong, China

Objective Lymphoma is the most common underlying cause for secondary hemophagocytic lymphohistiocytosis (HLH). In Asian countries, T or NK cell lymphoma-associated HLH (T/NK-LAHLH) is more common than B cell lymphoma-associated HLH. There are no established prognostic markers for T/NK-LAHLH. Endothelial Activation and Stress Index (EASIX) is a marker of endothelial activation and could predict mortality in patients treated with allogeneic stem cell transplantation. Whether EASIX could predict survival in T/NK-LAHLH remains to be determined.

Methods Patients with T/NK-LAHLH were included. EASIX was calculated by the formula: lactate dehydrogenase (U/L)×creatinine (mg/dL)/thrombocytes (10^9 cells per L). X-tile was used to determine the best cutoff of EASIX for survival prediction. 60 day-overall survival (60 day-OS) and overall survival (OS) was estimated by Kaplan-Meier method and log-rank test. Cox proportional hazard model for potential factors were conducted.

Results A total of 212 cases of T/NK-LAHLH were identified. The most common subtype of T/NK cell malignancy was extranodal NK/T cell lymphoma, nasal type (57, 26.9%) followed by aggressive NK cell leukemia (55, 25.9%) and peripheral T cell lymphoma, not otherwise specified (29, 13.7%). The best cutoff of EASIX for 60-day survival was 40.1. High EASIX values (> 40.1) was observed in 51 (24.06%) patients and low EASIX values (≤ 40.1) was observed in the other 161 (75.94%) patients. Patients with high EASIX values had a significantly poorer 60-day survival than those with low EASIX values (60-day survival rate: 15.6% vs. 63.9%, $p < 0.0001$). And patients with high EASIX also showed significantly poorer overall survival (median survival: 14 days vs. 79 days, $p < 0.0001$). Patients with high EASIX values displayed lower levels of hemoglobin, platelets, neutrophils and fibrinogen, and higher levels of alanine aminotransferase, aspartate aminotransferase, lactic dehydrogenase, triacylglycerol and soluble CD25 than patients with low EASIX values. By multivariate Cox regression analysis, advanced age [hazard ratio (HR) = 1.76, $p = 0.011$], decreased fibrinogen levels (HR = 1.67, $p = 0.023$) and high EASIX values (HR = 3.60, $p < 0.0001$) were independent risk factors of 60-day OS. A prognostic index based on EASIX and the other 2 factors (age and fibrinogen levels), as established to categorize the patients into 3 groups, showed outstanding discriminative ability in predicting both 60 day-OS and OS.

Conclusion Our study demonstrated that EASIX was a robust marker for predicting outcomes in patients with T/NK-LAHLH.

PO-1354

淋巴瘤化疗患者发生口腔黏膜炎的相关因素的分析

冉欣、黄秋萍、刘婷婷、蒋翠婷
重庆大学附属肿瘤医院

目的 对淋巴瘤化疗患者基本情况进行分析，并研究口腔黏膜炎的相关因素。

方法 筛选 2023 年 8 月-2021 年 1 月 170 例淋巴瘤化疗患者作为研究数据，患者基本资料进行分析，统计口腔黏膜炎发生率，并分析相关因素。

结果 170 例患者发生口腔黏膜炎 30 例，发生率 17.64% (30/170)。单因素分析：OM 患者化疗方法、化疗天数、中性粒细胞、白细胞与非 OM 患者之间差异显著， $P < 0.05$ 。OM 患者与非 OM 患者性别、年龄、肿瘤类型对比无差异， $P > 0.05$ 。经 Logistic 回归分析显示化疗方法、化疗时间、中性粒细胞、白细胞均属于引发口腔黏膜炎的危险因素， $P < 0.05$ 。

结论 淋巴瘤患者在进行化疗的过程中存在口腔黏膜炎风险，对引发疾病的相关因素分析，发现化疗时间、化疗方式、白细胞和中性粒细胞水平属于诱发疾病的危险因素，为临床疾病预防提供指导。

PO-1355

PI3K inhibitor combined with azacitidine for relapsed / refractory angioimmunoblastic T-cell lymphoma 5 cases and review of the literature

Qin Yang, Jiaqi Li, Hongzhi Geng, Liangyu Zeng, Ying Zhang, Zhaoxia Ma, Xiangping Zong, Wenzhi Cai, Depei Wu, Caixia Li

The First Affiliated Hospital of Soochow University

Objective To investigate the efficacy and safety of PI3K inhibitors combined with azacitidine in the treatment of relapsed / refractory angioimmunoblastic T cell lymphoma (r / r AITL).

Methods A retrospective analysis of the efficacy and safety of 5 r / r AITL patients treated by PI3K inhibitor combined with azacitidine in the Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of Soochow University from March 2023 to December 2023.

Results There were 3 male and 2 female among the five patients, with a median age of 58 (range 50 – 86) years at diagnosis. All patients Ann Arbor stages were III – IV, including three with bone marrow involvement, two experiencing relapse post-autologous hematopoietic stem cell transplantation and three with EB virus infection. One or more gene mutations such as RHOA, IDH2, TET2, DNMT3A and EP300 were detected by Next-Generation Sequencing (NGS) in 4 patients. All five patients achieved remission, with 2 achieving complete response (CR) and 3 achieving partial response (PR). The median follow-up was 164 (152-275) days, and median progression free survival (PFS) and overall survival (OS) were not reached. Adverse events were primarily grade 1-2, which were effectively controlled after supportive treatment, and no severe fatal adverse reactions occurred.

Conclusion The patients with r/r AITL lacked effective rescue treatment options and had a poor prognosis, the PI3K inhibitor combined with azacitidine regimen successfully rescued five cases of r/r AITL with few adverse reactions and good tolerability, which is worthy of further promotion and application.

PO-1356

淋巴瘤相关噬血细胞综合征患者高密度脂蛋白及其动态变化的临床意义

张菁¹、缪祎¹、施文瑜²、李建勇¹

1. 江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

2. 南通大学附属医院

目的 淋巴瘤相关噬血细胞综合征（HLH）患者的血脂异常较常见。本研究拟探讨血清脂蛋白在淋

淋巴瘤相关 HLH 中的临床意义。

方法 本研究纳入淋巴瘤相关 HLH 患者，收集了基线以及治疗后（治疗后首次检测，时间间隔 ≥ 14 天）血清低密度脂蛋白（LDL-c）和高密度脂蛋白（HDL-c）的水平。

结果 共纳入 169 例淋巴瘤相关 HLH 患者。161 例（95.3%）患者出现 HDL-c 降低（ < 1.03 mmol/L），145 例（85.8%）患者出现 LDL-c 降低（ < 2.6 mmol/L）。用于预测 60 天生存率的 HDL-c 最佳临界值为 0.50 mmol/L。HDL-c ≥ 0.50 mmol/L 患者的 60 天生存率显著高于 HDL-c < 0.50 mmol/L 患者（70.9%比 42.2%， $P < 0.001$ ）。HDL-c ≥ 0.50 mmol/L 患者总生存期（OS）也更长（中位 OS：346 天比 34 天， $P < 0.001$ ）。LDL-c 的水平对 60 天生存率和 OS 无显著影响。117 例（69.2%）患者具有 HDL-c 的动态数据。两次检测的中位间隔时间为 18（四分位间距：15-25）天。80.3%（94/117）的患者治疗后 HDL-c 水平升高。治疗后 HDL-c 与基线 HDL-c 的比值中位数为 1.67（四分位间距：1.05-2.48）。T/NK 细胞恶性肿瘤患者的该比值显著低于 B 细胞淋巴瘤患者（中位数 1.40 比 1.97， $P < 0.001$ ）。用于预测 60 天生存率的治疗后与基线 HDL-c 比值的最佳临界值为 0.78。比值 < 0.78 的患者 60 天生存率（42.4%比 76.6%， $P = 0.0035$ ）和 OS（中位 36 天比 407 天， $P < 0.001$ ）显著低于比值 ≥ 0.78 的患者。

结论 血清 HDL-c 及其动态变化是淋巴瘤相关 HLH 患者短期及长期预后的可靠指标。

PO-1357

贫血在初诊弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者中临床意义的研究

邴梦利、李炳宗、姚梦苏、张晓慧、陈萍
苏州大学附属第二医院

目的 探讨初诊合并贫血和不同贫血病因的弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）患者的临床特征和预后。

方法 回顾性分析 2014 年 1 月至 2023 年 6 月期间于苏州大学附属第二医院初诊的 DLBCL 患者，比较有无贫血患者的基线特征和预后相关因素；同时根据不同贫血病因将贫血患者分组，比较各组患者的基线特征和预后生存。

结果 共纳入 236 例初治 DLBCL 患者，其中贫血患者 153 例。发现贫血组患者更易合并 ECOG ≥ 2 分、白蛋白 < 35 g/L、B 症状、Ann Arbor III 或 IV 期、IPI ≥ 3 分和高血 LDH 和 $\beta 2$ -MG 的预后不良因素，且贫血组患者预后更差；根据贫血程度的分组显示，贫血最重组患者的 PFS 较差，而 OS 差异无统计学意义；ECOG ≥ 2 分为影响贫血患者 PFS 和 OS 的独立危险因素。贫血组 DLBCL 患者中，无明确病因贫血患者 66 例，有明确病因贫血患者 87 例，其中失血性贫血（46.0%），骨髓累及（28.7%），溶血性贫血（8.1%）较为常见。与有明确病因贫血患者相比，无明确病因贫血患者更不易合并预后不良因素，但两组间预后无明显差异。

结论 初诊 DLBCL 患者贫血发生率高，贫血组患者易合并预后不良危险因素，且预后较差，对于临床上无明确病因贫血的 DLBCL 患者，临床医生应重视其存在并关注可能预后结局。

PO-1358

CHOP 方案无法满足初治皮下脂膜炎样 T 细胞淋巴瘤的治疗需求： 一项 32 例患者的回顾性研究

陈超¹、尹晶晶²、王为¹、赵丹青¹、魏冲¹、贾从伟³、张薇¹、周道斌¹、张炎¹

1. 中国医学科学院北京协和医院血液内科

2. 北京医院血液内科

3. 中国医学科学院北京协和医院病理科

目的 皮下脂膜炎样 T 细胞淋巴瘤 (SPTCL) 是一种罕见的皮肤淋巴瘤亚型。由于其罕见性，大多数研究是回顾性分析和病例报告，标准治疗尚未确定。作为亚洲最大规模的 SPTCL 回顾性研究，本研究旨在通过分析中国 SPTCL 患者的临床数据，探索相应领域的空白。

方法 该回顾性研究纳入 1997 年至 2017 年间在北京协和医院新诊断的 32 例 SPTCL 患者，分析其临床特征、病理结果、治疗反应及预后因子。

结果 纳入患者中位年龄为 27 岁，其中 56.3% 为女性，50% 的患者 PIT 评分 ≥ 2 ，28.1% 的患者合并噬血细胞综合征。组织病理学通常显示个别脂肪细胞被不典型淋巴细胞包围，表型通常为 CD3+、CD4-、CD8+、CD56-。28 例患者接受了 CHOP 类似方案作为一线治疗。诱导治疗的总体反应率和完全缓解率分别为 42.9% 和 35.7%。中位无进展生存期和总体生存期分别为 3.2 个月和 147.5 个月。单变量分析显示，合并 HLH 和 PIT 评分 ≥ 2 是较短 PFS 的指示因素。

结论 作为亚洲最大规模的 SPTCL 回顾性研究，该结果表明 CHOP 及类似方案不足以作为一线治疗方案，需要探索更佳治疗策略。

PO-1359

Role of disulfidptosis-related genes in classification, immune microenvironment and prognosis of DLBCL

Bingjie Fan, Wang Jishi

Affiliated Hospital of Guizhou Medical University

Objective Diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) is the most common type of non-Hodgkin's lymphoma. Disulfidptosis is a recently discovered form of cell death induced by cystine accumulation that has not been studied in DLBCL.

Methods In this study, DLBCL samples from The Cancer Genome Atlas (TCGA) and Gene Expression Omnibus (GEO) databases were collected. The samples were classified into DRGs subtypes and gene subtypes by consensus cluster analysis. The differentially expressed genes (DEGs) were analyzed by enrichment analysis. The risk model was established by Lasso regression and COX regression analysis. The immune microenvironment analysis were carried out in the two risk groups.

Results A total of 430 DLBCL samples were included after excluding patients with incomplete clinical information. DRGs subtypes A1 and B1 were constructed based on DRGs, and the prognosis of the A1 subtype was significantly better than that of the B1 subtype. The ssGSEA analysis showed that there were significant differences between the two subtypes in the infiltration level of 13 kinds of immune cells (56.5%). We constructed A2 and B2 gene subtypes, and most DRGs were higher in the A2 subtype than in the B2 subtype. Kaplan-Meier results showed that the prognosis of the B2 subtype was better than that of the A2 subtype. 11 key genes were included to construct a prognosis model. The results of tumor microenvironment (TME) analysis showed that the immunoscore and ESTIMATE score of the low-risk group were significantly higher than those of the high-risk group. The expression levels of 25 immune

checkpoint genes (65.8%) were significantly different between the two groups. In addition, the expression of DRGs in the immune microenvironment was analyzed using the single-cell database of DLBCL from the TISCH database. Finally, the differences in expression levels of three key genes were verified in 32 samples collected from our center.

Conclusion This study analyzed the role of disulfidptosis in the immune microenvironment, drug sensitivity and prognosis of DLBCL. In addition, our prognostic model provided guidance for the exploration of DLBCL in the field of disulfidptosis.

PO-1360

老年淋巴瘤相关噬血细胞综合征患者的临床病理及预后特征： 一项多中心研究

张菁¹、缪祎¹、施文瑜²、李建勇¹

1. 江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

2. 南通大学附属医院

目的 淋巴瘤是成人噬血细胞综合征（HLH）最常见的继发性病因。老年淋巴瘤相关 HLH 患者并不罕见，其临床病理及预后特征的报道较少。

方法 回顾性分析了 173 例老年淋巴瘤相关 HLH 患者的多中心队列，251 例年轻淋巴瘤相关 HLH 患者队列用于对比。

结果 与年轻患者相比，老年患者表现出不同的临床和实验室特征，如更低的白蛋白和更高的肌酐水平。在淋巴瘤亚型方面，B 细胞淋巴瘤在老年患者中更为常见（老年患者 61.3%比年轻患者 32.3%， $P<0.001$ ），而 T/NK 细胞淋巴瘤在年轻患者中更为常见（年轻患者 65.3%比老年患者 35.3%， $P<0.001$ ）。老年淋巴瘤相关 HLH 患者的中位生存期仅为 92 天。接受过 HLH 治疗或含依托泊苷的 HLH 治疗与总生存期的改善无关。T/NK 细胞亚型、较低的血小板计数（ $< 37 \times 10^9/L$ ）和较高的肌酐水平（ $> 62.05 \mu\text{mol/L}$ ）是总生存和 60 天生存率的独立危险因素。基于上述三个危险因素建立了预后模型，将患者分为低、中、高风险 3 组，中位生存期分别为 428 天、33 天、9 天（ $P<0.001$ ），60 天生存率分别为 72.0%、41.2%、0%（ $P<0.001$ ）。

结论 老年淋巴瘤相关 HLH 患者的临床特征和淋巴瘤亚型与年轻患者不同。老年淋巴瘤相关 HLH 患者的预后较差，尤其是 T/NK 细胞淋巴瘤患者。

PO-1361

中枢神经系统淋巴瘤患者的临床特征及预后分析

吕成兰、王晶、许景艳

南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 探讨中枢神经系统淋巴瘤(CNSL)患者的临床特征及预后。

方法 回顾性分析 2018 年 1 月至 2024 年 4 月在本医院收治的 64 例新诊断 CNSL 患者的临床特征、治疗方案与预后的关系。采用 Kaplan-Meier 生存曲线分析患者的总生存率(OS)和无进展生存率(PFS),分析不同治疗方案的总缓解率(ORR)，并分析影响患者生存的影响因素。

结果 64 例 CNSL 患者中，原发为 43 例（67.2%），继发为 21 例（32.8%），弥漫大 B 细胞淋巴瘤为 52 例（81.2%），其中男性 28 例(43.8%),女性 36 例(56.2%),中位年龄为 55(22-80)岁。Hans 分型中，GCB 亚型 11 例(17.2%),non-GCB 亚型 39 例(60.9%)。59 例完成至少 2 疗程治疗并有随访资料的患者，2 疗程后疗效评估：完全缓解(CR)率为 45.3%、总缓解率(ORR)为 64.1%。1 年 PFS 率与 1 年 OS 率分别为 75.2%和 86.3%。2 年 PFS 率及 2 年 OS 率分别为 54.3%和 67.8%。

56例以 R-HD-MTX 为基础的方案治疗的患者 ORR 为 78.5%(44/56),CR 率为 51.8%(29/56)。对以 R2-MTX(利妥昔单抗/来那度胺/甲氨蝶呤)方案、R2-MTX-BTKi(利妥昔单抗/来那度胺/甲氨蝶呤/BTK 抑制剂)方案与 R-HD-MTX (利妥昔单抗/甲氨蝶呤)方案作为一线治疗的 3 组患者进行单因素分析显示,年龄、KPS 评分、颅内深部病变与 CNSL 患者不良 PFS 相关($P=0.021$),治疗方案与不良 OS 相关($P=0.037$)。

结论 CNSL 患者年龄、KPS 评分、颅内深部病变是 PFS 的不良预后因素,治疗方案对 OS 有影响。新药来那度胺、BTKi 的加入能够延长复发/难治 CNSL 患者的总生存期,在高危患者的一线治疗中显示出其良好的耐受性及治疗潜力。

PO-1362

Degree of Stemness Educate Neutrophils to Reshape Tumor Microenvironment by RhoA-GTPase pathway in Chronic Lymphocytic Leukemia

Fang Hu, Yang Liang
Sun Yat-sen University Cancer Center

Objective Degree of stemness of cancer cell play a vital role in chronic lymphocytic leukemia (CLL). However, the accurate mechanism on CLL prognostic and Tumor Microenvironment remains unclear.

Methods We evaluated gene expression data on 450 subjects from Gene Expression Omnibus (GEO, GSE22762; Number = 151) and International Cancer Genome Consortium database (ICGC, Number = 299) to calculate the degree of stemness. Subjects were classified into low- and high stemness cohorts by an optimum cut-off value and verifying in external datasets and scRNA-seq of CLL. Weighted gene coexpression network analysis (WGCNA) was used to screen for stemness biomarker genes. scRNA-seq of 7 CLL sample and 3 Richter transformation sample were used to further explore the communication between stemness and immune cells in the CLL microenvironment.

Results A high degree of stemness independently predicted briefer survival in ICGC and GSE22762 database (ICGC: Hazard Ratio [HR]; 95% Confidence Interval [CI] = 3.16 (1.59, 6.30; $P < 0.001$); GSE22762: HR = 2.21 (1.02, 4.79; $P = 0.04$)). Combining the degree of stemness with age significantly increased survival prediction accuracy with a 15 years AUROC of 0.76 compared with 0.62. As the same time, the different stemness cohort showed distinct mutation patterns. Such as the five most common mutated genes in the high degree of stemness are PCDH15, CSMD1, SPOCK3, NRG3 and IGHJ5, and the five most common mutated genes in the low degree of stemness are PCDH15, SPOCK3, CSMD1, ADGRL3 and RBFOX1. Further differential analysis was conducted on high and low degree of stemness cohorts, and the results showed that 1,765 genes were differentially expressed, which mainly enriched in neutrophil immune related pathways and lumen related pathways. In single cell RNA-seq analysis, there are disorder pathways involving in neutrophil immune related pathways and lumen related pathways. We further found that there is significant correlation between multiple tumor immune cells and immune checkpoints with stemness ($P < 0.05$). Furthermore, we identified stemness-related genes CCDC47 by WGCNA and which associated with poor prognosis as well as that have potential to be biomarkers. DisNor explored gene-disease interaction networks by exploiting the explosion of data on the identification of disease-associated genes. CCDC47 knockdown reduces CLL cell proliferation, arrests cell cycle, promotes apoptosis, and decreases CLL stemness spheroidization, and immunohistochemistry was used to verify that CCDC47 expression was positively correlated with N2 neutrophil infiltration in clinical CLL lymph node biopsy samples.

Conclusion Overall, we identified stemness features related to prognosis in CLL, which reshape the immune microenvironment of tumors by educating neutrophil function. These results will improve the prediction of survival in CLL and identify potential therapeutic target.

PO-1363

对 MCL 的诊断及生存影响因素进行综述。

吴涛

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 对 MCL 的诊断及生存影响因素进行综述。

方法 通过查阅相关文献并进行整理汇总，从 MCL 的诊断、鉴别诊断、生存影响因素等方面对 MCL 的诊断及风险进行评估。

结果 MCL 主要发生于中老年人，呈侵袭性病程，瘤细胞早期可累及外周血及骨髓，诊断主要依据其典型的组织形态学特征及免疫表型。当免疫表型不能明确诊断时，需进行遗传学检测。若 Cyclin D1 和 t(11; 14)(q13; q32)均阴性时，则应该加做 SOX11。MCL 主要与其他 B 细胞淋巴瘤增殖性疾病鉴别，尤其是与 CLL/SLL 鉴别。

结论 早期明确诊断 MCL，并进行个体化的预后分层，对于患者的治疗及预后有重要意义。

PO-1364

伴有骨髓侵犯滤泡性淋巴瘤临床特征与预后分析

吕瑞、熊文婕、王婷玉、阎禹廷、王齐、于颖、易树华

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 总结骨髓侵犯滤泡淋巴瘤患者临床特征及预后，并对治疗模式进行探讨。

方法 回顾性分析有治疗指征，且经过规范治疗的骨髓侵犯滤泡淋巴瘤患者特征，总结其疗效及预后。

结果 共入组 183 例患者，中位年龄 48 岁。（1）临床特征方面：所有患者均有骨髓侵犯，乳酸脱氢酶增高比例达 27.8%，外周血淋巴细胞明显增高比例 42.1%，染色体异常及淋巴组织 Ki67 大于等于 30%比例分别为 18.4%及 48.6%。（2）疗效方面：不同治疗组总体缓解率类似；但是传统 RCHOP 组完全缓解率 39.1%，较强化治疗组（55.1%）及核苷类似物（包括 CD20 单抗联合氟达拉滨及苯达莫司汀）组（62.5%）低，且有统计学意义（ $P=0.042$ ）。（3）生存分析：FLIPI 高危 [HR=1.939 (95% CI 1.050~3.580), $P=0.034$]，染色体异常核型 [HR=2.489 (95% CI 1.242~4.985), $P=0.010$] 以及传统 RCHOP 治疗 [HR=1.753 (95% CI 0.832 ~3.693), $P=0.047$] 均被证实为影响 PFS 的独立不良预后因素；FLIPI 高危及 POD24 与 OS 相关，而 POD24 为影响 OS 的唯一独立不良预后因素 [HR=9.581(95% CI 3.000~30.593), $P<0.0001$]。

结论 骨髓侵犯滤泡淋巴瘤患者总体临床表现相对侵袭，FLIPI 评分，染色体异常核型以及不同治疗方案均为影响 PFS 的不良预后因素。对于这部分患者，RCHOP 治疗疗效欠理想，有待探索进一步的治疗模式。

PO-1365

以心悸及呼吸困难为首发症状的华氏巨球蛋白血症 1 例报告

张睿、吴涛、毛东锋、周芮、李芸芸、高铭敏、王向丽、刘洋
联勤保障部队第 940 医院

目的 探讨华氏巨球蛋白血症的发病机制及预后。

方法 以 1 例女性华氏巨球蛋白血症患者为研究对象，对其临床表现与诊治过程进行分析。

结果 1.患者以心悸及呼吸困难症状起病。2.血常规：WBC $13.16\times 10^9/L$ 、PLT $394\times 10^9/L$ 。骨髓细胞形态学：骨髓有核细胞增生活跃，中幼粒比例增高。淋巴细胞增生，见少数异型淋巴细胞。浆细胞比例增高，见少数幼稚型。骨髓免疫分型：约 33.7%为淋巴细胞，约 20.8%为异常单克隆 B 细胞。骨髓活检：粒、红、巨三系增生伴淋巴细胞、浆细胞比例偏高。免疫组化：CD20(+), CD21 滤泡网(+), CD3(-), CD10(-), Bcl-6(-), CD4(-), CD8(-), CXCL13(-), Ki67 $\approx 10\%$ 。治疗：6 月 25 日第 1 周期化疗：利妥昔单抗 500mg ivd d1、伊布替尼 420mg qd。7 月 31 日、8 月 30 日、10 月 25 日、11 月 18 日、12 月 21 日分别予以第 2 至第 6 期化疗，方案：利妥昔单抗 500mg、600mg ivd d1 交替+泽布替尼 160mg po bid。动态复查胸腔积液量及血 IgM 水平，胸水量逐渐减少，血 IgM 水平下降。目前仍在随访中。

结论 对于此类症状不典型者，应提高警惕，考虑罕见病可能，尽早明确诊断并治疗干预，以提高其生存率。

PO-1366

儿童母细胞性浆细胞样树突细胞肿瘤患者 应用甲氨蝶呤后诱发周围神经病 1 例

刘文慧、吴涛、葱瑞、安慧慧、田思锐、高铭敏、刘洋、王向丽、张睿
中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 探讨儿童母细胞性浆细胞样树突细胞肿瘤（BPDCN）患者的临床特征及诊疗方法。

方法 选择 2023 年 6 月，我科收治的 1 例 12 岁男性 BPDCN 患者为研究对象，并对其进行诊断。采用回顾性分析方法，对患者的临床表现与诊治过程进行分析。

结果 ①病史采集：患者因“间断咳嗽、咳痰 1 月”入院。②入院完善血常规：白细胞计数 $7.3\times 10^9/L$ ，血红蛋白 105g/L，血小板计数 $158\times 10^9/L$ 。胸部 CT：双肺弥漫性磨玻璃影，考虑感染。骨髓细胞形态学：异常细胞占 42%。免疫分型：可见 58.3%的异常细胞，表达 CD4、CD123、CD56、HLA-DR，部分表达 CD45、CD7、CD38。染色体核型：46, XY, del(1)(p36p33), del(6)(q21q24), der(9)t(9;?)(q32;?), add(12)(q24)。融合基因：阴性。二代测序：KRAS、NRAS、CTC1 阳性。诊断为：BPDCN KRAS, NRAS, CTC1 基因突变 复杂染色体核型 预后不良。先后接受多药方案联合化疗，病情缓解。③8 月 14 日给予 Hyper-CVAD B 方案后出现神经毒性。

结论 BPDCN 部分患者在临床症状不典型，容易漏诊误诊，在临床诊疗过程中应拓宽思路。同时，对甲氨蝶呤诱发的神经毒性要提高警惕，在应用甲氨蝶呤过程中应规范水化、碱化、亚叶酸钙解救，并进行血药浓度监测，根据药物代谢情况调整亚叶酸钙解救剂量。必要时进行 CRRT，清除体内残留药物。

PO-1367

Clinical value of circulating cell-free DNA in cerebrospinal fluid and plasma in diffuse large B cell lymphoma

Han Zhang¹, Lingfeng Liu², Xingping Lang², Sheng Xiao³, Bingzong Li¹, Han Zhang

1. 苏州大学附属第二医院

2. Suzhou Sano Precision Medicine

3. Department of Pathology, Brigham and Women's Hospital, Harvard Medical School

Objective Diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) represents a clinically and molecularly heterogeneous form of non-Hodgkin lymphoma. Despite advancements, assessing the risk of central nervous system (CNS) recurrence in DLBCL remains challenging due to limited conventional biomarkers and techniques. Circulating cell-free DNA (cfDNA), offering insights into comprehensive tumor genetic profiles, emerges as a promising approach in the era of precision medicine. However, the diagnostic and prognostic implications of cfDNA detection in various samples in DLBCL patients in China remain unclear. Thus, this study aims to investigate the clinical significance of cfDNA detection in both cerebrospinal fluid (CSF) and plasma among individuals with DLBCL.

Methods This observational single-center study was conducted on patients diagnosed with DLBCL who attended the Second Affiliated Hospital of Soochow University from January 2022 to January 2024. Blood and CSF samples were collected at baseline before any treatment. CfDNA derived from CSF and plasma was subjected to analysis and quantification through next-generation sequencing (NGS) employing a targeted 106-gene lymphopanel. This panel encompasses single nucleotide variants (SNVs), insertions/deletions, copy number variants (CNVs), IG-related fusions, and clonotypic immunoglobulin gene rearrangements. Concentrations of cfDNA were expressed in log hGE/mL, calculated by multiplying the mean VAF by the concentration of cfDNA.

Results A total of 54 patients were enrolled, with 50 being newly diagnosed and 4 experiencing relapse or refractory disease. Among them, 31 (57.4%) were male, with a median age of 65 years (range: 33-86). The majority presented with advanced disease, as evidenced by 36 patients (66.7%) classified as stage III or IV according to the Ann Arbor classification, and 33 patients (61.1%) with high International Prognostic Index (IPI) scores (3-5). Using the CNS-IPI scoring system, 28 patients were identified as high-risk for CNS involvement, of whom CNS involvement was confirmed in 3 patients.

CSF cfDNA was detected in 47 patients, among whom 11 (23%) tested positive, with a median concentration of 1.45 log hGE/mL. However, in 10 samples, library analysis could not be performed due to the low concentration of cerebrospinal fluid obtained. Notably, CSF cfDNA testing yielded positive results in 3 patients with confirmed central nervous system (CNS) involvement. Conversely, positive results were observed in 8 patients without known CNS involvement, as evidenced by absence of CSF cytology, flow cytometry, or radiographic findings. The positive rates of SNVs, IG-related fusions, and clonotypic immunoglobulin gene rearrangements in CSF were 100%, 25%, and 43%, respectively, as confirmed by available paired FFPE or bone marrow samples.

CfDNA was detected in plasma samples from all 54 patients, with a median concentration of 2.04 log hGE/mL. Considering SNVs, IG-related fusions, and clonotypic immunoglobulin gene rearrangements collectively, the positive rate was 81.5%, significantly higher than that of paired peripheral blood genomic DNA (gDNA) (38.9%). Plasma cfDNA profiles were similar to those in matched FFPE tissues or BM samples, with concordance rates of 100%, 70%, and 67.7% for SNVs, IG-related fusions, and clonotypic immunoglobulin gene rearrangements, respectively. In two patients, FFPE gDNA testing returned negative results, while plasma cfDNA testing was positive. Notably, both patients' tissue samples were obtained via fine needle aspiration. These findings underscore the potential of cfDNA testing in overcoming challenges associated with limited tissue sample size or substantial heterogeneity.

The numbers of identified gene alterations were 22 in CSF, 61 in plasma, and 66 in FFPE or BM, respectively. Commonly mutated genes in plasma and CSF cfDNA included PIM1 (33.3% vs. 2.1%), MYD88 (29.6% vs. 4.3%), and CD79B (20.4% vs. 4.3%). The most frequent types of immunoglobulin gene rearrangement were IGK across different samples, while common IG-related fusions included IGH::BCL6, IGH::MYC, and IGH::BCL2.

Conclusion Our study findings suggest that plasma cfDNA exhibits a high concordance rate with tumor tissues, thus potentially facilitating precise diagnosis and monitoring of measurable residual disease. Additionally, CSF cfDNA appears to offer heightened sensitivity compared to conventional methods for detecting CNS invasion, positioning it as a potentially more accurate biomarker for predicting the risk of CNS recurrence among newly diagnosed DLBCL patients. This approach may also aid in selecting patients who would benefit from enhanced CNS prophylaxis. Furthermore, simultaneous detection of SNVs, CNVs, IG-related fusions, and clonotypic immunoglobulin gene rearrangements could enhance the positive rate of cfDNA, thereby further improving diagnostic accuracy and prognostication in DLBCL patients.

PO-1368

淋巴瘤患者营养不良的风险预测模型构建

蒋翠婷、吕静、刘婷婷
重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨淋巴瘤患者营养不良的影响因素，构建预测模型，为高风险人群的识别和预防策略的制定提供参考。

方法 回顾性选取 2020 年 1 月至 2024 年 1 月于重庆市某三甲医院血液肿瘤中心收治的 318 例淋巴瘤患者为研究对象，应用患者主观整体评估（Patient Generated Subjective Global Assessment）量表筛查病人的营养状况，以是否存在营养不良将病人分为有营养良好组和营养不良组，采用 Logistic 回归分析筛选淋巴瘤患者营养不良的影响因素并建立预测模型，使用受试者工作特征(ROC)曲线、校准曲线验证列线图模型的区分度与一致性。

结果 318 例淋巴瘤患者中，共 118 例营养不良，发生率为 37.11%，血清总蛋白偏低、白蛋白偏低、前白蛋白偏低、BMI 偏低、高体力状况评分是淋巴瘤患者营养风险的独立危险因素($P<0.05$)。ROC 曲线下面积为 0.857，校准曲线斜率接近 1，且 Hosmer-Lemeshow 拟合优度检验良好 ($\chi^2=5.114, P=0.452$)。

结论 构建的模型可有效预测淋巴瘤患者营养不良，模型具有良好的区分度和一致性，可为临床淋巴瘤患者营养干预提供参考。

PO-1369

非霍奇金淋巴瘤患者血浆细胞因子诊断模型的诊断价值

孔丽萍、董圆、李莉、纵思宇、徐金格
徐州矿务集团总医院

目的 我们回顾研究了两年本院接诊的 48 例非霍奇金淋巴瘤（NHL）患者及 34 例健康对照组的 12 项细胞因子（IL-1 β 、IL-2、IL-4、IL-5、IL-6、IL-8、IL-10、IL-12、IL-17、TNF- α 、IFN- α 、IFN- γ ）的水平变化，旨在构建非霍奇金淋巴瘤患者血浆细胞因子诊断模型，并评估其诊断价值。

方法 选择 2020 年 1 月 1 日至 2022 年 12 月 31 日在本院治疗的 48 例非霍奇金淋巴瘤患者，作为本研究的发病组。其中 37 例患者经过 3-6 个月后又再次入院治疗，将这 37 例患者作为阳性病例。

另外, 随机挑选体检中心健康人群 34 例, 作为对照组。使用 SPSS 26.0 统计软件进行分析, 连续变量采用正态分布检验。

结果 结果发现病例组与健康对照组样本对 IL-6, IL-10 呈现出显著性差异($p < 0.05$)。其中 IL-4、IL-6、IFN- γ 的显著性水平 $P < 0.05$ 且 OR 值大于 1, 为发病相关的危险因素。IL-2, IL-4, IL-6, IL-10, IL-17, TNF- α , IFN- γ 可以解释 58% 的发病原因。对 IL-4、IL-6、IFN- γ 做了预测值构造 ROC 曲线, 预测值对应的 AUC 值为 0.859(95% CI:76.78%~94.93%)。

结论 以上结果表明 IL-2, IL-4, IL-6, IL-10, IL-17, TNF- α , IFN- γ 可以解释 58% 的发病原因。其中 IL-4、IL-6、IFN- γ 的显著性水平 $P < 0.05$ 且 OR 值大于 1, 为导致发病的危险因素。本次研究中 IL-4、IL-6、IFN- γ 预测值对于是否发病的诊断价值比较高。为非霍奇金淋巴瘤的诊断提供了新的思路。同时, 也为测试靶向免疫抑制单核细胞和肿瘤微环境的药物提供了基本原理。

PO-1370

Chemo-free Salvage Treatment Outperforms Traditional Chemotherapy in Relapsed/Refractory Subcutaneous Panniculitis-like T-cell Lymphoma

Chao Chen¹, Jingjing Yin², Wei Wang¹, Danqing Zhao¹, Chong Wei¹, Congwei Jia³, Wei Zhang¹, Daobin Zhou¹, Yan Zhang¹

1. Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

2. Department of Hematology, Beijing Hospital

3. Department of Pathology, Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

Objective Subcutaneous panniculitis-like T-cell lymphoma (SPTCL) is a rare subtype of non-Hodgkin lymphoma with a good prognosis, but the optimal treatment for relapsed/refractory (R/R) SPTCL has rarely been discussed. The aim of this study was to compare the efficacy of conventional chemotherapy and chemo-free regimens for R/R SPTCL.

Methods This study retrospectively reviewed patients with first relapse or primary refractory SPTCL treated in Peking Union Medical College Hospital between September 1997 and October 2020. Treatment responses, overall survival (OS) and progression-free survival (PFS) were assessed.

Results Sixteen primary refractory and three first relapse SPTCL patients with median age of 34 were included. Nine patients were male and seven patients had concurrent hemophagocytic lymphohistiocytosis. All patients received chemotherapy-based treatment as the first-line treatment with a median PFS of 1.8 months. Sixteen patients received salvage second-line treatment. Two patients receiving allogeneic hematopoietic stem cell transplantation achieved complete remission (CR) with the DOR exceeding 105 months, and one patient receiving chemo-free therapy with cyclosporine A (CsA) plus interferon α (IFN α) resulted in a short DOR of 3.4 months. The other 13 patients accepted chemotherapy-based treatment with an overall response rate (ORR) of 23.1% and a median PFS of 2.4 months. In third-line treatment, 8 patients accepted chemotherapy-based regimen and 6 patients accepted chemo-free regimen such as VRMP (bortezomib, lenadomide and methylprednisolone) regimen and CsA plus IFN α regimen. The median PFS of chemotherapy group was 7.8 months and the median PFS of chemo-free group was not reached. Chemo-group had a better PFS than chemotherapy group ($p = 0.021$). In chemotherapy group, 6 patients relapsed and 4 of them died of lymphoma progression. The other 3 patients achieved CR and did not relapse until last follow-up. In chemo-free group, all patients achieved CR or PR and did not relapse until last follow-up.

Conclusion This study indicated that the use of chemo-free regimens for R/R SPTCL appears promising and warrants further validation in future studies.

PO-1371

改良式腔内心电图定位技术联合体外测量法 在淋巴瘤患者上臂输液港尖端定位的应用

邓于宏、吕静、刘婷婷、蒋翠婷、王霞
重庆大学附属肿瘤医院

目的 上臂输液港可为患者提供长期静脉血管通道。由于无法在植入术中进行 X 线定位，部分患者在切口缝合后会发生导管移位，面临二次手术的风险。探讨改良式腔内心电图定位技术联合体外测量法与传统腔内心电图定位技术在确定淋巴瘤患者上臂输液港导管尖端位置的准确率。

方法 选择 2023 年 1 月至 2024 年 3 月置入上臂输液港的 102 例淋巴瘤患者作为研究对象，按照随机数字法分为观察者和对照组各 51 例，对照组采用传统的腔内心电图定位技术联合体外测量法进行导管尖端定位，观察组则在传统定位方法的基础上，在将导管标好刻度、裁剪，将其与港座连接置入囊袋中，在囊袋缝合前，用静脉港专用蝶翼针插入港座中，用无菌导联线鳄鱼夹一端夹住专用蝶翼针针梗，一端连接心电定位仪，通过观察 P 波情况，再次行腔内心电图定位，如有异常则马上调整，术后均行 X 线确定导管尖端位置。对于异位的患者均经过血管介入科会诊，在介入手术下将导管尖端调到合适位置。比较两组置入导管尖端位置的准确率。

结果 观察组置入上臂输液港成功率为 100%，明显高于对照组 94.1% ($P < 0.05$)。对照组有 3 例患者发生导管体内异位，均位于颈内静脉。

结论 改良式腔内心电图定位技术联合体外测量法用于淋巴瘤患者上臂输液港导管尖端定位，可以提高上臂输液港导管尖端位置的准确率及一次穿刺成功率，相比传统定位技术优势明显，值得临床推广。

PO-1372

Time to lymphoma treatment within 24 months in "watch and wait" follicular lymphoma is associated with inferior outcomes

Hengqi Liu, Jing Liu, Fenghua Gao, Xianhuo Wang, Huilai Zhang
Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital

Objective Some "watch and wait" (W&W) FL patients suffer from rapid progression in a short-term. Herein, we sought to identify these patients and also develop a risk score to screen them at diagnosis in a multicenter study.

Methods Between 2008 and 2022, a total of 411 FL patients managed by the W&W strategy from 16 cancer centers were retrospectively enrolled in this study, and their time to lymphoma treatment (TLT) and progression-free survival (PFS) were evaluated.

Results Thirty-five percent of W&W FL patients experienced TLT within 24 months (TLT24) after diagnosis. Their 5-year PFS rate was significantly lower than those without treatment at 24 months (62.3% vs. 89.5%). In multivariable analysis, five factors were identified as independent predictors of TLT24: stage III-IV, β_2 microglobulin ≥ 3 mg/L, lymphocyte-to-monocyte ratio < 3.8 , bone marrow involvement and spleen enlargement (above umbilical line). Risk score for each patient was calculated and three risk groups were defined: low (0-1 points), intermediate (2 points), and high (3-5 points). Their AUCs for TLT24 were 0.76 (95% CI, 0.70-0.82) in the training cohort and 0.76 (95% CI, 0.67-0.85) in the validation cohort, respectively. Risk groups were also associated with PFS ($P < 0.001$).

Conclusion TLT24 patients with early progression have high risk as well as inferior PFS. In FL patients initially managed by W&W, TLT24 was associated with poor outcomes. A multivariable model that incorporates clinical and laboratory factors helps screening for predicting TLT24, which may be useful to identify candidates for early interventional treatment.

PO-1373

Zanubrutinib enhances CD19 CART killing of B-cell lymphoma by inhibiting BTK phosphorylation, regulating PI3K/AKT/mTOR pathway and promoting autophagy

Hao Yao^{1,2}, Ling Qiu¹, Shi-hui Ren¹, Dan Chen¹, Mengjiao Li^{1,2}, Bai-tao Dou^{1,2}, Nan Zhang¹, Xiao Wang¹, Yi Su¹, Alex H. Chang^{3,4}, Fangyi Fan^{1,2}

1. General Hospital of the Chinese People's Liberation Army Western Theater

2. Department of Clinical Medicine, North Sichuan Medical College, Nanchong, SiChuan, China.

3. Engineering Research Center of Gene Technology, Ministry of Education, Institute of Genetics, School of Life Sciences, Fudan University

4. Shanghai YaKe Biotechnology Ltd.

Objective Anti-CD19 chimeric antigen receptor T cells (CART) still has many limitations, including insufficient clinical efficacy, etc. Zanubrutinib is a second-generation BTK inhibitor with higher drug potency, and it is not clear whether it has an enhanced killing effect of CD19 CART on B-cell lymphoma. Therefore, this study will investigate the role and mechanism of Zanubrutinib in CD19 CART therapy against B-cell lymphoma.

Methods B-cell lymphoma cells Daudi were proportionally co-cultured with CD19 CART and intervened using different concentrations of Zanubrutinib, and the changes of cell viability, apoptosis, autophagy, and PI3K/AKT/mTOR pathway factors were detected by CCK-8, flow cytometry, Western blotting, transmission electron microscopy, and immunofluorescent staining methods, respectively. Also, the effect of Zanubrutinib on the sensitivity of B-cell lymphoma mice to CAR T-cell therapy was observed.

Results The results showed that Zanubrutinib increased the sensitivity of B-cell lymphoma to CD19 CAR T-cells, promoted apoptosis and autophagy, and inhibited BTK phosphorylation and the PI3K/AKT/mTOR signaling pathway, and Zanubrutinib has the ability to promote the killing of B-cell lymphoma by CD19 CART.

Conclusion Collectively, Zanubrutinib enhances CD19 CART killing of B-cell lymphoma by inhibiting BTK phosphorylation, regulating PI3K/AKT/mTOR pathway and promoting autophagy.

PO-1374

肝脾 T 细胞淋巴瘤 1 例报告并文献复习

章美娟、齐燕、谢焕、曾东风
中国人民解放军陆军特色医学中心

目的 探讨 1 例肝脾 T 细胞淋巴瘤(Hepatosplenic T-Cell Lymphoma, HSTCL)的临床表现和实验室相关检查, 为其诊疗提供临床经验。

方法 回顾性分析 2022 年 8 月收治的 1 例 HSTCL 患者临床资料和实验室检查, 并结合相关文献复习该类罕见病的特点。

结果 患者男性, 36 岁, 以“皮肤紫癜, 伴面色苍白、乏力、纳差”来我科就诊, 临床表现有 B 症状(发热、盗汗和体重减轻), 血常规检查提示中度贫血; 影像学检查肝脾增大; 形态学、流式和骨髓病理活检均提示有异型细胞, 其免疫表型特征符合 HSTCL; TCR 基因重排检测发现 TCR γ 、

TCR β 和 TCR δ 均为阳性；二代基因测序检测显示 STAT5B 基因突变，结合病史和各项辅助检查，最后综合诊断为 HSTCL（临床分期为 IVB 期）。初次进行了 ICE 化疗方案，疗程结束后病人出院，后期随访中病人一般情况尚可。

结论 HSTCL 属于罕见病，临床侵袭性高、预后不佳，对临床特征、实验室检查等方面进行综合评价有助于提高临床工作者对该病的认识，以减少漏诊、误诊。

PO-1375

SEN1 promotes MCL pathogenesis through regulating JAK-STAT5 pathway and SOCS2 expression

Yali Zhang, Yanni Ma, Xi Li

Third Affiliated Hospital (Daping Hospital), Third Military Medical University (Army Medical University)

Objective Mantle cell lymphoma (MCL) is highly aggressive and its treatment remains challenging, understanding its pathogenesis is critical for future targeted therapy. SUMO specific proteases 1 (SEN1) is an important protein that regulates the balance between SUMOylation and deSUMOylation. Dysregulation of SEN1 has been proven to involve in the development of various tumours. However, its role in MCL remains unclear.

Methods The expression of SEN1 in MCL cells or tissue samples was detected by RT-qPCR, Western blot or immunohistochemistry. Stable SEN1 knockdown MCL cells were constructed through transfecting a lentiviral vector expressing short hairpin RNA. Cell proliferation was assayed by CCK-8 assay, and cell apoptosis and cycle were determined by flow cytometric analysis. The mRNA sequencing (mRNA-seq) was used to investigate the mechanism of SEN1 knockdown on MCL development. Xenograft nude mouse model was established to evaluate the effect of SEN1 on MCL growth in vivo.

Results We found that SEN1 was upregulated in MCL patient samples and cell lines. Knockdown of SEN1 could inhibit the proliferation and promote the apoptosis of MCL cells. We also found that SEN1 knockdown caused inhibition of the JAK-STAT5 pathway and upregulation of tumor suppressor cytokine signaling 2 (SOCS2). Moreover, MCL tumor growth in vivo was significantly suppressed after SEN1 knockdown in a xenograft nude mouse model.

Conclusion Our results showed that SEN1 is involved in the pathogenesis of MCL and may be a potential therapeutic target.

PO-1376

Efficacy and safety of new anti-CD20 monoclonal antibodies versus rituximab for induction therapy of CD20+ B-cell NHL

Chengxin Luo, Xi Li

Third Affiliated Hospital (Daping Hospital), Third Military Medical University (Army Medical University)

Objective Rituximab combined with chemotherapy is the first-line induction therapy of CD20 positive B-cell non-Hodgkin lymphomas (CD20+ B-NHL). Recently new anti-CD20 monoclonal antibodies (mAbs) have been developed, but their efficacy and safety compared with rituximab are still controversial.

Methods We searched MEDLINE, Embase, and Cochrane Library for eligible randomized controlled trials (RCTs) that compared new anti-CD20 mAbs with rituximab in induction therapy of B-NHL. The primary outcomes are progression-free survival (PFS) and overall survival (OS),

additional outcomes include event-free survival (EFS), disease-free survival (DFS), overall response rate (ORR), complete response rate (CRR) and incidences of adverse events (AEs). Time-to-event data were pooled as hazard ratios (HRs) using the generic inverse-variance method and dichotomous outcomes were pooled as odds ratios (ORs) using the Mantel-Haenszel method with their respective 95% confidence interval (CI).

Results Eleven RCTs comprising 5261 patients with CD20+ B-NHL were included. Compared with rituximab, obinutuzumab significantly prolonged PFS (HR 0.84, 95% CI 0.73-0.96, $P = 0.01$), had no improvement on OS, ORR, and CRR, but increased the incidences of serious AEs (OR 1.29, 95% CI 1.13-1.48, $P < 0.001$). Ofatumumab was inferior to rituximab in consideration of ORR (OR 0.73, 95% CI 0.55-0.96, $P = 0.02$), and had no significant differences with rituximab in regard to PFS, OS and CRR. 131I-tositumomab yielded similar PFS, OS, ORR and CRR with rituximab. 90Y-ibritumomab tiuxetan increased ORR (OR 3.07, 95% CI 1.47-6.43, $P = 0.003$), but did not improve PFS, DFS, OS and CRR compared with rituximab.

Conclusion Compared with rituximab in induction therapy of CD20+ B-NHL, obinutuzumab significantly improves PFS but with higher incidence of AEs, ofatumumab decreases ORR, 90Y-ibritumomab tiuxetan increases ORR.

PO-1377

CAR-T 细胞治疗弥漫大 B 细胞淋巴瘤的迟发性血细胞减少临床特征及预后分析

朱慧颖、赵丹青、陈弘韵、魏冲、张薇、周道斌、张炎
北京协和医院

目的 探讨弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 患者接受靶向 CD19 的 CAR-T 细胞治疗后, 出现迟发性血细胞减少 (prolonged cytopenia, PC) 的临床特征及预后。

方法 回顾性分析于北京协和医院血液科接受 CAR-T 细胞治疗且随访满 1 月 DLBCL 患者的临床资料。将 CAR-T 治疗后第 90 天仍存在血细胞减少定义为迟发性血细胞减少。比较 PC 组与无 PC 组的临床差异。

结果 自 2019 年 3 月至 2023 年 12 月, 共有 27 例患者纳入研究, 男性 18 例, 中位年龄 58 (27-69) 岁。共有 19 例患者 (70.4%) 存在 PC, 中性粒细胞减少 13 例 (48.1%)、贫血 10 例 (37.0%)、血小板减少 6 例 (22.2%); 大于 3 级的严重 PC 发生率为 37%, 主要是中性粒细胞减少 (18.5%) 及贫血 (18.5%)。出现 PC 的患者原发耐药、CAR-T 治疗后发生 CRS 比例更高 ($P=0.006$; $P=0.046$), 基线中性粒细胞水平更低 (2.59 ± 0.96 vs $4.20\pm 1.93 \times 10^9/L$, $P=0.007$)。logistic 单因素分析显示原发耐药 ($P=0.02$, OR 18, 95%CI 1.56-207.45) 与 PC 相关。中位随访时间 13.5 月, 未达中位生存 (OS) 及中位无进展生存 (PFS); 出现 PC 的患者平均 PFS 更短 (19.3 月 vs 24.4 月, $P=0.21$), 感染发生率更高 (首月感染率: 31.6% vs 0%; 3 月感染率: 47.4% vs 12.5%)。

结论 CAR-T 治疗后 PC 风险高, 既往治疗疗效、发生 CRS、基线 NEUT 水平减低可能与其相关; 出现 PC 与疾病复发、感染正相关。

PO-1378

15 例慢性粒单核细胞白血病患者临床特征及生存分析

汪晓辉¹、苏梅芳¹、张磊磊¹、夏玉雪¹、王科¹、王萌¹、陈珍¹、刘传才²、李居伟²、吴耀辉³、胡俊斌³

1. 黄冈市中心医院

2. 鄂州市中心医院

3. 华中科技大学同济医学院附属协和医院血液病研究所

目的 通回顾性研究 15 例慢性粒单核细胞白血病 (CMML) 患者临床资料, 分析其临床特征、生存情况和对去甲基化药物 (HMA) 的治疗反应。

方法 对近三年黄冈市中心医院、鄂州市中心医院血液科收治的 15 例初诊 CMML 患者的临床资料进行回顾性分析, 总结其临床特征和 HMA 的疗效。

结果 患者中位发病年龄为 69 岁, 其中男性 10 人, 女性 5 人。根据 FAB 分型, MD-CMML 6 人, MP-CMML 9 人; 根据 WHO 分型, CMML-0 3 人, CMML-1 4 人, CMML-2 8 人。7% 的患者存在细胞遗传学异常, 88% 的患者存在基因突变。4 例患者在治疗过程中发生急变 (AML), 在急变前 2 人出现骨髓坏死, 1 人髓外浸润, 这一现象提示可以将骨髓坏死或髓外浸润作为 CMML 急变的依据, 即使此时原始细胞计数未达急变诊断标准。本研究中患者中位总生存期 (OS) 为 11.5 个月。含 HMA 方案治疗和非 HMA 治疗组患者的中位 OS 分别 11、11.2 个月。诊断时中位白细胞计数 $26 \times 10^9 / L$, 中位血红蛋白浓度 $85.5 g/L$, 中位血小板计数 $125 \times 10^9 / L$, 中位中性粒细胞计数 $14.3 \times 10^9 / L$, 中位单核细胞计数 $5.71 \times 10^9 / L$ 。

结论 CMML 患者整体生存期较短, 男性发病率较女性高, HAM 治疗不能延长患者的总生存期。

PO-1379

A novel prognostic model combined with Ki67 index, CRP and albumin for non-Wechsler's ring involved Diffuse Large B-cell Lymphoma in Oral Cavity and Maxillofacial Region

Yuyang Pang, Wei Lu, Yehua Yu, Jun Shi

血液内科

Objective To analyze the clinical characteristics of patients with diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) in the oral cavity and maxillofacial regions with and without the Wechsler's ring involvement and further establish a new prognostic score.

Methods 76 DLBCL patients in oral cavity and maxillofacial regions were retrospectively recruited, including 33 patients with Wechsler's ring involved (WR-DLBCL) and 43 patients without Wechsler's ring involved (NWR-DLBCL). Clinical features were concluded through comparison of several variables between the two groups. The optimal cutoff values of Ki67 index, serum albumin (ALB), C-reactive protein (CRP) and blood $\beta 2$ microglobulins (B2MG) were determined using ROC curves. Cox regression model was performed to explore the prognostic factors of NWR-DLBCL patients. The LASSO Cox regression was used to construct an effective prognostic-scoring model for NWR-DLBCL patients.

Results NWR-DLBCL patients presented significantly more extranodal involvement ≥ 2 (72.1% vs 21.1%, $P = 0.000$) and higher serum lactate dehydrogenase (LDH) level ($287.5 \pm 37.22 U/L$ vs $216.68 \pm 12.434 U/L$, $P = 0.008$). However, there were no significant differences in gender, age, Ann Arbor stage, ECOG score, IPI score, Han's classification, CRP, B2MG, ALB levels between the two groups. Survival analysis showed that the prognosis of NWR-DLBCL patients was worse

than that of WR-DLBCL patients, with a significant decrease in overall survival (OS) ($P = 0.0329$) and the overall response rate of NWR-DLBCL patients was 67.4%, significantly lower than that of WR-DLBCL patients (84.4%, $P = 0.003$). COX regression analysis showed that high IPI score, high Ki67 index, low albumin level and high CRP value were poor prognostic factors for the survival in NWR-DLBCL patients ($P < 0.05$). Since, there was no significant difference in OS between the low to medium risk group and the medium to high-risk group in the IPI score system, Ki67, CRP and ALB were further added to the IPI score to generate a new prognosis score named KACIPI. Survival analysis showed that the KACIPI scoring system could significantly distinguish the prognosis of NWR-DLBCL patients between the medium to high-risk group and the low to medium risk group ($P < 0.05$).

Conclusion The prognosis of NWR-DLBCL patients is worse than that of WR-DLBCL, with more extranodal involvement and higher serum LDH level. Decreased ALB level and elevated Ki67 index and CRP level at the time of initial diagnosis are indicative of a poor prognosis in NWR-DLBCL patients. The new KACIP prognostic score model was more suitable for the prognosis stratification of NWR-DLBCL than IPI score.

PO-1380

艾滋病相关弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的列线图生存预测模型

杨涛¹、雷海科¹、李军¹、梁洋²、王超雨¹、刘俊¹、郭焱³、刘俊⁴、闵海燕⁵、杨再林¹、黄韵红⁶、魏国⁷、张薇⁸、王敏⁹、唐晓琼¹⁰、刘占术¹¹、陈耀凯¹²、周辉¹³、吴永忠¹、刘耀¹

1. 重庆大学附属肿瘤医院
2. 中山大学附属肿瘤医院
3. 河南省传染病医院
4. 昆明市第三人民医院
5. 云南省传染病医院
6. 贵州医科大学附属医院
7. 成都市公共卫生临床医疗中心
8. 中国医学科学院北京协和医院
9. 长沙市第一医院
10. 重庆医科大学附属第一医院
11. 重庆医科大学附属永川医院
12. 重庆市公共卫生医疗救治中心
13. 中南大学湘雅医学院附属肿瘤医院

目的 难治复发的艾滋病相关弥漫性大 B 细胞淋巴瘤患者预后很差。我们旨在建立一种针对新诊断新艾滋病相关弥漫性大 B 细胞淋巴瘤患者的 ARDPI 列线图预后模型，以指导临床根据 ARDPI 预后分层对患者实施个体化精准治疗，从而实现持续缓解而不是难治复发，最终改善艾滋病相关弥漫性大 B 细胞淋巴瘤患者的整体预后。

方法 我们进行了一项多中心队列研究，使用来自中国中西部艾滋病淋巴瘤联盟 (cwCALL) 12 个中心的 306 名患者的数据，包括训练队列 ($N = 215$) 和外部验证队列 ($N = 91$)，以开发和验证一种新的可视化列线图艾滋病相关弥漫性大 B 细胞淋巴瘤预后模型 (ARDPI)。我们使用 LASSO 回归和 Cox 回归过滤变量，以识别预后协变量并开发 ARDPI 模型。我们通过接受者-操作者特征面积 (AUROC)、校准图和决策曲线分析 (DCA) 评估模型区分度、校准度和临床获益。接下来，我们将 ARDPI 模型与国际预后指数 (IPI) 和美国国立综合癌症网络国际预后指数 (NCCN-IPI) 模型进行了比较。最后，我们根据 ARDPI 模型通过 X-tile 选择截止点将艾滋病相关弥漫性大 B 细胞淋巴瘤患者分为 3 个风险队列。

结果 在多变量分析中，7 个协变量与生存率独立相关，包括年龄、淋巴细胞/单核细胞比率 (LMR)、淋巴瘤细胞上的 CD5 表达、血液 EBV-DNA 拷贝数、CD4/CD8 比率、中枢神经系统 (CNS) 受累和艾滋病抗逆转录病毒治疗 (ART)，用于开发 ARDPI 模型。该模型的 1 年、3 年和 5 年生存率 AUROC 在训练队列中为 80% (95% 置信区间 [CI], 72, 88%)、78% (69, 87%) 和 77% (63,

91%)，在外部验证队列中为 85% (75, 95%)、80% (66, 94%) 和 79 (61, 99%)。和 IPI 和 NCCN-IPI 模型相比，ARDPI 模型的预测精度更优，且具有更高的临床获益。根据 ARDPI 模型，我们确定了低中高 3 个风险队列，其 3 年生存率在训练队列中为 87.6% (78.6, 97.6%)、35.0% (22.7, 53.8%)和 23.3% (12.2, 44.6%) ($P < 0.001$) 在外部验证队列中为 92.9% (80.3, 100%)、46.0% (27.0, 78.4%) 和 16.7% (5.9, 46.8%) ($P < 0.001$)。

结论 ARDPI 可以准确预测新诊断的艾滋病相关弥漫性大 B 细胞淋巴瘤患者的生存率，其预测精度优于 IPI 和 NCCN-IPI 模型，且具有更高的临床获益。

PO-1381

血清游离轻链在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的预后意义

贾祝霞¹、李瑾¹、卢绪章¹、徐卫²

1. 常州市第二人民医院

2. 江苏省人民医院

目的 探讨血清游离轻链 (FLC) 对 DLBCL 患者临床特征和预后的影响。

方法 通过游离轻链检测试剂盒检测所有 DLBCL 患者化疗前血清 FLC 水平。使用 Kaplan–Meier、Cox 回归方法分析正常 FLC 组和异常 FLC 组 OS 和 PFS 的差异。

结果 1.与 FLC 正常组比较，多克隆 FLC 升高组在分期和中-高/高危组 IPI 有统计学差异 (P 分别 < 0.001 、 0.005)，单克隆 FLC 组与晚期 ($P < 0.001$)、中-高/高危组 IPI ($P < 0.001$)、骨髓受侵 ($P < 0.001$)、LDH 升高 ($P < 0.001$) 有关。2.在 Non-GCB 患者中，与 FLC 正常组比较，多克隆 FLC 组仅在中-高/高危组 IPI 有统计学差异 ($P < 0.001$)，而单克隆 FLC 组与晚期 ($P = 0.003$)、中-高/高危组 IPI ($P = 0.004$)、骨髓受侵 ($P < 0.001$)、LDH 升高 ($P = 0.002$) 有关。3.与正常 FLC 组相比，异常 FLC 患者组 3 年的 OS 明显下降 (95%CI 47.52–52.74, 3 年 OS 87% vs 95%CI 39.51–49, 3 年 OS 71%, $P = 0.016$, HR2.24)，3 年的 PFS 明显下降 (95%CI 45.88–51.71, 3 年 PFS 84% vs 95%CI 37.82–47.95, 3 年 PFS 69%, $P = 0.032$, HR1.98)。与正常 FLC 组相比，单克隆 FLC 组 3 年的 OS 明显下降 (95%CI 47.52–52.74, 3 年 OS 87% vs 95%CI 23.13–45.64, 3 年 OS 62%, $P = 0.008$, HR2.24)，3 年的 PFS 明显下降 (95%CI 45.88–51.71, 3 年 PFS 84% vs 95%CI 22.18–45.16, 3 年 PFS 62%, $P = 0.024$, HR3.05)。4.在 GCB 型 DLBCL 患者中，FLC 正常组与 FLC 异常组的 OS ($P = 0.391$) 和 PFS ($P = 0.407$) 无统计学差异。5.在 non-GCB 型 DLBCL 患者中，与正常 FLC 组相比，单克隆 FLC 组 3 年的 OS 明显下降 (95%CI 43.83–51.9, 3 年 OS 83% vs 95%CI 16.36–42.95, 3 年 OS 50%, $P = 0.008$, HR4.104)，3 年的 PFS 下降，但差异无统计学意义 (95%CI 41.12–50.18, 3 年 PFS 79% vs 95%CI 15.21–42.22, 3 年 PFS 50%, $P = 0.076$, HR3.064)。

结论 总之，血清 FLC 异常与 DLBCL 患者的不良预后相关。血清 FLC 测定可以成为预测 DLBCL 预后简单易测的血清生物标志物。另外，也可作为监测 DLBCL 患者复发的指标，未来，需进一步研究 DLBCL 分泌 FLC 的机制，为 DLBCL 的治疗提供新的方法。

PO-1382

原发中枢神经系统淋巴瘤治疗靶点新探索

何杰、徐喜慧、许景艳

南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 原发中枢神经系统淋巴瘤 (PCNSL) 是一种仅局限于中枢神经系统的特异性非霍奇金淋巴瘤。在免疫功能正常的患者中，组织学类型几乎为弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL)。随着人口老龄化

趋势日益严峻，其发病率呈逐年增加。PCNSL 发病机制复杂，预后不佳，需要不断探索新的治疗靶点。

方法 通过 GEO 数据库筛选包括免疫功能正常的 PCNSL 和 Non-CNS DLBCL 的 mRNA 表达谱数据集。运用 GEO2R 分析工具对 PCNSL 与 Non-CNS DLBCL 进行差异表达基因 (DEGs) 分析。对这些 DEGs 进行 GO/KEGG 富集分析，筛选出枢纽基因，运用软件构建功能模块，确定核心基因，运用数据库筛选核心基因对应的靶 miRNA。

结果 研究纳入 13 例 PCNSL 和 30 例 Non-CNS DLBCL 患者的 mRNA 芯片数据。进行 DEGs 分析，筛选出 60 个 DEGs，包括 39 个上调基因，21 个下调基因。GO/KEGG 富集分析发现这些 DEGs 在 PI3K/AKT 通路富集。通过蛋白互作网络分析 (PPI)，最终筛选出 10 个枢纽基因，包括 GFAP、PLP1、S100B、NTRK2、COL3A1、PMP2、LOXL1、LTBP2、PTPRZ1、FBN1。通过 Cytoscape 软件构建功能模块，确定核心基因为 LTBP2。通过 miRWalk、miRDB、miRTarbase 数据库筛选 LTBP2 对应的靶 miRNA，最终确定 miR-150-5p 在 PCNSL 发病机制中具有潜在意义。

结论 miR-150-5p 靶向 LTBP2 通过 PI3K/AKT 通路在 PCNSL 发病中发挥作用，成为新的治疗靶点。

PO-1383

DLBCL-derived HMGB2 inhibits macrophage phagocytosis by up-regulating TRIM65 to promote NLRP3 ubiquitination

Sanxiu He, Yi Liu, Yifeng Tang, Liuyue Zhai, Huihui Fu, Xiaoqin Xie, Qing Xiao, Jun Li, Xiaomei Zhang, Yao Liu
The First Affiliated Hospital of Chongqing Medical University

Objective Diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL), the predominant non-Hodgkin lymphoma type, exhibits significant clinical and biological heterogeneity. Despite favorable outcomes with R-CHOP therapy in most cases, approximately 30-40% of patients experience disease progression or relapse. A comprehensive understanding of DLBCL pathogenesis is crucial to improve survival rates in these patients. Single-cell sequencing of DLBCL patient tumor tissues revealed a substantial increase in HMGB2 expression in highly proliferative B lymphoma cell subpopulations. HMGB2, a member of the non-histone chromosomal high mobility group protein family, plays a key role in regulating chromatin structure and gene transcription. However, its specific role in DLBCL progression remains poorly understood. This study aims to clarify the role and mechanisms underlying the abnormal overexpression of HMGB2 in DLBCL.

Methods We established DLBCL-Vector and DLBCL-HMGB2-sh cell lines and conducted in vivo experiments using a subcutaneous xenograft model to assess the impact of HMGB2 knockdown on tumor growth. Flow cytometry was employed to analyze the immune cell composition in the tumor microenvironment following HMGB2 knockdown. In vitro assays, including CCK-8, cell cycle, apoptosis, migration, and macrophage phagocytosis assays, were performed to investigate HMGB2's role in DLBCL cells. Transcriptome sequencing elucidated the underlying mechanisms, which were further validated through flow cytometry, immunofluorescence, and co-immunoprecipitation assays.

Results In the subcutaneous transplantation tumor model, HMGB2-sh group mice exhibited slower tumor growth compared to controls. However, in vitro studies did not show significant changes in proliferation, cell cycle, or apoptosis in HMGB2-sh DLBCL cells. Flow cytometry analysis of immune cell infiltration in tumor tissues showed no notable differences in T cells and NK cells between HMGB2-sh and control groups, but an increase in M1 macrophage proportion was observed in the HMGB2-sh group. Given that HMGB2 can act as a cytokine and be secreted extracellularly, we treated M0 macrophages with recombinant HMGB2 protein and observed a decrease in both M1 macrophage differentiation and phagocytic activity. Transcriptomic sequencing revealed upregulated TRIM65 expression in HMGB2-treated macrophages, known to ubiquitinate and degrade NLRP3 protein, enhancing macrophage phagocytosis. Co-

immunoprecipitation experiments confirmed increased NLRP3 ubiquitination in HMGB2-treated macrophages.

Conclusion DLBCL cells can elevate TRIM65 expression in macrophages through HMGB2 secretion, consequently increasing NLRP3 ubiquitination, and thus inhibiting M1 polarization and phagocytic capability of macrophages. This study suggests HMGB2 as a potential intervention target for DLBCL therapy, providing a theoretical basis for DLBCL treatment.

PO-1384

Risk factors of pneumonia associated with COVID-19 in patients with lymphoma

Dan Liu, Xia Yin, Hui Wang, Lijie Xing, Ping Li, Haichen Wei, Zengjun Li

Shandong Cancer Hospital and Institute, Shandong First Medical University and Shandong Academy of Medical Sciences

Objective Patients with hematological malignancies still face a significantly elevated risk of developing pneumonia after contracting COVID-19. Lymphoma is the most prevalent hematologic malignancy. We conducted a questionnaire survey targeting lymphoma patients to investigate their experiences with COVID-19 infection and pneumonia occurrence during the Omicron variant outbreak.

Methods A questionnaire was distributed to lymphoma patients through WeChat from January 11, 2023, to January 31, 2023. All cases included in this study are patients who were treated at the Lymphoma Department of Shandong Cancer Hospital and diagnosed as lymphoma according to the World Health Organization (WHO) 2016 diagnostic and classification criteria. Every patient in this study underwent a follow-up in September 2023. COVID-19 infection was confirmed based on symptoms and laboratory test as RT-PCR or antigen testing. Pneumonia was confirmed by CT scans conducted within 30 days since the onset of COVID-19 infection.

Results A total of 257 patients were finally included in this study. Among them, COVID-19 infection was observed in 221 patients (86.0%), while the remaining 36 patients (14.0%) remained uninfected. Univariate analysis showed that female (HR=2.25, 95%CI 1.06-4.80, P=0.035), receiving anti-CD20 therapies (HR=2.81, 95%CI 1.35-5.83, P=0.006), and B-cell non-Hodgkin lymphoma (NHL) (HR =3.13, 95 % CI 1.50-6.52, P=0.002) were risk factors for COVID-19 infection. However, multivariable analysis did not identify any independent risk factor among these three factors. Patients with B-NHL exhibited a significantly higher incidence of pneumonia compared to other types of lymphoma (31.8% vs. 27.6%, P=0.005). Higher incidences of pneumonia were observed in patients receiving anti-CD20 therapy (30.0% vs. 16.3%, P=0.048] and BTK inhibitor therapy (51.3% vs. 22.5%, P=0.001). Conversely, patients received anti-PD-1 therapy demonstrated a lower incidence of pneumonia (8.0% vs. 30.1%, P=0.018). Active treatment was associated with a significantly higher incidence of pneumonia compared to those not undergoing treatment (37.1% vs. 15.5%, P<0.001). Furthermore, patients who did not achieve remission also had a significantly higher incidence of pneumonia (51.2% vs. 22.2%, P<0.001). 135 patients (65.6%) received COVID-19 vaccine. However, vaccinated patients displayed a higher incidence of pneumonia compared to unvaccinated patients (32.4% vs. 18.4%, P=0.028). In univariate analysis conducted by Logistic regression model, B-NHL (HR=3.7, 95% CI 1.4-10.0, P=0.009), anti-CD20 therapies (HR=2.3, 95% CI 1.0-5.2, P=0.050), BTK inhibitor (HR=3.6, 1.8-7.4, P<0.001), active therapies (HR=3.0, 1.5-5.7, P=0.001), and lack of disease remission (HR=3.7, 1.8-7.4, P=0.001) were high-risk factors for developing pneumonia. Conversely, anti-PD-1 therapy was found to be a protective factor against pneumonia development (HR=0.2, 95% CI 0.05-0.9, P=0.034). By multivariable Logistic regression model, BTK inhibitor (HR=3.5, 1.6-8.0, P=0.003), active therapies (HR=3.3, 95% CI 1.6-6.8, P=0.001) and disease non-remission (HR=2.9, 1.3-6.4, P=0.007) were independent risk factors for lymphoma patients to develop pneumonia after contracting the COVID-19 virus.

Conclusion Our findings indicate that in the Omicron age, approximately 24% of lymphoma patients are susceptible to developing pneumonia following viral infection. Patients receiving BTK inhibitors, undergoing active therapies, and lacking disease remission exhibit a higher risk for pneumonia associated with COVID-19.

PO-1385

Impact of adjuvant modified dendritic cell-cytokine-induced killer cells (DC-CIK) therapy in R/R NKTL on progression-free and overall survival : A report of three cases

Zeli Gao

Affiliated Hospital of Panzhihua University

Objective Prolonging the progression-free and overall survival (OS) of relapsed/refractory NK/T lymphoma/leukemia (R/R NKTL) is extremely challenging, and currently no standard treatment is available for this condition. Novel therapies such as hematopoietic stem cell transplantation or CAR-T were limited for R/R NKTL patients by severe complications and costs, though which improve the prognosis of hematological malignancy. Dendritic cell-cytokine-induced killer cells (DC-CIK) show efficacy and safety in some solid tumors and B-cell derived hematological malignancy. Compared with conventional DC-CIK cells, the activity and specific targeted killing effect on cancer cells of modified DC-CIK cells loaded with membrane particles (MMPS) is increased. Herein we present the cases that adopted modified DC-CIK loaded with tumor stem cell(TSC) membrane microparticles (MMPS) in treating R/R NKTL.

Methods Three R/R NKTL patients, who failed at least 2 cycles first-line chemotherapy or radiotherapy, received combined second-line chemotherapy and modified DC-CIK therapy successively at the affiliated hospital of Panzhihua University from March 2016 to April 2023. All patients underwent the general situation evaluation and infectivity test before cells infusion. After signing informed consents, the modified DC-CIK regimen (5×10^6 cell per kg) was delivered 1-3 cycles (one daily infusion for 3 consecutive day each cycle) between 2 and 4 weeks following conventional chemotherapy. The patients was followed up every 1-3 months for CBC, hepatorenal functional test, bone marrow aspiration, flow cytometry analysis, and radiological examination.

Results All three patients were male (ages 8 years, 46 years, and 50 years); Their previous diagnoses were T-LBL, NK/T Lymphoma,AITL.All Clinical stages were stage 4, and one of them was accompanied by central nervous system leukemia;

Blast cells number of bone marrow Before Cells therapy 23%, 6%, and 26.5% respectively; The change of bone marrow blast number was less than 5% after 1 year of cell therapy; Chemotherapy cycles were 2(VDLP), 2(CHPOE)+4(Decitabine+chidamide) and Radiotherapy,6 P-GemOx, respectively; Two of the DC-CIK donors were from close relatives and one was from Cord blood; The Total cell numbers were 33.6×10^9 , 13.8×10^9 and 16.5×10^9 respectively; No treatment-related side effects; In two patients, the chimerism rate of NK cells and T cells was 0 at 4 weeks after cell infusion; In one patient, cytokines such as MIP-1a, IL-8, and mip-B returned to normal after 4 weeks; The follow-up time was 2-8 years; No severe complications like GVHD, CRS and organ disfunction were observed during follow up period. Three patients are still alive today.

Conclusion The modified DC-CIK therapy shows efficacy and safety in R/R NK/TL, which may provide a potential adjuvant therapy for R/R NKTL.

PO-1386

磁共振图像一阶参数在 PCNSL 诊疗中的价值研究

张东阳、王树叶

哈尔滨医科大学附属第一医院血液内科

目的 旨在探讨 PCNSL 患者的磁共振图像一阶参数（平均数、标准差、变异系数、偏度、峰度、熵）与不同生物标记物表达状态、细胞来源、化疗敏感性之间的关联性，以评估 MRI 参数在预测 PCNSL 生物行为及治疗响应方面的潜在价值。

方法 回顾性分析 2020 年 1 月至 2024 年 3 月哈医大一院血液内科收治的共 40 例 PCNSL 患者资料，将患者分为：BCL-2 阳性组与 BCL-2 阴性组，Ki67 \geq 75%组与 Ki67 $<$ 75%组，BCL-2 阴性合并 BCL-6 阳性组与其他组，non-GCB 组与 GCB 组，化疗不敏感组与敏感组。分析提取 40 例患者基线期头颅磁共振 T1WI 增强加权像图像参数并进行分析，比较每两组平均数、标准差、偏度、变异系数、峰度、熵等定量参数的差异，并探究 MRI 图像参数预测的效能。对原始数据进行 Box-Cox 转换或 Yeo-Johnson 转换。利用 SPSS v.25.0 对转换后的数据进行统计学分析，进行正态性检验和方差齐性检验，采用独立样本 t 检验或 Mann-Whitney U 检验。对指标进行单因素二元 Logistic 回归分析。绘制受试者工作特征曲线 (ROC 曲线)，比较来评价预测指标的诊断效率，探究各项参数预测 Ki67 指数，BCL-6 单表达、细胞来源、HD-MTX 化疗敏感性等指标表达的效能。P < 0.05 为差异有统计学意义。

结果 平均数、标准差、熵在 BCL-2 阳性组与 BCL-2 阴性组、Ki67 \geq 75%组与 Ki67 $<$ 75%组、BCL-2 阴性合并 BCL-6 阳性组与其他组、化疗不敏感组与敏感组间差异有统计学意义 (P<0.05)。单因素分析中，平均数、标准差和熵与 BCL-2 阳性状态、Ki67 表达水平、non-GCB 与 GCB 类型以及化疗敏感性均呈现显著相关性。通过绘制 ROC 曲线，平均数、标准差、熵这三个参数对于 PCNSL 生物标记物表达状态 (BCL-2, Ki67, BCL-6)、细胞来源、化疗敏感性有一定的预测效能，多参数联合分析的预测效能较单个图像参数更高。

结论 1.在磁共振 T1WI 增强扫描像中，平均数、标准差、熵这三个一阶图像参数与不同生物标记物表达状态 (BCL-2, Ki67, BCL-6)、细胞来源、化疗敏感性有一定的关联性，并且在预测肿瘤生物学行为及治疗反应中有一定的价值。

2. BCL-6 的单表达可能是提示 PCNSL 预后较好的因素之一。

PO-1387

真实世界维泊妥珠单抗联合治疗方案的疗效及安全性研究

何章雨霆、王为、庄喆、张薇、周道斌、张炎

中国医学科学院北京协和医院

目的 维泊妥珠单抗 (Polatuzumab vedotin, Pola) 是靶向 CD79b 的新型抗体偶联药物，在 DLBCL 的一线及挽救治疗中均有较好疗效。本研究目的是评估 Pola 在真实世界应用的疗效及安全性。

方法 我们进行了一项回顾性队列研究，纳入 2023 年 4 月至 2024 年 2 月来自北京两家医疗中心接受含 pola 方案治疗且接受至少一次疗效评估的成年 DLBCL 患者。收集患者的基线特征、治疗信息和不良反应。使用描述性统计分析患者的人口统计特征，采用生存分析评估药物治疗的长期效果。

结果 共 50 例患者纳入研究，其中一线治疗 37 例，挽救治疗 13 例。一线治疗组中位年龄 69 岁，男性 11 例，其中 30 例接受一线含 pola-R-CHP 样方案治疗，7 例高龄患者接受 Pola-R-来那度胺样无化疗方案。两组最佳反应率分别为 100%、85.71%，最佳完全缓解率分别为 80.00%、71.43%。两组主要不良反应包括骨髓抑制、肝功能受损等，严重不良反应发生率分别为 58.06%、

54.55%。二线治疗组共 13 例，中位年龄 66 岁，男性 4 例，挽救方案包括：3 例 Pola-R-DHAP，4 例 pola-R-CHP、3 例 pola-苯达莫司汀等。最佳反应率为 69.23%，完全缓解率为 38.46%，主要不良反应包括骨髓抑制，严重不良反应发生率为 53.84%。所有 50 例患者的中位随访 244 天，中位无进展生存期未达到，一线治疗组 0 例复发，挽救治疗组 1 例复发。

结论 本真实世界研究显示 pola 联合治疗方案，在一线治疗或挽救治疗均具有良好的疗效和安全性。

PO-1388

自体造血干细胞移植治疗艾滋病合并复发难治霍奇金淋巴瘤 1 例

陈玲珍、张泳民、艾菁
广州医科大学附属市八医院

目的 霍奇金淋巴瘤（HL）是最可能治愈的淋巴瘤，但仍有少部分存在复发或原发耐药。此时选择挽救性化疗联合自体造血干细胞移植（auto-HSCT）是其标准治疗方案。然而，艾滋病合并复发难治 HL 行 auto-HSCT 缺乏高级别循证医学研究数据的支持，涉及到抗肿瘤和联合抗逆转录病毒（cART）治疗两个方面。本研究初步观察 auto-HSCT 治疗艾滋病合并复发难治 HL 的干细胞动员效果、预处理方案、造血重建、移植后免疫重建、HIV 病毒载量、重症感染发生率等指标，探索 auto-HSCT 给这个特殊群里所带来的获益和风险，值得临床医师重视和关注。

方法 患者，男，48 岁，2018 年 4 月发现左颈部包块，包块病理活组织检查提示为经典型 HL，同时发现 HIV(+)，诊断艾滋病合并 cHL，规范给予 cART 和 8 疗程 ABVD 方案化疗，疗效 CR。2021 年 9 月患者再次出现左颈部包块肿大，经活检，病理提示 cHL，给予 3 程 PD-1+ICE 治疗，疗效不明显，更换 GVD 方案治疗 5 程，疗效 CMR。给予 EA 方案干细胞动员，一次性采集 CD34+细胞数 47.25x10⁶/kg 体重。预处理方案：BeEAM。cART:拉米夫定联合多替拉韦。

结果 中性粒细胞植入时间为+8d，血小板植入时间为+11d，CD4+细胞在+9d 恢复至 201 个/ul、+12d 恢复至 364 个/ul，口腔黏膜炎 I~II 级，未出现严重感染并发症，HIV-1RNA 定量一直阴性。

结论 HIV 感染以及 cART 没有影响造血干细胞采集，没有影响中性粒细胞和血小板植入；HIV 的存在没有影响移植后免疫功能的重建。auto-HSCT 期间持续使用 cART 药物，没有出现 HIV 的活跃复制。

PO-1389

CAR-T 治疗淋巴瘤患者心理韧性水平及其影响因素研究

蒙娜
四川大学华西医院上锦分院/成都上锦南府医院

目的 本研究旨在探讨接受嵌合抗原受体 T 细胞（CAR-T）治疗淋巴瘤患者的心理韧性水平，并分析其影响因素，为临床护理提供科学依据。

方法 采用便利抽样法，于 2023 年 2 月至 2024 年 2 月期间，选取四川省某三甲医院血液内科接受 CAR-T 治疗的 28 名淋巴瘤患者为研究对象。使用中文版 Connor-Davidson 心理弹性量表评估患者心理韧性水平，同时采用一般自我效能感量表和医学应对方式问卷分别评估患者的一般自我效能感和医学应对方式。

结果 研究结果显示，28 名淋巴瘤患者的心理弹性得分为（63.52±15.71）分。通过多元回归分析，发现一般自我效能感、屈服、面对、人均月收入、家庭收入主要来源等因素共同解释了心理弹性 66.2%的变异量，其中一般自我效能感、屈服和面对为最强的解释因子。此外，一般自我效能感、屈服、家庭收入主要来源、手术史、人均月收入等因素可解释坚韧性 61.4%的变异量；一般自我效

能感、屈服、人均月收入 and 回避等因素解释了 63.2% 的强度变异；一般自我效能感、宗教信仰和屈服等因素解释了 32.5% 的乐观变异。

结论 CAR-T 治疗淋巴瘤患者的心理韧性水平受多种因素影响，其中一般自我效能感、屈服和面对等因素对其心理韧性具有显著影响。因此，在临床护理中，应关注患者的心理韧性水平，并采取相应措施提高患者的一般自我效能感，鼓励患者积极面对疾病，减轻屈服心理，从而提高患者的心理韧性和生活质量。

PO-1390

CHPF 调控 PI3K/AKT 信号通路促进 CD5+ 弥漫大 B 细胞淋巴瘤发展: 潜在治疗靶点及治疗效果探究

林竞初²、班莉¹、陈思慧¹、刘恋¹、刘检波¹、汤健丽¹、黄嘉瑜¹、陈奥¹、罗晓丹¹、郑润辉¹

1. 广州医科大学附属第五医院

2. 广州医科大学附属第一医院

目的 CD5+ 弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 约占所有 DLBCL 病例的 5%-10%，常伴有多种不良临床特征，对利妥昔单抗为基础的免疫化疗反应有限，预后极差。本研究旨在探讨 Chondroitin Polymerizing Factor (CHPF) 在 CD5+ DLBCL 中的表达情况，并揭示其对淋巴瘤进展的潜在影响及分子机制，为开发新的靶向治疗策略提供理论基础，改善患者的临床预后。

方法 使用组织微阵列 (TMAs) 对 DLBCL 和正常组织的 CHPF 表达进行比较，并通过免疫组化分析 (IHC) 来定量评估 CHPF 在淋巴瘤中的表达水平。细胞培养实验中，我们利用 Daudi 和 OCI-Ly10 细胞系进行体外研究，探究 CHPF 基因的功能。转染和 RNA 干扰技术用于降低细胞中 CHPF 的表达水平，从而验证其对淋巴瘤细胞增殖和迁移的影响。最后通过 KEGG 通路富集分析确定了 CHPF 影响的信号通路，并使用 PMSCV-HA-CHPF 过表达质粒探讨 CHPF 与 RHOA 蛋白的相互作用。

结果 DLBCL 组织中 CHPF 的表达显著高于正常组织，特别在 CD5 阳性病例中。通过淋巴瘤细胞系中 CHPF 的敲除实验，发现其可导致细胞增殖和迁移减少，凋亡增加，并诱导细胞周期停滞。体内实验显示，CHPF 敲除抑制了小鼠模型中的肿瘤生长。通过富集分析发现 CHPF 能激活 PI3K/AKT 信号通路，并与 RHOA 蛋白相互作用，揭示了其在淋巴瘤发展中的重要作用。

结论 CHPF 通过调节 PI3K/AKT 信号通路在 DLBCL 进展中起着关键作用，可能为治疗 CD5+ DLBCL 提供新的治疗手段。

PO-1391

初诊时外周血代谢组对难治性结外 NK/T 细胞淋巴瘤的预测价值研究

杨云帆、刘钦瑜、唐文娇、王婕、钟旭姝、徐娟、张春兰、吕曙力、龙艳红、徐才刚

四川大学华西医院

目的 以天冬酰胺酶为基础的抗代谢治疗是结外 NK/T 细胞淋巴瘤 (NKTCL) 的首选治疗。本研究通过分析 NKTCL 初诊时外周血的代谢组特征，寻找难治患者的代谢组特点并为进一步机制研究提供依据。

方法 研究收集了华西医院诊治的 85 例 NKTCL 患者初诊时的外周血与 30 例对照组的外周血，采用液相色谱-质谱联用的方法进行非靶向水溶性代谢组和脂溶性代谢组分析。对 47 例 NKTCL 患者

进行了靶向水溶性代谢组检测，对非靶向代谢组结果进行验证。对以上组学结果结合临床数据进行分析。

结果 NKTCL 患者与对照组的外周血代谢组氨基酸代谢区别明显。NKTCL 患者中，分为难治、复发、疗效良好三组，难治组表现出与其他两组明显不同的代谢组特征。难治组在丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢通路、色氨酸降解通路、组氨酸代谢通路和嘧啶代谢通路的关键代谢物水平上与非难治组有明显差异。我们选取了五个代谢产物构建针对难治 NKTCL 的预测模型，曲线下面积（AUC）达 0.849，优于 PINK 和 PINKE 评分。

结论 NKTCL 初诊时的外周血代谢组可有效预测患者未来是否难治，优于传统的 PINK/PINKE 评分，为未来优化一线治疗选择提供了进一步探索的可能。难治 NKTCL 独特的代谢特征为进一步机制研究提供了基础。

PO-1392

中国淋巴瘤流行特征及预测研究

林康倩、闫贻忠
石河子大学医学院

目的 1. 分析 2005-2017 年中国淋巴瘤的流行病学特征、变化趋势。2. 探究中国淋巴瘤发病率与死亡率的年龄、时期及队列效应。3. 预测 2018-2035 年中国淋巴瘤发病率和死亡率情况。为中国淋巴瘤的防治提供基础数据和科学支持。

方法 1. 利用《中国肿瘤登记年报》2005-2017 年淋巴瘤病例数据，计算此期间中国淋巴瘤的（标化）发病率、（标化）死亡率。按年龄、性别、地区等分层，对 2005-2017 年中国淋巴瘤的分布情况进行描述。2. 构建 Joinpoint 模型计算年度变化百分比(annual percentage change, APC)和平均年度变化百分比(average annual percentage change, AAPC)分析我国 2005-2017 年淋巴瘤发病、死亡的时间趋势。3. 构建年龄-时期-队列模型分析我国 2005-2017 年淋巴瘤发病和死亡的年龄、时期及队列效应。4. 应用贝叶斯年龄-时期-队列模型预测到 2035 年中国淋巴瘤发病和死亡趋势。

结果 1. 2005-2017 年，中国淋巴瘤发病率为 6.26/10 万，标化发病率为 4.11/10 万；死亡率为 3.60/10 万，标化死亡率为 2.16/10 万。其中，男性标化发病率和标化死亡率均高于女性；城市标化发病率和标化死亡率均高于农村。2. 2005-2017 年，中国淋巴瘤的标化发病率呈现增长趋势，AAPC 为 1.4% (95%CI: 0.3%, 2.5%)；标化死亡率呈现增长趋势(AAPC=2.1%; 95%CI: 0.6%, 3.6%)。3. 2005-2017 年，中国淋巴瘤的发病风险随年龄增长呈下降-上升-下降的趋势，时期效应呈缓慢上升趋势，而队列效应呈下降趋势；死亡风险随年龄增长呈波动上升的趋势，时期效应呈上升趋势，而队列效应呈下降-上升-下降的趋势。4. 2018-2035 年，中国、男性、女性、城市和农村淋巴瘤发病率呈上升趋势，而死亡率均下降。

结论 1. 淋巴瘤标化发病和死亡率均呈增长趋势。2. 中国淋巴瘤的发病和死亡均存在地区、性别、年龄差异。3. 而淋巴瘤的标化发病率将呈上升趋势，但标化死亡率将下降。

PO-1393

一例弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者癌性伤口的护理

陈蔓丽
新桥医院

目的 总结一例弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者癌性伤口的护理全过程

方法 1. 评估伤口的愈合能力。该患者伤口血供充足，经与经管医生沟通后认为患者伤口情况可通过

治疗纠正病因及换药得到改善，帮助患者建立信心。2.测量伤口。测量伤口的长、宽及深度，并进行连续记录。由于该患者的伤口表面覆有黑痂，故伤口深度未能准确记录。3.多学科会诊。邀请伤口门诊老师会诊，确定伤口换药流程；邀请营养科医师会诊，制定患者饮食方案。4.换药流程严格执行无菌技术，防止伤口感染恶化。5.延续性护理。建议患者居家期间选择当地医院的伤口造口门诊或社区医院进行伤口护理。并与医务人员保持联系，及时反馈伤口情况。

结果 患者伤口持续带痂 5 个月左右，顺利完成 4 次化疗，最终硬痂脱落，伤口完全愈合。

结论 经过系统化的伤口护理全流程，促进了伤口愈合，保障了治疗的顺利进行，该方法值得借鉴。

PO-1394

淋巴瘤患者全程管理模式在区县级医院的运用

徐子焱、胡鹏
重庆市合川区人民医院

目的 近年来，我国淋巴瘤的发病率持续上升，淋巴瘤患者的数量越来越多。多数淋巴瘤患者经过规范化的治疗和管理，生存期可大大延长，甚至达终身治愈。据报道，美国与日本淋巴瘤患者 5 年总生存（OS）率分别为 68.1%和 57.3%，而我国淋巴瘤患者 5 年 OS 率仅为 38.4%。主要存在误诊率高、治疗及随访依从性差等问题。通过从淋巴瘤患者观察期病情监测的时间到患者的健康教育；从免疫治疗期院内就诊引导到维持治疗期的院外随访，从常规治疗到移植前后，制定一系列措施。真正地做到：践行全生命周期的照护理念，使患者在疾病治疗及康复全流程均能得到及时地指导和帮助，获得全方位的精细化管理。以期提升淋巴瘤患者 OS 率，提高患者的生存质量。

方法 成立由本单位临床、病理、影像、护理等成员组成的淋巴瘤全程管理团队。设立淋巴瘤关爱顾问；在公共区域摆放淋巴瘤疾病相关资料；在门诊/病区播放淋巴瘤科普视频；发现淋巴瘤肿大伴发热的患者，首诊对接关爱顾问；关爱顾问录入患者基本信息，协助就诊及完善治疗前检查。主管医生规范化推进诊疗，协助患者记录治疗相关信息（治疗开始时间、治疗过程、检查指标及不良反应）；科室设有专病小组负责患者出院随访工作，以数据化和同质化为目标，加强科学管理，提高我区淋巴瘤患者的生存周期与生活质量。

结果 开展淋巴瘤患者全程管理模式以来，我单位共收治该类患者 50 人，较未开展前上升了 8%；患者的治疗积极性和依从性也较前有所提升。

结论 淋巴瘤患者全程化管理，让患者诊治获得全方位的精细化管理，使患者在疾病治疗及康复全流程均能得到及时地指导和帮助，在基层医院也实现疾病及其并发症的规范化诊治和护理。

PO-1395

泽布替尼联合 R-CHOP 方案治疗初诊结外侵犯的弥漫大 B 细胞淋巴瘤的疗效和安全性：一项单臂前瞻性 II 期临床试验

杨涛、李军、胡重灵、张文军、郭冰凌、刘俊、肖春燕、黄德鸿、李杰平、南映瑜、刘耀
重庆大学附属肿瘤医院

目的 大约三分之一的弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）主要发生在结外部位，患有结外侵犯的患者临床预后不佳。迫切需要为患有结外侵犯的 DLBCL 患者寻找新的治疗方法。我们旨在将泽布替尼联合 R-CHOP 方案治疗新诊断的伴有结外侵犯的弥漫大 B 细胞淋巴瘤，并评估 ZR-CHOP 的疗效和安全性。

方法 我们开展了一项单组前瞻性 II 期临床试验，旨在评估泽布替尼联合 R-CHOP 方案治疗新诊断的淋巴结外 DLBCL 患者的疗效和安全性。患者接受的治疗方案为：R-CHOP 方案静脉注射利妥昔

单抗（375mg/m²，第 0 天）、环磷酰胺（750mg/m²，第 1 天）、多柔比星（50mg/m²，第 1 天）、长春新碱（1.4mg/m²，第 1 天）和口服泼尼松（50mg/天，第 1-5 天）联合泽布替尼（160mg，每天两次，第 1-21 天）方案。该试验已在中国临床试验注册中心注册（ChiCTR2100053056）。

结果 38 例患者接受了至少 2 个周期的 ZR-CHOP 方案治疗，34 例患者完成 6 个周期。患者中位年龄为 58 岁（38-70 岁）。20 例患者（53%）IPI 评分为中高风险，24 例患者（63%）患者为 III-IV 期，21 例（55%）患者为非 GCB 型，22 例患者（58%）Ki-67 表达 > 80%。10 例患者（26%）为双表达淋巴瘤，7 例患者（18%）CD5 阳性，5 例患者（13%）TP53 超过 80%。37 名患者可评估。整体客观缓解率（ORR）为 92%（34/37），23 例患者（62%）达到完全缓解（CR）。1 例患者（3%）因原有心脏病引起的心肌梗塞去世，3 例患者（11%）因疾病进展（PD）退出试验。值得注意的是，在第 4 个周期时已达到 PR 的 6 例患者评估后达到 CR。更令人鼓舞的是，13 例患者 4 个周期达到 PR，但在 6 个周期达到 CR，这表明更长时间的治疗可能会实现更深层次的缓解。最常见的血液学毒性不良事件是中性粒细胞减少症、血小板减少和贫血，3/4 级不良事件发生率分别为 19%、13% 和 10%。最常见的非血液学毒性是肺炎、恶心和疲劳，3/4 级不良反应发生率分别为 16%、6% 和 3%。

结论 我们的结果表明，泽布替尼加 R-CHOP（ZR-CHOP）是一种安全且这对于伴有结外侵犯的 DLBCL 患者而言是一个有效的治疗方案，提示在标准一线治疗基础上添加泽布替尼可使该类患者在治疗上达到更好的缓解，且不会显著增加毒性。

PO-1396

DLBCL 早期化学免疫治疗失败的临床和分子特征

董滢宇

上海交通大学医学院

目的 本研究旨在通过分析 R-CHOP 免疫治疗的 DLBCL 患者的临床和分子学层面的特征，分析早期免疫化疗失败的 DLBCL 患者的相关特点，以期在临床诊断中识别早期免疫化疗失败的 DLBCL 患者群体，根据该人群的临床分子特征调整一线治疗策略，有效改善 DLBCL 患者的预后。

方法 在 2010 年 1 月至 2020 年 6 月期间，共有 1819 例 DLBCL 患者被纳入该研究。所有患者均接受 R-CHOP 免疫化疗。对早期复发的 592 例患者进行了生存及临床分子病理学特征的相关分析，基因组学和转录组学的相关分析，以进一步研究难治性和复发性 DLBCL 的分子学和肿瘤微环境的相关特征。

结果 1819 例 DLBCL 患者中，对照组 1227 例，早期复发（ECF）324 例，晚期复发（LCF）268 例，与 LCF 患者相比，ECF 患者与 Ann Arbor 晚期，血清 LDH 升高，多节结外受累率显著相关（均 $p < 0.05$ ），两组患者有生存差异。转录组学分析提示 ECF 和 LCF 的 DLBCL 患者在细胞周期和 DNA 修复，转录调控，细胞代谢等通路之间存在显著差异，同时发现在 ECF 的 DLBCL 患者的免疫微环境中，对中性粒细胞和巨噬细胞的招募活性增加。

结论 研究分析了 ECF 和 LCF 的 DLBCL 的临床和分子学特征谱，可以在临床早期预警 ECF 患者，对于 ECF 风险较高的患者，建议优化治疗方案，尽早采用新的治疗策略。

PO-1397

细胞周期相关蛋白 ZYG11A 在弥漫性大 B 细胞淋巴瘤中的不良预后作用

赵丽丽¹、赵致佳²、张丽娜²、张旗²、王晓波²

1. 大连市第三人民医院

2. 大连医科大学附属第二医院

目的 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 是非霍奇金淋巴瘤最常见的亚型, 仍有 30%-40% 的患者对一线治疗产生耐药, 预后较差, 长期生存率不足 50%。IPI 是最常应用的预后判断模型, 但其仅纳入临床因素, 未考虑分子学指标。ZYG11A 是一种细胞周期调节因子, 在非小细胞肺癌等疾病中被识别为潜在的癌基因, 但其在 DLBCL 中的预后作用尚不清楚。

方法 根据 TCGA 中获得的数据, 基于生物信息学方法评估了 ZYG11A 在 DLBCL 患者中 mRNA 的表达水平, 分析了 ZYG11A 表达高低组差异表达基因、富集的通路、免疫浸润和预后的差别, 以明确 ZYG11A 在 DLBCL 中参与发病机制和判断预后的作用。

结果 DLBCL 肿瘤样本 (n=47) 的 ZYG11A 表达水平较正常样本 (n=444) 显著升高, 【Log2 (TMP+1) 分别为 0.78802 ± 0.65123 vs. 0.31 ± 0.64373 , $p=2.25e-12$ 】。Cox 单因素及多因素分析表明, ZYG11A 的表达水平 (HR 11.47, 95% CI 1.37-96.3, $p=0.025$) 均是 DLBCL 患者的独立不良预后因素; 生存分析显示, ZYG11A 高表达的 DLBCL 患者 (n=24) 较低表达患者 (n=24) 的 OS 更短; ZYG11A 表达水平的时间依赖性 ROC 曲线在预测 1、3、5 年 OS 的 AUC 分别为 0.723、0.833、0.930。ZYG11A 表达高低两组差异表达基因的 GO 和 KEGG 注释结果显示, 钾离子跨膜转运、钾离子转运、激素转运 (BP), 离子通道复合物、跨膜转运复合体、转运复合体 (CC), 金属离子跨膜转运活性、门控通道活性、离子通道活性 (MF), IL-17 信号通路 (KEGG) 主要富集。GSEA 结果显示, 在 ZYG11A 高表达的 DLBCL 样本中, 促炎症和表皮损伤介质概况 (NES=1.826, $p=0.031$)、细胞外基质结构 (NES=1.602, $p=0.031$)、GαQ 信号事件 (NES=1.652, $p=0.032$)、NABA 信号调节器 (NES=1.643, $p=0.032$)、嗅觉信号通路 (NES=1.533, $p=0.032$) 均有不同程度的富集。免疫浸润分析提示, ZYG11A 高表达组的效应记忆型 T 细胞浸润更低 ($p=0.056$), 活化的树突细胞浸润更高 ($p=0.0048$)。最后, 基于 ZYG11A 表达水平和临床特征 (包括年龄、分期) 构建列线图用来判断 DLBCL 患者的预后。

结论 ZYG11A 在 DLBCL 中高水平表达, 可作为判断 DLBCL 不良预后良好的分子标志物; ZYG11A 高表达与一系列细胞信号转导通路生物学过程和分子功能有关; 基于 ZYG11A 的研究可为进一步探索 DLBCL 的分子机制和优化预后判断提供帮助。

PO-1398

含有奥布替尼的方案治疗边缘区淋巴瘤的回顾性研究

张洪勇、程志鹏、武盈盈、廖丹颖、张纯、孙春艳、胡豫、梅恒、夏凌辉、方峻

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨含有奥布替尼的方案治疗边缘区淋巴瘤 (MZL) 的疗效。

方法 回顾性分析 2023 年 6 月至 2024 年 3 月在华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科接受含有奥布替尼方案治疗的 MZL 患者的临床资料。

结果 截止到 2024 年 5 月 17 日, 本研究纳入 13 例 MZL 患者, 其中男性 6 例, 女性 7 例, 中位年龄 61 岁 (48~77 岁)。9 例为 MALT 淋巴瘤 (原发胃 1 例, 非原发胃 8 例), 3 例为结内 MZL, 1 例为脾脏 MZL。I~II 期 7 例, III~IV 期 6 例。方案包含奥布替尼联合 CD20 单抗 (8/13)、单药 (3/13)、联合 miniCHOP (1/13)、联合 BR (1/13)。其中 7 例患者作为一线方案, 6 例患

者作为二线方案，前线换药的原因为化疗不耐受（5/6）和进展（1/6）。随访中位时间为 2 月（1-11 月）。通过全身 PET-CT/增强 CT 检查、胃镜（胃受累患者）评估疗效。目前 6 名可评估患者中 3 例患者完成 6 个疗程，其余患者已使用 2-5 疗程，CR 率 66%（奥布替尼联合 CD20 单抗 4 例），PR 率 33%（奥布替尼联合 CD20 单抗 1 例，奥布替尼单药 1 例），ORR 为 100%。未有患者出现疾病进展/复发或死亡。未观察到 III 级及以上的不良反应。

结论 含有奥布替尼的方案在 MZL 中展现出良好的疗效，奥布替尼联合 CD20 单抗方案为初治 MZL、以及不耐受免疫化疗的患者提供了一种安全有效的治疗选择。

PO-1399

SYK 高表达的 DLBCL 促进中性粒细胞外诱捕网形成 介导肿瘤细胞耐药机制的研究

韩笑

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 中性粒细胞外诱捕网（NETs）是活化中性粒细胞释放的 DNA、组蛋白和抗菌蛋白构成的网状结构。近期研究揭示，NETs 在肿瘤发展与转移中发挥关键作用。本研究旨在探索淋巴瘤中 NETs 的生成机制及其对疾病进展的影响。

方法 （1）通过分析 454 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）患者的临床信息和转录组数据，对比 1 年内进展（PFS 12）患者（101 例）与 1 年以上进展（353 例），PFS 12 患者存在 SYK 基因的高表达。

（2）通过转染和敲低实验，构建 SYK-OE 和 SYK-sh 的 B 细胞淋巴瘤细胞株，检测 SYK 基因高表达与敲低后对淋巴瘤细胞的生物学功能影响，通过体外共培养模型评估肿瘤细胞 SYK 表达水平对中性粒细胞功能的影响，并使用免疫荧光技术检测 NETs 的形成。（3）探索中性粒细胞的 ROS 产生、细胞内钙离子水平变化，对肿瘤细胞增殖和耐药的作用机制。

结果：（1）组织免疫荧光提示 PFS 12 的 DLBCL 患者中，NETs 生成显著增加。（2）SYK 高表达组患者的无进展生存期（PFS）和总生存期（OS）均较低表达组显著缩短。（3）与 SYK 高表达的肿瘤细胞共培养的中性粒细胞倾向于 N2 型极化，胞内 ROS 水平升高，导致更多 NETs 的形成，介导肿瘤细胞耐药。

结果 （1）组织免疫荧光提示 PFS 12 的 DLBCL 患者中，NETs 生成显著增加。（2）SYK 高表达组患者的无进展生存期（PFS）和总生存期（OS）均较低表达组显著缩短。（3）与 SYK 高表达的肿瘤细胞共培养的中性粒细胞倾向于 N2 型极化，胞内 ROS 水平升高，导致更多 NETs 的形成，介导肿瘤细胞耐药。

结论 本研究揭示了淋巴瘤中 NETs 的生成机制及其对疾病进展的潜在影响，特别是 SYK 高表达淋巴瘤促进中性粒细胞分化和 NETs 生成中的关键作用机制，为淋巴瘤的治疗提供了新的靶点。

PO-1400

CSNK1E 高表达促进弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 细胞干性和耐药的机制研究

李想、王黎、赵维莅

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）具有高度的临床和生物学异质性，而酪蛋白激酶 CSNK1E 在维持肿瘤干性和耐药中起重要作用。本研究旨在探讨 CSNK1E 在 DLBCL 中的作用，并为 CSNK1E 抑制剂在 DLBCL 中应用提供理论依据。

方法 对 682 名初发 DLBCL 患者进行转录组及靶向测序。根据 CSNK1E 表达水平，将患者分为高表达组 (n=341) 和低表达组 (n=341)，比较两组的临床特征、突变谱、富集通路及免疫浸润。

结果 CSNK1E 高表达患者表现出更差的临床特征，如 ECOG 评分 ≥ 2 ，LDH 水平升高，IPI 评分 3-5，ABC-DLBCL 比例更高；这些患者疾病进展快，总体生存差，复发及 SD/PD 比例高。且在 R-CHOP 治疗 SD/PD 患者中，CSNK1E 在 SD/PD 状态时表达水平较初发时显著升高。突变景观显示，CSNK1E 高表达患者 PIM1、MPEG1、MTOR 等基因突变率高，这些突变与淋巴瘤复发耐药相关。富集通路显示，CSNK1E 高表达患者干性相关通路如 Notch、Wnt、Hedgehog 等通路上调，磷脂酰肌醇、内质网应激通路上调。免疫浸润显示，CSNK1E 高表达患者，肿瘤内 CD4+ 记忆 T 细胞和辅助 T 细胞减少，提示肿瘤细胞干性增加，肿瘤对化疗药物耐药。

结论 CSNK1E 高表达通过激活干性相关信号通路，维持 DLBCL 干细胞样特征，促进肿瘤耐药。因此，CSNK1E 抑制剂有望成为 CSNK1E 高表达的 DLBCL 治疗新策略。

PO-1401

自拟 R-GOAD 方案治疗复发难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤 23 例临床观察

王业生

郑州大学第五附属医院

目的 本研究旨在观察 R-GOAD 方案治疗复发难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床疗效和不良反应。

方法 自拟 R-GOAD 方案治疗复发难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤，具体用法为：利妥昔单抗注射液 375mg/m²、ivgtt、d0；注射用盐酸吉西他滨 0.8-1.0、ivgtt、d1、8；注射用阿扎胞苷 0.1g、ih、d1-5；注射用奥沙利铂 100mg/m²、ivgtt、d2；地塞米松磷酸钠注射液 10mg、iv、d1-7；化疗中常规应用止吐药物，化疗结束后常规应用长效升白针预防粒缺感染。21 天为一个治疗周期，每两个治疗周期进行疗效和不良反应评估，如化疗过程中出现严重的骨髓抑制或其他严重的不良反应则进行剂量调整或停用。

结果 共入组 23 例患者，其中男 13 人，女 10 人，中位年龄 62 岁，最大年龄 82 岁，最小年龄 38 岁。GCB 亚型 11 例，nonGCP 亚型 12 例；二线治疗 12 人，三线治疗 8 人，三线以上治疗 3 人。2 周期化疗后可评估人数 23 人，其中 ORR (CR+PR) 为 13 人占 56.5%，CR 为 2 例，占 8.7%、PR 为 11 例，占 47.8%、SD 为 6 例，占 26.1%、PD 为 4 例，占 17.4%。4 周期化疗后可评估人数 18 人，其中 ORR (CR+PR) 为 13 人占 72.2%，CR 为 7 例，占 38.9%、PR 为 6 例，占 33.3%、SD 为 2 例，占 9%、PD 为 3 例，占 16.7%。最常见的不良反应为骨髓抑制、恶心、呕吐等，其中 3 级以上的骨髓抑制占 38%，无心、肝、肾功能衰竭及治疗相关的死亡等严重不良反应。

结论 R-GOAD 方案治疗复发难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤安全有效。

PO-1402

挽救性异基因造血干细胞移植后地西他滨联合西达本胺维持治疗复发难治型 T-ALL 一例病例报告

胡玥

中国人民解放军西部战区总医院

目的 探讨如何进一步提高复发难治型 T 淋巴母细胞淋巴瘤患者的无病生存率，从而为 T-LBL/ALL

患者的治疗增添一丝生机。

方法 患者被确诊为“T-ALL/LBL，高度侵袭性”，经过 hyperCVAD-A 及 hyperCVAD-B 常规诱导化疗后，考虑 ALL 残留。再次化疗后达到 CR，给予维奈克拉及西达本胺维持治疗，同时三联鞘内注射预防 CNSL。2022 年 4 月患者疾病复发。

结果 患者疾病复发后，经过 TMLI 预处理后行异基因造血干细胞移植。患者移植后达到骨髓完全缓解，并定期予以地西他滨、西达本胺预防白血病复发，“甲氨蝶呤+阿糖胞苷+地塞米松”三联鞘内注射预防 CNSL。目前，患者的病情已经持续缓解了 22 个月。

结论 在异基因造血干细胞移植前，使用 TMLI 预处理是目前复发难治型 T-ALL/LBL 治疗的一种新方案。目前初步展示了较好的疗效及安全性。移植后联合使用地西他滨、西达本胺，不仅能提高抗肿瘤效果，还能降低 GVHD 的发生率，从而进一步预防疾病复发。“甲氨蝶呤+阿糖胞苷+地塞米松”三联鞘内注射，以预防疾病对中枢神经系统的侵犯。

PO-1403

HIV/AIDS 相关弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者临床实验室特征分析

樊红丽

云南省传染病医院

目的 对 HIV/AIDS 相关弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者临床实验室特征进行分析，为临床诊治提供依据

方法 回顾性分析我院 2017 年 1 月-2022 年 12 月期间确诊为 HIV/AIDS 相关 DLBCL 患者不同临床分期、IPI 评分和病理亚型等临床相关实验室指标。根据不同 D-D 和 FIB 水平进行分组，采用 Log-rank 检验对不同 FIB 和 D-D 水平风险分组的生存曲线进行比较分析，同时分析存活组与死亡组化疗前后 FIB 和 D-D 含量变化。

结果 70 例 HIV/AIDS 相关 DLBCL 患者中以男性为主占 77.1% (54/70)，5 年生存率为 60.0% (42/70 例)，存活组的平均生存时间远高于死亡组 ($t=7.895$, $P<0.001$)，是死亡组的 3 倍左右。III、IV 期患者的 D-二聚体、RDW、LDH 比 I、II 期高，但 HGB、ALB 比 I、II 期低 ($P<0.05$)。高 IPI 评分组患者 D-二聚体、FIB、LDH 和 CRP 比低 IPI 评分的患者高，但 HGB、ALB 比低 IPI 评分组低 ($P<0.05$)。血浆高浓度 FIB 和 D-D 组的 DLBCL 患者与低浓度组的 5 年无进展生存期 (PFS) 并无显著差异 ($t=-0.15$, $P=0.881>0.05$)；多次化疗后，两组患者血浆 FIB 含量稳定，而 D-D 含量均有下降趋势。

结论 在 HIV/AIDS 相关弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者诊断初期，可以由实验室常规检测项目推测患者临床状态。

PO-1404

一种双靶向 PI3K 和 HDAC 抑制剂 BEBT-908 对人复发难治滤泡淋巴瘤细胞增殖、周期及凋亡的影响

黄莉^{1,2}、李萌¹、徐菁¹、王梦瑶¹、牛挺¹

1. 四川大学华西医院

2. 西南医科大学附属医院

目的 BEBT-908 是一种新型的组蛋白去乙酰化酶 (HDAC) 和磷酸肌醇 3-激酶 (PI3K) 的双作用抑制剂。本研究旨在探讨 BEBT-908 对复发难治滤泡淋巴瘤 (FL) 细胞的抗肿瘤作用。

方法 用不同剂量的 BEBT-908 处理几种人复发难治 FL 细胞系 RL、Sc-1、DOHH2，分别用 CCK-8 法检测细胞增殖活性、流式细胞术 PI 染色法检测细胞周期，Annexin V/PI 双染法检测细胞凋亡，

并通过 Western blot 检测不同处理组细胞中凋亡相关蛋白 Caspase3、Caspase9 及 PARP 的表达情况。

结果 我们的结果表明，CCK-8 法显示 BEBT-908 呈剂量时间依赖性抑制细胞增殖，对 3 种人复发难治 FL 细胞系均具有良好的抗体外增殖活性，尤其 48H、72H 的半数最大抑制浓度(IC50)均小于 3.0nM。细胞周期检测发现 BEBT-908 将 RL、DOHH2 细胞阻滞于 G0/G1 期，将 Sc-1 细胞阻滞于 S 期。进一步的凋亡实验显示 BEBT-908 呈浓度依赖性的方式诱导细胞凋亡，且随着 BEBT-908 浓度的增加，其促凋亡相关蛋白 Cleaved caspase 3、Cleaved caspase 9 及 Cleaved PARP 的表达也明显上调。

结论 BEBT-908 对复发难治滤泡淋巴瘤细胞具有强大的细胞毒性，可诱导 FL 细胞周期阻滞并促进 FL 细胞凋亡，BEBT-908 可能是一种很有前途的治疗复发难治 FL 的小分子靶向药物。其作用机制还需进一步研究。

PO-1405

R-MTO（利妥昔单抗、甲氨蝶呤、塞替派、奥布替尼） 诱导方案序贯自体干细胞移植一线治疗初诊 原发中枢神经系统淋巴瘤的初步结果。

魏海臣、邢立杰、刘丹、王慧、李平、李增军
山东第一医科大学附属肿瘤医院

目的 原发中枢神经系统淋巴瘤（PCNSL）是罕见的侵袭性 B 细胞淋巴瘤，预后差。MATRix 方案（大剂量甲氨蝶呤、阿糖胞苷、塞替派和利妥昔单抗）被认为是年轻 PCNSL 的标准治疗方案，但是大剂量阿糖胞苷造成的严重血液学毒性发生率高。对于主要是老年患者的疾病，PCNSL 需要一个安全且有效的方案。奥布替尼作为第二代布鲁顿氏酪氨酸激酶（BTK 抑制剂）在脑脊液浓度很高，可能对 PCNSL 是一个很好的选择。我们探究 R-MTO 方案联合自体干细胞移植治疗初诊原发中枢神经系统淋巴瘤的有效性和安全性。

方法 本研究是单中心、单臂、开放标签的前瞻性研究。患者接受 5-8 疗程 R-MTO 方案诱导治疗，利妥昔单抗 375mg/m²，静注，d0；甲氨蝶呤 3.5g/m²，静注，d1；塞替派 30mg/m²，静注，d4；奥布替尼 150mg，口服，QD d1-d21；（每 3 周为 1 疗程）。患者完成 R-MTO 方案治疗后建议口服奥布替尼作为维持治疗，维持 2 年。患者达到部分缓解（partial response, PR）或完全缓解（complete remission, CR）接受高强度化疗序贯自体造血干细胞移植作为巩固治疗。高强度化疗采用 TBA（塞替派、白消安、阿糖胞苷）预处理方案，塞替派 250mg/m²，静注，d-7~-6；白消安 3.2mg/kg，静注，d-5~-4；阿糖胞苷 2g/m²，静注，q12h，d-3~-2。主要研究终点是 2 年无进展生存率（PFS），次要研究终点是诱导治疗结束时的最佳客观反应率（ORR），完全缓解率（CR）、总生存（OS）、不良事件（AEs）。

结果 2022 年 4 月到 2023 年 12 月，22 例初诊 PCNSL 患者入组该研究。患者中位年龄是 60 岁（36-70 岁），11 例患者是男性。所有患者完成了至少 4 疗程 R-MTO 方案治疗。4 疗程 R-MTO 方案治疗后评估疗效，ORR 是 95.45% (21/22)，CR 率是 90.91% (20/22)。但是，其中 1 例患者伴有 TP53 突变接受 4 疗程治疗后未缓解，且在诊断 3.8 月后死亡。6 例患者达到完全缓解后接受了高强度化疗序贯自体造血干细胞移植，其中 1 例患者因感染新型冠状病毒死亡，1 例死于疾病复发。12 月 PFS 和 OS 分别是 71.88% (95% CI 39.20-89.00), 78.10% (95% CI 44.52-92.73)。

R-MTO 方案最常见的不良反应是血液学毒性，36.36% 的患者出现了 3 级血液学毒性，1 例患者出现 4 级粒细胞缺乏。

结论 R-MTO 诱导治疗方案在治疗初诊原发中枢神经系统淋巴瘤上显示出较高的缓解率，并且不良反应可接受。

PO-1406

淋巴瘤患者伴发血栓栓塞的高危因素分析和预警模型的建立

林雯铮、刘庭波、潘丽丽、邱燕燕、苏新媛、林诗莹、丘道稜
福建医科大学附属协和医院

目的 探讨淋巴瘤患者的临床特征及血栓形成的高危因素，建立淋巴瘤患者血栓栓塞事件高危因素的预警模型。

方法 收集 2019 年 1 月至 2021 年 12 月初诊淋巴瘤患者的临床资料，对患者的临床特征进行单因素、多因素分析。应用 R version 4.3.0 软件建立预测淋巴瘤 TE 发生列线图模型。

结果 1、临床特征：790 例淋巴瘤患者中，淋巴瘤并发 TE 的患者共 77 例，发病率 9.75%，男女比例 1.48: 1，中位年龄为 58 岁。血栓栓塞部位最常见于上肢深静脉（58.44%），其次是上肢浅静脉、下肢深静脉、颅内静脉、下肢动脉、肺动脉。淋巴瘤发生 TE 的中位时间为确诊后 4 个月。2、生存情况：77 例淋巴瘤伴发血栓患者中，6 个月生存率为 81.81%，1 年生存率为 79.22%，2 年生存率为 77.92%。淋巴瘤无 TE 组 6 个月生存率为 92.84%，1 年生存率为 86.26%，2 年生存率为 80.22%。淋巴瘤伴发血栓组生存率较无血栓组明显降低。淋巴瘤合并 TE 患者中，因血栓死亡 5 例（6.50%），2 例患者因血栓出现下肢活动功能障碍，1 例颅内血栓患者出现认知功能障碍。3、危险因素分析：单因素分析结果显示，ECOG 评分 4 分/5 分、既往静脉血栓栓塞史、冠心病、急性感染、深静脉置管、活化部分凝血活酶时间异常和使用促粒细胞因子是 TE 的发生的危险因素，差异存在统计学意义（ $P < 0.05$ ）。多因素分析结果显示 ECOG 评分、既往静脉血栓栓塞、冠心病、深静脉置管是 VTE 的独立影响因素。4、预测模型：基于上述独立影响因素构建的列线图模型预测淋巴瘤发生 TE 的 ROC 曲线 0.5 年、1 年、2 年 TE 概率的 AUC 值分别为 0.813、0.818、0.733；在验证组中构建 ROC 曲线，结果显示验证组中预测 0.5 年、1 年、2 年 TE 概率的 AUC 值分别为 0.724、0.731 和 0.659，提示该列线图预测模型有较好的区分度，校准曲线显示预测概率与实测概率基本一致。

结论 ECOG 评分为 4 分/5 分、既往静脉血栓栓塞史、冠心病、急性感染、深静脉置管、APTT 异常和使用促粒细胞因子是淋巴瘤 TE 的发生的危险因素。

PO-1407

眼眶淋巴瘤的临床特征及预后因素探究：一项回顾性分析。

周梦特
苏州大学附属第二医院

目的 眶周淋巴瘤占眼眶肿瘤的 8-10%，本研究通过收集眶周淋巴瘤患者的病例资料，探讨其临床特征以及影响预后的因素。

方法 回顾分析 2017 年 10 月至 2024 年 04 月在苏州大学附属第二医院初诊断的 42 例眼附属器淋巴瘤患者的临床资料。采用 Kaplan-Meier 法计算无进展生存期（PFS）和总生存（OS）率。纳入年龄、基础疾病、LDH 水平、Arbor 分期、MIPI 评分、外周淋巴细胞数、大血小板比率、尿酸、ki67 水平、发病至确诊时间 > 4 月、术后化疗等因素，通过相关性分析及 COX 单因素回归分析评估各因素对无进展生存期的影响，对相关性分析及单因素回归分析 $P < 0.05$ 的因素，进行 COX 多因素回归分析确立独立危险因素。

结果 42 例患者中，MALT: 30 例（71.4%）DLBCL: 9 例（21.4%），平均年龄 64.2 岁，单侧眼眶 39 例，双侧眼眶 3 例；所有患者均接受手术治疗，13 例术后单纯化疗，2 例术后放疗+化疗，术后进展 11 例（26.2%），手术后进展患者的中位 PFS: 44.6m（6.0-88.5）。相关性分析示与复发进展相关的危险因素（ $P < 0.05$ ）有基础疾病、LDH、Arbor 分期、Ki-67 水平、发病至确诊时间 > 4 月。

单因素 COX 回归分析示 MIPI 评分、Ki-67 水平、Arbor 分期显著影响患者的无进展生存期 ($P < 0.05$)，多因素回归分析显示、Arbor 分期 ($P < 0.05$, HR=19.594) 是影响患者预后的独立危险因素。

结论 眼眶淋巴瘤患者的基础疾病、LDH 水平、Ki-67 水平、发病至确诊时间、MIPI 评分、Arbor 分期均与患者疾病进展相关，其中 Arbor 分期显著影响患者预后。

PO-1408

西达本胺联合 REAC 预处理自体干细胞移植治疗高危、R/R B 细胞淋巴瘤及 5 年随访

黄顺桦、孟凡义、钟清秀、王晓果、陈虹羽、吴鸣艳、姚达娜、余建华、贺小红
东莞康华医院

目的 探讨西达本胺、利妥昔单抗、依托泊苷、阿糖胞苷和环磷酰胺 (Chi-REAC) 联合预处理方案在高危、复发/难治 B 细胞淋巴瘤自体干细胞移植中的疗效及安全性。

方法 2017 年 5 月至 2022 年 5 月间有 17 例高危、复发/难治 B 细胞淋巴瘤患者 (其中弥漫大 B 细胞淋巴瘤 13 例)，中位年龄 48(19-69) 岁，均接受了 Chi-REAC 方案预处理后自体造血干细胞移植治疗，同时进行了系统观察及长期随访。

结果 17 例患者均顺利造血重建，粒系重建中位时间 11 (8-15) d，巨核系重建中位时间 11 (8-43) d，移植后 20 天内的感染发生率 47%，2 级以上腹泻发生率 41.2%，经治疗全部治愈，移植相关死亡率为 0%。中位随访 59 (11-84) 月，RFS 率 88.2%，OS 率为 82.4%，3 例死亡病例分别在移植后 5、8 及 13 个月死于重症肺部感染、新冠感染及腹腔感染。

结论 初步结果显示 Chi-REAC 预处理方治疗的远期复发率低，感染防治需加强，毒性可控，值得扩大临床应用。

PO-1409

HIV 合并淋巴瘤化疗患者人工智能随访系统的构建及应用

王霞、蒋翠婷、徐禄香、罗琴、吕静、刘婷婷
重庆大学附属肿瘤医院

目的 分析 HIV 合并淋巴瘤化疗患者人工智能随访系统的构建以及应用。

方法 参与本次研究患者的数量为 60 例，时间范围 2023 年 1 月份至 2023 年 12 月份。于 2023 年 1 月份至 2023 年 6 月份通过 HIV 合并淋巴瘤化疗患者人工智能随访需求量表进行调查，依据患者的具体需求，构建 HIV 合并淋巴瘤化疗患者人工智能随访系统，在 2023 年 7 月份至 2023 年 12 月份初步应用该系统，通过癌症患者自我管理测评量表评估患者的症状自我管理水平，通过延续性护理智慧平台，通过调查表以及人工智能随访系统分析患者的自我管理能力及调查患者使用后的满意度。

结果 结果通过构建 HIV 合并淋巴瘤化疗患者人工智能随访系统的应用，患者的自我管理水平得到提升，其护理满意度得到提升。

结论 对 HIV 合并淋巴瘤化疗患者提供人工智能随访系统管理，其实用性和便捷性得到提升，可有效的提高了患者的自我管理水平和患者满意度，值得提倡。

PO-1410

一例经 Tafasitamab 联合来那度胺治疗后复发弥漫大 B 细胞淋巴瘤接受 CD19 CAR-T 治疗后完全缓解

董松、曾韞璟、高力、张曦

陆军军医大学第二附属医院血液病医学中心，全军血液病中心，创伤、烧伤与复合伤研究国家重点实验室，重庆 400037 Email: zhangxxi@sina.com, 023-68763198

目的 复发难治弥漫大 B 细胞淋巴瘤先后接受 Tafasitamab 联合来那度胺方案以及 CAR-T 治疗的临床实践探索。

方法 回顾性分析一例“多线联合化疗复发难治弥漫性大 B 细胞淋巴瘤、接受 Tafasitamab（靶向 CD19 的单克隆抗体）联合来那度胺方案治疗完全缓解、再次复发后接受靶向 CD19 CAR-T 治疗并完全缓解”患者的临床资料并复习相关文献，总结临床治疗方案的选择。

结果 患者男性，58 岁，因“腹部不适伴间歇性呃逆及肛门排气增加 6 月”就诊多家医院后，2021 年 6 月 8 日于重庆市某医院行口咽部组织活检及左侧颈部淋巴结活检术后病理提示：（口咽部）淋巴组织增殖性病变，符合弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（非生发中心）。经 PET-CT 及骨髓穿刺检查、FISH 检测及肿瘤组织二代测序，诊断“弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 non-GCB 型 IV 期 B 组，分子分型 ST2 亚型”。患者先后接受 R-CHOP、R-GemOx、R-BAC 等方案化疗后疾病进展，同时病理复核提示淋巴瘤组织 CD20 阴性；随后调整策略予以 MINE 方案和 PD-1 单抗+阿扎胞苷+来那度胺方案治疗但疾病仍进展。2022 年 7 月患者接受 Tafasitamab（靶向 CD19 的单克隆抗体）联合来那度胺方案治疗两个疗程后 PETCT 疗效评价提示 CMR（完全代谢缓解）；但患者因外周血干细胞采集失败未能行自体造血干细胞移植。2023 年 1 月患者再次因腹痛随访提示疾病复发，随后患者行维泊妥单抗+苯达莫司汀方案桥接治疗及阿基伦赛注射液（靶向 CD19 CAR-T）治疗。2024 年 1 月 18 日（CAR-T 治疗后 7 月）PETCT 疗效评价提示提示 CMR（完全代谢缓解），至今病情稳定。

结论 本例弥漫性大 B 细胞淋巴瘤呈原发难治，多达 6 线的多药物/方案治疗效果均不理想。尤为特殊的是，随着治疗的进行该个体淋巴瘤克隆演化导致 CD20 表达由阳转阴，在一定程度上解释了疗效不佳的原因。两周期的 Tafasitamab（靶向 CD19 的单克隆抗体）联合来那度胺这类无化疗方案（chemo-free）为患者快速带来了疾病缓解（CMR）；尽管完全缓解的持续时间有限。值得关注的是虽然患者接受靶向 CD19 的单克隆抗体方案治疗后复发，但再次接受靶向 CD19 CAR-T 治疗后仍然获得了满意的疗效。近期亦有基础研究证实“序贯应用 tafasitamab 后桥接 CART19 可增强 CART19 的抗肿瘤活性，并降低 CART19 治疗后 CRS 的严重程度”。

PO-1411

6 例原发骨弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床病理特征和预后分析

邓婷芬、王培鸿、周薇、王顺清

广州市第一人民医院

目的 探讨原发性骨弥漫大 B 细胞淋巴瘤（PB-DLBCL）的临床病理特征、基因分型及其对生存预后的影响。

方法 回顾性分析 2021 年 1 月至 2023 年 12 月我院收治的 6 例初治 PB-DLBCL 患者，分析其临床的相关变量、治疗和生存情况。

结果 6 例患者的中位年龄为 65(55~80)岁，确诊时多为 III~IV 期(82%)。所有患者均接受含利妥昔单抗的联合治疗（4 例联合 CHOP+泽布替尼、2 例联合泽布替尼+来那度胺方案），所有患者近期疗效评估达到完全缓解（CR）；PB-DLBCL 患者的年龄、性别、临床分期、国际预后指数评分、

ECOG 评分、乳酸脱氢酶、 $\beta 2$ 微球蛋白和病理起源对 CR 率无明显影响。目前 6 例患者仍无病生存。

结论 PB-DLBCL 起病隐匿，部分患者进展迅速；临床上应提高对 PLB 的认识，结合患者的临床症状、影像学及病理学检查，减少误诊或漏诊的发生；基因检测多为 MYD88/CD79B 突变--MCD 亚型；基因检测指导患者的个体化、精准化的综合治疗；以利妥昔单抗联合 BTK 抑制剂的治疗有助于改善 PB-DLBCL 预后。

PO-1412

小分子 0712-3 抑制 ATR/ATM 诱导 mutp53 蛋白降解 治疗 TP53 突变 DLBCL 的药效和机制研究

王力、牛挺
四川大学华西医院

目的 探索自主设计合成的 ATR/ATM 小分子抑制剂 0712-3 杀伤 TP53 突变 DLBCL 细胞治疗 TP53 突变 DLBCL 的药效和机制

方法 筛查 0712-3 激酶谱，WB 验证其下游通路（ATM/Chk2 和 ATR/Chk1），在多种 DLBCL 细胞系（包括 TP53 突变及野生型）中测定 0712-3 体外活性。分别在体外细胞模型、体内 CDX 及 PDX 小鼠模型中评估 0712-3 的药效，以 ATR 抑制剂 Elimusertib 和 ATM 抑制剂 AZD1390 为阳性对照。利用 co-IP、质谱检测、RNA 测序等技术探索 0712-3 的作用机制。

结果 0712-3 对 TP53 野生型和突变型的淋巴瘤细胞均有杀伤作用，但在 TP53 突变的淋巴瘤细胞中抗肿瘤活性更强（IC₅₀: 46.8nM vs. 299.2nM, P=0.0082）。激酶谱结果提示 0712-3 主要对 PI3K 家族和 PIKKs 家族激酶的活性具有明显抑制效果，WB 进一步验证发现 0712-3 对 ATM/Chk2 和 ATR/Chk1 通路均有抑制作用，其中对 ATR/Chk1 的抑制效果更强，而对 PI3K/Akt 通路没有明显抑制。在 CDX 模型及 PDX 模型中，0712-3 的活性显著优于 AZD1390 和 Elimusertib。机制研究发现，0712-3 可以诱导 SU-DHL-4(TP53mut R273C, IC₅₀=6.3nM)细胞 G1 期阻滞并促进其凋亡，且能够时间和浓度依赖性诱导突变 p53 蛋白降解，co-IP 联合质谱、RNA 测序检测发现这种降解依赖蛋白酶体途径。

结论 ATM/ATR 抑制剂 0712-3 可通过抑制 ATM/Chk2 和 ATR/Chk1 通路，同时诱导突变 p53 蛋白经蛋白酶体途径降解，杀伤 TP53 突变 DLBCL 细胞。其在体外、体内模型中均表现出良好的抗肿瘤活性。

PO-1413

TNFRSF9 突变的 CD137 缺陷的两例严重 EBV 阳性淋巴组织增生性疾病患者报道

沈克锋、汪佳晨、周匡果、穆伟、张美兰、邓心玥、蔡浩东、张炜、黄伟、肖敏、高强
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 种系基因突变会损害抵抗 EBV 感染的免疫监视，可能导致对 EBV 相关淋巴组织增生性疾病（EBV+ LPD）的易感性提高。TNFRSF9 编码一种重要的共刺激分子，可增强 CD8 + T 细胞增殖、存活和细胞溶解活性。本研究旨在报告一例首次发现的两个新的 TNFRSF9 双等位基因突变引起的 CD137 缺乏患者，探讨 TNFRSF9 基因突变对 CD137 表达及其与 EBV 感染相关免疫反应的影响。

方法 通过全外显子测序，发现了首例由两种新型双等位基因杂合 TNFRSF9 突变引起的严重 EBV

患者 CD137 缺陷的病例。进一步进行免疫表型分析和功能实验,包括 T 细胞和 NK 细胞的扩增、CD137 表达检测、细胞毒性 T 细胞和 NK 细胞的脱颗粒以及 NK 细胞细胞毒性测定。

结果 双等位基因 TNFRSF9 突变导致活化的 T、B 和 NK 细胞上 CD137 的表达显著降低或消除。患者的 CD8 + T 细胞活化受损,干扰素- γ (IFN- γ)、肿瘤坏死因子- α (TNF- α)、穿孔素和颗粒酶 B 的表达/释放减少,细胞毒性减弱。而患者的 NK 细胞功能正常。功能实验发现这两种变异都是亚等位突变,并且在 CD137 缺陷和 EBV + LPD 的发展中发挥了重要作用。

结论 这些发现表明, TNFRSF9 双等位基因突变导致 CD137 表达下降,从而损害了 CD8+ T 细胞的激活和细胞毒性功能,增加了 EBV+ LPD 的易感性。我们的研究扩大了 CD137 缺陷患者的遗传谱和临床表型,并证明 TNFRSF9 基因在宿主对 EBV 感染的免疫反应中发挥着关键作用。

PO-1414

普鲁士蓝纳米粒联合甲氨蝶呤/藤黄酸纳米胶束 在淋巴瘤多模态治疗中的应用

王梦瑶、牛挺
四川大学华西医院

目的 甲氨蝶呤 (MTX) 是多种侵袭性淋巴瘤化疗方案中的基石药物。近期研究显示, MTX 不仅干扰 DNA 合成,还可通过抑制多种还原酶减少四氢生物喋呤、谷胱甘肽等还原性物质,提高细胞内活性 (ROS) 水平,促进脂质氧化而诱导铁死亡。但 MTX 存在原药水溶性差、靶组织浓度低、单药疗效不足、毒副作用大、继发耐药等问题。我们前期的研究结果显示,通过构建共载 MTX 和藤黄酸 (GA) 小分子抗肿瘤药物的纳米胶束,促进了药物向肿瘤组织的递送,并因 MTX 与 GA 的协同效用,而显著提升了肿瘤的杀伤作用。

在 Burkitt、高级别 B 细胞等侵袭性淋巴瘤中,肿瘤负荷高,局部形成巨大包块,传统化疗药物在肿瘤组织渗透不足。光热治疗是通过光热效应将光能转换为热能,利用肿瘤和正常细胞间耐热耐受差异导致细胞凋亡,是一种安全高效的肿瘤治疗方法。普鲁士蓝是一种 Fe²⁺和 Fe³⁺混合价态的六氰合铁酸盐,其在近红外区域具有强吸收,具有高效的光热转换性能。我们希望构建一种普鲁士蓝纳米粒 (PBNP) 联合共载甲氨蝶呤/藤黄酸胶束纳米治疗体系,对淋巴瘤进行光热/化疗多模态治疗。同时诱导凋亡及铁死亡,以高效杀伤淋巴瘤细胞。同时由于光热转化作用,升高肿瘤局部温度,实现胶束负载的化疗药物在肿瘤部位的定向释放,减轻对正常组织细胞毒副作用。

方法 我们运用安全性良好的纳米材料 MPEG-PCL 通过薄膜水化法制备了共载 MTX/GA 的胶束 (MTX/GA-M)。通过“一锅法”制备 PBNP,并在其表面修饰了透明质酸分子以改善其稳定性及肿瘤靶向性,并对所得的纳米药物进行表征。以双表达淋巴瘤 (DOHH2) 为模型,体外通过 CCK8、流式细胞术、细胞迁移等实验考察体外 PBNP 联合 MTX/GA-M 抗淋巴瘤疗效。等通过建立高负荷双表达淋巴瘤模型 (肿瘤体积 500mm³),考察 PBNP 联合 MTX/GA-M 治疗淋巴瘤疗效及系统毒性。通过对 ROS、GSH、BH₄ 等铁死亡标志物及 HSP 等检测,对 PBNP 联合 MTX/GA-M 抗淋巴瘤机制进行初步考察。

结果 我们得到 PBNP 外观呈深蓝色。动态光散射及透射电镜摄片显示其微观形貌为分散的球形结构,同时具有粒径中等大小、分散均匀等特点。光热转换实验显示,808 nm 激光照射下,PBNP 在辐照后温度显著升高,达到 50-55℃,实现肿瘤细胞杀伤。细胞活力、细胞凋亡的等体外抗肿瘤实验显示,PBNP 联合 MTX/GA-M 后在药物极低剂量时,可实现淋巴瘤的高效杀伤,激光辐照后,淋巴瘤杀伤作用进一步增强。体内实验显示,在高负荷双表达淋巴瘤模型中,PBNP 联合 MTX/GA-M 具有最强的抗肿瘤疗效及最小的系统毒性。机制研究提示,其作用 PBNP 与 MTX 诱导淋巴瘤细胞铁死亡、PBNP 与 GA 促进细胞凋亡等相关。

结论 PBNP 纳米粒与 MTX/GA-MPEG-PCL 纳米胶束联合作用时,可以进一步增强淋巴瘤细胞的杀伤作用。

PO-1415

IL-10 自分泌型 CD19 CAR-T 细胞治疗复发/难治性 B 系血液肿瘤患者的 I 期临床研究

许倩文¹、薛磊¹、陈二玲¹、张旭晗¹、刘崇灵³、李慧¹、高敏^{3,4}、李友佳³、任晶晶³、Karthik Sathiyandan³、郭雨刚^{2,3,4}、唐力^{5,6}、王兴兵¹

1. 中国科学技术大学，生命科学与医学部，附属第一医院（安徽省立医院），先导医学与前沿技术研究所，血液科，合肥，230001
2. 中国科学技术大学附属第一医院（安徽省立医院），先导医学与前沿技术研究所，合肥，230001
3. 莱芒生物科技有限公司，深圳，518000
4. 浙江大学药物代谢与药物分析研究所，国家新药研发与释放系统重点实验室，杭州，310058
5. 洛桑联邦理工学院（EPFL）生物工程研究所，洛桑，瑞士
6. 洛桑联邦理工学院材料科学与工程研究所，洛桑，瑞士

目的 IL-10 自分泌型 CD19 CAR-T 细胞在小鼠肿瘤模型中显示出强大的抗耗竭和杀瘤能力。为进一步评估安全性和疗效，IL-10 自分泌型 CD19 CAR-T 细胞（Meta 10-19）治疗复发/难治性弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL，NCT05715606）和急性 B 淋巴细胞白血病（B-ALL，NCT05747157）的 I 期临床试验由此开展。

方法 患者在 Meta 10-19 回输前接受淋巴清除性化疗（氟达拉滨，30 mg/m²/天×3 天；环磷酰胺，300 mg/m²/天×3 天）。细胞因子释放综合征（CRS）和免疫效应细胞相关神经毒性综合征（ICANS）根据 ASTCT 共识进行分级，不良反应根据 CTCAE v5.0 进行分级。

结果 截至 2024 年 5 月 30 日，共 18 名患者（DLBCL，n=10；B-ALL，n=8）接受了不同剂量水平（1.0×10⁵ cells/kg，n=11；5.0×10⁴ cells/kg，n=5；2.0×10⁴ cells/kg，n=2）的 Meta 10-19 回输并完成初步安全性和疗效评价。患者中位年龄为 51.5（17-56）岁。回输后 3 级及以上 CRS 发生率为（5.6%，1/18），ICANS 发生率为（5.6%，1/18）。最常见的 3 级以上不良反应为中性粒细胞减少（100%，18/18）、血小板减少（83.3%，15/18）和贫血（77.8%，14/18）。所有的不良反应在经过积极对症治疗后均恢复。回输后所有患者均获得完全缓解（CR），DLBCL 和 B-ALL 患者 6 个月 CR 率分别为 100%（6/6）和 66.7%（4/6）（其余患者还在随访中）。整体患者中位无复发生存期分别为 7.9（1.5-15.1）个月和 6.0（5.0-11.8）个月。

结论 IL-10 自分泌型 CD19 CAR-T 细胞以较低剂量在 r/r DLBCL 和 B-ALL 患者中显示出突破性疗效和可控的安全性，更大规模的队列研究和更长的随访正在进行中。

PO-1416

The Efficacy and Prognostic Indicators of Autologous Hematopoietic Stem Cell Transplantation in Managing Refractory/Recurrent Diffuse Large B-Cell Lymphoma

Dandan Shan, Wenyang Huang, Huimin Liu, Yi Wang, Hesong Zou, Ting Xie, Weiwei Sui, Yan Xu, Shuhua Yi, Gang An, Yaozhong Zhao, Luguai Qiu, Wei Liu, Dehui Zou
Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

Objective High-dose chemotherapy followed by autologous stem cell transplantation (HDCT-ASCT) is the current standard therapy for eligible chemo-sensitive relapsed/refractory diffuse large B-cell lymphoma (r/r DLBCL). However, some patients also experienced relapse after treatment.

Methods We performed a retrospective, single center study to explore the efficacy and prognostic factors for patients with r/r DLBCL who underwent ASCT.

Results A total of 71 patients were identified. With a median follow-up of 45 (range, 11-140) months, the median progression-free survival (PFS) and overall survival (OS) were not reached. The 4-year PFS and 4-year OS were 64% and 77%, respectively. Disease status at transplant were significant predictors for PFS and OS ($P < .0001$). There was no significant difference in PFS/OS between the patients with CR and Deauville score of 4, but was significantly better than those with Deauville score of 5.

Conclusion Our findings indicate that ASCT remains the standard of care for patients with chemo-sensitive r/r DLBCL. Remission status at transplant is an important prognostic factor, and Deauville score may help to select PR patients who will genuinely benefit from ASCT.

PO-1417

西达本胺联合阿扎胞苷治疗初治 TFH 来源外周 T 细胞淋巴瘤

刘慧敏、山丹丹、黄文阳、刘薇、邱录贵、邹德慧
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 外周 T 细胞淋巴瘤（PTCL）是一种少见但具有挑战性的恶性肿瘤，其中 TFH（T follicular helper, 滤泡辅助性 T 细胞）来源的 PTCL 亚型具有较差的预后和有限的治疗选择。本研究旨在评估西达本胺联合阿扎胞苷作为初治 TFH 来源的 PTCL 患者的治疗方案的疗效和安全性，为临床实践提供新的治疗选择。

方法 本研究为多中心、前瞻性 II 期临床研究，主要目的是探讨西达本胺联合阿扎胞苷治疗初治 TFH 来源 PTCL 的安全性和初步疗效（ORR 率）。纳入符合条件的初治 TFH 来源 PTCL 患者，接受西达本胺联合阿扎胞苷联合治疗，具体方案为：阿扎胞苷 $75\text{mg}/\text{m}^2$ 皮下注射，d1-d7；西达本胺 $30\text{mg}/\text{天}$ 口服，biw；28 天为 1 个疗程。四/六疗程后达到 CR 患者行自体造血干细胞移植或原方案巩固总计 12 疗程，后续予西达本胺维持治疗 1 年。

结果 共纳入 16 例初治 TFH 来源 PTCL 患者，均为男性 AITL 患者，中位年龄为 64（43-74）岁，Ann Arbor 分期均为 III-IV 期，56% 的患者出现 B 症状，38% 的患者伴结外侵犯，63% 的患者为 EB 病毒阳性。PIT 评分为中危、高危的患者分别为 93.8%、6.2%，PIAI 评分为低危、高危的患者分别为 43.8%、56.2%。

中位疗程数为 4（2-8）个疗程，4 例患者最佳疗效获得完全缓解（CR），5 例获得部分缓解（PR），总体最佳客观缓解率（ORR）为 56%。对完成 4 个疗程及以上的 11 例患者进行生存分析，中位随访 10（6-16）个月，中位 PFS 为 5 个月，所有患者均存活，其中 3 例患者序贯自体造血干细胞移植并维持 CR 至末次随访。在西达本胺联合阿扎胞苷治疗过程中，仅 2 例患者出现 3 级中性粒细胞减少，经西达本胺减量后恢复；1 例患者合并肺孢子菌肺炎，给予积极抗感染治疗后痊愈。

结论 阿扎胞苷联合西达本胺治疗初治 TFH 来源 PTCL 安全、有效，但其最佳治疗仍是未满足的需求，亟需探索新的治疗方案。

PO-1418

Inter-observer agreement in immunohistochemical CD30 expression detected by different assays: Interim analysis of concordance study on CD30 IHC assays in Chinese lymphoma patients (CREDIT Study)

Lushan Chen¹, Meifang Xu¹, Xiangnan Jiang², Bin Meng³, Wenchen Gong³, Qi Sun⁴, Hongju Zhang⁴, Muyan Cai⁵, Jinling Duan⁵, Zhihong Zhang⁶, Yuxi Gong⁶, Xiaoli Feng⁷, Xuemin Xue⁷, Cuijuan Zhang⁸, Zhaohui Lu⁹, Congwei Jia⁹, Qilin Ao^{10,11}, Dong Kuang^{10,11}, Lingchuan Guo¹², Xing Tong¹², Ziheng Guo¹³, Miao Han¹³, Xiaoqiu Li²

1. Fujian Medical University Union Hospital
2. Fudan University Shanghai Cancer Center
3. Tianjin Medical University Cancer Institute & Hospital
4. Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Science & Peking Union Medical College
5. Sun YAT-SEN University Cancer Center
6. The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University
7. Cancer Hospital Chinese Academy of Medical Science
8. School of Basic Medical Sciences and Qilu Hospital, Shandong University
9. Peking Union Medical College Hospital
10. Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology
11. School of Basic Medical Science, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology
12. The First Affiliated Hospital of Soochow University
13. Takeda (China) International Trading Co., Ltd

Objective Previous studies have indicated suboptimal concordance in the interpretation of immunohistochemical (IHC) results of CD30 staining, which may influence patients' eligibility for treatment with anti-CD30 ADC drugs. However, no related data has been published in China to date. This study intends to assess the inter-observer agreement in the immunohistochemical results of CD30 expression detected by various IHC assays in China.

Methods This multicenter retrospective study aimed to enroll 700-1,000 patients diagnosed with malignant lymphomas from 17 sites across China. Eligible participants were aged 18 or older, with a diagnosis of any of the nine common lymphoma subtypes with CD30 expression during the past three years, and sufficient FFPE tumor samples available for the study. Exclusion criteria included sample insufficiency for CD30 testing, incomplete case information, and lack of written informed consent. Primary rejection criteria comprised cases with a failed result interpreted by at least 2 experts. Tissue sections were stained using the VENTANA CD30 assay along with at least one of the nine IHC assays utilizing different antibodies (umAB256 (zhongshanjinqiao); Ber-H2 (Maixin); Ber-H2 (DAKO); JCM182 (Leica)) and platforms (Ventana BenchMark; DAKO; Leica). The staining results were respectively reviewed by invited local pathologists and the expert panel. The panel's conclusion is drawn based on an average of the three expert pathologists' results. Consistency was assessed using the intraclass correlation coefficient (ICC) with the following cut-offs: ≥ 0.9 : excellent, $0.75 \leq \text{ICC} < 0.9$: good, $0.5 \leq \text{ICC} < 0.75$: moderate, and < 0.5 : poor.

Results In this interim analysis, 346 patients from 12 sites were enrolled, with 245 meeting the inclusion criteria and not meeting the exclusion and rejection criteria. Overall, agreement in the evaluation of CD30 staining results between the local pathologists and the expert panel is good. Except for Ber-H2 (DAKO) + DAKO and Ber-H2(DAKO)+Leica with moderate interpretation concordance, the remaining seven CD30 IHC assays demonstrate good or excellent concordance across all subtypes, regardless of CD30<10% inclusion. Excluding cHL and ALCL, Ber-H2(DAKO)+Leica is still moderate, umAB256 (zhongshanjinqiao) + Leica becomes moderate. For Ber-H2(DAKO)+DAKO, the concordance is moderate when excluding samples with CD30<10% but improved to good when including these samples. For peripheral T-cell lymphoma-not otherwise specified (PTCL-NOS), diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL), and angioimmunoblastic T-cell lymphoma (AITL), the interpretation concordance is excellent, good,

and poor respectively, for both the VENTANA CD30 assay and nine CD30 IHC assays, regardless of CD30<10% inclusion. For extranodal NK/T-cell lymphoma (ENKTCL), the concordance is moderate or good for both the VENTANA CD30 assay and 9 CD30 IHC assays, depending on whether including CD30<10%. For primary mediastinal B-cell lymphoma (PMBL), the concordance is poor for nine CD30 IHC assays and moderate for the VENTANA CD30 assay, regardless of CD30<10%.

Conclusion Different CD30 IHC assays and lymphoma subtypes may impact the inter-observers' agreements in the evaluation of the results. Yet, the interpretation concordance ranges from excellent to moderate across different CD30 IHC assays. It seems the standardization of immunohistochemical detection and interpretation of the CD30 expression in various lymphoma subtypes requires better popularization among involved pathologists.

PO-1419

继发性弥漫大 B 细胞淋巴瘤伴血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤淋巴结及骨髓活检的诊断思考

刘建勇、李艳春、张娟、程宇、沈万青、陈学生、陈忠
北京海思特医学检验实验室有限公司

目的 通过分析一例继发性弥漫大 B 细胞淋巴瘤伴血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤淋巴结及骨髓活检结合分子病理检测的综合诊断，探讨复杂疑难病例的实验室诊断分析方法。

方法 淋巴结 HE 及免疫组化，淋巴结二代测序分析，TCR/IG 受体基因重排，骨髓活检，骨髓流式细胞学。

结果 患者男性，70 岁，临床考虑淋巴瘤可能。血常规显示为三系减少（血常规 WBC $3.13 \times 10^9/L$ ，Hb 76g/L，PLT $75 \times 10^9/L$ ），骨髓活检和骨髓流式细胞学检测未见明显异常。

淋巴结 HE 及免疫组化：淋巴滤泡结构消失，间质血管增生明显，内皮细胞略肥胖。增生血管间见两群异常淋巴细胞增生，体积中等异型淋巴细胞为 T 淋巴细胞，蛋白表达 CD2、CD3、CD4、CD5、CD7，不表达 CD8、CD56；体积大异型淋巴细胞为 B 淋巴细胞，蛋白表达 CD20、PAX5、MUM1。T 细胞多于 B 细胞，T 细胞增殖活性稍高；B 细胞体积大异型明显，B 细胞增殖活性高；TCR 基因重排阳性，IG 基因重排阳性；二代测序结果显示 TET2 基因存在获得性病理突变位点，RHOA 基因未见异常。综合以上检测结果，诊断为继发性弥漫大 B 细胞淋巴瘤伴血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤。

结论 对于复杂疑难病例，需在病理诊断基础上，结合多种检测方法综合分析，给出明确诊断。

PO-1420

液-液相分离的 ZHX2 通过结合 SLC3A2 抑制铁死亡介导 DLBCL 的发病机制的研究

张娟、王冬梅、卢菲、叶静静、刘晓敏、王娜娜、纪春岩
山东大学齐鲁医院

目的 弥漫性大 b 细胞淋巴瘤(DLBCL)是最常见的 B 细胞非霍奇金淋巴瘤(B-NHL)，具有侵袭性强、异质性强、预后差的特点。随着新型靶向药物等治疗方案的出现，虽然大部分患者得到缓解，但仍有部分患者存在复发难治，因此探寻新的治疗靶点及其作用机制是本研究的重点。ZHX2 作为重要的转录因子，在多种肿瘤中发挥关键作用，但其在 DLBCL 中潜在的分子机制尚不清楚。

方法 通过公共数据库和临床标本检测 ZHX2 在 DLBCL 中的表达。我们在体外和体内评估了 ZHX2 敲低对 DLBCL 细胞增殖和克隆形成的影响。通过 RNA-seq 和 CHIP-seq 明确 ZHX2 调控的下游通路和分子。通过解析 ZHX2 蛋白结构明确其蛋白结构的特殊性，证实其存在液-液相分离。构建 ZHX2 下调的纳米载体进一步明确 ZHX2 在体内的作用机制。

结果 ZHX2 在 DLBCL 中呈现高表达。体外和体内研究表明敲低 ZHX2 表达可抑制 DLBCL 细胞增殖和进展。RNA-seq 和 CHIP-seq 和体外实验明确 ZHX2 通过抑制铁死亡介导 DLBCL 的发病。进一步研究发现 ZHX2 的液-液相分离抑制铁死亡的发生，抑制液-液相分离发生后铁死亡通路未被激活。最后，我们通过构建的纳米脂质体明确了 ZHX2 下调可调控小鼠体内 DLBCL 的生长。

结论 本研究揭示了 ZHX2 在 DLBCL 发病机制中的重要作用，并揭示了液-液相分离的 ZHX2 通过抑制铁死亡信号通路 SLC3A2，进而发挥促癌作用，为 DLBCL 的治疗提供了新的策略。

PO-1421

An Anti-CD19-Exosome Delivery System Navigates the BBB for Targeting of Central Nervous System Lymphoma

Meifang Zhao, Qi Li, Bingzong Li
The Second Affiliated Hospital of Suzhou University

Objective High-dose methotrexate serves as the cornerstone of central nervous system lymphoma (CNSL) treatment, but its efficacy is limited due to low blood-Brain Barrier (BBB) penetration and adverse effects, including neurotoxicity, hepatic and renal impairment, mucosal damage and myelosuppression. Thus, this study focuses on exosome-based drug delivery to enhance BBB permeability, reducing methotrexate (MTX) dosage while targeting CNSL specifically.

Methods Considering the recipient's compatibility and reduced risk of adverse reactions or rejection, exosomes derived from human adipose-derived mesenchymal stem cells (hAMSCs) were selected as drug delivery vehicles. These exosomes (hAMSCs-Exo) were purified via ultracentrifugation and characterized using nanoparticle tracking analysis (NTA) and transmission electron microscopy (TEM).

CD19 is an excellent target for immunotherapy in DLBCL. To confer targeting capabilities, hAMSCs were infected with a lentiviral vector encoding the anti-CD19. This modified anti-CD19 was subsequently incorporated into the hAMSCs-derived exosomes (hAMSCs-Exos), which were characterized using colloidal gold immunoelectron microscopy and Nano flow cytometry. Based on the properties of MTX, we employed co-incubation to load MTX into anti-CD19-Exos (anti-CD19-Exo-MTX). The loading efficiency and encapsulation efficiency were evaluated using High Performance Liquid Chromatography (HPLC).

To assess the potential uptake of anti-CD19-Exo-MTX by DLBCL cells, PKH67-labeled anti-CD19-Exo-MTX was introduced to SU-DHL-8 cells. Cells' ability to internalize anti-CD19-Exo-MTX was detected via flow cytometry and immunofluorescence assays. An in vitro transwell blood-brain barrier model was established in vitro using hCMEC/D3 and HA cells to investigate its blood-brain barrier permeability.

To evaluate the in vivo efficacy of anti-CD19-Exo-MTX, we established intracranial orthotopic CNSL models in mice. Drug administration was performed via tail vein injection, tumor size was monitored using magnetic resonance imaging (MRI), and survival period and body weight were regularly assessed. To assess biodistribution and targeting of anti-CD19-Exo-MTX, exosomes were labeled with VivoTrack DiR (Fluorescence). HPLC was used to measure the drug concentration in mouse cerebrospinal fluid (CSF) to evaluate the blood-brain barrier penetration rate.

The Liquid Chromatograph Mass Spectrometer (LC-MS) was utilized for the identification and characterization of exosomal proteins. These proteins were subsequently analyzed for their

functions using Gene Ontology (GO), Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG), and Protein-Protein Interaction (PPI) Network Analysis.

To assess the neuroprotective effects of exosomal proteins, terminal deoxynucleotidyl transferase biotin-dUTP nick end labeling (TUNEL) and Nissl staining were conducted on the cerebral cortex of mice in the CNSL models. Liver and kidney pathology, along with blood biochemical markers in mice, were assessed to evaluate the protective effects of exosomal proteins on the liver and kidneys. The complete blood count was used to evaluate the impact of exosomal proteins on MTX-induced myelosuppression.

Results We generated anti-CD19-Exo derived from hAMSCs. These adapted exosomes effectively encapsulated MTX, enhancing drug accessibility within lymphoma cells and sustained intracellular accumulation over an extended period. Notably, anti-CD19-Exo-MTX interacted with cerebrovascular endothelial cells and astrocytes of the BBB, leading to endocytosis and facilitating the transportation of MTX across the barrier. Anti-CD19-Exo-MTX outperformed free MTX in vitro, exhibiting a more potent lymphoma-suppressive effect. Furthermore, in intracranial orthotopic CNSL models, anti-CD19-Exo-MTX exhibited a significantly reduced disease burden compared to both the MTX and Exo-MTX groups, along with prolonged overall survival. Notably, anti-CD19-Exo-MTX exhibits precise CNSL targeting with no organ toxicity. CSF drug concentration analysis demonstrated enhanced stability and longer-lasting drug levels for anti-CD19-Exo-MTX. Additionally, our study highlighted the functional potential of reversal effect of hAMSCs-exosomes on MTX-induced neurotoxicity, hepatic and renal impairment, and myelosuppression.

Conclusion We present anti-CD19-Exo-MTX as a promising exosome-based drug delivery platform that enhances BBB permeability and offers specific targeting for effective CNSL treatment with reduced adverse effects.

PO-1422

来那度胺联合利妥昔单抗维持治疗 对恶性淋巴瘤患者疗效及免疫调节的研究

王晓果、孟凡义、黄顺桦、余建华、钟清秀、陈虹羽、吴鸣艳、姚达娜
东莞康华医院

目的 评估来那度胺联合利妥昔单抗在恶性淋巴瘤维持治疗中的疗效及安全性，以及对免疫功能的影响。

方法 回顾性分析 2018 年 2 月至 2024 年 3 月东莞康华医院经化疗或自体造血干细胞移植达到完全缓解的淋巴瘤患者，接受 R2 方案维持治疗：来那度胺 20/25mg qd*d1-21，利妥昔单抗 375mg/m² d0，28 天为 1 周期，总疗程 6 个；如不能耐受来那度胺可减量至 14 天，或延长维持治疗间期。每 3 个疗程治疗后重新评估，包括临床症状、查体、CT 或 PET-CT 等。监测维持治疗前、3 疗程及 6 疗程后淋巴细胞亚群、细胞因子变化。

结果 共纳入 18 例患者（包括弥漫大 B 细胞淋巴瘤 12 例，滤泡淋巴瘤 5 例，间变大细胞淋巴瘤 1 例，其中 12 例行自体造血干细胞移植），男 6 例女 12 例，中位年龄 49.5（20-75）岁。随访至 2024 年 3 月 31 日，中位随访时间 52.5（7-74）月，1 例复发后死于新冠肺炎，1 例死于腹腔感染，3 年及 5 年 PFS 均为 94.4%，3 年及 5 年 OS 均为 88.9%。2 例患者出现 3-4 级血液学毒性。血液学毒性可通过延长治疗间隔时间或减少来那度胺剂量得以控制，皮疹、瘙痒等非血液学毒性通过对症治疗可缓解。

结论 来那度胺联合利妥昔单抗维持治疗恶性淋巴瘤有效且耐受性良好。R2 方案使用前后免疫指标无明显变化。

PO-1423

以噬血细胞综合症为首表现的外周 T 淋巴瘤（非特指型）个案报道

李亚琦、马红玲
山西省大同市第二人民医院

目的 以噬血细胞综合症为首表现的外周 T 淋巴瘤（非特指型）个案报道。

方法 1 例外周 T 淋巴瘤（非特指型），首发症状以噬血细胞综合症为主，接受 HLH2 方案化疗。治疗后发热迅速控制，接受 CHOP 方案化疗 4 疗程后脾脏恢复正常，不适症状明确好转。

结果 HLH2+CHOP 序贯治疗后使患者病情得到改善。

结论 外周 T 细胞淋巴瘤（PTCL）是一组起源于胸腺后成熟 T 细胞的异质性疾病，亚洲国家更多见，约占所有淋巴瘤的 21.4%。依靠组织病理学和免疫组化分析明确诊断，对 PTCL 亚型的诊断应遵循 2022 版 WHO 分类。本例患者为 PTCL 亚型中外周 T 细胞淋巴瘤非特指型（PTCL-NOS），首发症状以噬血细胞综合征为主，HLH2 方案化疗后发热控制，症状好转，行 PET/CT 检查后，右肾上腺肿物 SUV 摄取最高，给予行活检后病理回报 T 细胞淋巴瘤非特指型（PTCL-NOS），给予 CHOP 方案化疗后，行腹部增强 CT 检查示右肾上腺肿物缩小 60%。

PO-1424

Targeting FEN1 enhances the chemotherapeutic efficacy and reshapes tumor microenvironment in peripheral T-cell lymphoma

Shunan Wang,Zhaoliang Zhang,Miao Zhong,Lei Fan,Jianyong Li,Hui Jin
Department of Hematology, Jiangsu Province Hospital, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University

Objective Peripheral T-cell lymphoma (PTCL) is a highly heterogeneous hematological malignancies originating from mature T-cells. The deficiency of knowledge on its pathogenesis lead to lack of specific therapeutic regimen and the dismal prognosis. Novel agents are urgently warranted to improve the efficiency of current first-line treatment. Flap endonuclease 1 (FEN1) is an adverse prognostic indicator and induces resistance to multiple treatment in many solid tumors, revealing its value as therapeutic target. This study, explores the role of FEN1 and its underlying mechanisms in PTCL.

Methods Single-cell RNA sequencing was applied to detect the expression of FEN1 in PTCL samples and their possible mechanism. Gene Expression Omnibus (GEO) datasets was used to explore the association between FEN1 and DNA repair- or proliferation-associated pathways, as were the prognostic value of FEN1. Tissue tissue microarrays and paraffin section were used to detect the expression of FEN1 in PTCL samples with immunofluorescence and immunohistochemistry. Western blotting and immunofluorescence were used to verify the expression of FEN1, DNA repair-associated proteins, cyclic GMP-AMP synthase-stimulator of interferon genes (cGAS-STING) pathway, importin β 1, apoptosis-associated proteins and macrophage polarization-related proteins. CCK8 assay was used to detect the effect of different drugs on proliferation. shRNA was used to FEN1 knock out. Flow cytometry was used to detect apoptosis, reactive oxygen species (ROS), membrane potential and macrophage polarization. Both immunocompetent and immunodeficient mice were used to identify the killing effect of different regimens.

Results Single-cell RNA sequencing shows that FEN1 is highly expressed in PTCL, especially in relapsed and refractory (RR) patients, and is closely associated with proliferation and DNA repair.

FEN1 overexpression indicates poor prognosis. Chemotherapy induces FEN1 expression and nuclear translocation with the assistance of importin β 1. FEN1 inhibition exacerbates chemotherapy-induced DNA damage and escalates apoptosis. Meanwhile, cyclic GMP-AMP synthase-stimulator of interferon genes (cGAS-STING) pathway is activated in tumor cells to rescue DNA damage, while its activation in PTCL-associated macrophages induce polarization to M2. FEN1 inhibitors can synergize with chemotherapeutic agents to kill tumors, and cGAS inhibitors can further strengthen the effect by reshaping tumor microenvironment.

Conclusion FEN1 is oncogenic in PTCL, whereas targeting FEN1 enhances the chemotherapeutic efficacy, and cGAS or importin β 1 inhibitors may be candidate for much better combination therapy. These findings lay a theoretical foundation for the application of FEN1 inhibitors in PTCL, and provide alternatives for optimizing therapeutic strategies, especially in RR patients.

PO-1425

207 例 B 细胞淋巴瘤 Ig 基因重排特征

许周毅¹、高传书¹、张亮¹、李慧卉¹、刘晓²、王哲^{1,3}

1. 中国科学技术大学附属第一医院智慧病理研究所

2. 清华大学深圳国际研究生院

3. 空军军医大学西京医院病理科

目的 了解不同类型 B 细胞淋巴瘤 Ig 重排特征，及与临床预后的关系。

方法 对 207 例常见类型 B 细胞淋巴瘤患者的肿瘤组织样本进行免疫球蛋白重/轻混合链多重 PCR 及高通量测序，检测样本的基因重排序列。分析各种淋巴瘤重排特征、体细胞超突变及与临床预后的相关性。

结果 207 例常见 B 细胞淋巴瘤，其中边缘区淋巴瘤（MZL）重排检测阳性率 90.7%（68/75），小淋巴细胞淋巴瘤（SLL）重排阳性率 95.4%（62/65），滤泡淋巴瘤（FL）重排阳性率 100%（26/26），套细胞淋巴瘤（MCL）重排阳性率 100%（21/21），弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）重排阳性率 85.0%（17/20）。在重排阳性的病例中，有免疫球蛋白重链（IgH）重排阳性的 MZL 占 63.2%（43 例），SLL 占 98.4%（61 例），FL 占 76.9%（20 例），MCL 占 61.9%（13 例），DLBCL 占 88.2%（15 例）。

对有 IgH 重排阳性的病例进行体细胞超突变分析（SHM），发现不同的淋巴瘤 SHM 突变型与未突变型的比例、以及 SHM 的突变率分布有显著差异（ $P < 0.05$ ）。不同淋巴瘤肿瘤细胞的 CDR3 长度分布有显著差异（ $P < 0.05$ ）。不同淋巴瘤肿瘤细胞发现不同的 V 基因使用偏好。

在 46 例有临床随访的 SLL 病例中，SHM 突变型（20 例）相较未突变型（20 例）无进展生存期（PFS）显著更长（ $P < 0.05$ ）。SHM 不确定型（6 例）与未突变型 PFS 无显著差异（ $P > 0.05$ ），但相较突变型 PFS 显著更短（ $P < 0.05$ ）。肿瘤细胞 IgH 重排 CDR3 较长组（大于等于 18 个氨基酸）无进展生存期显著更短（ $P < 0.05$ ）。而 V 基因使用偏好与预后无明显相关性。

结论 不同 B 细胞淋巴瘤的 Ig 重排在样本阳性率、IgH 阳性率、SHM、CDR3 长度分布及 V 基因使用等方面具有不同特征。其中 SLL 患者的 SHM 不确定型与未突变型预后都相对较差，肿瘤细胞 IgH CDR3 长度更长预后更差。

PO-1426

原发难治与超早期复发弥漫大 B 细胞淋巴瘤的临床特征分析

高泓浩、陈喜林、刘霞、肖秀斌、袁顺宗、赵世华、鲁云、马艺、陈俊丽、黄文荣
解放军总医院第五医学中心

目的 分析难治性与超早期复发弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）的临床、病理和分子亚型特征。

方法 回顾性分析 2012 年 1 月至 2023 年 12 月就诊于解放军总医院第一医学中心和第五医学中心 696 例 DLBCL 患者，原发难治 54 例，早期治疗有效但在 6 疗程内复发患者 11 例。分析这 65 例其临床特征、病理与免疫组化特点、NGS 基因亚型、合并症、治疗方案、治疗反应与生存情况。

结果 65 例患者中，原发难治性弥漫大 B 细胞淋巴瘤 54 例，6 疗内治疗中超早期复发 11 例。初诊中位年龄 52 岁，27% 患者初诊伴有 B 症状，中位乳酸脱氢酶 277.9U/L，中位 PET-CT SUVmax 18.6；初诊大包块患者 20 例，累及骨髓 10 例，累及中枢 4 例，累及睾丸 3 例，胃肠道受累 15 例，原发结外 12 例。肿瘤分期 III、IV 期患者 48 例。国际预后指数 IPI 评分高危及高中危 38 例。病理类型生发中心来源 20 例，非生发中心来源 45 例；免疫组化检查 CD5 阳性 22/41 例，Bcl2 阳性 49/54 其中 13 例定量超过 50%，Bcl6 阳性 51/59 例其中 11 例定量超过 50%，c-myc 阳性且定量超过 40% 的患者 8/28 例，3 例患者符合双表达。18 例患者肿瘤组织标本进行二代测序，检测到基因突变 33 个，其中高频突变包括 KMT2D, CD79b, MYD88, TP53, MYC, IRF4 等。基因亚型 MCD 亚型 7 例，A53 亚型 6 例，EZB 亚型 2 例，BN2,ST2,N1 亚型各 1 例。65 例患者中 47 例一线接受 R-CHOP 治疗，其他 18 例接受 R-HyperCVAD 或 R-DA-EPOCH 等方案治。所有患者均接受 R-GMOX,R-HDMTX 等方案二线治疗，24 例联合靶向药物治疗包括泽布替尼、来那度胺、Pola、替雷利珠等药物，二线治疗总反应率 42%。中位随访时间为 23 个月，2 年总生存率 32%。

结论 原发难治性及超早期复发 DLBCL 病理类型主要以非生发中心为主，CD5 分子表达阳性率高，以 MCD 与 A53 为主要分子亚型，临床瘤多为晚期、大包块与结外器官累及率高。

PO-1427

弥漫性大 B 细胞淋巴瘤免疫化疗后复发及早期复发的相关因素探讨

宁夏、左素琼、卓俊宏、刘渊博、马荣军、朱尊民
河南省人民医院

目的 探讨弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）免疫化疗后复发及早期复发的相关因素。

方法 回顾性分析经免疫化疗（R-CHOP）后复发及持续缓解的非特指型 DLBCL 患者各 71 例，复发患者根据复发时间分为早期复发组（复发时间≤12 个月）与晚期复发组（复发时间>12 个月）。采用卡方检验对比分析与复发及早期复发相关高危因素。

结果 复发组与持续缓解组在 LDH（ $P=0.001$ ）、血红蛋白（ $P<0.001$ ）、ALB 水平（ $P=0.035$ ）、B 症状（ $P=0.023$ ）、Ann Arbor 分期（ $P=0.002$ ）、IPI（ $P<0.001$ ）、NCCN-IPI（ $P=0.012$ ）、ECOG（ $P=0.023$ ）、特定部位累及（ $P=0.008$ ）、有无骨髓浸润（ $P=0.024$ ）、Hans 分型（ $P=0.007$ ）、C-MYC 阳性（ $P=0.017$ ）方面差异具有统计学意义；早期复发与晚期复发两组间的 $\beta 2$ -微球蛋白（ $P=0.042$ ）、结外累及个数（ $P=0.014$ ）差异具有统计学意义。

结论 初诊时 LDH 升高、Hb 降低、ALB 降低、Ann Arbor III/IV 期、IPI 及 NCCN-IPI 中高危/高危、ECOG 评分≥2 分、累及特定部位、骨髓浸润、细胞起源 non-GCB 型、C-MYC 阳性的 DLBCL 患者易复发；初诊时 $\beta 2$ -MG 升高、结外累及个数≥2 个的 DLBCL 患者易出现早期复发，与晚期复发相比，早期复发患者的总生存期明显缩短、死亡率高。

PO-1428

活化淋巴细胞因子在 DLBCL 中的临床应用

唐书翰、黄德智、李甫、蔺诗佳、黄文秋、高力、饶军、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探索在 DLBCL 中淋巴细胞因子与临床特征及预后的关系

方法 回顾性分析 2021 年 1 月到 2023 年 9 月陆军军医大学第二附属医院就诊的初治 148 例 DLBCL 患者的临床资料, 收集患者生存资料、临床特征、实验室检查指标及病理学检查结果进行生存和预后因素分析。

结果 我们共统计了 2021 年 1 月到 2023 年 9 月于我院诊断, 有完整治疗前淋巴细胞因子 IL2、IL4、IL6、IL10、TNF α 、TNF β 、IL17A 的 148 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤的患者, 中位诊断年龄为 58 岁 (17 岁-90 岁), 61.5% (91/148 例) 为 nonGCB 亚型, 27.0% (40/148 例) 患者初诊时 LDH 升高, 63.5% (94/148 例) 初诊时分期为 III、IV 期, 51.4% (76/148 例) 初诊时结外受累 ≥ 2 处, 12.8% (19/148 例) 患者初诊时有骨髓受累, 54.7% (81/148 例) 初诊时国际预后指数 (IPI) 评分为 0-2 分, 26.4% (39/148 例) 初诊 IPI 评分为 3 分, 18.9% (28/148 例) 初诊 IPI 评分为 4-5 分。初诊时 5.4% (8/148 例) IL2 升高, 48.0% (71/148 例) IL4 升高, 66.9% (99/148 例) IL6 升高, 73.0% (108/148 例) IL10 升高, 39.9% (59/148 例) TNF α 升高, 12.8% (19/148 例) TNF β 升高, 8.1% (12/148 例) IL17A 升高。临床特征方面, 初诊时 IL2 升高跟骨髓受累相关 ($p=0.032$), 初诊时 IL6 升高跟结外受累 ≥ 2 处 ($p=0.012$)、骨髓受累 ($p=0.025$)、IPI ($p=0.000$)、分期 ($p=0.003$) 相关, 初诊时 IL10 升高跟结外受累 ≥ 2 处 ($p=0.005$)、骨髓受累 ($p=0.022$)、LDH 升高 ($p=0.001$)、IPI ($p=0.000$)、分期 ($p=0.000$) 相关。预后方面, 中位随访时间是 16.1 月 (1-38 月), 初诊时 IL6 升高 ($p=0.021$)、IL17A ($p=0.049$) 跟较差的 OS 相关, 亚组分析中, nonGCB 亚组中初诊时 IL6 升高 ($p=0.016$) 跟较差的 OS 相关, 进一步多因素分析示初诊时 IL6 升高 (0.043) 是影响 OS 的独立危险因素, 治疗后 IL4 升高 ($p=0.027$)、IL17A 升高 (0.026) 跟较差的 PFS 相关, 进一步多因素分析示治疗后 IL4 升高 ($p=0.018$)、中期疗效 ($p=0.023$)、结外受累 ($p=0.027$) 是影响 PFS 的独立危险因素。

结论 在 DLBCL, 初诊时 IL6 及 IL10 与患者的肿瘤负荷及恶性程度密切相关, 同时 IL6 和 IL17A 升高跟较差的 OS 相关。在 nonGCB 亚型中, 初诊时 IL6 跟较差的 OS 相关, 而治疗后 IL4 升高和跟较差的 PFS 相关, 综上, 患者外周血淋巴细胞因子的表达水平可用于患者的恶性生物学行为的检测, 有利于指导患者的精准治疗。

PO-1429

血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤的临床分析及预后模型构建

左素琼¹、宁夏²、卓俊宏¹、周盼²、马荣军²、朱尊民²

1. 郑州大学人民医院

2. 河南省人民医院

目的 探讨与血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤 (AITL) 患者预后相关的高危因素, 构建更加精准的预后模型, 以便对 AITL 患者进行更好的风险分层。

方法 回顾性分析 2011 年 1 月至 2023 年 3 月就诊于郑州大学人民医院及郑州大学第一附属医院的 195 例初诊 AITL 患者的临床及分子生物学特征, 应用单因素及多因素 Cox 比例风险模型分析其预后相关因素, 根据所得的独立危险因素构建新的预后模型, 并将其与现有的预后模型进行比较。

结果 年龄 ≥ 60 岁 ($P=0.012$)、 $\beta 2$ -MG 升高 ($P=0.010$)、C 反应蛋白与白蛋白比值 (CAR) > 0.12 ($P=0.028$) 是影响 AITL 患者预后的独立危险因素, 应用这三个因素构建新的预后模型, 无

论状态变量为 OS 还是 PFS, 新建模型的预测精度均优于现有预后模型[(OS: AUC=0.926, 95%CI: 0.587-0.967); (PFS: AUC=0.813, 95%CI: 0.726-0.881)]。

结论 由年龄 ≥ 60 岁、 $\beta 2$ -MG 升高、CAR > 0.12 构建新的预后模型, 其可将患者分为低危(0-1 个危险因素)、高危(2-3 个危险因素)两组。新建模型可准确的将 AITL 患者进行分组并评估其预后, 使用方便, 在 OS 及 PFS 的预测中均较 IPI、PIT、PIAI 及 AITL 评分系统具有更高的预测价值, 且可以优化现有评分系统的预后功能。

PO-1430

NDGR2 低表达,受 MYC/MIZ-1 复合体和甲基化调控, 在弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者中预示不良结局

吴霜¹、张洁¹、陈姗¹、周心一¹、刘彦魁¹、华海应¹、齐晓薇¹、茆勇¹、Ken H. Young²、陆庭勋¹

1. 江南大学附属医院

2. Duke University School of Medicine

目的 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 是最常见的非霍奇金淋巴瘤。N-Myc 下游调控基因 2 (NDRG2) 是一种在健康组织中高表达而在多种肿瘤中下调的抑癌基因。尽管与细胞增殖相关的代谢重编程得到了广泛研究, 但有关 DLBCL 的代谢变化机制知之甚少。在此, 我们旨在揭示 NDRG2 作为 DLBCL 预后因素与 MYC/MIZ-1 复合物交互介导 DLBCL 的代谢调控机制。

方法 通过在实时定量 PCR 和蛋白印迹分别检测 7 个人类淋巴瘤 (主要是 DLBCL 细胞系) 细胞系中 NDRG2、MYC 和 MIZ-1 的表达情况。利用慢病毒载体, 在 DLBCL 细胞中分别敲低/过表达 NDRG2、MYC 和 MIZ-1, 使用实时定量 PCR、蛋白印迹、细胞活力测定、流式细胞术、甲基化特异性 PCR、TUNEL 测定和免疫组化研究 NDRG2、MYC 和 MIZ-1 在 DLBCL 中的调控机制和生物功能。在体内建肿瘤异种移植模型进行生物学功能研究。此外, 利用 GEO 数据库数据进行生物信息学分析, 以验证结果的可靠性以及证实 NDRG2 和 MYC 在 DLBCL 中的预后价值。

结果 NDRG2 与 MYC/MIZ-1 的表达在 DLBCL 中呈现负相关。体内外实验证实 MYC 和 MIZ-1 促进 DLBCL 细胞增殖, 而 NDRG2 诱导 DLBCL 细胞凋亡。5-Aza-CDR 处理逆转 NDRG2 甲基化, 随后下调 MYC 从而抑制 DLBCL 细胞存活。机制研究表明, MYC 与 NDRG2 相互作用参与调控 mTOR 相关的能量代谢。此外, 在人类 DLBCL 肿瘤组织中观察到 NDRG2 和 MYC 存在负相关。最后, 生物信息学分析进一步验证了 NDRG2、MYC、MIZ-1、mTOR 和相关代谢基因之间的关联。同时, 生存分析确定了 NDRG2 和 MYC 是 DLBCL 患者有前景的预后生物标志物。

结论 我们的数据阐明了 NDRG2 与 MYC/MIZ-1 复合物相互作用影响 DLBCL 细胞增殖和凋亡, 并揭示了 NDRG2、MYC 和 MIZ-1 在 DLBCL 中的代谢特征和预后特征。

PO-1431

滤泡性淋巴瘤发生弥漫大 B 细胞转化的临床、分子学特征及预后分析

卓俊宏¹、左素琼¹、宁夏²、马荣军²、袁晓莉²、朱尊民²

1. 郑州大学人民医院

2. 河南省人民医院

目的 探讨滤泡发生弥漫大 B 细胞转化患者的临床特点、生物学特征及预后。

方法 2009 年 4 月至 2023 年 11 月在郑州大学人民医院确诊的滤泡性淋巴瘤患者 204 例中, 筛选发

生弥漫大 B 细胞转化的患者 34 例为转化组，另选取未转化组患者 34 例，对两组临床特征、免疫组化及预后进行回顾性分析。

结果 1、我院滤泡性淋巴瘤转化发生率为 16.7%，中位年龄为 55（26-83）岁，中位转化时间为 23（5-75.4）月。2、转化组中血红蛋白<120g/L、CD21 阴性、CD30 阳性、Ki67 表达>50%的患者较未转化组更多，组间差异具有统计学意义（ $P=0.015$ 、 $P=0.018$ 、 $P=0.037$ 、 $P=0.043$ ）。3、骨髓浸润（ $P=0.05$ ）、FLIPI2 评分高危（ $P=0.03$ ）对转化组患者 PFS 的影响有统计学意义，骨髓浸润（ $P=0.028$ ）、 $\beta 2$ 微球蛋白升高（ $P=0.019$ ）、FLIPI 评分高危（ $P=0.026$ ）对转化组患者 OS 的影响有统计学意义。多因素分析显示骨髓浸润、FLIPI2 ≥ 3 分是转化组患者 PFS 的独立影响因素，性别是转化组患者 OS 的独立影响因素。

结论 1、发生 DLBCL 转化的 FL 患者更易出现贫血，病理组织中 CD21 表达阳性率低、CD30 表达阳性率高，以及 Ki67 表达>50%多见。2、骨髓浸润、FLIPI2 ≥ 3 分独立影响转化组患者的 PFS，性别独立影响转化组患者的 OS。

PO-1432

靶向 YTHDC1 通过 m6A 修饰抑制 MYC 靶基因 mRNA 稳定性抑制套细胞淋巴瘤进展

周慧¹、王力¹、杨瑞诚²、马荣刚²、杨胜勇^{2,3}、牛挺¹

1. 四川大学华西医院

2. 四川大学生物治疗全国重点实验室

3. 四川大学华西医院新基石科学实验室

目的 YTHDC1 基因在套细胞淋巴瘤（MCL）患者中的表达情况，及敲低 YTHDC1 后对 MCL 细胞的增值、凋亡、细胞周期和小鼠模型中肿瘤生长的影响。以及研究 YTHDC1 在 MCL 中的基因组学，分析对 MCL 细胞信号通路的影响。

方法 1、GEO 数据库中比较 YTHDC1 在 MCL 患者和正常人细胞中的表达情况；2、MTT 法探究敲低 YTHDC1 抑制 MCL 细胞增殖；3、流式细胞术检测敲低 YTHDC1 对细胞凋亡和细胞周期的影响；4、WB 检测敲低 YTHDC1 对细胞凋亡、细胞周期 G2M 期相关蛋白的影响；5、探索敲低 YTHDC1 对 MCL 皮下瘤模型肿瘤生长和负荷的影响；6、RNA-Seq 分析；7、对 RNA-Seq 数据、YTHDC1-iCLIP 数据和 YTHDC1-miCLIP 数据进行交集分析，探究 MCL 中具有 m6A 修饰的与 YTHDC1 结合的靶基因；8、通过 MERIP-qPCR、YTHDC1-RIP-qPCR 探究 YTHDC1 通过 m6A 修饰的靶基因 mRNA 水平；9、WB 验证靶蛋白；10、放线菌素 D 实验评估靶基因 mRNA 稳定性。

结果 1、YTHDC1 在 MCL 中的表达显著增加；2、敲低 YTHDC1 后细胞增殖能力下降；3、敲低 YTHDC1 后细胞凋亡显著增加，且细胞周期 G2M 期阻滞；4、WB 验证敲低 YTHDC1 后凋亡相关蛋白 PARP、CASPASE 3 和 G2M 期相关蛋白 CDC25C 和 CYCLINB 1 表达降低，而裂解的 CLEVEAD CASPASE 3 蛋白表达增加；5、小鼠皮下瘤模型显示敲低 YTHDC1 后肿瘤生长降低，且 HE 染色和 Ki-67 染色显示肿瘤负荷降低；6、发现 174 个具有 m6A 修饰的与 YTHDC1 结合的差异表达基因；7、通过 MERIP-qPCR、YTHDC1-RIP-qPCR 发现 YTHDC1 通过 m6A 修饰调节 MYC 靶基因 mRNA 水平；8、WB 验证 YTHDC1 调节 MYC 靶蛋白的表达；9、放线菌素 D 实验发现 YTHDC1 调节 MYC 靶基因 mRNA 的稳定性。

结论 敲低 YTHDC1 后体外抑制 MCL 增殖，促进凋亡，导致 G2M 期阻滞；体内抑制小鼠皮下瘤肿瘤的生长和负荷；此外，YTHDC1 通过 m6A 修饰降低 mRNA 稳定性降低 MYC 基因和蛋白的表达调控 MCL 进展。

PO-1433

贝林妥欧单抗联合化疗治疗弥漫大 B 细胞淋巴瘤 1 例并文献复习

王红霞、宋庆林
焦作市人民医院

目的 观察贝林妥欧单抗联合化疗治疗弥漫大 B 细胞淋巴瘤的疗效

方法 焦作市人民医院分享 1 例常规一线化疗后腹腔有残留活动病灶患者，应用贝林妥欧单抗后达完全缓解并顺利行自体造血干细胞移植，治疗过程耐受性良好，未见明显副作用。

结果 贝林妥欧单抗治疗后，患者残留病灶消退，达到完全缓解，且耐受性良好，未见明显骨髓抑制

结论 在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中有效，特别适合于清除化疗后残留患者，副作用小、耐受性良好

PO-1434

阿来替尼联合 VRCD 和 BV 单抗治疗 ALK 阳性大 B 细胞淋巴瘤 1 例并文献复习

王红霞、宋庆林
焦作市人民医院

目的 ALK+LBCL 是一种罕见的侵袭性 B 细胞淋巴瘤，具有浆母细胞/免疫母细胞形态和 ALK 融合蛋白的表达，中位生存时间为 1.8 年，常规全身化疗敏感性低，目前尚无统一治疗方案。

方法 焦作市人民医院分享 1 例应用阿来替尼联合 VRCD 方案治疗 ALK+LBCL 患者，中期加入 BV 单抗清除残留。

结果 患者 4 期化疗结束后，PET-CT 评估疗效完全缓解，成功采集干细胞，现患者 6 程化疗结束，干细胞移植准备中。

结论 ALK+LBCL 是属于罕见淋巴瘤，目前因缺乏有效治疗方案预后不佳，我中心阿来替尼联合 VRCD 和 BV 单抗治疗后患者完全缓解，治疗有效，为罕见淋巴瘤治疗提供治疗思路。

PO-1435

应用基线 PET/CT 放射组学指标优化结内外周 T 细胞淋巴瘤预后评分体系

王聪、熊杰、王玥、黄新韵、赵维莅
上海交通大学附属瑞金医院

目的 外周 T 细胞淋巴瘤（PTCL）患者异质性强，预后不佳，整合 PET 放射组学指标优化预后评分体系，可更好地指导患者一线治疗选择。

方法 回顾性分析 2013 年 01 月至 2023 年 12 月期间，上海交通大学附属瑞金医院收治的 238 例具有基线 PET/CT 资料的结内 PTCL 患者，应用 LIFX 软件收集患者基线 PET/CT 放射组学信息，包括肿瘤代谢总体积（TMTV）、病灶糖酵解总量（TLG）、最大标准摄取值（SUVmax）、最远病灶之间的距离（Dmax）等，与临床指标整合建立新的预后评分系统。

结果 238 例 PTCL 患者中包含 120 例 AITL、67 例 PTCL-NOS, 27 例 ALK-ALCK 及 24 例 ALK+ALCL。反映肿瘤负荷的 TMTV 在不同病理亚型之间差异不大, 而反映肿瘤播散的各个指标在不同亚型之间存在显著差异, AITL 患者病灶数目更多更播散。肿瘤负荷大 (TMTV>79cm³) 及病灶播散 (Dmax>22.5cm) 均提示预后差, 2 年 PFS 分别为 26.8% (p=0.001), 27.2% (p<0.001), 2 年 OS 分别为 49.1% (p<0.001) 56.0% (p =0.005)。将 TMTV、Dmax 与 IPI 评分及病理亚型整合进行多因素分析, 发现病理亚型为非 ALK+ALCL, TMTV> 79cm³ 及 IPI 3-5 分, 均是 PFS 和 OS 的独立不良预后因素。应用这 3 个指标创建新预后模型 (ST-IPI), 将患者分为低危 (0 分)、低中危 (1 分), 中高危 (2 分) 及高危 (3 分), 其 2 年的 OS 分别为 90%, 83.9%, 60.2% 及 35.6% (p <0.001), 2 年的 PFS 分别为 80%, 53.9%, 34.4% 及 13.1% (p <0.001)。应用 AIC 及 C-index 指数评估该预后模型的拟合度及准确度均优于 IPI 评分体系。

结论 将 TMTV 与病理亚型及 IPI 整合形成的新预后评分系统, 可以更好地对初诊 PTCL 患者进行预后评估, 从而更好地区分出复发风险高及生存期短的患者, 优化治疗方案改善生存。

PO-1436

2 例奥妥珠单抗输液相关反应致患者 血液降钙素原明显升高的病例分析

徐喜慧¹、潘洋²

1. 南京大学医学院附属鼓楼医院
2. 重庆大学附属三峡医院

目的 探讨 2 例滤泡淋巴瘤患者输注奥妥珠单抗致血液降钙素原明显升高的可能原因及潜在病理机制。

方法 通过对 2 例滤泡淋巴瘤患者首次输注奥妥珠单抗, 输液时患者发生明显胸闷不适, 寒战, 发热等输液相关反应, 用药前患者降钙素原在正常范围内, 用药 1 天后检测降钙素原较前显著升高, 10 天左右复测降钙素原降至用药前水平并且在化疗周期中没有出现任何感染迹象, 情况良好的案例进行报道并结合多例相关文献报道进行分析。

结果 本案例分析了 2 例应用奥妥珠单抗输液相关反应致降钙素原明显升高而无任何感染迹象的个例, 分析最可能的原因是与输液相关反应中促炎细胞因子的释放有关。

结论 本文分析 2 例应用奥妥珠单抗输液相关反应致降钙素原明显升高而无任何感染迹象的个例, 以期引起临床医生重视, 意识到降钙素原可能无法鉴别药物反应和感染性炎症综合征, 因此应将药物反应纳入降钙素原明显升高的鉴别诊断中。

PO-1437

11 例自体外周造血干细胞移植患者的护理体会

段惠君

重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨 11 例自体外周造血干细胞移植患者的护理体会。

方法 对 11 例自体外周造血干细胞移植患者实施护理干预措施, 包括移植前准备、并发症的观察与处理、心理护理等。

结果 通过有效的护理干预措施, 11 例患者均顺利度过移植极期; 出现口腔黏膜溃疡患者 1 例; 无一例患者出现严重并发症。

结论 对自体外周造血干细胞移植患者加强洁净病房环境的无菌保护, 并发症的观察与护理, 同时

予以心理护理，可降低自体外周干细胞移植并发症的发生率，缩短患者住院时间，提高患者住院满意度。

PO-1438

泽布替尼协同 Pracinostat 通过 下调 HDAC7/BCL2 表达治疗弥漫大 B 淋巴瘤

魏婷、高冠论、张星、玉斌、倪金乐、李庆山
广州市红十字会医院

目的 R-CHOP 方案是 DLBCL 患者的一线治疗方案，但仍有约 30% 的患者经历复发、难治。泽布替尼是新一代 BTK 抑制剂，具有更优的选择性和安全性。Pracinostat 是泛 HDAC 抑制剂，在多种血液肿瘤中显示了一定治疗活性，尤其是与其他小分子药物的双联疗法中取得更好疗效，但在 DLBCL 中的应用仍然缺少尝试。本研究旨在探索 Pracinostat 协同泽布替尼治疗 DLBCL 的作用及其机制。

方法 采用 CellTiter-Glo 法检测泽布替尼和 Pracinostat 对 DLBCL 细胞增殖活力的影响并计算两药协同指数。采用流式检测两药对 DLBCL 细胞株凋亡及细胞周期的影响，QPCR 及 WB 检测两药对 DLBCL 细胞株凋亡、HDAC 相关 mRNA、蛋白表达情况。并建立人源 ABC-DLBCL 细胞株 NU-DUL-1 异种移植小鼠模型验证两药的体内联合抗肿瘤作用。

结果 泽布替尼和 Pracinostat 两药在 DLBCL 细胞株中的协同指数，在 NU-DUL-1 细胞中为 19.553，在 SU-DHL-2 细胞中为 9.187，在 SU-DHL-6 细胞中为 19.392，在 SU-DHL-6 细胞中为 23.894。联合组凋亡细胞比例、凋亡蛋白表达量、G0/G1 期细胞比例较其他组增加。Western blot、qPCR 检测结果显示，两药联合可抑制 DLBCL 细胞株中凋亡蛋白 BCL2 及 HDAC7 表达。且小鼠异种移植模型中联合组可在体内发挥抗肿瘤作用。

结论 泽布替尼和 Pracinostat 对 DLBCL 细胞株有明显抑制增殖作用，且具有协同效应；两药联合增强 DLBCL 细胞周期抑制、促进细胞凋亡，并在小鼠体内可协同抑制瘤块增长，这可能与抑制凋亡蛋白 BCL2 及 HDAC7 表达有关。

PO-1439

套细胞淋巴瘤患者骨髓中造血干细胞的表达 及其克隆成球能力的分析

陈荣荣^{1,3}、黄纯兰^{1,3}、唐君玲^{1,2}

1. 西南医科大学附属医院

2. 重庆市第六人民医院

3. 西南医科大学附属医院, 干细胞免疫与再生泸州市重点实验室

目的 研究初诊时 IV 期 MCL 肿瘤细胞中的 CD34+造血干细胞(hematopoietic stem cells, HSCs)的分布情况，对比两者之间克隆成球能力的差异，检测其在 CD19/IgM 亚群内与健康人群相比的分布改变，讨论其对肿瘤发生发展的影响。

方法 分析健康供者组及 MCL 组中 HSCs 的总占比，进行体外克隆成球实验，并检测 HSCs 在 CD19/IgM 四个亚群中的表达。

结果 1.MCL 组中的 HSCs 较健康供者组有升高趋势；2.对比 CD19-/IgM-、CD19-/IgM+、CD19+/IgM+、CD19+/IgM-四个亚群中 HSCs 的比例，MCL 组均较健康供者组存在上升趋势；

MCL 组内比例 CD19-/IgM+较 CD19-/IgM-表达水平增高, 差异有统计学意义($p=0.0437$); 3.MCL 组 HSCs 较健康供者组具有异常增强的克隆成球能力, 具有显著的统计学差异($p<0.0001$)。

结论 HSCs 在 MCL 组较健康供者组升高, 并具有较强的克隆成球能力; 其中 CD19-/IgM-、CD19-/IgM+两个亚群中具有显著的表达差异, 提示 MCL 骨髓病灶中的 HSCs 存在表达及克隆成球能力的异常, 从而可能参与了 MCL 的发生发展。

PO-1440

ASCT 序贯 CD19 CAR-T 细胞治疗睾丸 DLBCL 继发中枢神经系统侵犯 1 例的护理*

段惠君

重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨自体造血干细胞移植 (ASCT) 序贯靶向 CD19 嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 治疗睾丸弥漫大 B 细胞淋巴瘤继发中枢神经系统侵犯的临床效果与整体护理措施。

方法 回顾性分析重庆大学附属肿瘤医院 2021 年 10 月收治的重庆市首例 ASCT 序贯靶向 CD19 CAR-T 细胞治疗睾丸弥漫大 B 细胞淋巴瘤继发中枢神经系统侵犯患者的临床治疗与专项护理措施, 包括设计《ASCT 联合 CAR-T 细胞治疗护理记录表》、运用免疫效应细胞相关脑病 (ICE) 评分工具, 着重加强患者造血干细胞回输护理、CAR-T 细胞回输护理、并发症的观察与护理、分阶段式健康教育、随访管理等。

结果 该患者在接受 ASCT 序贯靶向 CD19 CAR-T 细胞治疗期间经过多学科的精心的治疗与护理, 有效避免了植入综合征 (ES)、神经毒性 (NT)、细胞因子释放综合征 (CRS) 的发生。患者白细胞、血小板成功植入, 顺利出院后继续予以延续性护理, 现持续缓解 15 个月。

结论 通过对接受 ASCT 序贯靶向 CD19 CAR-T 治疗的患者实施个体化专项护理措施, 尤其是治疗期间各阶段并发症的观察和治疗以及分阶段式的健康教育, 可有效提高治疗的安全性, 减少并发症的发生率, 改善生存。

PO-1441

新型 BTK 抑制剂增强利妥昔单抗对 ABC 型弥漫大 B 细胞淋巴瘤的 CDC、ADCC 效应及其机制的初步探讨

李庆山、魏婷、张星、高冠论、杨荧、彭雪扬
广州市红十字会医院

目的 DLBCL 分为 GCB 亚型和 ABC 亚型, 其中 ABC 型预后较差。故 R-CHOP 联合小分子靶向药物以期改善 ABC 型 DLBCL 患者预后是目前研究热点。本研究旨在探索新型 BTK 抑制剂联和利妥昔单抗对 ABC 型 DLBCL 细胞株的杀伤作用并初步探讨其机制。

方法 采用 CCK-8 法检测细胞活力抑制率并计算阿卡替尼及泽布替尼的 IC50, 流式检测新型 BTK 抑制剂联合 RTX 对 DLBCL 耐药株及亲本株的 CDC、ADCC 效应及其培养体系中各 T 细胞亚群分化及功能的影响, 采用 qPCR 检测对 RORc 及 IL-17mRNA 表达影响, ELISA 检测其对 IL-17 分泌的影响。并建立小鼠淋巴瘤模型验证泽布替尼的体内抑瘤作用及对 Th17 细胞的影响。

结果 1. 新型 BTK 抑制剂与 RTX 联用后对 DLBCL 耐药株及亲本株细胞的 CDC 及 ADCC 效应均增强。2. 新型 BTK 抑制剂均能下调 Th17 细胞的比例、RORc 及 IL-17mRNA 的相对表达、IL-17 的分泌, 与 RTX 联用后逆转了 RTX 导致的 Th17 比例的升高和 IL-17 分泌水平的上调。3. 泽布替尼抑

制动物模型体内肿瘤生长，并下调小鼠外周血和脾脏淋巴细胞中 Th17 细胞的分化。

结论 新型 BTK 抑制剂增强 RTX 的 CDC 效应及 ADCC 效应对 ABC 型 DLBCL 细胞的杀伤作用，并增强了 RTX 耐药株对 RTX 的敏感性，新型 BTK 抑制剂可抑制小鼠模型中肿瘤生长并在体内抑制了 Th17 细胞的分化。这可能与新型 BTK 抑制剂下调 Th17 细胞的比例，减少了 IL-17 的分泌，从而恢复了 RTX 作用之后 Th17 比例的失衡有关。

PO-1442

泽布替尼联合 R-CHOP 治疗结外受累或 MYC/BCL-2 双表达的弥漫大 B 细胞淋巴瘤的回顾性分析

付婉彬、刘佳、肖丹、王婷、钟华、侯健、徐岚
上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 结外受累或 MYC/BCL-2 双表达的弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者使用标准一线 R-CHOP 方案治疗时往往预后较差，5 年无进展生存（PFS）和总生存（OS）率均低于 40%，存在未满足的临床治疗需求；本中心尝试在 R-CHOP 的基础上加用 BTK 抑制剂泽布替尼，旨在进一步改善这部分患者的临床预后。

方法 我们回顾了 2021 年 1 月 1 日到 2024 年 1 月 30 日期间收治的 29 例结外累及或 MYC/BCL-2 双表达的弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者，其中 21 例患者合并结外病灶，8 例存在双表达。年龄 >60 岁 21 例（72%），年龄 >75 岁 9 例（31%）；ECOG 体能状态评分 PS >2 分 20 例（70%）。所有患者采用的诱导方案为：泽布替尼联合 R-CHOP，共 4 疗程。第 4 疗程后进行 18FDG-PET/CT 评估疗效。获得部分缓解（PR）以上患者继续采用泽布替尼联合利妥昔单抗巩固维持治疗，共持续 1 年；伴有中枢累及风险的患者泽布替尼口服持续 2 年。期间每 3 月进行影像学检查评估疗效。

结果 诱导治疗后 PET/CT 中期评估，所有患者均获得 PR 以上治疗反应（ORR）100%，其中 21 例（72.4%）CR，8 例（27.6%）PR。在巩固维持治疗中 5 例患者从 PR 转为 CR。截止目前，中位随访 18.9 月（3.2-40.0 月），其中 2 例（6.9%）失访，4 例（13.8%）发生疾病进展，5 例（17.2%）死亡。中位 PFS 和 OS 均未达到。2 年 PFS 80.74%±7.78%，2 年 OS 81.24%±7.58%。不良反应：非血液学不良反应包括：疲劳（38.5%）、高血压（15.38%）、神经系统症状（7.7%）、感染（100%）；其中 >3 级感染 3 例（11.5%），导致患者停药；1 例出现免疫性脑病、昏迷。血液学不良反应包括：粒细胞减少（55%）、贫血（26%）、血小板减少（42.3%）、出血（38.5%）；其中 >3 级粒细胞减少（4.5%），5 例患者因合并心血管疾病长期服用抗凝药物，减低泽布替尼用量后出血症状好转。

结论 泽布替尼联合 4 疗程 R-CHOP 方案诱导治疗存在结外受累或双表达的弥漫大 B 细胞淋巴瘤，尤其是老年、虚弱患者，可以缩短细胞毒药物的疗程数，提高患者对治疗的耐受性，并且疗效优于传统 6-8 疗程 R-CHOP 方案的诱导治疗。同时泽布替尼联合利妥昔单抗的巩固维持治疗安全性好，不良反应可控，为进一步改善这两类高危老年、虚弱患者的预后带来希望。

PO-1443

Different large granular lymphocyte count drew distinguish characteristics in large granular lymphocytic leukemia

Yuxi Li^{1,2}, Ying Yu^{1,2}, Yanshan Huang^{1,2}, Rui Cui^{1,2,3}, Jingwen Sun^{1,2}, Rui Lyu^{1,2}, Tingyu Wang^{1,2}, Wenjie Xiong^{1,2}, Yuting Yan^{1,2}, Qi Wang^{1,2}, Wei Liu^{1,2}, Gang An^{1,2}, Weiwei Sui^{1,2}, Yan Xu^{1,2}, Wenyang Huang^{1,2}, Dehui Zou^{1,2}, Fengkui Zhang^{1,2}, Lugui Qiu^{1,2}, Shuhua Yi^{1,2}

1. Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

2. Tianjin Institutes of Health Science, Tianjin, China

3. Department of hematology, Tianjin First center hospital, Tianjin, China

Objective Large granular lymphocytic leukemia (LGLL) characterized by clonal lymphocyte expansion, presents diagnostic challenges, especially in cases with low LGL counts.

Methods In this study of 175 newly diagnosed LGLL patients, categorized into low ($<0.5 \times 10^9/L$), intermediate ($0.5-2 \times 10^9/L$), and high ($>2 \times 10^9/L$) LGL count groups (27.4%, 31.4%, and 41.1% of patients, respectively)

Results Anemia (75.0% vs. 83.6% vs. 48.6%, $P < 0.001$), thrombocytopenia (27.1% vs. 20.6% vs. 5.6%, $P < 0.001$), and pure red cell aplastic anemia (29.2% vs. 43.6% vs. 13.9%, $P = 0.001$) were significantly more prevalent in the low and intermediate LGL count groups than in the high LGL count group. Notably, Treg cell proportion was higher in the low and intermediate LGL count group compared to the high LGL count group ($P = 0.015$). Overall, the low and intermediate LGL count groups exhibited lower overall response rates (ORR) and worse overall survival (OS) compared with the high LGL count group (ORR: 86.8% vs. 64.3% vs. 91.4%, $P = 0.005$; OS: 3-year OS rate 86.5% vs. 90.9% vs. 100%, $P = 0.029$). However, no evidence of a difference in ORR and OS among the three LGL count groups was observed under treatment subgroups.

Conclusion Generally, while LGL counts reveal unique clinical and biological features, they should not be obligatory for diagnosing LGLL.

PO-1444

慢性淋巴细胞白血病脂肪酸代谢的临床意义及免疫调控作用机制研究

张杨、马君、王嫻、李沛沛、路康、韩杨、胡欣婷、房孝生、王欣、张娅
山东省立医院

目的 探讨脂肪酸代谢特征在慢性淋巴细胞性白血病 (chronic lymphocytic leukemia, CLL) 的临床预后意义, 并阐明其对 CLL 免疫功能调节作用及机制。

方法 分析 487 例 CLL 患者转录组数据及临床信息, 通过 Cox-LASSO 回归分析构建预后评分, 并在独立外部队列 ($n = 195$) 验证。采用 CCK-8 法和 Annexin V-PE/7-AAD 法, 检测脂肪酸氧化抑制剂处理下 CLL 细胞增殖活力及凋亡率改变。联合 CLL 患者单细胞转录组分析, 探讨脂肪酸代谢对 CLL 患者免疫表型调节及机制。

结果 筛选出 3 个具有独立预后意义的脂肪酸代谢相关基因 (LPL、SOCS3、CNR1) 构建风险评分 FAM-Score。ROC 分析显示 FAM 评分 ($AUC = 7.738$, $p < 0.001$) 的特异性和敏感性优于 Binet 分期 ($AUC = 0.527$, $p = 0.487$)。FAM-Score 高评分与 CLL 患者较短总生存期、IGHV 未突变状态、Binet 分期晚期和疾病进展显著相关。采用脂肪酸氧化抑制剂 Perhexiline 处理 MEC-1、EHEB 及 CLL 原代细胞, 经 CCK-8 及流式细胞术检测发现抑制脂肪酸氧化显著降低增殖活力, 促进细胞凋亡。单细胞转录组分析显示 LPL、SOCS3、CNR1 存在免疫细胞亚群特异性表达, 其互

作基因富集于免疫细胞活化、NF- κ B 信号等免疫调节通路，提示脂肪酸代谢潜在通过调控免疫表型驱动 CLL 发生发展。

结论 本研究基于脂肪酸代谢相关基因表达特征构建 CLL 预后风险评分 FAM-Score，并揭示了相关免疫表型差异。靶向脂肪酸代谢是增强 CLL 免疫治疗疗效潜在途径。

PO-1445

POD24 在套细胞淋巴瘤中的预后

陈伟、韩倩楠、高雯暇、赵欢欢、马瑞雪、李护君
徐州医科大学附属医院

目的 探讨 24 个月内疾病进展 (POD24) 对套细胞淋巴瘤 (MCL) 患者总生存的影响，比较 POD24 和非 POD24 患者的临床特征。

方法 回顾性分析 2010 年 1 月至 2020 年 8 月徐州医科大学附属医院收治的有治疗指征且经过正规治疗的 MCL 患者评估 POD24 (排除因非进展因素发生死亡的患者)，进行预后评估及临床特征比较。

结果 单因素 Cox 回归分析结果显示，是否发生 POD24、PLT $<100\times 10^9/L$ 、白蛋白 $<40g/L$ 、MIPI 评分、ECOG PS 评分、LDH $\geq 240U/L$ 是初诊 MCL 患者 OS 的影响因素 (均 $P<0.05$)。对单因素分析中有意义的指标进行多因素 Cox 回归分析，结果显示是否发生 POD24、白蛋白 $<40g/L$ 、LDH $>240U/L$ 、ECOG PS 评分是 MCL 患者 OS 的独立影响因素 (均 $P<0.05$)。POD24 患者较非 POD24 患者起病时 PLT $<100\times 10^9/L$ 的发生率 (33.3% 对 5.9%， $P=0.033$) 及 ECOG ≥ 2 分的发生率 (45.5% 对 5.9%， $P=0.04$) 明显增高。

结论 POD24 为影响 MCL 患者总生存的独立预后不良因素，起病时伴 PLT $<100\times 10^9/L$ 、ECOG ≥ 2 分的患者发生 POD24 比例更高。

PO-1446

Clinical and imaging features of primary central nervous system lymphoma versus high-grade glioma and metastatic brain tumor

Wei Chen^{1,2}, Qian Hu³, Fengyi Lv¹, Ruixue Ma¹, Hao Chen³

1. Department of Hematology, the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

2. Blood Diseases Institute, Xuzhou Medical University, Xuzhou, Jiangsu, China

3. Center of Clinical Oncology, the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University, Xuzhou, Jiangsu, China; Jiangsu

Objective Primary central nervous system lymphoma (PCNSL) is a rare brain malignancy.

Methods The clinical manifestations, imaging features, treatment methods, and prognosis of 87 patients with PCNSL, 87 with HGG, and 71 with METS were retrospectively analyzed.

Results Epileptic seizures and cognitive dysfunction were significantly more common in PCNSL than in METS. Involvement of the cerebral hemisphere was more likely in HGG and METS than in PCNSL. Multiple lesions were significantly more common in PCNSL than in HGG. Recurrence was more common in HGG than in PCNSL. Median survival times of patients with PCNSL, HGG, and METS were 24.3 months, 44.5 months, and 27.1 months, respectively. The number of lesions was an independent risk factor for mortality in PCNSL ($P=0.008$).

Conclusion Better awareness of the clinical manifestations and imaging features of PCNSL will improve diagnosis of PCNSL and allow early and appropriate treatment.

PO-1447

Endothelial activation and stress index (EASIX) is a credible predictor for overall survival in patients with peripheral T-cell lymphoma

Wei Chen^{1,2}, Huimin Chen¹, Ruixue Ma¹, Wenxia Gao¹, Huanhuan Zhao¹, Hujun Li¹, Kailin Xu^{1,2}

1. Department of Hematology, the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

2. Blood Diseases Institute, Xuzhou Medical University, Xuzhou, Jiangsu, China

Objective The endothelial activation and stress index (EASIX) score has been reported to predict overall survival (OS) in hematological malignancies. However, it has not been validated as a prognostic marker for peripheral T-cell lymphoma (PTCL) to date.

Methods This retrospective study analyzed 117 patients with newly diagnosed PTCL who received chemotherapy in the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University between January 2010 and September 2021. Serum lactate dehydrogenase (LDH), creatinine, and platelet count at diagnosis were measured in all included patients. EASIX scores were calculated using the formula-LDH (U/L) × creatinine (mg/dL) / platelet count (10⁹/L).

Results The median age of patients was 52 years (range, 12–85). The optimal cutoff value of EASIX according to the receiver operating characteristic analysis for OS was 1.66. The median OS and progression-free survival (PFS) were significantly shorter in the high EASIX group than in the low EASIX group (9.3 months vs not reach, $p < 0.001$ and 5.7 months vs 24.1 months, $p < 0.001$). In multivariate Cox analysis, high EASIX was an independent poor prognostic factor for OS (hazard ratio, 3.033; 95%CI, 1.442-6.379; $p = 0.003$).

Conclusion EASIX score at diagnosis is a simple and strong predictor for OS in patients with newly diagnosed PTCL.

PO-1448

Efficacy and safety of Zanubrutinib in Combination with chimeric antigen receptor T-cell therapy targeting CD19 in refractory/relapsed diffuse large B cell lymphoma

Jinhuan Xu, Miao Zheng, Yicheng Zhang

Department of Hematology, Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective While chimeric antigen receptor T-cell (CAR T) therapy has shown promise in treating B-cell non-Hodgkin lymphoma, its efficacy is variable in patients with poor initial responses. This study investigates the combination of Zanubrutinib with CAR T therapy targeting CD19 to improve outcomes in refractory/relapsed diffuse large B cell lymphoma (DLBCL).

Methods We conducted a retrospective cohort study of 17 patients with R/R DLBCL who received Zanubrutinib followed by anti-CD19 CAR T-cell therapy, with or without autologous stem cell transplantation. We assessed overall survival (OS), progression-free survival (PFS), and conducted subgroup analyses. We also monitored CAR T-cell expansion by quantifying vector copy numbers (VCN). Safety and tolerability were assessed by documenting adverse events, including cytokine release syndrome and neurotoxicity.

Results The median follow-up was 21 months [95% Confidence Interval (CI) 14.0-28.5]. The objective response rate was 88.2%, with 70.5% achieving complete remission. At 24 months, the estimated PFS was 50% (95%CI, 31-83%), and the OS was 70% (95%CI, 51-96%). Patients with non-elevated lactate dehydrogenase (LDH) levels showed a higher PFS probability (100%)

compared to those with elevated LDH (31%, 95%CI: 13%-75%)(log-rank, $p=0.027$). The area under the receiver-operating characteristic (ROC) curve for peak CAR T-cell expansion was 0.808, suggesting an optimal cutoff at day 13 for enhancing survival (sensitivity 81%, specificity 78%; $p=0.06$). Early peak expansion (before day 13) correlated with better PFS and OS (log-rank $p=0.041$ and $p=0.003$, respectively). The total VCN AUC was 0.75, with a cutoff of 12,690 significantly predicting survival (sensitivity 41%, specificity 93%; $p=0.04$). Kaplan-Meier analysis indicated statistically significant differences in OS for patients with VCN below 12,690 (log-rank $p=0.0041$), though trends in PFS did not reach statistical significance (log-rank $p=0.093$). Safety profiles indicated manageable cytokine release syndrome, with no severe neurotoxicity reported.

Conclusion Zanubrutinib combined with CAR T-cell therapy offers an effective treatment option for patients with R/R DLBCL, enhancing response rates and survival. Detailed analysis of CAR T-cell expansion provides insight into the dynamics of cellular responses, underscoring the potential for tailored therapeutic approaches based on biological markers.

PO-1449

PP2A 抑制剂 LB-100 联合克唑替尼在 ALK 阳性间变性大细胞淋巴瘤的作用研究

张亚平、周欢、施文瑜
南通大学附属医院

目的 旨在探索 PP2A 抑制剂 LB-100 联合克唑替尼在 ALK 阳性间变性大细胞淋巴瘤 (ALK+ALCL) 中的抑制作用及机制, 提高患者治愈率和生存率, 降低药物耐药性及毒副作用。

方法 从高通量基因表达数据库 (GEO) 中下载外周 T 细胞淋巴瘤 (PTCL) 患者 (包含 ALK+ALCL) 的微阵列表达数据集 GSE45712 和 GSE58445, 从中筛选出 PP2A 亚基的 C 亚基 PPP2CA 基因表达的病人信息, 采用 R 语言进行表达差异和生存分析。选用 ALK+ALCL 细胞株 Karpas299 和 SR-786, 通过 CCK8 法检测对照组、LB-100 组、克唑替尼、两药联合组的细胞活力。应用克隆形成实验、EDU 增殖试验、流式细胞技术等检测药物处理对细胞的增殖、克隆形成能力、周期、凋亡的影响; 通过 WB 实验检测药物处理前后的周期蛋白和凋亡蛋白的表达变化以及 NPM-ALK 蛋白及其下游信号通路; 通过免疫荧光检测了细胞蛋白的 DNA 损伤标志物 γ -H2A.X 蛋白表达量, 以及 DNA 损伤下游信号通路 ATM/CHK2/P53 轴的蛋白变化。

结果 1. 经过基因差异表达筛选, 发现在 GSE45712 的 PTCL 数据集中 PPP2CA 亚基表达的 ALK+ALCL、ALK-ALCL 患者各 6 例, 15 例的 CD4 和 CD8 正常细胞作为对照, 经统计分析发现 PPP2CA 亚基在 ALK+ALCL 中高表达, 与 ALK-ALCL、正常细胞相比均有表达差异 ($P<0.001$)。2. 从 GSE58445 数据集中筛选出 PPP2CA 亚基表达的 162 例患者信息, 其中高表达 17 例, 低表达 145 例, 经生存分析发现高表达组预后差, 具有统计意义 ($P<0.0001$)。3. 不同浓度的 LB-100 和克唑替尼对 ALK+ALCL 细胞株的活力具有抑制作用。LB-100 联合克唑替尼具有协同抑制作用, 联合组的抑制率明显高于单药组且具有统计学意义 ($P<0.05$)。联合组使细胞克隆形成和增殖能力减弱、凋亡增加、细胞阻滞于 G1 期。4. LB-100 联合克唑替尼可诱导 DNA 损伤, 经 Western Blot 和细胞免疫荧光实验结果提示联合组诱导 DNA 损伤标志物 γ -H2A.X 蛋白以及荧光表达量明显增多, 且通过激活 DNA 损伤的信号通路 ATM/CHK2/P53 蛋白的磷酸化水平发挥协同作用。5. LB-100 联合克唑替尼组可明显减低 NPM-ALK 蛋白的表达, 同时也降低下游信号通路 AKT/mTOR 蛋白的磷酸化水平。

结论 1. PPP2CA 亚基在 ALK+ALCL 中高表达, 且高表达组患者预后差。2. LB-100 联合克唑替尼具有协同抑制作用, 明显降低细胞克隆形成和增殖能力, 诱导细胞凋亡和 G1 期阻滞, 通过诱发 DNA 损伤诱导细胞死亡, 抑制 NPM-ALK 蛋白以及下游信号通路蛋白磷酸化水平。

PO-1450

商品化自体抗 CD19 嵌合抗原受体 (CAR) T 细胞治疗复发难治性 B 细胞淋巴瘤疗效及安全性分析——单中心真实世界研究

赵丹青、魏冲、阮菁、张炎、李剑、周道斌、张薇
中国医学科学院北京协和医院

目的 评估已在国内上市的自体抗 CD19 嵌合抗原受体 T 细胞疗法 (CART) 治疗复发难治性 B 细胞淋巴瘤疗效及安全性

方法 回顾性分析北京协和医院血液科 2021-2024 年间完成上市后商品化 CART 采集的患者, 对于其疾病诊断及基线特征、CART 治疗有效率及不良反应、预后情况进行描述性统计。采用 R 语言进行统计学分析, 计数资料组间比较采用 χ^2 检验及 Fisher 精确概率法。采用 Kaplan-Meier 法进行生存分析。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结果 共纳入 36 例患者, 其中男性患者 23 例 (63.8%), 中位年龄 56 岁 (范围: 27-72 岁), 诊断弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 33 例、高级别 B 细胞淋巴瘤 1 例、原发中枢神经系统淋巴瘤 1 例、Burkitt 淋巴瘤 1 例。在 33 例 DLBCL 中, 5 例为惰性 B 细胞淋巴瘤转化而来, Hans 法界定的生发中心样 DLBCL 占 11 例 (33.3%), 双表达 DLBCL 占 16 例 (48.4%), 无双打击 DLBCL, P53 突变者占 15 例 (45.4%)。所有患者中 Ann Arbor 分期 I 期占 1 例、II 期占 6 例 (16.7%)、III 期占 3 例 (8.3%)、IV 期占 26 例 (52.8%), 其中 19 例患者具有 B 症状 (52.8%)。IPI 评分为低危者占 8 例 (22.9%)、低中危者占 8 例 (22.9%)、高中危者占 9 例 (25.7%)、高危者占 10 例 (18.5%)。ECOG 评分 2 分及以上者占 11 例 (30.5%)。既往治疗线数: 一线 13 例 (36.1%)、二线 13 例 (36.1%)、三线 8 例 (22.2%)。难治性 DLBCL 占 14 例 (38.9%)。复发性 DLBCL 首次复发平均时间为 7.89 个月 (SD=8.66)。自体移植后复发患者占 4 例 (11.1%)。接受桥接治疗患者占 32 例 (88.9%)。桥接方案包括: 化疗 1 例 (3.1%)、免疫治疗±化疗 17 例 (53.1%)、超分割放疗 14 例 (43.7%)。CART 预处理前平均 LDH 为 268U/L (SD=158)。实际回输例数为 32 例, 其中 12 例 (37.5%) 患者回输 axi-cel, 20 例 (62.5%) 患者回输 relma-cel。采集到回输中位时间平均 19 天 (SD=61)。CART 回输距离末线治疗平均时间 130 天 (SD=151)。回输后目前共有 25 例患者可评估 3 个月疗效, 3 个月有效率 88%, 其中 CR 20 例 (80%), PR 2 例 (8%)。3 例 (9.7%) 患者发生 3 级及以上 CRS, 1 例 (3.2%) 患者发生 3 级及以上 ICANS。中位随访 385 天下, 中位 OS 未达到, 1 年 OS 为 75.3% (95%CI 0.597-0.951)。6 例患者死亡, 其中 3 例死亡原因为原发病进展, 剩余 3 例死于感染。

结论 商品化 CART 对于复发难治性 B 细胞淋巴瘤患者具有良好的疗效及安全性。

PO-1451

边缘区淋巴瘤的 miRNA 相关进展

车冠男、张丽君
中国医科大学附属第一医院

目的 边缘区淋巴瘤 (marginal zone lymphoma, MZL) 是一种惰性 B 细胞肿瘤, 起源于后生发中心边缘区 B 细胞, 占有非霍奇金淋巴瘤 (Non-Hodgkin lymphoma, NHL) 的 10%。根据起源部位的不同主要分为三种亚型, 分别是黏膜相关淋巴组织 (mucosa associated lymphoid tissue, MALT) 结外边缘区淋巴瘤 (extranodal marginal zone lymphoma, EMZL), 即结外 MALT 淋巴瘤、淋巴结边缘区淋巴瘤 (Nodal marginal zone lymphoma, NMZL) 和脾边缘区淋巴瘤 (splenic marginal zone lymphoma, SMZL)。每种亚型具有特定的诊断标准及不同的遗传特征、临床表现

和治疗方案。微小 RNA (Micro-RNA, miRNA) 是一种广泛存在于生物体内, 由 20-25 个核苷酸组成的内源非编码小 RNA 分子。MiRNA 序列高度保守, 其合成首先要经过细胞核中转录, 后通过和靶基因 mRNA 的 3'端非翻译区 (untranslated region, UTR) 识别结合, 并根据结合区域的长短发挥负向调控作用: 降解翻译过程或直接抑制信使 mRNA 的表达。有相关研究报导, miRNA 作用于相应靶 mRNA, 可参与细胞增殖、分化、凋亡、代谢、血管形成、肿瘤侵袭和转移等一系列过程。有相关研究证明 miRNA 在细胞分化、发育及人类恶性肿瘤中发挥重要作用。本篇通过总结关于 MZL 的 miRNA 相关研究进展进而提供更有价值的诊断方法和治疗策略。

方法 通过相关文献搜集, 我们总结了边缘区淋巴瘤各亚型之间与不同 miRNA 的相关性。

结果 随着对 miRNA 分析的不断深入, 可以看出 miRNA 作为一种新的诊断工具和预后指标, 它的表达在癌症中很有前景, 甚至有观点提出 miRNAs 的表观遗传调控可将成为治疗人类恶性肿瘤的一种新的治疗手段。

结论 我们总结了关于 MZL 的 miRNA 相关进展, 研究发现 miRNAs 表达在 MZL 各个亚型的发生及发展中均起着关键性作用, 期待在未来 miRNA 在 MZL 或者其他疾病的诊断和治疗中有更进一步的研究, 为临床工作提供更好的诊治思路。

PO-1452

抗 MAG 抗体阳性 IgM 相关周围神经病 2 例病例报告伴文献复习

仵菲斐、余庆峰、甘思林、孙慧、马杰
郑州大学第一附属医院

目的 提高对抗髓鞘相关糖蛋白 (myelin-associated glycoprotein, MAG) 抗体阳性 IgM 相关周围神经病的认识。

方法 回顾性分析我中心收治的 2 例抗 MAG 抗体患者诊疗经过。

结果 病例 1, 男, 68 岁, 以“双手麻木 2 年余, 双足及躯干麻木 8 月余”为主诉入院。神经肌电图多发周围神经病损, 脱髓鞘改变为主; 血免疫固定电泳 IgMk 型, 抗 MAG 抗体 IgM 1:320; 骨髓检查、胸腹部 CT 无异常。诊断为“MGCS-IgM 相关 PN”, 给予“利妥昔单抗 600mg qw×4w”, 麻木较前好转, 随访中。病例 2, 女, 74 岁, 以“四肢麻木、无力 2 年余, 加重 4 天”为主诉入院。神经肌电图多发性周围神经病损(脱髓鞘为主), 运动、感觉神经均受累; 血免疫固定电泳 IgMk 型, 抗 MAG 抗体 IgM 1:100, 骨髓可见 2%异常浆细胞。诊断为“MGCS-IgM 相关 PN”, 给予“利妥昔单抗 600mg qw×4w”, 麻木较前好转, 随访中。

结论 临床中以肢体远端麻木为主要改变, 肌电图提示周围神经脱髓鞘改变时需筛查血免疫固定电泳, 若为 IgM 型单克隆免疫球蛋白需进一步完善抗 MAG 抗体及相关血液学检查, 确诊“MGCS-IgM 相关 PN”后需给予以抗 B 细胞治疗为主的治疗。

PO-1453

西北单中心 121 例原发胃淋巴瘤患者的临床特征及预后分析

王世雄、王健红、段晓晖、刘欣蔚、高广勋、梁蓉
中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 围绕原发胃淋巴瘤(PGL)的临床及病理特征进行回顾性队列研究, 探究影响疗效及预后的因素, 特别是各种分期及炎症营养指标。

方法 收集 2010 年 1 月到 2021 年 1 月于本中心诊治的 PGL 患者的临床资料, 分析病理和临床特征对无进展生存期(PFS)和总生存期(OS)的影响。应用 Kaplan-Meier 曲线法进行单因素生存分析,

Log-rank 检验进行生存分析组间的比较, Cox 比例风险模型法进行多因素生存分析。

结果 共纳入 PGL 患者 121 例, 中位 PFS 为 38 月, 10 年的 PFS 率为 57.0%; 中位 OS 为 56 月, 10 年的 OS 率为 72.3%。单因素生存分析显示 PGL 患者的 PFS 预后影响因素有淋巴细胞亚群、结外病变个数、Ann Arbor 分期、Lugano 分期、体力状况评分 (PS 评分)、国际预后评分 (IPI 评分)、乳酸脱氢酶 (LDH)、 $\beta 2$ 微球蛋白、炎症指标 (dNLR、SIRI、SII、 β LR、LLR) 及营养指标 PNI; OS 的预后因素有结外病变个数、Lugano 分期、Musshoff 分期、Ann Arbor 分期、PS 评分、IPI 评分、LDH、低白蛋白血症、炎症指标 (NLR、dNLR、PLR、LMR、SIRI、SII、 β LR、LLR)、及营养指标 (PNI、CONUT)。多因素生存分析提示患者 PFS 的独立危险因素有 IPI 评分及 SIRI, OS 的独立危险因素有 Lugano 分期、IPI 评分及 SIRI。在 IPI 分期 0-1 分的低危组中, 用 SIRI 可进一步细分为预后较好及预后较差组 ($P=0.04$); 在 PGL 中的弥漫大 B 细胞淋巴瘤, 用 SIRI 可进一步细分为预后较好及预后较差组 ($P=0.037$)。

结论 dNLR、SIRI、SII、PNI、 β LR、LLR 为 PGL 患者的几种简单且有意义的炎症及营养预后指标, 其中 SIRI 的预测价值更高, 可作为一种新型预后指标。

PO-1454

TP53 蛋白对弥漫大 B 细胞淋巴瘤临床特征及预后的影响

仵菲菲、曹莉、王亚楠、刘晓艳、甘思林、余庆峰、马杰
郑州大学第一附属医院

目的 探讨 TP53 蛋白对弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL) 临床特征及预后的影响。

方法 回顾性分析 2017 年 6 月—2023 年 11 月我中心确诊的 84 例包含 TP53 蛋白结果的 DLBCL 患者资料, 依据表达水平分为 TP53 蛋白缺失或弥漫组 ($<1\%$ 、 $>80\%$) (即 TP53 均一组, TP53even) 和不均一组 ($1\%–80\%$) (即 TP53 不均一组, TP53uneven), 分析 TP53 蛋白表达模式对 DLBCL 临床特征及生存的影响。

结果 TP53even 组占 29.8% (25/84), TP53un 组占 70.2% (59/84), 两组间临床特征及总反应率差异均无统计学意义 ($P>0.05$)。TP53even 与 TP53un 组的中位 PFS 分别为 13 个月和 31 个月, 差异无统计学意义 ($P=0.472$); 两组中位 OS 均未达到, 差异无统计学意义 ($P=0.284$); TP53even 与 TP53un 组的 1 年、2 年、3 年 PFS 率分别为 52.3% vs 61.6%、47.1% vs 56.3%、47.1% vs 48.3%, 1 年、2 年、3 年 OS 率分别为 88.8% vs 84.8%、55.3% vs 72.2%、55.3% vs 68.4%, 差异均无统计学意义 ($P>0.05$)。亚组分析显示在 Bcl-2 多拷贝组中, TP53even 与 TP53un 组患者的中位 PFS (3 个月 vs 45 个月), 差异有统计学意义 ($P=0.035$)。

结论 Bcl-2 多拷贝组中 TP53 蛋白缺失或弥漫表达的患者预后更差。

PO-1455

盐酸米托蒽醌脂质体用于淋巴瘤 CAR-T 治疗前桥接的安全性及疗效研究

吴佳、李春蕊、郑邈、孟凡凯、曹阳、李登举、张义成、周晓曦
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 CAR-T 细胞疗法在复发/难治性淋巴瘤患者的治疗中取得了突破性疗效, 桥接治疗作为 CAR-T 回输前原发病的控制方案与 CAR-T 疗法的成功输注及后期应答密切相关。本研究旨在通过

回顾性研究评估盐酸米托蒽醌脂质体用于 CAR-T 前桥接方案对于淋巴瘤治疗的疗效及安全性影响。

方法 回顾性收集和分析 2022 年 3 月起至 2024 年 4 月 30 日期间，在武汉同济医院应用包含盐酸米托蒽醌脂质体作为 CAR-T 回输前桥接方案的患者临床资料。参照 Lugano 修订版的淋巴瘤疗效评价标准、ASTCT 共识进行疗效评价及安全性分级。

结果 共有 12 例复发/难治性淋巴瘤患者纳入研究。中位年龄为 48.5 (25.0~67.0) 岁，75% (9/12) 的患者为复发/难治性弥漫大 B 细胞淋巴瘤，1 例霍奇金淋巴瘤，1 例伯基特淋巴瘤，1 例 T 淋巴瘤母细胞淋巴瘤；91.7% (11/12) 的患者临床分期为 III-IV 期；66.7% (8/12) 患者的淋巴瘤 IPI 评分 ≥ 3 分；58.3% (7/12) 患者结外病灶数量 ≥ 2 个；66.7% (8/12) 的患者为大包块/高肿瘤负荷。在 CAR-T 细胞输注后疗效可评估的 11 例患者中，ORR 为 81.8%，其中 CR 率为 54.5% (6/11)，PR 率为 27.3% (3/11)；1 年 PFS 率为 50.0%，中位 PFS 为 10.42 个月；1 年 OS 率 61.4%，中位 OS 未达到。CAR-T 治疗后，队列中患者均未出现 ICANS 及 ≥ 3 级 CRS，3 级及 3 级以上中性粒细胞减少为 100%、血小板减少为 91.7%、贫血为 91.7%，绝大多数患者 (81.8%) 在 1 个月之内恢复到 3 级以下血液毒性。

结论 盐酸米托蒽醌脂质体用于 CAR-T 治疗前桥接方案显示出良好的临床应答率，安全性良好，血液毒性可控，多种淋巴瘤可及，是大包块及高肿瘤负荷患者 CAR-T 前桥接治疗的安全有效的选择。

PO-1456

BRAF 突变在惰性淋巴增殖性疾病中的研究及进展

徐婷^{1,2}、王婧婧²、马骁^{1,2}

1. 苏州大学附属第一医院

2. 苏州弘慈血液病医院

目的 探究 BRAF 基因突变在惰性淋巴增殖性疾病中的表达及目前研究进展

方法 本文中筛选于本中心收治的伴有 BRAF 基因突变并符合惰性淋巴增殖性疾病诊断患者，并搜集分析了这部分患者的临床特征、基因突变数据、治疗及预后情况，结合目前 BRAF 基因相关报道进行分析及探究

结果 伴有 BRAF 突变的惰性淋巴增殖性疾病患者共 16 例，其中毛白细胞白血病 (HCL) 6 例，慢性淋巴细胞白血病/小细胞淋巴瘤 (CLL/SLL) 8 例，另外 2 例为诊断时发现是滤泡细胞淋巴瘤转化的弥漫大 B 细胞淋巴瘤也纳入分析中。HCL 患者均为 BRAF V600E 热点突变，其中多数在接受一线方案治疗后持续缓解状态，预后良好，1 例患者因疾病复发合并感染死亡。CLL/SLL 及 FL 转化的 DLBCL 患者均非 BRAF V600E 热点突变，且突变位点不尽相同，CLL/SLL 患者在规范接受治疗的情况下预后均良好。FL 转化的 DLBCL 患者中的 1 例因本病复发难治死亡。

结论 BRAF V600E 对于 HCL 的特异性表明其在疾病的发生发展过程中的重要角色，而 BRAF 突变的异质性在其他淋巴增殖性疾病中也有所体现，针对 BRAF 突变以及 MAPK/ERK 信号通路的异常激活的研究可以为该类型疾病的治疗提供新的治疗思路。

PO-1457

Mutation characteristics and prognosis of follicular lymphoma: an analysis of 80 cases

Tong Ge, Kefeng Shen, Qiang Gao, Xinyue Deng, Min Xiao

Department of Hematology, Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective To investigate the clinical characteristics, gene mutational landscape and prognosis of 80 patients with follicular lymphoma (FL).

Methods The data of 80 patients diagnosed with follicular lymphoma (grade 1,2 and 3A) and underwent targeted next generation sequencing (NGS) at the Department of Hematology, Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology between January 2019 and July 2023 were retrospectively studied.

Results The median age of 80 patients was 52 (24 - 91), including 22 patients aged ≥ 60 . 90.0% of the patients were diagnosed with Ann Arbor stage III-IV and 29 cases (36.3%) were accompanied by B symptoms. 24 patients (30.0%) were diagnosed with histological grade 3A. 50 patients were newly diagnosed and 30 were relapsed/refractory (R/R). Fifteen patients underwent chimeric antigen receptor T (CAR-T) cell therapy and 12 patients underwent allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (ASCT). In all paraffin-embedded or fresh tissues, 86 gene mutations were identified from the 101 gene list. Targeted sequencing data showed that the genes with mutation frequencies of $\geq 10\%$ were KMT2D (71.0%), CREBBP (60.9%), BCL2 (52.2%), IGLL5 (43.5%), TNFRSF14 (29.0%), EZH2 (21.7%), STAT6 (21.7%), CARD11 (20.3%), ATP6V1B2 (13.0%), TP53 (11.6%), POU2AF1 (11.6%), CD79A (10.1%) and TNFAIP3 (10.1%). The mutation rate of KMT2D gene in newly diagnosed patients was significantly higher than that in relapsed/refractory patients.

Conclusion Next-generation sequencing provides insights for molecular diagnosis, targeted therapy and prognosis of follicular lymphoma.

PO-1458

慢性淋巴细胞白血病患者染色体异常分析及其临床意义

李建伟

天津金域医学检验实验室有限公司

目的 验证添加免疫刺激剂 CpG-ODN 能提高慢性淋巴细胞白血病 (chronic lymphocytic leukemia, CLL) B 淋巴细胞中期染色体培养成功率和异常染色体检出率, 探讨 CLL 染色体畸变的预后意义。

方法 收集 2023 年 1 月-2024 年 1 月天津金域医学检验实验室有限公司的 CLL 患者 384 例, 男 254 例, 女 130 例, 统计添加 CpG-ODN 组和对照组中期染色体培养成功率和异常畸变检出率, 结合临床资料对染色体核型进行分析。

结果 添加 CpG-ODN 组染色体培养成功率为 97.7% (对照组 85.24%, $P < 0.05$), 异常染色体检出率 51.30% (对照组 1, 79%, $P < 0.01$), 差异具有统计学意义; CLL 中 +12 (20.05%) 是最常见染色体异常类型, 其次分别是: del(13q) (9.64%)、t(14q32) (7.81%)、del(11q) (7.03%)、abn(17p) (5.73%)、del(6q) (4.43%); 各种遗传学异常与患者的性别、年龄无相关性 ($P > 0.05$)。

结论 添加免疫刺激剂 CpG-ODN 能提高 CLL 的 B 淋巴细胞中期染色体培养成功率和异常染色体检出率; CLL 疾病进展和临床预后具有高度异质性, 染色体核型分析对于 CLL 患者的预后判断和采取合适的治疗措施具有重要意义。

PO-1459

Four-year Long-term Follow-up of CNCT19 CAR T-cell Therapy in Relapsed or Refractory Aggressive B-cell Lymphoma

Ting Xie¹, Wei Liu¹, Wenyang Huang¹, Huimin Liu¹, Lulu Lv², Lugui Qiu¹, Jianxiang Wang¹, Dehui Zou¹

1. State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Tianjin, China.

2. Juventas Cell Therapy Ltd, Tianjin, China.

Objective Most anti-CD19 CAR-T products have the single-chain variable fragment (scFv) derived from the FMC63 monoclonal antibody. We developed a new hybridoma clone, HI19 α , which binds to distinct epitopes on CD19. CNCT19 is a second-generation CAR T-cell with a scFv derived from clone HI19 α and a 4-1BB costimulatory domain. A pilot clinical trial was conducted to assess the safety and preliminary efficacy of CNCT19 cells (CNCT19s) in patients with relapsed or refractory (R/R) B-cell lymphoma.

Methods Patients with relapsed or refractory CD19-positive B-cell lymphoma were eligible for this study. All patients received lymphodepleting chemotherapy with FC (fludarabine and cyclophosphamide) before CNCT19s infusion. Three dose levels were administered: 5×10^6 T cells/kg, 10×10^6 T cells/kg, and 4×10^6 CAR T cells/kg.

Results A total of 20 patients were enrolled, including 14 with diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL), one with follicular lymphoma grade 3B (FL3B), one with Richter's transformation, and four with mantle cell lymphoma. Here we report the results of the 16 patients with de novo or transformed large B-cell lymphoma or FL3B. These patients had received a median of 3 (range 1-7) lines of prior therapy. The median dose of CNCT19s infused was 3.6×10^6 (range, $1.8-6.5 \times 10^6$)/kg. Cytokine release syndrome occurred in 11 (68.8%) patients, all classified as grade 1. One patient (6.3%) experienced CAR-T-cell-related encephalopathy syndrome. The overall response rate and complete response rate were 75% and 43.8%, respectively. After a median follow-up of 54.0 months, the estimated 5-year progression-free survival and overall survival rates were 25% and 37.5%, respectively.

Conclusion CNCT19s exhibited favorable safety profiles and efficacy in patients with R/R DLBCL and FL3B. The long-term follow-up confirms the curative potential of CNCT19s in R/R aggressive B-cell lymphoma. This trial was registered at www.clinicaltrials.gov as NCT03029338.

PO-1460

使用机器学习算法预测西达本胺在血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤患者中的疗效

张春兰、徐娟、徐才刚
四川大学华西医院

目的 西达本胺是一种组蛋白去乙酰化酶抑制剂，在临床试验中显示出改善血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤(AITL)患者预后的良好效果。然而，在真实世界研究中，关于西达本胺是否能提高总生存率存在相互矛盾的报道。因此，我们的目标是建立一个基于机器学习(ML)的模型，以预测基于西达本胺使用和基线特征的 AITL 患者的 2 年 OS。

方法 将 183 例 AITL 患者随机分为训练集和测试集。我们使用了五种机器学习算法来构建预测模型。采用递归特征消除(RFE)方法对最重要的特征进行滤波。使用 SHAP 和 LIME 算法对 ML 模型进行解释，并确定所选特征的相关性。

结果 研究纳入了中国 3 个治疗中心的 2012-2022 年间新诊断的共 183 例 AITL 患者。71 例患者在确诊后 2 年内死亡。我们基于是否使用西达本胺和 16 个基线特征建立了 5 种 ML 算法来预测 2 年的 OS。Catboost 模型预测效果最佳。并且，经 RFE 筛选，纳入 12 个最重要变量时表现最佳 (AUC=0.8651)。其中，在与 2 年 OS 相关的所有变量中，使用西达本胺重要程度排名第三。

结论 本研究表明包含 12 个变量的 Catboost 模型能够有效预测 AITL 患者 2 年 OS。联合西达本胺治疗有利于延长 AITL 患者生存期。

PO-1461

HIV 感染者和艾滋病相关淋巴瘤患者外周血淋巴细胞 颗粒酶 B 和穿孔素表达的临床价值研究

陈双、肖晴、李莲、李良梅、杨再林、刘耀
重庆大学附属肿瘤医院

目的 分析 HIV 感染患者、初诊艾滋病相关淋巴瘤 (ARL) 患者和健康人 (HC) 外周血 T 淋巴细胞及 NK 细胞中颗粒酶 B 和穿孔素的表达量，探究颗粒酶 B 和穿孔素在不同疾病状态下的表达差异，为 ARL 患者的免疫效应功能研究提供重要依据。

方法 根据年龄、性别、抗逆转录病毒用药情况等因素匹配了 6 例未接受化疗的初诊 ARL 患者，10 例未有淋巴瘤病理学证据的 HIV 感染患者和 10 例健康人；应用流式细胞术检测所有人群的外周血样本中 NK 细胞、CD3+T 细胞、CD8+T 细胞、CD4+T 细胞、CD4-CD8-T 细胞 (DNT)、CD4+CD8+T 细胞 (DPT) 中颗粒酶 B 和穿孔素的表达；采用 ANOVA 方法对三组数据进行分析，比较不同状态下三组人群淋巴细胞的颗粒酶 B 和穿孔素的表达差异。

结果 三组间 NK 细胞、CD3+T 细胞、DNP 细胞、DPT 细胞的百分比没有显著差异 ($P>0.05$)；CD8+T 细胞和 CD4+T 细胞百分比在 HIV 与 HC (CD8+T: 63.59% vs 35.35%; CD4+T: 25.25% vs 49.41%) 和 ARL 与 HC (CD8+T: 54.19% vs 35.35%; CD4+T: 34.08% vs 49.41%) 组间比较中具有显著差异 ($P<0.03$)，而 HIV 与 ARL 组间比较没有差异。ARL (均值: 0.48) 和 HIV (均值: 0.76) 组的 CD4/CD8 比值均显著低于 HC (均值: 1.77)，而 ARL 与 HIV 组间比较没有差异。CD3+T 和 CD8+T 细胞的颗粒酶 B 表达量在 HIV 与 HC 组间比较具有差异，表现为 HIV 组高于 HC 组 ($P=0.04$)，其他组间比较均未见明显区别。HIV (均值: 61.64%) 组中 DPT 细胞的穿孔素表达量显著高于 ARL (均值: 31.20) 组 ($P=0.03$)，同时，HIV (均值: 55.48%) 组中 DNT 细胞的穿孔素表达量也显著高于 ARL (均值: 35.97%) 组 ($P=0.04$) 和 HC (均值: 30.54%) 组 ($P<0.01$)，其他细胞中均未见差异。

结论 淋巴细胞中颗粒酶 B 的表达量在健康人、HIV 感染患者和 ARL 患者中没有显著的差异。穿孔素表达量在三组人群中具有显著差异，其中 DNT 和 DPT 细胞亚群中穿孔素的表达对于区分三组人群具有一定的参考价值，可为 ARL 发病机制的研究提供一个新的研究方向，值得进一步探索 DNT 和 DPT 细胞亚群在 HIV 和 ARL 疾病中的作用。

PO-1462

PD-1 蛋白表达对弥漫大 B 细胞淋巴瘤临床特征及预后的影响

曹莉、马杰、高琪、夏小雪、仵菲斐、余庆峰、刘晓艳、甘思林、王亚楠、张聪丽
郑州大学第一附属医院

目的 探讨 PD-1 蛋白表达对弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL) 临床特征及预后的影响。

方法 回顾性分析 2017 年 6 月—2023 年 11 月我中心确诊的 143 例初诊 DLBCL 患者的临床资料，其中 76 例有 PD-1 蛋白表达结果，依据蛋白表达分为 PD-1 蛋白阳性组 (>40%) 和阴性组 ($\leq 40\%$)，分析 PD-1 蛋白表达对 DLBCL 临床特征及生存的影响。

结果 PD-1 蛋白阳性率为 36.7% (28/76)，PD-1 蛋白阴性组较阳性组更容易出现血清 LDH 水平升高 (77.1% vs 50.0%， $P=0.015$)、更容易伴随 B 症状 (47.9% vs 21.4%， $P=0.022$)。PD-1 蛋白阳性组中双表达亚型占 55.6%，明显高于 PD-1 阴性组的 31.9%，差异无统计学意义 ($c2=3.688$, $P=0.055$)；PD-1 阳性组和阴性组的中位 PFS 分别为 10 个月和 45 个月，差异无统计学意义 ($P=0.168$)，PD-1 阳性组中位 OS 未达到，PD-1 阴性组中位 OS 为 46 个月，差异无统计学意义 ($P=0.977$)；PD-1 蛋白阳性组和阴性组的 1 年、2 年、3 年 PFS 率分别为 50.0% vs 72.9%、50.0% vs 68.8%、46.4% vs 66.7%，差异均无统计学意义 ($P>0.05$)；1 年、2 年、3 年 OS 率分别为 85.7% vs 89.6%、71.4% vs 79.2%、71.4% vs 75.0%，差异均无统计学意义 ($P>0.05$)。亚组分析显示在双表达组中，PD-1 蛋白阳性组中位 PFS (7 个月) 明显低于 PD-1 阴性组 (45 个月)，差异有统计学意义 ($c2=6.354$, $P=0.012$)。

结论 PD-1 蛋白阳性表达更容易出现在双表达亚型中，同时使双表达亚型患者有更差的 PFS。

PO-1463

联合维布妥珠单抗治疗血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤的疗效分析

国巍、王浩天、王兴彤、赵杨祉、李军娜、白鸥
吉林大学第一医院

目的 通过临床数据分析，探索联合维布妥珠单抗 (BV) 治疗血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤 (AITL) 的可能价值。

方法 收集并分析 2020.8 至 2024.4 首诊吉林大学第一医院并联合应用 BV 治疗的免疫组化提示 CD30 大于等于 5% 的 AITL 患者资料。应用 SPSS25.0 软件，统计分析一般资料，近期疗效，生存等指标。SPSS25.0 作为统计软件，组间比较采用卡方检验，生存分析采用 Wilcoxon 和 Log-rank 方法进行比较分析，均以 $P<0.05$ 为具有统计学差异。

结果 1. 根据 BV 的使用时机，患者被分为初始治疗组 (TN) 和复发/难治组 (RR)。TN 组共有 35 例患者，而 RR 组有 12 例。TN 组和 RR 组的中位年龄分别为 64 岁和 61.5 岁。在疾病进展阶段，TN 组和 RR 组的占比分别为 88.6% 和 100%。就治疗方案而言，TN 组中 100% 的患者接受了 CHOP 或 CHOP-like 方案，而在 RR 组，该比例为 75%。随访时间方面，TN 组的中位随访时间为 13.6 个月 (1.3-40 个月)，RR 组为 30.9 个月 (12.5-60.1 个月)。2. 在对 34 例患者的疗效进行评估时，其中 TN 组包含 25 例，RR 组包含 6 例。整体治疗的 ORR 为 91.2%，其中 TN 组的 ORR 为 89.3%，RR 组为 100%，两组间差异无统计学意义 ($P>0.05$)。CR 整体为 50%，TN 组为 57.1%，而 RR 组为 16.7%，这显示出有统计学差异 ($P<0.05$)。在完成 4 个疗程的规律治疗的患者中，TN 组的 ORR 为 95.7%，CR 为 69.6%，而 RR 组的 ORR 为 100%，CR 为 25%。其中，TN 组有 11 例患者完成了 6-8 个疗程的规律治疗，ORR 达到 100%，CR 为 81.8%。在 TN 组中，对性别、年龄 (是否超过 60 岁)、PIT 评分 (大于等于 2) 进行 PFS 的亚组分析，P 值分别为 0.241、0.303、0.467，表明这些因素与 PFS 之间无显著相关性。在进行 2-4 个疗程的 PET-CT 评估时，CR 与非 CR 患者的中位 PFS 分别为未达到 (预估 24 个月 PFS 为 53.6%) 和 6.1 个月，差异具有统计学意义 ($P<0.001$)。中位 OS 分别为未达到和 33.8 个月，差异也具有统计学意义 ($P=0.018$)。

结论 1. CD30 阳性 AITL 应用 BV 联合治疗，ORR 高达 91.2%，不论 TN 还是 RR，近期疗效获益；2. TN 患者足疗程联合治疗，且 2-4 疗程获得 PETCT 评估 CR 者存在生存获益趋势；3. RR 患者 ORR 高，但缓解深度有限，有待探索新的治疗措施。

PO-1464

Machine learning prediction of venous thromboembolism risk in hospitalized lymphoma patients undergoing chemotherapy: a multicenter, respective cohort study

Tingting Jiang, Zailin Yang, Xinyi Tang, Yu Peng, Shuang Chen, Yakun Zhang, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective Lymphoma patients exhibit a higher risk of venous thromboembolism (VTE). The incidence of VTE among these patients results in an increased risk of mortality. Several factors, both individual and therapeutic, influence the occurrence of VTE. Nonetheless, current risk prediction models specific to VTE incidence for hospitalized lymphoma patients undergoing chemotherapy are not available. The objective of this study was to develop a machine learning model to predict the risk of VTE in this patient group.

Methods Data were collected from 1,141 patients at four academic medical centers from June 2018 to December 2023. Models incorporated 11 patient variables as predictors, such as age, Eastern Cooperative Oncology Group performance status (ECOG score), body mass index (BMI), Ann Arbor Stage, D-dimer, and white blood cell (WBC), among others. Six machine learning techniques were utilized to develop various VTE prediction models. The accuracy, precision, sensitivity, specificity, F1 score, brier score, and area under curve (AUC) of these six models were compared to ascertain the optimal VTE prediction model. Subsequently, the optimal model is used to predict the real-world sample and explain the contribution of each variable to the prediction results. The variables importance of each model was analyzed and compared by permutation importance analysis.

Results The optimal VTE prediction model (random forest) exhibited superior predictive performance, recording an accuracy of 0.89, precision of 0.51, sensitivity of 0.65, specificity of 0.92, F1 score of 0.57, brier score of 0.08, AUC of 0.85 in the validation set. The observed risks were close to the predicted probabilities in the calibration curve. The decision curve analysis (DCA) revealed that random forest has a similar or even better net benefits than the training set within the clinical threshold range. The model interpretation demonstrated that central venous catheter (CVC), WBC, and D-dimer significantly increase the predicted probability for both VTE and No-VTE samples. Through variables importance analysis and comparison, factors such as WBC, D-dimer, CVC, chemotherapy cycles, age and ECOG score emerged as the six most significant predictors.

Conclusion The machine learning-based VTE prediction model exhibits proficiency in identifying individuals at high risk of VTE based on routine indicators such as WBC, D-dimer, CVC, chemotherapy cycles, age and ECOG score. This model may contribute to preventing VTE in lymphoma patients undergoing chemotherapy.

PO-1465

PD-L1 蛋白表达对弥漫大 B 细胞淋巴瘤临床特征及预后的影响

曹莉、马杰、仵菲斐、余庆峰、刘晓艳、高琪、夏小雪、王亚楠、张聪丽、甘思林
郑州大学第一附属医院

目的 探讨 PD-L1 蛋白表达对弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL) 临床特征及预后的影响。

方法 回顾性分析 2017 年 6 月—2023 年 11 月我中心确诊的 143 例初诊 DLBCL 患者的临床资料, 其中 73 例有 PD-L1 蛋白表达结果, 依据蛋白表达分为 PD-L1 蛋白阳性组 (>30%) 和阴性组 (≤30%) [2], 分析 PD-L1 蛋白表达对 DLBCL 临床特征及生存的影响。

结果 PD-L1 蛋白阳性率为 26.0% (19/73)，PD-L1 蛋白阳性组血清 β 2-MG 水平升高率显著高于阴性组 (52.6% vs 24.5%， $P=0.024$)、更容易伴随 B 症状 (57.9% vs 31.5%， $P=0.042$)、更容易表现为进展期 (III-IV 期) (94.7% vs 64.8%， $P=0.012$)。PD-L1 阳性组和阴性组的中位 PFS 分别为 28 个月和 45 个月，差异无统计学意义 ($P=0.772$)，两组的中位 OS 均未达到，差异无统计学意义 ($P=0.302$)；PD-L1 蛋白阳性组和阴性组的 1 年、2 年、3 年 PFS 率分别为 68.4% vs 66.7%、63.2% vs 64.8%、57.9% vs 63.0%，差异均无统计学意义 ($P>0.05$)、1 年、2 年、3 年 OS 率分别为 100.0% vs 87.0%、94.7% vs 72.2%、84.2% vs 72.2%，差异均无统计学意义 ($P>0.05$)。亚组分析显示 PD-L1 蛋白阳性组和阴性组的 PFS 和 OS 在 GCB 组和 non-GCB 组、双表达组和非双表达组、IPI 高中-高危组和 IPI 低中-低危组、Bcl-2 多拷贝组和 Bcl-6 断裂组中差异均无统计学意义 ($P>0.05$)。

结论 PD-L1 蛋白表达不是 DLBCL 患者预后不良的独立危险因素，对 DLBCL 患者临床特征无影响。

PO-1466

首次诱导缓解后行异基因造血干细胞移植巩固治疗 ——肝脾 T 细胞淋巴瘤的潜在治愈策略

张卓新、邹德慧

中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

目的 通过回顾性分析多中心的临床资料，评估异基因造血干细胞移植 (Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation, Allo-HSCT) 在肝脾 T 细胞淋巴瘤 (hepatosplenic T-cell lymphoma, HSTCL) 患者的临床价值。

方法 本研究通过回顾性分析 2004 年 4 月至 2023 年 8 月中国多中心 47 例明确诊断 HSTCL 患者的临床资料，对比传统化疗与 Allo-HSCT 在 HSTCL 的临床疗效，进一步评价 Allo-HSCT 的最佳应用时机和挽救治疗价值。

结果 该队列中，72.3% 为男性，Ann-Arbor 分期均为 III-IV 期。超过 60% 为中高危 HSTCL 患者，出现肝大、脾大、B 症状的比例分别为 61.7%、87.2%、76.6%，而淋巴结肿大仅 25.5%。80% 左右的患者初诊时出现贫血及血小板减少，合并噬血细胞综合征占比 19.1%。整体队列中位随访时间 43.6 个月，36 例 HSTCL 患者接受了系统治疗。Allo-HSCT 显著延长 HSTCL 患者的生存时间，化疗组 (N=22) 与移植组 (N=14) 的 1 年无进展生存率分别为 12.9% 和 48.2%，2 年 OS 率分别为 6.3% 和 53.8%；二者中位 PFS 分别为 3.4 个月和 6.3 个月 ($P=0.056$)，中位 OS 分别为 7.6 个月和 30.73 个月 ($P < 0.001$)。HSTCL 患者首次诱导缓解后行 Allo-HSCT 巩固治疗能显著改善患者预后，中位 PFS 分别为 4.0 个月和 34.7 个月 ($P=0.078$)，中位 OS 分别为 10 个月和 Not Reach ($P = 0.064$)。

结论 异基因造血干细胞移植无论是作为首次诱导缓解的巩固治疗是 HSTCL 强有力的治疗策略。

PO-1467

基于维泊妥珠单抗的联合方案治疗弥漫性 大 B 细胞淋巴瘤的有效性：一项单中心回顾性研究

张奥、刘林、武盈盈、程志鹏、张璐、廖丹颖、刘芳、梅恒、胡豫、崔国惠、夏凌辉、方峻
华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科

目的 探讨基于维泊妥珠单抗的联合方案治疗弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 患者的有效性。

方法 回顾性分析 2023 年 1 月 6 日至 2024 年 3 月 5 日在华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科接受基于维泊妥珠单抗的联合方案治疗的 DLBCL 患者的临床资料。

结果 随访截止于 2024 年 5 月 9 日，共纳入 34 例 DLBCL 患者，男性 15 例（44.12%），女性 19 例（55.88%），中位年龄为 56（18-85）岁。其中新诊断患者 16 例（47.06%），复发难治病人 18 例（52.94%）。新诊断患者治疗方案包括：维泊妥珠单抗联合 R-CHP 样方案 11 例（68.75%），联合 ZR 方案 3 例（18.75%），联合 R-DAEPOCH 方案 1 例（6.25%），联合 BR 方案 1 例（6.25%）。复发难治患者治疗方案包括：维泊妥珠单抗联合 BR 方案 9 例（50.00%），联合铂类方案 6 例（33.33%），联合其他方案 3 例（16.67%）。中位随访时间为 357（65-498）天。采用全身 PET-CT/增强 CT/核磁共振进行疗效评估。新诊断患者治疗的有效性为：可评估患者共 12 例（75.00%），客观缓解率（ORR）为 83.33%。其中完全缓解（CR）率为 58.33%，部分缓解（PR）率为 25.00%，疾病进展（PD）率为 16.67%。复发难治患者治疗的有效性为：可评估患者共 11 例（61.11%），ORR 为 81.82%。其中 CR 率为 9.09%，PR 率为 72.73%，疾病稳定（SD）率为 9.09%，PD 率为 9.09%。所有病例中，可评估患者共 23 例（67.65%），ORR 为 82.61%。其中 CR 率为 34.78%，PR 率为 47.83%，SD 率为 4.35%，PD 率为 13.04%。所有患者中后续 1 例（12.50%）行自体干细胞移植（ASCT），7 例（87.50%）行 CAR-T 细胞输注。到达随访截止时间，1 年预期总生存率为 87.04%，1 年预期无进展生存率为 78.02%。

结论 维泊妥珠单抗作为新型抗体偶联靶向药物，在初治及复发难治 DLBCL 中均能发挥良好的疗效，对于复发难治患者可有效降低肿瘤负荷或争取缓解，以利于后续接受 ASCT 或 CAR-T 细胞输注。对于维泊妥珠单抗的有效性、安全性以及联合方案治疗 DLBCL 的探索，有待更大样本的前瞻性研究。

PO-1468

滤泡性淋巴瘤的治疗变迁与奥妥珠单抗治疗的优效性分析

国巍、李佳、赵杨祉、王兴彤、李军娜、刘春水、白鸥
吉林大学第一医院

目的 明确“化疗-利妥昔联合免疫化疗-奥妥珠联合免疫化疗”时代演变中滤泡性淋巴瘤的治疗变迁与疗效改善。

方法 收集 2011 年 1 月至 2024 年就诊吉林大学第一医院并确诊为滤泡性淋巴瘤（FL）1-3a 级患者的临床诊治资料，以治疗方案为“化疗（chemo）”或“利妥昔联合治疗（R-chemo）”或“奥妥珠联合治疗（G-chemo）”分组，统计分析一般资料，近期疗效，生存等指标。SPSS25.0 作为统计软件，组间比较采用卡方检验，生存分析采用 Wilcoxon 和 Log-rank 方法进行比较分析，均以 $P < 0.05$ 为具有统计学差异。

结果 在我中心自 2011 年至 2024 年间，共诊断了 386 例 FL1-3a 级，其中 335 例（86.8%）存在治疗指征并接受了系统性治疗。治疗方法中，44 例采用了单一化疗，而 291 例接受了 CD20 单抗联合化疗。在后者中，192 例采用了 R-化疗方案，99 例采用了 G-化疗方案。基线数据显示，化疗组、R-化疗组和 G-化疗组的中位年龄分别为 54 岁（29-77 岁）、53 岁（29-88 岁）和 50 岁（29-80 岁），差异无统计学意义（ $P=0.136$ ）。性别比例（男性比例高于女性）分别为 1.45、0.76 和 0.98，差异无统计学意义（ $P=0.231$ ）。淋巴结外累及的比例分别为 36.7%、62%和 63.6%，显示出统计学差异（ $P=0.003$ ）。采用 PET-CT 分期的比例分别为 26.5%、84.4%和 90.9%，差异显著（ $P < 0.001$ ）。选择 CHOP 或 CHOP-like 方案作为一线化疗方案的比例分别为 79.6%、94.3%和 89.9%，也显示出统计学差异（ $P=0.006$ ）。中位随访时间分别为 47 个月（1-135 个月）、59 个月（3-147 个月）和 15 个月（2-53 个月）。在疗效评估方面，化疗组、R-化疗组和 G-化疗组的 ORR 分别为 56.7%、87.9%和 100%，差异显著（ $P < 0.001$ ）。诱导治疗后获得 CR 的比例分别为 33.3%、63.1%和 75.0%，差异显著（ $P < 0.001$ ），但 R-化疗组与 G-化疗组间的差异不显著（ $P=0.063$ ）。生存分析结果表明，三组的 PFS 中位数分别为 26 个月、74 个月和未达到（NR），

差异显著 ($P < 0.001$)。中位 OS 分别为 67 个月、未达到和未达到, 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。24 个月内疾病进展 (POD24) 的比例分别为 27.3%、13.5%和 4.0%, 差异显著 ($P < 0.001$)。在 G-化疗组中, 根据 FLIPI 和 FLIPI2 评分对 PFS 和 OS 进行分层分析, 结果均显示 P 值大于 0.05, 表明在该组中 FLIPI 和 FLIPI2 评分与生存结果无显著相关性。

结论 1. FL1-3a 级患者 PET-CT 有助于精准分期; 2. G-chemo 治疗较 R-chemo 进一步提高患者 ORR CR 以及 PFS, 均优于单纯化疗; 3. G 时代有效的预后模型有待探索。

PO-1469

MYD88 基因调控花生四烯酸代谢介导弥漫性大 B 细胞淋巴瘤多发结外器官 浸润的机制研究

董妍、许彭鹏、赵维莅
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 多发结外器官浸润是弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 的独立不良预后因素, 其分子机制不明且缺乏有效治疗手段。

方法 应用 DNA-seq, RNA-seq 等多组学分析手段及体内外实验探索多发结外器官浸润的发生机制。

结果 研究发现多发结外器官浸润的患者存在高频 MYD88 基因突变、显著上调的花生四烯酸合成以及明显增多的 M2 巨噬细胞浸润。MYD88 功能获得性突变在患者及细胞株水平均与花生四烯酸合成增加和 M2 巨噬细胞极化有关。

结论 MYD88 功能获得性突变通过上调磷脂酶 A2 增加 DLBCL 花生四烯酸及其下游代谢产物 PGE2 的合成, 诱导 M2 型巨噬细胞极化, 促进淋巴瘤细胞的播散, 最终引起 DLBCL 多发结外器官浸润, 即“MYD88 突变-花生四烯酸-巨噬细胞”调控网络是 DLBCL 多发结外器官浸润的潜在机制。本课题拟从患者、细胞株和动物模型深入阐明 MYD88 突变调控花生四烯酸代谢介导 DLBCL 多发结外器官浸润的机制, 为靶向“突变-代谢-免疫”调控网络的 DLBCL 新型治疗方案提供切实的理论依据。

PO-1470

GSK-3 抑制剂 (9-ING-41) 联合 BCL2 抑制剂 (ABT-199) 协同杀伤双重打击淋巴瘤及分子机制研究

雷好好、张云霞、郭绪涛
南方医科大学南方医院

目的 双重打击淋巴瘤 (DHL) 是一种具有高度侵袭性的高级别 B 细胞淋巴瘤 (HGBL), 大多数 DHL 病例表现为 MYC/BCL2 基因重排 (58%–87%)。在 DHL 中, MYC 与 BCL2 基因在参与肿瘤发生发展进程中存在复杂的相互作用机制和协同致癌效应。当前部分研究已经证实 GSK-3 抑制剂对 MYC、BCL2 靶点具有潜在调控作用。本研究旨在评估 GSK-3 抑制剂 (9-ING-41) 与 BCL2 抑制剂 (ABT-199) 在 DHL 细胞模型中的联合治疗效果, 探讨其潜在的协同作用机制。

方法 采用 CCK-8 法评估 9-ING-41 和 ABT-199 对 DHL 细胞株增殖的影响; 通过流式细胞术分析细胞凋亡率及细胞周期变化; 利用 Western Blot 技术检测单药及联合用药细胞内 GSK-3 蛋白家族及 WNT/ β -Catenin 通路相关蛋白的表达变化。通过上述方法综合评估两药联合应用的协同效果及其对细胞生物学特性的影响。

结果 在体外, 9-ING-41 联合 ABT-199 以时间和剂量依赖的方式协同抑制 DHL 细胞的增殖, 且双

药联合组 DHL 细胞的凋亡比值明显高于两单药组。9-ING-41 与 ABT-199 对 DHL 细胞均有细胞周期阻滞效应，双药联合主要将细胞周期阻滞在 G0/G1 期。Western Blot 结果显示，双药联合组与两单药组相比，进一步抑制抗凋亡蛋白、促进促凋亡蛋白的表达。和对照组相比，9-ING-41 单药组、ABT-199 单药组 GSK-3 蛋白的表达水平有不同程度下调，WNT/ β -Catenin 通路中关键蛋白：GSK-3 下游的 β -Catenin、c-MYC 蛋白表达存在不同程度下调。双药联合组进一步抑制和促进上述蛋白的表达。

结论 本研究证实了 9-ING-41 与 ABT-199 在 DHL 细胞株中的联合应用可显著抑制细胞增殖、诱导细胞凋亡，并可能通过 GSK-3 及 WNT/ β -Catenin 通路发挥协同抗肿瘤效应。这一发现强调了联合靶向 BCL2 和 GSK-3 作为治疗策略的潜力，为 DHL 等难治性淋巴瘤的联合靶向治疗提供新的思路。

PO-1471

184 例初诊边缘区淋巴瘤疗效分析

王浩天、白鸥
吉林大学第一医院

目的 本研究旨在回顾分析吉林大学第一医院血液内科收治的初诊边缘区淋巴瘤(MZL)患者的分析不同方案治疗 MZL 的有效性。

方法 本研究使用了 SPSS Statistics 27.0 进行数据分析。应用 log-rank 检验来分析组间生存差异。

结果 本研究纳入吉林大学第一医院血液内科 2003.10-2023.10 初诊 184 例 MZL 患者接受治疗且治疗周期 ≥ 2 疗程，其中 24 例(13.0%)接受单纯化疗，160 例(87.0%)接受抗 CD20 单克隆抗体(以下简称 CD20 单抗) \pm 化疗。随访截止至 2024.01，中位随访 55 个月，单纯化疗组无进展生存期(PFS)和总生存期(OS)分别为 48.7 个月和 98.3 个月。CD20 单抗 \pm 化疗组中位 PFS 和 OS 均未达到，5 年 PFS 和 OS 分别为 73.4%和 85.8%。相较于单纯化疗组，联合 CD20 单抗的 MZL 的 PFS($P < 0.01$)和 OS($P = 0.08$)均获得了显著延长。同时 CD20 单抗的应用显著降低了初始治疗 24 个月疾病出现进展或死亡(POD)的发生率(13.8% vs.33.3% $P = 0.032$)。为进一步分析利妥昔单抗(R) \pm 化疗与奥妥珠单抗(GA101;G) \pm 化疗对初诊 MZL 患者的疗效，我们纳入 67 例 MZL 患者，既往的研究证实 G 在高肿瘤负荷的滤泡性淋巴瘤(FL)中展示出良好的疗效。本研究将 32 例存在高肿瘤负荷的 MZL 进行亚组分析，发现在高肿瘤负荷患者中 G \pm 化疗的患者的 PFS 相较于接受 R \pm 化疗的患者更好的趋势($P = 0.185$)。

结论 1. CD20 单抗的使用显著延长了 MZL 的生存期，降低 POD24 的发生率。2 相较于 R \pm 化疗，G \pm 化疗为 MZL 患者带来了更为深刻的疾病缓解，尤其是高肿瘤负荷的 MZL 患者。

PO-1472

利妥昔单抗时代滤泡性淋巴瘤患者继发第二肿瘤风险及预后研究

杨婉滢、田颖、薛心雨、王雪梅、杨娇、马彦凤、王翠、徐才刚
四川大学华西医院

目的 利妥昔单抗上市以来，滤泡性淋巴瘤(Follicular Lymphoma,FL)患者具有良好的长期生存率，但继发第二肿瘤(Second Primary Malignancies, SPMs)后会影响患者的长期预后，目前该领域相关的大规模研究较少。本研究旨在探讨利妥昔单抗时代 FL 患者的预后因素，继发 SPMs 患者的临床特征、危险因素及预后影响因素。

方法 本研究从 Surveillance, Epidemiology, and End Results (SEER)数据库中筛选 2000 至 2020 年经病理学诊断的 FL 患者，排除 SPMs 诊断时间小于 FL 确诊后 6 个月、SPMs 为 B 细胞来源肿

瘤及 FL 复发的患者，共纳入患者 33,126 例。我们采用竞争风险模型分析了因肿瘤死亡 FL 患者的预后因素、继发 SPMs 的危险因素及预后特征。

结果 年龄 ≥ 40 岁、黑种人、B 症状、临床分期晚、淋巴结内病灶、Grade 分级晚、接受化疗是 FL 患者因肿瘤死亡的危险因素。FL 患者确诊 SPMs 170 个月后的死亡风险增加。继发 SPMs 的 FL 患者具有高龄、男性多见、白种人多见、非西班牙裔较多、确诊时间早、Grade 分级早、临床分期晚的特征。女性（HR:0.790, $P < 0.01$, 95%CI[0.741, 0.843]）、Grade 分级晚（HR:0.880, $p = 0.0047$, 95%CI[0.806, 0.962]）的 FL 患者继发 SPMs 风险较低；年龄 ≥ 40 岁（HR:2.606, $P < 0.01$, 95%CI[2.090, 3.250]; HR:3.550, $P < 0.01$, 95%CI[2.847, 4.426]）、非西班牙裔（HR:1.290, $P < 0.01$, 95%CI[1.148, 1.450]）、接受放疗或化疗（HR:1.138, $P = 0.003$, 95%CI[1.045, 1.238]; HR:1.097, $P = 0.02$, 95%CI[1.015, 1.186]）的 FL 患者继发 SPMs 风险升高，但接受放疗是 FL 患者继发 SPMs 后 OS 的保护因素（HR:0.8039, $P = 0.035$, 95%CI[0.6560, 0.985]）。

结论 继发 SPMs 影响 FL 患者的远期预后；继发 SPMs 后根据具体情况尽可能给予放疗可能对患者预后积极影响。

PO-1473

真实世界中伴 HBV 感染的弥漫 大 B 细胞淋巴瘤的临床特征及预后分析

杨婉滢、赵雪、徐才刚
四川大学华西医院

目的 乙型肝炎病毒 (hepatitis B virus, HBV) 感染与弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL) 发病风险增加有关，伴 HBV 感染的 DLBCL 患者的临床特征和预后因素不同研究团队得出的研究结果各异。本研究旨在探讨真实世界中伴 HBV 感染的 DLBCL 患者的临床特征及预后特点。

方法 收集四川大学华西医院 2010 年 1 月至 2019 年 12 月经病理确诊的 DLBCL 初治患者，排除滤泡淋巴瘤转化的 DLBCL、原发性中枢神经系统 DLBCL 以及伴丙型肝炎病毒、戊型肝炎病毒、人类免疫缺陷病毒及梅毒螺旋体感染患者，共纳入 941 例。所有患者治疗前均接受乙肝血清标志物检测。综合分析患者的人口统计学特征、临床特征、治疗方法以及不同 HBV 感染状态下患者的预后因素。

结果 乙型肝炎病毒表面抗原阳性 (hepatitis B surface antigen positive, HBsAg+) DLBCL 患者具有平均发病年龄小、临床分期晚、GCB 型患者占比高、B 症状及脾受累更常见的特征；不同 HBV 感染状态患者 OS、PFS 差异无统计学意义 ($X^2 = 0.139$, $P = 0.933$; $X^2 = 0.787$, $P = 0.675$)；使用 R-CHOP 方案治疗 HBsAg+DLBCL 患者有更好的 OS 及 PFS ($X^2 = 7.679$, $P = 0.006$; $X^2 = 9.042$, $P = 0.003$)；进行预防性抗 HBV 治疗是 HBsAg+DLBCL 患者 OS 和 PFS 的保护性因素 (HR:0.336, $P = 0.012$, 95%CI[0.143, 0.788]; HR:0.740, $P = 0.032$, 95%CI[0.171, 0.925])；预防性抗 HBV 药物选择替诺福韦更有利于患者 OS 和 PFS ($X^2 = 4.644$, $P = 0.031$; $X^2 = 4.554$, $P = 0.033$)。

结论 HBsAg+DLBCL 患者有独特的临床特征，使用含 CD20 单克隆抗体的治疗方案明显改善 HBsAg+DLBCL 患者疗效及预后；预防性抗 HBV 治疗、尤其是替诺福韦可改善伴 HBV 现症感染 DLBCL 患者的预后。

PO-1474

Nanocomplex-Mediated Chimeric Antigen Receptor-NK for PTCL Therapy

Rui Sun
shanghai ruijin hospital

Objective Peripheral T-cell lymphoma (PTCL) is a heterogenous group of non-Hodgkin lymphomas without a manageable safety profile to provide clinically meaningful improvement in PFS and OS.

Methods Chimeric antigen receptor (CAR)-T cell therapy has shown impressive clinical outcomes in hematologic malignancies. However, it was challenged by issue of fratricide arising from shared antigens between normal and malignant T cells. CAR-NK cells could offer an advantage over CAR T cells in the treatment of PTCL. Meanwhile, its complex ex-vivo cell-manufacturing procedures could not apply to the hyperprogression of PTCL. Here, a facile approach is presented to in-vivo program NK cells, which displayed enhanced anti-tumor activity. In-vivo injected nanocomplexes of NK-targeting nanocarriers and CAR-encoding Sleeping Beauty (SB) transposon system induce CAR-NK that are capable of CAR-mediated anti-tumor immunomodulation, and inhibition of PTCL growth.

Results Here, a facile approach is presented to in-vivo program NK cells, which displayed enhanced anti-tumor activity. In-vivo injected nanocomplexes of NK-targeting nanocarriers and CAR-encoding Sleeping Beauty (SB) transposon system induce CAR-NK that are capable of CAR-mediated anti-tumor immunomodulation, and inhibition of PTCL growth.

Conclusion In-vivo injected nanocomplexes of NK-targeting nanocarriers and CAR-encoding Sleeping Beauty (SB) transposon system induce CAR-NK that are capable of CAR-mediated anti-tumor immunomodulation, and inhibition of PTCL growth.

PO-1475

Clinical efficacy and microenvironmental analysis of rituximab plus lenalidomide in follicular lymphoma: a phase II study in China

Zhong Zheng, Wei-Li Zhao
State Key Laboratory of Medical Genomics, Shanghai Institute of Hematology, Shanghai Rui Jin Hospital,
Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China

Objective Follicular lymphoma (FL) represents the most common subtype of indolent lymphoma. A clinical study combining rituximab with lenalidomide in Chinese patients with newly diagnosed FL was conducted.

Methods This study was a single-arm, phase 2 trial and included patients aged 15-75 years who had been diagnosed with histologically proven FL (grade 1 to 3a). The intravenous administration of 375 mg/m² rituximab was performed on day 0 of the induction phase, which lasted from cycle 1 to 6. Additionally, 25 mg of lenalidomide was given orally per day from day 1 to 10 in every cycle. Complete response rate at the end of the induction treatment or after 6 cycles was the primary endpoint (registration number for ClinicalTrials.gov, NCT03715309).

Results 115 patients were included, with 76.5% obtained complete remission and 12.2% obtained partial remission. After 33.0 months of median follow-up, the 2-year progression-free survival rate was 89.6% and the overall survival rate was 99.1%. There was a substantial correlation between worse progression-free survival and elevated serum β 2m and lymph node >6cm, linking to decreased lymphoma cell autophagy and dendritic cell within the tumor

microenvironment. PU.1 transcriptionally downregulated PD-L1 and upregulated 4-1BBL expression, increased lymphoma cell autophagy and dendritic cell recruitment via PD-1/PD-L1 and 4-1BB/4-1BBL interaction. Both in co-culture system in vitro and in murine xenograft model in vivo, knockdown of PU.1 induced lenalidomide resistance, but sensitized FL cells to bi-specific PD-L1/4-1BB antibody or combined treatment of PD-L1 inhibitor and 4-1BB agonist.

Conclusion Dual targeting PD-L1 and 4-1BB could be an alternative immunotherapeutic strategy in the chemotherapy-free era of FL therapy.

PO-1476

慢性淋巴细胞白血病患者 COVID-19 感染的单中心报告研究

路萧、邱彤璐、钱思祺、戴罗梦佳、沙业钦、周子元、夏奕、缪祎、秦姝超、范磊、徐卫、李建勇、朱华渊
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 本研究旨在了解中国慢性淋巴细胞白血病（CLL）患者新型冠状病毒感染特征、风险及结局转归。

方法 回顾性分析 2022 年 11 月至 2023 年 2 月在南京医科大学第一附属医院血液科就诊的 CLL 患者采取问卷及电话随访调研，并进一步随访确诊感染 COVID-19 的 CLL 患者至 2023 年 10 月，调研内容包括：患者首次感染前临床特征、感染后临床症状、治疗护理和转归、实验室指标变化、COVID-19 再感染等。

结果 本研究共随访 2022 年 11 月至 2023 年 2 月期间 328 名首次感染 COVID-19 患者，中位年龄 60 岁(24-87 岁)，23.5% (77/328) 的患者为重症/危重症 COVID-19 感染。单因素分析中，年龄>67 岁 (OR 2.15, P=0.006)、合并糖尿病 (OR 2.09, P=0.037)、慢性乙型肝炎 (OR 2.91, P=0.010) 和感染 COVID-19 前 3 月内使用抗 CD20 单克隆抗体治疗 (OR 2.79, P=0.006) 与重症/危重症 COVID-19 有关；多因素分析中，CLL 进展状态 (OR 2.98, P=0.033) 是重症/危重症 COVID-19 的独立相关因素，另外，接受单药布鲁顿酪氨酸激酶抑制剂 (BTKi) 可能使重症 COVID-19 感染风险减低 (OR 0.38, P=0.028)。进一步随访至 2023 年 10 月，79 名患者在感染期间予暂停/减量 CLL 原治疗方案，3.3% (8/242) 患者多次感染 COVID-19 (>3 次)，2.1% (5/242) 患者持续感染 COVID-19 (首次新型冠状病毒抗原检测持续阳性至任何原因失访)。实验室指标方面，新型冠状病毒抗体 IgG 滴度在感染后上升，于 3-4 月达峰值 (1.047 vs. 3.511, P<0.05)；免疫球蛋白 IgA 在感染后下降，于 2-4 周至低谷 (0.74 vs. 0.30g/L, P<0.05)；CLL 进展 (PD) 患者 (n=6) 中性粒细胞计数在感染 COVID-19 后 2-4 周达峰值 (2.63 vs. 6.34×10⁹/L, P=0.019)，随后 4-8 周降至感染前 (6.34 vs. 2.70×10⁹/L, P=0.021)。最后，在随访过程中 2.7% (9/328) 的患者死亡，4 人因危重症 COVID-19 感染所致呼吸衰竭，3 人因 CLL 恶化，2 人因危重症 COVID-19 感染与 CLL 恶化所致。

结论 CLL 患者重症 COVID-19 比例较高，易发生 COVID-19 反复感染。疾病处于活动期 (PD) 是重症/危重症 COVID-19 的风险因素；6 月内 CD20 单抗治疗可能是加重 COVID-19 感染的风险因素，而持续的 BTK 抑制剂单药治疗可能减轻重症 COVID-19 感染的风险。

PO-1477

Public health insurance and cancer-specific mortality risk among patients with lymphoma:A prospective cohort study in Chongqing, Southwest China

chunyan xiao,YINGYU NAN,CHENSI ZENG,HAIKE LEI,YAO LIU
CHONGQING UNIVERIST CANCER HOSPITAL

Objective Lymphoma, comprising Hodgkin's lymphoma (HL) and non-Hodgkin's lymphoma (NHL), is one of the common cancers worldwide. Little is known about how health insurance policies and self-paying rate influence lymphoma prognosis. Here, we examined the association between individual health insurance status and lymphoma-specific mortality in China.

Methods A prospective longitudinal cohort study was conducted in Chongqing University Cancer Hospital, China from 2016 to 2022. The health insurance plan of patient was classified as either urban resident-based basic medical insurance (URBMI) or urban employee-based basic medical insurance (UEBMI) and was also categorized as self-paying rate (ie, the non-covered/ total charge) below or above the median. lymphoma-specific mortality was the primary outcome. After following the inclusion and exclusion criteria, the chi-square test was used to describe the demographic and clinical characteristics of patients with different insurance types and different self-paying rates. Multivariate logistic regression was used to analyze the relationship between patients with different insurance types, self-paying rates, and lymphoma treatment methods. Finally, the Cox proportional hazard model and the competitive risk model are used to calculate the cumulative hazard ratio of all-cause death and lymphoma-specific death for different insurance types and different self-paying rate groups.

Results After following the inclusion and exclusion criteria, we included 2947 patients first diagnosed with lymphoma. We found that no matter patients received URBMI or UEBMI, they all more received treatment at the lymphoma later stage. After adjusting for clinical features and lymphoma treatment, compared with patients with insufficient self-paying rate, patients with a higher self-paying rate had a 54% lower risk of lymphoma-specific death (HRs = 0.460, 95%CI: 0.358–0.593, $P < 0.001$). Every 10% increase in self-paying rate of URBMI reduces the risk of lymphoma-specific death by 19.7%, while every 10% increase in self-paying rate of UEBMI reduces the risk of lymphoma-specific death by 30.2%.

Conclusion After following the inclusion and exclusion criteria, we included 2947 patients first diagnosed with lymphoma. We found that no matter patients received URBMI or UEBMI, they all more received treatment at the lymphoma later stage. After adjusting for clinical features and lymphoma treatment, compared with patients with insufficient self-paying rate, patients with a higher self-paying rate had a 54% lower risk of lymphoma-specific death (HRs = 0.460, 95%CI: 0.358–0.593, $P < 0.001$). Every 10% increase in self-paying rate of URBMI reduces the risk of lymphoma-specific death by 19.7%, while every 10% increase in self-paying rate of UEBMI reduces the risk of lymphoma-specific death by 30.2%.

PO-1478

Chidamide with azacitidine and CHOP treatment plus auto-ASCT for patients with newly diagnosed Peripheral T-Cell Lymphoma: interim analysis of a prospective, single center, single-arm, phase 2 trial

chunyan xiao, YINGYU NAN, YAO DING, YAO LIU
CHONGQING UNIVERSITY CANCER HOSPITAL

Objective The standard first-line treatment for peripheral T-Cell Lymphoma (PTCL) is cyclophosphamide, doxorubicin, vincristine, and prednisone (CHOP), but the treatment effect is poor, the 5-year overall survival (OS) was only 30-40%. Aimed to evaluate the efficacy and safety of chidamide with azacitidine and CHOP treatment plus autologous stem-cell transplantation and of maintenance treatment with chidamide in newly diagnosed peripheral T-Cell Lymphoma (PTCL).

Methods This is an ongoing prospective, single center, single-arm, phase 2 trial. We enrolled newly diagnosed PTCL patients (NK/T lymphoma and ALK positive anaplastic large cell lymphoma were excluded) and used 21-day Chi+AZ-CHOP regimen for induction therapy. Subjects received CHOP on day 1 combined with azacitidine 100mg was subcutaneous injected daily for 5 days and oral chidamide 20mg two times per week of each cycle. 7 subjects received PEG-rhG-CSF Supportive care after treatment. These subjects who evaluated PR or CR remission after 4 to 6 courses of induction therapy will perform autologous hematopoietic stem cell transplantation (ASCT), followed by oral chidamide 20mg two times per week maintenance. The primary endpoint is ORR per 2014 IWG criteria. Secondary endpoints include CR, safety and survival.

Results From 3/2021 to 12/2023, 45 subjects with previously untreated PTCL were enrolled in Chongqing University Cancer Hospital, and the study met its accrual. At study entry, 27 patients (60%) were angioimmunoblastic T-cell lymphoma (AITL), 7 patients (15.6%) were Peripheral T Cell Lymphoma, Not Otherwise Specified (PTCL-nos), 4 patients (8.9%) were monomorphic epitheliotropic intestinal T-cell lymphomas (MEITL), 2 patients (4.4%) were Mycosis fungoides (MF), 5 patients (11.1%) were anaplastic large cell lymphoma; ALK-negative (ALCL-ALK). The median age was 45 years (range 25-73), and the M:F ratio was 1.25:1. Forty-two (93.3%) had stage III/IV disease, 6 (13.3%) had bone marrow involvement, and 28 (62.2%) had IPI 3-5. By December 2023, 2 subjects did not return to the hospital for further treatment after the first cycle. 41 subjects received Chi+AZ-CHOP regimen treatments at least 2 cycles, median treatment cycles were 5 cycles. 5 subjects progressed during the treatment, 1 subject no changed during the treatment, including 2 MEITL patients. 17 subjects were performed with autologous hematopoietic stem cell transplantation. The ORR was 85.3% with CR at 48.7%. The assessment after autologous hematopoietic stem cell transplantation (n=17), ORR was 100% and CR was 88.2%. To date, Evaluation of outcomes in patients with AITL at the end of induction (n=23), two of the subjects did not return to the hospital for further treatment after the first cycle, two of the subjects did not return to the hospital for further treatment after the second cycle, ORR was 86.9% and CR was 60.8%. Treatment was generally well tolerated with expected side effects. The most common grade 3-4 hematologic adverse events were neutropenia (52.9%), febrile neutropenia (35.4%), anemia (28.4%) and thrombocytopenia (25.7%), Grade 3-4 non-hematologic toxicities included hypokalemia (27.1%), nausea (36.8%), vomiting (25.2%), fatigue (36.5%), and elevated ALT (3.1%). No treatment-related deaths have been studied so far.

Conclusion This trial proved that chidamide combined with azacitidine +CHOP is feasible and safe in the treatment of peripheral T-cell lymphoma. Especially, achieved a high CR rate in

the induction therapy phase of AITL subtype. Although neutropenia is the most common adverse reaction, it is generally safe and controllable.

PO-1479

Different role of PET-CT evaluation in newly diagnosed follicular lymphoma upon rituximab-based chemotherapy and chemo-free immunotherapy

Nan Wang, Weili Zhao

National Research Center for Translational Medicine at Shanghai, Ruijin Hospital Affiliated to Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China

Objective Newly diagnosed patients with follicular lymphoma (FL) usually receive first-line rituximab-based immunochemotherapy (R-chemo). Recently, rituximab plus lenalidomide (R2) emerged as an alternative chemo-free immunotherapy. This study aims to conduct a comparative analysis of positron emission tomography-computed tomography (PET-CT) in newly diagnosed FL treated with R-chemo or R2.

Methods Patients underwent PET-CT evaluation at the baseline, interim, and end-of-induction. Treatment responses were assessed using Deauville 5-point scoring system at the interim and end-of-induction. This survival analysis encompassed disease progression within 24 months (POD24) and progression-free survival (PFS). Additionally, correlations between interim Deauville scores and baseline PET-CT parameters were explored, including standardized uptake value (SUVmax), total metabolic tumor volume (TMTV), and total lesion glycolysis (TLG).

Results Deauville 1-3 at the interim and end-of-induction were associated with reduced POD24 and superior PFS in R-chemo and R2 cohorts. Also, patients with the interim Deauville 1-3 exhibited lower POD24 and favorable PFS as compared to those with interim Deauville 4-5/end-of-induction Deauville 1-3. Furthermore, TLG of baseline PET-CT surpassed SUVmax and TMTV in predicting interim Deauville 1-3, with different optimal cutoffs of 2600 ml and 600 ml in the R-chemo and R2 cohort.

Conclusion Our findings underscored the potential of PET-CT-adapted strategies to achieve durable remission in FL undergoing rituximab-based immunochemotherapy or immunotherapy

PO-1480

Milk Exosome Delivery of KPT-330 Alleviates Gastrointestinal Adverse Effects and Provides Effective Anti-DLBCL Therapy

Yali Chai, Bingzong Li

The Second Affiliated Hospital of Suzhou University

Objective The oral administration of KPT-330 for the treatment of diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) is associated with severe gastrointestinal adverse effects, which adversely impact treatment progress and patient prognosis. This study aims to address these issues by developing an oral formulation of KPT-330 encapsulated in milk exosomes (mExo-KPT-330). By employing this novel drug delivery system, we aspire to mitigate the gastrointestinal side effects caused by KPT-330, thereby improving its therapeutic efficacy and patient outcomes in the treatment of DLBCL.

Methods 1. Exosomes were isolated and purified from milk using differential ultracentrifugation. Particle size distribution was determined using dynamic light scattering, morphology was examined by transmission electron microscopy, and exosome marker proteins were characterized through western blot. The milk exosomes (mExo) were incubated in simulated fed gastrointestinal fluid to evaluate their stability, including analyzing particle size, morphology, and exosome marker proteins expression.

2. mExo-KPT-330 was constructed by co-incubating mExo with KPT-330, and successful drug loading was further validated using Fourier-transform infrared spectroscopy. The KPT-330-loaded mExo were characterized to evaluate their particle size, morphology, and expression of exosome marker proteins. DLBCL cell uptake of mExo-KPT-330 was assessed using flow cytometry, immunofluorescence, and high-performance liquid chromatography (HPLC). Drug release kinetics were simulated using dialysis, and the cumulative drug release rate in simulated body fluids was measured using HPLC.

3. CCK-8 assay was used to evaluate the proliferative inhibition effect of mExo-KPT-330 on DLBCL cells. A DLBCL mice subcutaneous xenograft model was established to verify the in vivo anti-tumor efficacy of mExo-KPT-330. After drug treatment, major organs of mice were subjected to H&E staining to assess the in vivo safety of mExo-KPT-330. Additionally, CCK-8 assay was employed to evaluate the impact of mExo on peripheral blood mononuclear cells and red blood cells viability.

4. Following drug treatment, the small intestines of DLBCL mice were stained with H&E to assess gastrointestinal adverse reactions, and serum levels of LPS and IL-12 were measured. At the cellular level, the impact of KPT-330 and mExo-KPT-330 on the viability of MODE-K cells, a mouse intestinal epithelial cell line, was evaluated using CCK-8 assays. A Caco-2 monolayer cell model was constructed to mimic the in vitro intestinal epithelial barrier. The permeability of KPT-330 and mExo-KPT-330 across this barrier was assessed, and flow cytometry was used to detect mExo carrying KPT-330 that passed through the intestinal epithelial barrier.

Results 1. mExo were isolated and characterized, exhibiting a particle size ranging from 30 to 150 nm with a homogeneous surface charge. They displayed a spherical morphology and expressed specific exosome marker proteins CD81, CD63, and TSG101. Following incubation in simulated fed gastrointestinal fluid, the particle size did not show significant changes, indicating stable morphology, and the expression of exosome marker proteins remained unchanged.

2. mExo-KPT-330 was successfully constructed. The mExo loaded with KPT-330 exhibited an increase in particle size, while maintaining a morphology and expression of marker proteins similar to pure mExo. Flow cytometry and immunofluorescence images confirmed the effective uptake of mExo-KPT-330 by DLBCL cells. Drug release kinetics demonstrated the sustained release capability of mExo-KPT-330.

3. Cellular experiments demonstrated that mExo-KPT-330 exhibited superior proliferation inhibition against DLBCL cells compared to KPT-330 alone. In DLBCL mice models, both KPT-330 and mExo-KPT-330 treatment groups showed significantly smaller tumor volumes compared to the control group, with mExo-KPT-330 demonstrating more pronounced differences compared to the KPT-330 group. Furthermore, mExo, KPT-330, and mExo-KPT-330 showed no significant toxic effects on major organs in mice, and mExo exhibited no toxicity to peripheral circulating cells, confirming the safety of mExo and mExo-KPT-330.

4. After oral administration, DLBCL mice models treated with KPT-330 exhibited disrupted intestinal villi structure, significant villous interstitial edema, and extensive lymphocytic infiltration. Elevated levels of LPS and IL-12 in serum indicated intestinal inflammation and disruption of the intestinal environment. In contrast, DLBCL mice models treated with mExo-KPT-330 showed milder pathological symptoms in the intestine, with less pronounced increases in serum LPS and IL-12 levels, suggesting that encapsulation within mExo alleviated the gastrointestinal adverse effects induced by KPT-330. Moreover, mExo-KPT-330 demonstrated lower toxicity to MODE-K cells compared to KPT-330 alone, indicating a protective effect of mExo. In the Caco-2 monolayer cell model, mExo-KPT-330 exhibited higher intestinal epithelial barrier permeability than KPT-330 alone, and flow cytometry results confirmed that mExo-KPT-330 could traverse the intestinal epithelial barrier intact.

Conclusion mExo-KPT-330 retains fundamental exosome characteristics and enhances accumulation of KPT-330 in DLBCL cells. It exhibits significant anti-DLBCL efficacy both in vitro and in vivo, with demonstrated safety. mExo-mediated delivery of KPT-330 reduces direct contact with intestinal mucosa, thereby mitigating gastrointestinal adverse effects associated with KPT-330 treatment.

PO-1481

利妥昔单抗联合泽布替尼、维奈克拉治疗弥漫大 B 细胞淋巴瘤的疗效观察：回顾性系列病例报道

苏于泰¹、郑伟燕²

1. 河南省儿童医院

2. 浙江大学附属第一医院

目的 在 DLBCL 治疗中，传统化疗毒副作用大，利妥昔单抗、泽布替尼、维奈克拉单药疗效有限。本研究为评估利妥昔单抗、泽布替尼、维奈克拉三药联合治疗 DLBCL 的安全性、有效性。

方法 回顾浙大一院 2021 年 4 月至 2024 年 4 月收治的接受了利妥昔单抗联合泽布替尼、维奈克拉的方案治疗的 7 例 DLBCL 病例资料。男性 2 例，女性 5 例，入组年龄 57 至 83 岁（中位 76 岁）。1 例新发病人，6 例病人既往接受了 1-2 线治疗，入组时疾病评估 PD 病人 2 例，PR 病人 2 例，CR 病人 1 例。病理行免疫组化染色、FISH 法检测 MYC、BCL-2、BCL-6 重排基因。追踪随访，评估疗效及药物不良反应，对病理结果进行分析。

结果 1.病理结果：生发中心 B 细胞来源 2 例，非生发中心 B 细胞来源 5 例，双表达 3 例，双打击 1 例。2.疗效评估：在治疗 2-3 疗程后首次评估中，5 例达到 PR 状态，2 例达到 CR 状态。随访 9 至 38 月（中位 14 月），2 例出现疾病进展，其中 1 例因疾病进展死亡；预估中位 OS 为 28 月，预估中位 PFS 为 28 月。3.不良反应：常见的不良反应为 1-3 度血液学毒性。

结论 利妥昔单抗联合泽布替尼、维奈克拉方案，对于既往接受治疗或新发 DLBCL 病人，具有高缓解率和良好的耐受性。

PO-1482

BeEAM 方案用于淋巴瘤患者自体造血干细胞移植预处理的疗效及安全性

胡人之、刘耀

重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨 BeEAM（苯达莫司汀+阿糖胞苷+依托泊苷+美法仑）方案在淋巴瘤患者自体造血干细胞移植预处理中的疗效及安全性。

方法 回顾性分析重庆大学附属肿瘤医院 2021 年 1 月至 2024 年 2 月采用 BeEAM 方案预处理后行自体造血干细胞移植的 137 例淋巴瘤患者的临床资料，评估移植相关不良反应及造血重建情况。

结果 137 例患者预处理过程中，102 例发生恶心、呕吐及腹泻等胃肠道不良反应，13 例发生肝功能异常，均为 1~2 级，无 3~4 级不良反应。4 例出现急性肾损伤，其中 2 例肌酐升高 1.5 倍，2 例肌酐升高 1.5-3 倍。5 例患者血小板植入不良，余患者均获得造血重建。患者移植后外周血中性粒细胞和血小板植入良好的中位时间分别为 11.17 d（9~14 d）和 12.85 d（9~17 d）。患者达到 1 年随访期后，2 例患者死亡。

结论 BeEAM 方案用于淋巴瘤患者自体造血干细胞移植预处理效果较好，不良反应可耐受。

PO-1483

HIF-1 α 抑制剂 IDF-11774 诱导弥漫 大 B 细胞淋巴瘤凋亡的机制研究

徐林艳、徐开林
徐州医科大学附属医院

目的 探究 HIF-1 α 抑制剂 IDF-11774 诱导弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 细胞凋亡的机制。

方法 运用 CCK-8 法检测 IDF-11774 对 DLBCL 细胞增殖的影响; 流式细胞术检测 IDF-11774 对 DLBCL 细胞周期和凋亡的影响; Western Blot 和 RT-qPCR 检验 IDF-11774 对 DLBCL 细胞中 HIF-1 α 表达、细胞周期、凋亡相关基因的影响; 构建小鼠皮下 DLBCL 荷瘤模型, 检测 IDF-11774 对成瘤的影响。

结果 IDF-11774 抑制 DLBCL 细胞中 HIF-1 α 蛋白的表达。同时 IDF-11774 抑制 DLBCL 细胞增殖并诱导 DLBCL 细胞周期阻滞在 G1 期。进一步我们发现 IDF-11774 诱导 DLBCL 细胞发生凋亡。通过 western blot 检测凋亡通路相关蛋白, 发现 IDF-11774 诱导了外源性凋亡通路中 DR4、DR5 蛋白的升高和 caspase8 的活化, 同时诱导内源性凋亡通路中促凋亡蛋白 Bax 和 Bim 的升高, 抑凋亡蛋白 Mcl-1 和 Bcl-2 的降低, 表明 IDF-11774 促进了内源和外源性细胞凋亡通路。进一步, IDF-11774 抑制 DLBCL 细胞中的 STAT3、ERK 以及 PI3K-AKT-mTOR 等信号通路的活化。另外实验表明 IDF-11774 联合 Doxorubicin 协同促进 DLBCL 细胞凋亡。体内实验表明 IDF-11774 显著抑制 DLBCL 荷瘤小鼠腋下皮下移植瘤的生长并促进 DLBCL 小鼠皮下移植瘤的坏死。

结论 IDF-11774 抑制 DLBCL 细胞的增殖, 阻滞细胞周期在 G1 期, 同时促进 DLBCL 细胞发生内源和外源性凋亡。IDF-11774 抑制 ERK、STAT3 以及 PI3K-AKT-mTOR 等信号通路的活化, 同时抑制 DLBCL 小鼠皮下移植瘤的生长。

PO-1484

双功能 iRGD-Exo-DOX 可穿过血脑屏障 并靶向中枢神经系统淋巴瘤

刘真瑜、杜颖、夏天、欧阳建、陈兵、许佩佩
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 中枢神经系统淋巴瘤是一种血液肿瘤, 阿霉素 (DOX) 是其临床治疗的一线药物。由于 DOX 无法有效通过血脑屏障, 中枢神经系统淋巴瘤治疗困难。本研究计划设计一种可以穿过血脑屏障、并对中枢系统淋巴瘤具有靶向作用的递药系统, 期望解决临床上中枢系统淋巴瘤 (CNSL) 难治性问题。

方法 本研究用超高速离心法提取了外泌体 (Exo), 并将 Exo 与 iRGD 共聚, 构建了一种新型药物载体系统 iRGD-Exo-DOX, 并利用它搭载 DOX。利用 Transwell 小室构建了血脑屏障模型用于体外实验。应用荧光染料标记细胞技术、激光共聚焦显微镜和高效液相色谱法评估了药物载体对 CNSL 的靶向能力。构建三维细胞球评估 iRGD-Exo-DOX 在实体瘤内的穿透能力。应用 CCK-8 和流式细胞术分析 iRGD-Exo-DOX 抑制 CNSL 细胞生长和诱导凋亡的水平。体内实验中, 我们构建了 CNSL 小鼠模型。应用小动物活体成像和荧光标记评估了 iRGD-Exo-DOX 穿越血脑屏障、靶向和治疗 CNSL 的能力和疗效, 并评估了其毒性和副作用。最后, 应用激光共聚焦显微镜、CY3-葡聚糖渗透测定和活细胞工作室系统, 探索了 iRGD-Exo-DOX 穿越血脑屏障的具体机制。

结果 本研究成功构建了 iRGD-Exo-DOX 载药系统, 测定了它在 Exo 浓度为 0.5 mg/ml 和 DOX 浓度为 1 mg/ml 时达到最佳包封率, 并证实其在酸性环境中可以有效地释放药物。体外试验

Transwell 小室构建的体外血脑屏障模型中, iRGD-Exo-DOX 穿越血脑屏障模型的能力是 DOX 的 3.5 倍。iRGD-Exo-DOX 组对肿瘤细胞球的穿透深度约为 Exo-DOX 组的 4 倍。与 DOX 相比, iRGD-Exo-DOX 显著增强了 CNSL 的靶向能力, 抗肿瘤效果提高了 10 倍。体内实验中, iRGD-Exo-DOX 能穿过小鼠模型的血脑屏障并靶向 CNSL, 且肝肾毒性明显低于 DOX, 治疗组的中位生存期延长了 1.5 倍。此外, 本研究通过激光共聚焦显微镜探究了 iRGD-Exo-DOX 穿越血脑屏障的具体机制, 并证明其机制与人脑微血管内皮细胞介导的内吞和出芽作用相关。

结论 iRGD-Exo-DOX 新型载药系统同时存在 Exo 有效穿越生物膜的能力, 并具有 iRGD 对肿瘤的靶向性。体内体外实验结果均表明, iRGD-Exo-DOX 可以有效穿过血脑屏障, 靶向于 CNSL, 并对 CNSL 细胞有较强杀伤作用。因此, iRGD-Exo-DOX 有望为中枢系统淋巴瘤难治性问题提供新的治疗思路。

PO-1485

Analysis of risk factors for infusion-related reactions in B-cell lymphoma patients during Obinutuzumab treatment

Zi Wang, Wei zhang

Peking Union Medical College Hospital, Peking Union Medical College,

Objective This study investigates risk factors associated with infusion-related reactions (IRRs) in lymphoma patients receiving obinutuzumab treatment.

Methods A retrospective analysis of Peking Union Medical College Hospital patients (January 2022 - December 2023) examines various factors between patients experiencing IRRs (n=24) and those without (n=30). Parameters explored include gender, age, histological subtype, treatment status, Ann Arbor staging, extranodal/bone marrow involvement, bulky disease presence, splenomegaly status, serum lactate dehydrogenase (LDH), β 2 microglobulin (β 2MG) concentrations, and lymphocyte count. Univariate and multivariate analyses were performed.

Results Univariate analyses show higher prevalence of treatment-naïve patients ($p=0.035$) with bone marrow involvement ($p=0.028$) and splenomegaly ($p=0.002$) in the IRR group. Median LDH (234.0 vs 192.5) and β 2MG (3.80 vs 2.60) levels pre-treatment are significantly elevated in the IRR group ($p=0.040$ vs $p=0.008$). Multivariate analysis identifies splenomegaly and pre-treatment LDH levels as potential risk factors for IRR occurrence.

Conclusion Potential risk factors for obinutuzumab-related IRRs include treatment-naïve status, bone marrow involvement, splenomegaly, and elevated pre-treatment LDH and β 2MG levels. Special attention should be given to splenomegaly and increased LDH levels. Consider reducing or slowing the initial obinutuzumab dose to mitigate IRRs and enhance patient care. This research aids in predicting and addressing IRRs to improve patient outcomes.

PO-1486

慢淋/小 B 细胞淋巴瘤伴组织细胞肉瘤病例报告

章敬成¹、陈燕²

1. 浙江大学医学院附属金华医院血液科

2. 杭州迪安医学检验中心有限公司

目的 回顾一例慢淋/小 B 细胞淋巴瘤伴组织细胞肉瘤病例的诊疗过程, 并探究 CLL/SLL 细胞和 HS 细胞的克隆关系。

方法 2022 年 6 月金华市中心医院收治的 1 例 65 岁男性病例, 因贫血、血小板减少、脾大, 于

2021年9月在外院行脾切除术，对患者进行回顾性分析，并对脾脏标本行IHC，Ig克隆性重排和FISH检测。

结果 患者行脾切除术后血小板恢复正常。2022年6月至11月间，多次因双下肢浮肿、发热入本院治疗。采用佳罗华+奥布替尼+地塞米松方案化疗，并给予对症治疗。2022年11月中旬因病情转急再次入院，重新复核脾脏标本，发现小淋巴细胞灶状聚集，胞质少，胞核深染，CD19，CD20和CD5阳性，CD3，CD4和CD8阴性，Ki67低，符合CLL/SLL；组织细胞胞体大，胞质丰富，大部分胞核形态温和，局灶区域胞核大，核异型，可见多核，核仁明显，CD68和CD163阳性，少量S100阳性，Ki67高，符合HS，最终诊断为CLL/SLL伴HS。遂给予VP-16治疗，治疗后出现骨髓抑制，肠道艰难梭菌感染，后医治无效死亡。我们在CLL/SLL细胞（30%）和HS细胞（10%）检测到相同的ATM缺失和RB1缺失，还有部分HS细胞（10%）呈现多倍体状态。另外，HS细胞中检测到与CLL/SLL细胞相同的IGK克隆峰。

结论 我们诊断一例CLL/SLL伴HS病例，并证实CLL/SLL细胞和HS细胞存在克隆相关性。

PO-1487

GATA3 reshapes the tumor infiltrating T cell populations in diffuse large B-cell lymphoma microenvironment

Fan Zhang, Jia-Ying Liu, Di Fu, Yu-Ting Dai, Yi-Ge Shen, Li Wang, Wei-Li Zhao
上海交通大学医学院附属瑞金医院

Objective Tumor infiltrating T cell population, including CD4+ T and CD8+ T cells, play a critical role in the tumor microenvironment. However, how tumor such as diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) per se and its local microenvironment influences and reshapes the T cell population in vivo and vice versa, remains elusive. Given that the GATA binding protein 3 (GATA3) was a master regulator of T cell development, we reasoned that expression of this transcription factor was likely to modulate the infiltrating T cell populations in DLBCL microenvironment.

Methods The clinical features, as well as DNA and RNA sequencing, were analyzed in 694 patients with newly diagnosed DLBCL. Genetic aberrations, gene set enrichment analysis, and tumor immunophenotyping were compared according to GATA3 expression.

Results Based on the mRNA expression level of GATA3, 694 newly diagnosed DLBCL patients with available bulk RNA sequence were equally classified into the GATA3 high group and GATA3 low group. The expression levels of genes involved in T cell development such as TCF7, TCF3 and IL2 were relatively higher in high group. KEGG analysis results showed that several T cell activation related pathways were significantly enriched in GATA3 high group. ssGSEA and Cibersort TME analysis showed that CD4+ T cell subsets (Th1, Th2, Th17, Treg and Tfh) and CD8+ T cell subsets (central memory and effector memory) were significantly increased in GATA3 high group compared to GATA3 low group. In addition, GATA3 high expression was related to lymphoma microenvironment (LME) subtype of LME-GC and LME-IN. DNA sequencing showed mutation rates of oncogenic genes such as TP53, MYC, MYD88 and PIM1 were significantly lower in GATA3 high group. Importantly, GATA3 high patients displayed a remarkable increase in 5-year overall survival compared to GATA3 low group.

Conclusion In conclusion, these data suggested that high expression of GATA3 is able to modulate most of the T cell populations in DLBCL microenvironment, and indicated a survival benefit. Our study highlights that distinct DLBCL microenvironment is likely to reshape the tumor infiltrating T cell populations via modulating the expression of regulators involved in T cell differentiation such as GATA3.

PO-1488

老年弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的临床结局和预后分析： 一项回顾性单中心研究

彭余、陈双、李莲、李良梅、冉隆荣、赵明宇、杨再林、刘耀
重庆大学附属肿瘤医院

目的 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）在老年患者中发病率较高，预后较年轻患者更差。老年 DLBCL 患者的免疫和炎症反应与年轻患者不同，然而这些指标在评估老年患者预后和结局中的价值尚不明确。本研究旨在比较年轻和老年 DLBCL 患者的免疫功能相关指标的差异，分析临床特征、炎症和免疫相关指标对老年 DLBCL 患者预后的影响，为临床治疗提供更多理论依据。

方法 对 2020 年 1 月至 2022 年 7 月期间在重庆大学附属肿瘤医院新确诊的 475 例 DLBCL 患者进行回顾性单中心分析。收集患者治疗前的相关数据，包括临床特征、外周血和血清标志物、炎症相关指标和淋巴细胞亚群计数。采用 Kaplan-Meier 生存分析评估各项指标对老年 DLBCL 患者无进展生存期（PFS）和总生存期（OS）的影响。将单变量 Cox 回归分析（对数秩检验）中 P 值小于 0.05 的因素纳入多变量 Cox 回归分析。

结果 与年轻 DLBCL 患者相比，203 例老年 DLBCL 患者主要为 non-GCB 亚型、国际预后指数（IPI）评分较高、营养评分升高及伴随疾病发生率较高。此外，老年 DLBCL 患者的 CD8+ T 细胞和 CD3+ T 细胞的绝对数量和比例下降，而 NK 细胞的绝对数量和比例升高（ $P < 0.05$ ）。Kaplan-Meier 曲线分析显示，老年 DLBCL 患者的 PFS 和 OS 均较年轻患者差。在 Cox 比例风险模型中，老年 DLBCL 患者 PFS 较差的独立预后因素包括年龄（ >75 岁）、大肿块（ ≥ 7.5 厘米）、高血压、较高的乳酸脱氢酶与白蛋白比值（LAR）水平和较高的老年营养风险指数（GNRI）。此外，老年 DLBCL 患者确诊时伴有 B 症状和高血压、大肿块（ ≥ 7.5 厘米）、LAR 水平高、GNRI 较高及 CD4/CD8 比值较低（ < 0.79 ）与较差的 OS 相关（ $P < 0.05$ ）。

结论 老年 DLBCL 患者的预后较差，影响患者 OS 的独立危险因素包括诊断时存在 B 症状和高血压、疾病体积大、LAR 水平较高、GNRI 较高和 CD4/CD8 比值较低。

PO-1489

泽布替尼联合 R-CHOP 样方案和 R-CHOP 样方案 在初治双表达弥漫性大 B 细胞淋巴瘤中疗效的回顾性对比分析

张旻、武盈盈、程志鹏、张璐、刘林、梅恒、刘芳、崔国惠、夏凌辉、胡豫、郭涛、方峻
华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科

目的 比较泽布替尼联合 R-CHOP（ZR-CHOP）样方案和 R-CHOP 样方案治疗初治双表达弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（DE-DLBCL）的疗效。

方法 回顾分析 2017 年 6 月至 2023 年 12 月在华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科接受 R-CHOP 样方案 +/- 泽布替尼治疗的初治 DE-DLBCL 患者的临床资料，评估疗效及预后。

结果 共纳入 75 例患者，其中 19 例使用 ZR-CHOP 样方案，42 例使用 R-CHOP 样方案，两组的基线特征无显著差异。所有患者均采用 PET/CT 评估疗效。ZR-CHOP 样方案的患者中期评估 ORR 为 100%，CR 94.7%；终期评估 CR 率为 100%。R-CHOP 样方案的患者中期评估 ORR 为 85.8%，CR 54.8%，PD 14.2%；终期评估 ORR 为 85.7%，CR 61.9%，PD 14.3%。对比 R-CHOP 样方案，ZR-CHOP 样方案中期和终期 CR 率均显著提高（ $P=0.005$ ； $P=0.005$ ）。伴结外受累的患者中，ZR-CHOP 样方案（12 例）的中期和终期 CR 率均显著高于 R-CHOP 样方案（24 例）（100% vs. 50%， $P=0.009$ ；100% vs. 62.5%， $P=0.041$ ）。截至随访日期为 2024 年 5 月 1

日, 中位随访时间为 27 (4-84) 个月。ZR-CHOP 样方案组 4 例复发, 3 例行自体造血干细胞移植 (ASCT), 1 例行 CAR-T 细胞治疗; R-CHOP 样方案组 12 例复发, 2 例行 ASCT, 5 例行 CAR-T 细胞治疗。ZR-CHOP 样方案的 PFS 和 OS 分别为 79%、94.7%, R-CHOP 样方案的 PFS 和 OS 分别为 71.4%、92.9%; ZR-CHOP 样方案的 2 年 PFS 和 OS 较 R-CHOP 样方案有更长的趋势, 但无统计学差异 ($P=0.25$; $P=0.2$)。

结论 泽布替尼联合 R-CHOP 样方案能显著提高初治 DE-DLBCL 的疗效, 并且有改善患者生存获益的趋势, 需要进一步的前瞻性对照研究加以验证。

PO-1490

PD-1/PD-L1 抑制剂用于 NK/T 细胞淋巴瘤治疗疗效与安全性的 Meta 分析

杨娇、徐才刚
四川大学华西医院

目的 系统评价程序性死亡受体 1 (PD-1)/程序性死亡配体 1 (PD-L1) 抑制剂用于 NK/T 细胞淋巴瘤治疗的有效性与安全性。

方法 检索 PubMed、Embase、Web of Science、Cochrane Library、Clinical Trials、中国知网、万方数据库从建库至 2024 年 4 月, 关于 PD-1/PD-L1 抑制剂用于 NK/T 细胞淋巴瘤的相关临床研究。由两位研究人员独立筛选文献, 提取临床资料, 评价纳入研究的偏倚风险, 采用 STATA18 软件进行 Meta 分析。

结果 共纳入 13 项研究, 共计 460 例患者。Meta 分析结果显示, 患者的客观缓解率 (ORR)、1 年总体生存率 (1year OS)、2 年总体生存率 (2year OS)、1 年无进展生存率 (1year PFS)、2 年无进展生存率 (2year PFS) 分别为 62% (95% CI: 0.48,0.76)、67% (95% CI: 0.47,0.87)、47% (95% CI:0.24,0.69)、66% (95% CI: 0.48,0.84)、59% (95% CI: 0.34,0.84)。安全性方面, 不良反应发生率 (AE) 为 86% (95% CI: 0.79,0.93), 其中, 3~4 级不良反应发生率为 29% (95% CI: 0.22,0.36)。亚组分析显示单用 PD-1/PD-L1 抑制剂的患者 ORR、1year PFS、AE 分别为 47%、30%、78%; PD-1/PD-L1 抑制剂联合化疗的患者 ORR、1year PFS、AE 分别为 82%、74%、88%; PD-1/PD-L1 抑制剂联合西达本胺的患者 ORR、1year PFS、AE 分别为 77%、91%、89%。
结论 PD-1/PD-L1 抑制剂治疗 NK/T 细胞淋巴瘤具有良好的有效性, 且安全性较好, 同时 PD-1/PD-L1 抑制剂联合化疗或西达本胺治疗有更显著的临床疗效。

PO-1491

成熟阶段粒细胞 CD64 表达增强、降钙素原、细胞因子 EB 病毒感染与 EB 病毒感染在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的联系

姜昕宜
中国医科大学附属第一医院

目的 探讨弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者成熟阶段粒细胞 CD64 表达增强与降钙素原、细胞因子、EB 病毒感染之间的关系

方法 选取 30 例病理确诊 DLBCL 但骨髓未浸润的患者分别统计成熟阶段粒细胞 CD64 表达强度、PCT、血清 EB 病毒抗体和细胞因子等资料; 同期健康者 30 例作为对照。

结果 与对照组相比，DLBCL 患者中成熟阶段粒细胞 CD64 表达增强；DLBCL 患者的成熟阶段粒细胞 CD64 表达增强时，其 PCT、白细胞介素（IL）-6、白细胞介素（IL）-10 表达增强，EB 病毒相关抗体阳性率升高。

结论 DLBCL 患者中，中性粒细胞 CD64 表达强度可用于辅助感染 EB 病毒情况的判断。推测监测 DLBCL 患者的 CD64 指数有助于判断其 EB 病毒感染情况。

PO-1492

PD-1 单抗联合化疗治疗 PD-1/PD-L1 蛋白高表达的难治复发 DLBCL 临床疗效观察

张聪丽、曹莉、仵菲斐、余庆峰、刘晓艳、马杰
郑州大学第一附属医院

目的 观察 PD-1 单抗联合化疗治疗 PD-1/PD-L1 蛋白高表达的难治复发 DLBCL 的临床疗效。

方法 回顾性分析我中心 2020 年 4 月—2023 年 3 月收治的接受 PD-1 单抗联合化疗治疗的 4 例难治复发的 DLBCL 患者的临床资料。

结果 4 例患者中，男性 1 例，女性 3 例，中位年龄 48.5（37-64）岁，GCB 亚型 1 例，non-GCB 亚型 3 例，其中双表达型 3 例，IPI 评分 4 例均为高中-高危，Ann Arbor 分期均为 IV 期；4 例难治复发 DLBCL 患者在病情进展后尝试性于化疗基础上联合 PD-1 单抗应用。4 例患者均达 PR，治疗总有效率为 100%（4/4），病例 1 在应用两个疗程 PD-1 单抗联合化疗达 PR 后更换治疗方案，在达 PR 后 14 个月内因疾病进展死亡，病例 2、3、4 在应用 PD-1 单抗联合化疗达 PR 后仍规律化疗且联用 PD-1 单抗，在疾病进展后分别维持 14、14、7 个月生存期，且截止到随访结束仍存活。本研究的 4 例患者均可见 IV 度骨髓抑制及消化道不良反应，并未见明显的肝肾功能损害，治疗过程中并未出现不可控的治疗相关性并发症。

结论 PD-1 单抗联合化疗治疗 PD-1/PD-L1 高表达的难治复发 DLBCL 患者疗效、安全性良好，可能改善 PD-1/PD-L1 蛋白高表达的难治复发 DLBCL 患者的预后。

PO-1493

CD19 和 BCMA CAR-T 细胞疗法相关的高风险不良事件： 基于 FAERS 数据库的药物警戒研究

卢伟祥¹、梁晓杰¹、骆柏维³、林炳昱²、王亮¹
1. 首都医科大学附属北京同仁医院
2. 广东医科大学
3. 南方医科大学南方医院

目的 CAR T 细胞疗法已成为不同血液系统恶性肿瘤的突破性治疗手段，本研究的主题是研究目前 FDA 批准上市的 6 种商业化 CAR T 细胞（4 种 CD19 CAR T 和 2 种 BCMA CAR T）在实际使用中的不良事件风险。

方法 研究主要通过分析美国食品药品监督管理局（FDA）不良事件报告系统（FAERS）的数据，量化 CAR T 细胞疗法后报告的不良事件。研究涵盖了 2017 年第三季度至 2023 年第四季度的数据，运用了不平衡性分析和贝叶斯分析来检测和评估 CD19 和 BCMA 两类 CAR-T 细胞疗法的不良事件信号。

结果 在 11899 份 CAR T 细胞疗法不良事件报告中，共报告了 46531 个不良事件。针对不良事件

的发生率，在 CD19 CAR T 疗法中最常见的不良反应前 5 个依次是细胞因子释放综合征、发热、神经毒性、免疫效应细胞相关的神经毒性综合征和低血压，而在 BCMA CAR T 中分别是细胞因子释放综合征、疲劳、免疫效应细胞相关的神经毒性综合征、发热和神经毒性。我们使用报告比值比法和信息成分两种方法挖掘两类 CAR T 细胞疗法的不良事件信号，发现不良反应信号涉及 23 个系统，其中阳性信号主要分布在“各类神经系统”、“免疫系统”、“各类检查系统”、“血液及淋巴系统疾病”、“良性、恶性及性质不明的肿瘤”、“血管与淋巴管类疾病”、“代谢及营养类疾病”、“心脏器官疾病”和“感染类疾病”9 个系统，不良信号最强的前三个系统分别是“各类神经系统”、“免疫系统”及“各类检查系统”。主要对信号强度排名前 30 的不良反应分析，常见的不良反应如细胞因子释放综合征、发热、神经毒性、低血压等不良反应在两类 CAR T 疗法种均出现强信号，值得注意的是，在 CD19 CAR T 疗法中出现“良性、恶性及性质不明的肿瘤”系统中的阳性信号，且信号强度较高，而在 BCMA CAR T 疗法中未观察到类似信号。

结论

研究对两类 CAR T 疗法的不良事件进行分析，识别与 CAR T 疗法相关的药物不良反应，为 CAR T 产品的安全性评估提供了坚实的科学基础。这些发现建议临床医师在使用 CAR T 进行治疗时要更加谨慎，患者也应该意识到这些潜在的不良反应。

PO-1494

骨髓中播散肿瘤细胞 CD3 的表达联合 LDH 及 HGB 可用于预测血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤患者疾病的进展

岳保红、阎栋瑶
郑州大学第一附属医院

目的 本研究探讨应用多参数流式细胞术（MFC）监测血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤（AITL）患者骨髓（BM）中肿瘤细胞的免疫表型，评估免疫表型与 AITL 患者其他临床指标及疗效的相关性，筛选出预后不良因素，为辅助 AITL 患者早期诊断、疾病监测及治疗效果的评估提供参考。

方法 选取 2020 年 1 月到 2023 年 10 月郑州大学第一附属医院肿瘤科收治的初诊 AITL 患者 90 例，其中男性患者 53 例，女性患者 37 例，中位年龄 60（53-68）岁。选取 34 例其他 T 细胞淋巴瘤患者作为免疫表型对照组；使用 MFC 分析 AITL 及对照组患者 BM 中异常肿瘤细胞的免疫表型。比较播散肿瘤细胞（DTCs）阳性组与阴性组 AITL 患者临床特征及 BM 中正常 CD4+T 细胞和 CD8+T 细胞 PD-1 阳性表达率的差异，探究播散性 AITL 肿瘤细胞存在对预后的影响。收集 AITL 患者的临床资料和生存资料，探究 AITL 患者流式细胞免疫表型与预后及临床特征的关系，使用 Logistic 单因素回归分析与疗效有关的影响因素。

结果 流式细胞术在 65.56%（59/90）的 BM 中检测到 AITL 的肿瘤性 T 细胞。AITL 最常见的泛 T 抗原异常为 CD3 的缺失或表达强度减低，其次为 CD7 的缺失或部分缺失。PD-1 MFI 在区别 AITL 与免疫表型对照组间具有高敏感度和特异度。BM 中一些 CD4+T 细胞会反应性表达 PD-1，经 TRBC1 检测发现为正常 T 细胞。DTCs 阳性患者骨髓中 CD4+T 细胞和 CD8+T 细胞的 PD-1 阳性表达率更高（ $P < 0.05$ ）。CD7 缺失的 AITL 患者 OS 差，CD7 缺失的 AITL 患者更易出现皮疹、免疫球蛋白增高、组织病理免疫组化 CXCL13 缺失。CD3 的表达、LDH 增高、HGB 降低是 AITL 患者疾病进展的高危因素。

结论 PD-1 的高强度表达是筛查和监测 BM 中 AITL 的有力工具，TRBC1 联合 PD-1 可用于鉴别 AITL 肿瘤细胞和反应性 T 淋巴细胞。CD7 的缺失与 AITL 患者不良预后有关，CD3 联合 LDH、HGB 是预测 AITL 患者疾病进展的有效指标。

PO-1495

原发性胃淋巴瘤的流行病学特征和预后： 基于 SEER 数据库的回顾性队列研究

卢伟祥¹、余铭凡²、李彤³、周昕雨²、金志灏²、杨裕农²、陈咪琪²、梁晓杰¹、王亮¹

1. 首都医科大学附属北京同仁医院

2. 广东医科大学第一临床医学院

3. 南方医科大学口腔医学院

目的 原发性胃淋巴瘤(PGL)是一种起源于胃粘膜淋巴组织的非霍奇金淋巴瘤，目前对 PGL 预后因素的了解仍然有限。本研究使用 SEER 数据库，对 2000 年至 2019 年间诊断的 6091 名 PGL 患者进行了回顾性分析，旨在调查其流行病学特征和预后因素。

方法 研究回顾性分析了近 20 年来 PGL 的发病率趋势，评估影响总生存期及疾病特异性生存期的因素，利用多种机器学习算法建立了一个预测模型并评估模型的性能。

结果 PGL 的发病率从 2000 年到 2019 年呈下降趋势，其中 65 岁及以上的患者比年轻患者表现出更明显的下降趋势。生存分析显示 Ann Arbor 分期、性别、种族、婚姻状况和治疗方式等因素是影响患者的重要预后因素。在 107 种机器学习模型中，"StepCox[forward] + RSF"模型展示了最高的预测准确性，C-index 达到 0.7489。根据模型评分可将患者分成高低风险组，其中高风险组预后明显更差。通过 ROC 曲线、校准曲线及决策曲线进一步验证模型的预测性能的稳定性。

结论 本研究通过大规模的基于人群的流行病学分析，结合机器学习技术，为 PGL 的预后评估提供了新的见解。我们的发现强调了个体化治疗策略的重要性，并为未来的研究提供了新的方向。

PO-1496

Nomogram for predicting 24-month event-free survival in diffuse large B-cell lymphoma patients with autologous stem cell transplantation: a retrospective study

Lou Geng

长海医院

Objective This research was aim to develop a predictive model for 24-month event-free survival (EFS24) in diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) patients following autologous stem cell transplantation (ASCT).

Methods A retrospective analysis was conducted at Changhai Hospital from June 2010 to December 2022. The 175 participants were randomly divided into the training and test groups at a 7:3 ratio. Logistic regression analysis on the training dataset identified potential prognostic factors, which informed the development of a nomogram.

Results Five potential predictors, including CD34+ cell dose infused, response prior to ASCT, B symptoms, conditioning regimen, and courses of chemotherapy, were identified and entered into the nomogram. Area under the curve (AUC) values of the nomogram were 0.802 (95% CI: 0.698–0.846) in the training set and 0.792 (95% CI: 0.652–0.857) in the test set. Calibration curves showed alignment between predicted and actual probabilities of EFS24, and DCA confirmed the nomogram clinical utility.

Conclusion The five indicators verified by nomogram in this analysis are significant in terms of identifying risk for disease progression following ASCT in patients with DLBCL.

PO-1497

发生组织学转化的边缘区 B 细胞淋巴瘤 合并孤立性脾结核 1 例并文献复习

余庆峰

郑州大学第一附属医院

目的 报道 1 例在边缘区 B 细胞淋巴瘤 (MZL) 的基础上向弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 发生组织学转化且合并孤立性脾结核的特殊病例, 以提高对该类疾病的认识, 为其诊疗提供临床经验。

方法 回顾性分析本例患者的临床资料和诊治过程, 并复习 PubMed 上检索到的相关文献。

结果 患者, 女, 56 岁, 以发热、腹胀为主要临床表现, 经淋巴活检病理诊断为 MZL, 经过化疗 1 个疗程后发热、腹胀未改善, 行脾切术后病理提示脾结核且患者无合并肺结核及其他肺外结核, 抗结核治疗未再发热。3 月后患者出现全身多发皮疹, 皮肤活检提示向弥漫大 B 细胞淋巴瘤发生组织学转化, 组织样本高通量测序结果显示复发时出现与初诊时相同的 CD79B 基因突变。应用奥布替尼+R-CHOP 方案化疗 1 个疗程后皮疹明显消退。患者疾病进展迅速, 病初存在 DLBCL 预后相关突变基因, 且患者存在孤立性脾结核, 较为罕见。

结论 MZL 可以发生组织学转化为 DLBCL, 基因突变检测有助于预测疾病预后, 另外当不明原因的发热、脾脏肿大, 需要考虑到脾结核的可能, 为该病的诊治提供借鉴作用。

PO-1498

基于奥布替尼的联合方案治疗弥漫性 大 B 细胞淋巴瘤的疗效与安全性分析

张钰奇、武盈盈、张奥、韦若文、张璐、刘林、梅恒、刘芳、崔国惠、夏凌辉、胡豫、程志鹏、方峻
华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科

目的 探讨基于奥布替尼的联合方案治疗弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 的疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2020 年 9 月至 2023 年 10 月在华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科接受基于奥布替尼联合方案治疗的 DLBCL 患者的临床资料。

结果 共纳入 36 例患者, 中位年龄 60.5 (33~83) 岁; 初治 32 例, 复发 4 例, 双表达淋巴瘤 20 例, 伴 CNS 受累 6 例。无 CNS 受累患者中, 24 例使用奥布替尼联合 R-CHOP 样方案, 6 例使用含奥布替尼的无化疗方案; 伴 CNS 受累患者中, 4 例使用奥布替尼联合 R-HD-MTX 方案。使用 PET/CT 评估疗效, 所有患者的 ORR 为 83.3%, CR 66.7%, PD 16.7%。初治患者 ORR 为 84.4%, CR 68.8%, PD 15.6%; 复发患者中 CR 2 例, PR 1 例, PD 1 例。使用奥布替尼联合 R-CHOP 样方案的初治患者 ORR 为 83.3%, CR 70.8%, PD 16.7%。双表达患者的 ORR 为 80.0%, CR 70.0%, PD 20.0%。中位随访 14.0 (4~40) 个月, 所有患者的预期 3 年 OS 和 PFS 分别为 75.8%、62.6%, 初治患者的预期 3 年 OS 和 PFS 分别为 82.7%、70.6%。最常见的 AEs 为贫血 (1~2 级 76.5%、3~4 级 14.7%)、中性粒细胞减少 (1~2 级 52.9%、3~4 级 32.3%) 及血小板减少 (1~2 级 32.4%、3~4 级 17.6%); 最常见的非血液学 AEs 为肺部感染 (22.2%)、恶心 (11.1%) 和呕吐 (11.1%)。

结论 基于奥布替尼的联合方案在 DLBCL 患者中具有良好的疗效和安全性, 奥布替尼联合 R-CHOP 样方案在初治患者中疗效尤为显著, 值得进一步探索。

PO-1499

以脂质体米托蒽醌为基础的方案治疗 复发难治性淋巴瘤的疗效及安全性研究

盛开宇、黄海雯
苏州大学附属第一医院

目的 综合评估脂质体米托蒽醌在治疗复发难治性淋巴瘤中的有效性和安全性。

方法 回顾性分析 2021 年 1 月至 2023 年 12 月期间苏州大学附属第一医院确诊的 39 例复发难治性淋巴瘤患者的临床资料。根据 Lugano2013 淋巴瘤治疗效果评价标准进行疗效评价，参照 2017 年 11 月份美国国立癌症研究所常用不良事件术语标准（NCI CTCAE）5.0 版，进行安全性评价。采用 Kaplan-Meier 法对结果进行生存分析。

结果 在可评估的 39 个病例中，18 例达到 CR（46.2%），7 例达到 PR（17.9%），共 25 例患者得到了缓解，ORR 为 64.1%。分别比较了不同治疗线数、不同淋巴瘤类型、早期复发和晚期复发的疗效差别，发现 T 细胞淋巴瘤的 CR 率明显高于 B 细胞淋巴瘤（ $P=0.011$ ）。生存情况：目前中位随访时间 4 个月，中位 OS 未达到，平均 OS 10.5 个月（95%CI:8.9-12.1 月），平均 PFS 7.3 个月（95%CI:5.3-9.3 月），中位 PFS 5 个月。安全性方面，最常见的血液学毒性为贫血，次常见为淋巴细胞减少，非血液学毒性发生率均小于 15%。

结论 综合考虑疗效和安全性，以脂质体米托蒽醌为基础的方案在复发难治性淋巴瘤的治疗中显示出潜在优势，尤其适用于 T 细胞淋巴瘤患者。

PO-1500

利妥昔时代滤泡性淋巴瘤患者临床与分子特征 与早期复发进展倾向

李锐驰、郑重、王楠、孙芮、徐天圆、赵维莅
上海交通大学附属瑞金医院

目的 探讨利妥昔时代化疗方案与非化疗方案中滤泡性淋巴瘤(follicular lymphoma, FL)患者中确诊后 24 个月内疾病进展(progression of disease within 24 months, POD24)的发生率及临床、分子生物学危险因素

方法 回顾性分析 2009 年 6 月至 2021 年 12 月于上海交通大学医学院接受含有利妥昔单抗方案治疗的 528 例 FL 患者的临床、随访资料，对所有患者及其中的 436 例患者进行了 DNA 与 RNA 测序。并根据治疗方案比较了化疗方案与无化疗方案间临床预后差异与 POD24 相关分子生物学危险因素

结果 529 例患者中 345 例患者使用了利妥昔+化疗(利妥昔单抗联合 CHOP 或苯达莫斯汀)方案，183 例患者使用了非化疗方案(利妥昔单抗联合来那度胺)，两组间患者的 5 年无进展生存率(58% vs 63%)、5 年生存率(88% vs 92%)与 POD24 发生率(19% vs 21%)间未见明显差异。差异基因分析显示 FAS 为化疗方案一线治疗预后不良因素，CXCR4 为非化疗方案一线预后不良因素。聚类分析显示在所有 FL 患者中，POD24 与 T 细胞分化、活化与免疫应答通路相关。

结论 化疗方案与无化疗方案的 FL 患者临床预后 POD24 发生率相似，在 POD24 患者中，FAS、CXCR4 突变频率升高，T 细胞活化功能下降，具有临床疗效评估价值。

PO-1501

非化疗诱导治疗桥接 ASCT 治疗 MEITL 长生存 1 例

戴恺毅、方美云
大连大学附属中山医院

目的 报道非化疗诱导治疗桥接 ASCT 治疗 MEITL 长生存 1 例

方法 患者男性，47 岁。2021 年 8 月 4 日夜始出现剧烈脐周疼痛伴恶心、呕吐墨绿色胃内容物。急诊查体腹膜刺激征阳性，全腹 CT 提示气腹征，中下腹部小肠壁弥漫性增厚。剖腹探查见小肠腔内多发肿物致梗阻伴末端回肠穿孔，术后病理示单形性嗜上皮肠 T 细胞淋巴瘤（MEITL）。穿孔小肠组织 NGS 示 DDX3X, ROS1, TSC2 均非 MEITL 常见突变，骨髓病理未见 MEITL 累及。尽管大部分淋巴瘤不强调手术治疗，但该患病初较为彻底的手术为后续药物治疗争取到了宝贵的尝试及调整时间。

结果 既往文献报道，MEITL 系罕见 PTCL，中位生存期仅 7 个月，尚无标准化的治疗方案，多数患者对化疗获益有限。结合近年来表观遗传学调控治疗在 PTCL 中的进展，我科予设计地西他滨+西达本胺+派安普利单抗方案行诱导、巩固及维持治疗，期间 PET/CT 评估持续 CR 疗效。8 周期后予调整剂量 BeEAM 预处理行 ASCT 治疗，回输后+12d 患者因感染再次小肠穿孔，穿孔组织病理提示炎症且 NGS 未见异常突变。

结论 虽然目前回顾性研究广泛支持缓解期 MEITL 患者应接受 ASCT，但大剂量化疗给 MEITL 患者带来的肠道粘膜损伤风险与生存获益仍需被反复权衡，也亟须更多前瞻性的研究探索。术后患者继续原方案维持治疗，总 PFS 大于 24 个月，治疗期间耐受性极佳。2024 年 4 月 25 日该患十二指肠溃疡病理提示复发，免疫组化同病初但 Ki-67 90%，NGS 示高频 JAK3、STAT5B 突变。PET/CT 示十二指肠、小肠、降结肠受累。现以普拉曲沙为基础的方案再诱导治疗中。

PO-1502

染色体 17p 缺失减轻 myc 诱导的脂质应激

顾凡、刘玉
四川大学华西医院血液内科

目的 脂滴（LD）的累积在多种癌症中广泛存在，在透明肾细胞癌中，脂滴的累积对肿瘤的进展有促进作用，然而在弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）中脂滴累积对肿瘤的影响尚未。本研究试图揭示 17p 缺失引起脂代谢异常的原因以及其调控机制，并寻找可能的治疗靶点。

方法 外源 MYC 在淋巴瘤细胞系中过表达后敲低基因 X 或基因 Y；脂质组学质谱分析小鼠 11B3 缺失淋巴瘤细胞；17p 与基因 Y 相关性分析；CHIP-seq 检测 17p 上结合基因 Y 的基因；RT-PCR 验证基因 X 调控基因 Y；BODIPY 染色基因 X 缺失小鼠肿瘤细胞的脂滴；在外源 MYC 过表达以及基因 X 敲低肿瘤小鼠模型中过表达或不过表达基因 Y 观察小鼠生存；扫描电镜观察基因 Y 过表达的 17p 缺失淋巴瘤细胞；ATGLi 加药测试。

结果 MYC 过表达后脂滴增加并引起细胞死亡，而敲低基因 X 或基因 Y 后脂滴减少，细胞死亡减轻；脂质组学结果显示 11B3 缺失小鼠脂代谢异常，脂滴减少；染色体 17p 上的基因 X 正调控基因 Y 的表达；基因 X 缺失小鼠肿瘤细胞中 LD 减少；LD 合成酶基因 Y 回补抑制淋巴瘤发生；电镜结果显示基因 Y 过表达后细胞线粒体受损且脂滴增多；成瘤小鼠在 LD 水解酶抑制剂 ATGLi 治疗后生存显著延长。

结论 我们的研究揭示了 MYC 和染色体 17p 缺失协同的一种新的脂质代谢机制，即位于染色体 17p 上的肿瘤抑制基因 X 可调节基因 Y 的表达进而影响 LD 生成，同时我们还发现了可能的治疗药物 ATGLi。

PO-1503

淋巴增殖性肿瘤心脏累及 5 例并文献复习

张青萍、方美云
大连大学附属中山医院

目的 分析淋巴增殖性肿瘤心脏累及的临床特点、诊断治疗方法、预后转归，提高临床医师对该类疾病的认识水平。

方法 回顾性分析 5 例我院治疗的淋巴增殖性肿瘤心脏累及病例的临床资料，分析其临床特征、诊治过程及预后转归，并进行文献复习。

结果 5 例淋巴增殖性肿瘤心脏累及患者中，其中原心脏淋巴瘤 4 例，病理类型均为 DLBCL，多发性骨髓瘤心脏累及 1 例。女性 4 例，男性 1 例，患者发病年龄 45~82 岁，中位年龄 72 岁。主要临床表现为心悸（3 例）、气短（3 例）、心律失常（3 例）、胸闷（2 例）。4 例心脏淋巴瘤均表现为心脏占位和（或）心包积液，且具有较高 Ki-67 阳性指数（70%~90%），中位评分 82%。5 例患者均接受了治疗（单纯化疗 3 例，单纯靶向药物治疗 1 例，化疗联合放疗 1 例），其中 1 例患者处于持续完全缓解状态，1 例患者获得部分缓解疗效，其余患者均在临床症状及影像学明显好转。

结论 心脏淋巴瘤极其罕见，病理类型多为 DLBCL，临床表现多以呼吸困难、胸闷心悸等循环系统症状为主，并易出现心律失常。治疗以系统化疗为主，总体预后较差。

PO-1504

弥漫大 B 细胞淋巴瘤中 SOCS1 突变的分析

张心怡、华玮、梁金花、徐卫
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）是一种与各种体细胞突变有关的侵袭性肿瘤。细胞因子信号转导抑制因子 1（SOCS1）是一种重要的调节蛋白。本研究中我们探究了 SOCS1 突变状态与 DLBCL 患者预后的相关性。

方法 我们从 7 个公共数据库获取了 2590 例患者的临床特征及突变信息，并纳入了 2021 年至 2023 年在江苏省人民医院接受治疗的 202 例 DLBCL 患者进行分析。转录组数据来自于 REMoDL-B 队列的 339 例患者及 JSPH 的 161 例患者。我们使用 RNA 测序分析了 JSPH 队列中的基因表达谱，并使用 NGS 技术对其肿瘤组织样本进行了突变水平的分析。

结果 本研究分析了纳入队列中突变位点的分布模式，发现突变均发生于 2 号外显子，且约 11% 的突变位点位于 SOCS-BOX 结构域中。携带 SOCS1 突变的患者通常表现出比野生型患者更好的 PFS（ $P=0.0073$ ）和 OS（ $P=0.0150$ ）。所有突变患者中，突变发生在 SOCS-BOX 的患者与发生在此之外的患者相比，有更好的 PFS（ $P=0.0119$ ）和 OS（ $P=0.0151$ ）。SOCS1 突变的患者中，EZB 亚型、ST2 亚型和生发中心 B 细胞（GCB）亚型占比较高。RNA 测序分析显示，在 SOCS1 突变的患者中富集到多个参与免疫调节与信号转导的上调基因。KEGG 分析进一步证实了这一结果。

结论 我们的研究揭示了 SOCS1 突变状态作为 DLBCL 患者预后生物标志物的价值，可能可以为预测 DLBCL 患者的预后提供一定的帮助。

PO-1505

BTK 抑制剂治疗华氏巨球蛋白血症临床分析

张燕

贵州医科大学附属医院

目的 探讨使用 BTK 抑制剂治疗华氏巨球蛋白血症(Waldenström macroglobulinemia, WM)的临床疗效及其预后因素。

方法 回顾性分析 2017 年 05 月至 2024 年 01 月在我院确诊的 8 例 WM 患者使用 BTK 抑制剂治疗的临床资料,回顾性分析患者性别、年龄、临床表现及外周血细胞、血清单克隆免疫球蛋白、肝肾功能、危险分层、使用 BTK 抑制剂治疗疗效及副作用。

结果 共收集 WM 患者 8 例,其中男性 7 例,女性 1 例,中位年龄 68 岁。最常见临床表现为贫血(8 例),其次为出血,表现为皮肤瘀斑、牙龈出血(4 例),高粘滞血症(2 例),表现为眼花、胸闷等,脾大 4 例,淋巴结肿大 3 例,合并肾功能损害 1 例,全部患者均有血红蛋白降低,5 例患者同时有血小板减少,IgM 值 35-89g/L,7 例患者检测到 MYD88 L265P 突变,按 WM 的国际预后指数(IPSSWM)评分,中危 6 例、高危 2 例。8 例患者均选择口服 BTK 抑制剂治疗,其中 1 例为使用利妥昔单抗及化疗疗效不佳后换为伊布替尼口服,其他患者均为初诊即选用泽布替尼口服。疗效达部分缓解 6 例,1 例患者半年后转变为弥漫大 B 细胞淋巴瘤,1 例患者因血小板过低致颅内出血死亡。

结论 WM 是一种少见的惰性成熟 B 细胞淋巴瘤,归属于淋巴浆细胞淋巴瘤,临床表现无特异性,漏诊及误诊率较高,新药 BTK 抑制剂可提高其治疗的有效率。

PO-1506

细胞焦亡相关新型模型在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的预测价值及 联合治疗策略

吕烈媚、张玉、余卓雅、王聪、孔冉、王欣、周香香

山东省立医院

目的 越来越多证据表明,细胞焦亡在多种癌症的发生和发展中发挥重要作用。然而,细胞焦亡在弥漫大 B 细胞淋巴瘤(DLBCL)中的作用仍不清楚。本文旨在探究细胞焦亡在 DLBCL 中预测价值及作用。

方法 本研究分析了 DLBCL 和正常样本中细胞焦亡相关基因(PRGs)的转录组和临床数据。利用 LASSO-Cox 回归分析构建 DLBCL 的综合预后模型。通过 qRT-PCR 验证了 PRGs 在 DLBCL 细胞系中表达。采用 CCK-8 检测和流式细胞术探讨了细胞焦亡抑制剂(双硫仑,DSF)联合 PD1/PD-L1 抑制剂(BMS1166)对 DLBCL 细胞增殖的影响。

结果 本研究发现大多数 PRGs 在 DLBCL 患者中表达失调,并与总生存期相关。用 LASSO-Cox 回归分析构建 DLBCL 的新型预后模型,该模型将 DLBCL 患者分为高、低风险组。与高危组相比,低危组患者的死亡率较低,生存时间较长。应用 qRT-PCR 验证了模型中的关键基因的表达,发现 CASP8、CASP9、NLRP1、NLRP6 和 TIRAP 在 DLBCL 细胞系中下调,而 SCAF11 则显著上调。ROC 曲线和 nomogram 进一步验证了该模型卓越的预测性能。GO 和 KEGG 富集表明,亚组间的差异表达基因与 JAK-STAT 信号通路调控相关。此外,相关性分析显示,风险评分与免疫特征相关。CCK-8 检测和流式细胞术进一步验证了 DSF 和 BMS1166 在 DLBCL 细胞中的协同抗肿瘤作用。

结论 综上所述,本研究构建了一个基于 PRGs 特征的综合预后模型,可以准确预测 DLBCL 患者的预后。靶向细胞焦亡联合免疫疗法可能是治疗 DLBCL 的一种有前景策略。

PO-1507

长期生存系统性间变大细胞淋巴瘤患者的临床特点及预后分析

夏效升、张娜、高广勋、白庆咸
中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 系统性间变性大细胞淋巴瘤（S-ALCL）是一类具有侵袭性和异质性的非霍奇金淋巴瘤，本研究最长随访 10 年，旨在探讨 S-ALCL 长期生存患者的临床特征和预后因素。

方法 回顾性分析 2011 年 1 月至 2020 年 1 月空军军医大学第一附属医院血液科收治的 98 例 S-ALCL 患者的临床数据和生存状况。

结果 98 例患者中女性 33 例男性 65 例，中位年龄 30 岁（10-76 岁）。其中，66 例（67.3%）为 ALK 阳性（ALK+），32 例（32.7%）为 ALK 阴性（ALK-）。多数患者具有 B 症状、疾病分期为 III/IV 期、ECOG 评分 \leq 1 分、IPI 评分 $<$ 2 分，合并结外病变等特点。ALK+ 患者（中位年龄 25 岁）比 ALK- 患者（中位年龄 44 岁）更加年轻（ $P<0.001$ ），且具有更低的 LDH 水平（ $P=0.049$ ）和 β 2-MG 水平（ $P=0.003$ ）；而 ALK- 患者更易发生胃肠道累及（ $P=0.047$ ）。ALK+ 患者预后显著优于 ALK- 患者预后（10 年总生存率分别为 81% 和 59.4%， $HR=4.314$ ， $P=0.038$ ）。无论是否表达 ALK， β 2-MG \leq 2.5mg/L、白蛋白 \geq 3.5g/L、IPI 评分 $<$ 2 分的患者生存期更长；在 ALK+ALCL 中，结外病变 \leq 1 处提示预后良好（ $HR=13.358$ ， $P<0.001$ ）。多因素分析表明结外病变 $>$ 1 处、IPI 评分 \geq 2、 β 2-MG $>$ 2.5mg/L、白蛋白水平 $<$ 3.5g/L 可作为独立不良预后因素。

结论 S-ALCL 以男性为主，多数患者疾病分期为 III/IV 期、具有 B 症状。ALK+ 患者比 ALK- 患者更年轻、更低的 LDH 和 β 2-MG 水平、更好的长期预后等特点。在众多临床因素中，结外病变 $>$ 1 处、IPI \geq 2、 β 2-MG $>$ 2.5mg/L、白蛋白水平 $<$ 3.5g/L 作为独立不良预后因素，而 ALK 表达并不是影响长期生存的决定性因素。

PO-1508

Predicting the truly low-risk patients with TNFRSF14 mutation using machine learning algorithms in diffuse large B cell lymphoma

Wei Hua¹, Xin-Yi Zhang¹, Kai-Xin Du¹, Yue Li¹, Xin-Yu Zhang¹, Jia-Zhu Wu¹, Hao-Rui Shen¹, Hua Yin¹, Rui Gao², Li Wang¹, Jian-Yong Li¹, Jin-Hua Liang¹, Wei Xu¹

1. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital, Nanjing 210029, China

2. Department of Endocrinology, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital, Nanjing 210029, China

Objective The aim of this study was to investigate the clinical significances and prognostic values of TNFRSF14 mutations in DLBCL, and potential immunotherapeutic targets for future mechanism-based treatment in DLBCL was provided.

Methods Clinical and mutation data from 2438 DLBCL patients receiving the R-CHOP like regimen in six public cohorts were analyzed. Signature genes related to prognosis were selected using machine learning algorithms including least absolute shrinkage and selection operator (LASSO) regression and random forest (RF). A time-dependent receiver operating characteristic (ROC) curve analysis was used to assess the model prediction accuracy.

Results In this study, Patients with TNFRSF14 mutation exhibited favorable progression-free survival (PFS) ($P=0.052$) and overall survival (OS) ($P=0.026$) (Figure 1A and 1B). A higher proportion of one type of molecular subtype with high frequency of EZH2 mutation and BCL2 translocation (EZB) genotype ($P<0.001$) and germinal center B-cell (GCB) subtype ($P<0.001$) was

observed in TNFRSF14mut DLBCL patients (Figure 1C). Eight signature genes were finally determined as independent prognostic factors via the interaction of three algorithms (Figure 1D). We stratified patients into low and high risk subgroups by the median risk score. Low risk patients of validation data had favorable PFS ($P<0.001$) and OS ($P<0.001$). The area under the curve (AUC) of time-ROC suggested that the risk score had satisfactory sensitivity and specificity (Figure 1E-H). Low risk TNFRSF14mut DLBCL patients of validation data displayed superior OS ($P=0.035$) and PFS ($P=0.034$) compared to TNFRSF14wt patients (Figure 1I-J). Lower infiltration of M2-polarised macrophages ($P<0.001$) and higher infiltration of M1-polarised macrophages ($P<0.001$) were observed in low risk TNFRSF14mut DLBCL patients through tumor immunophenotyping method (Figure 1K). Almost low-risk score group had increased expression of the immune checkpoint-related genes, including VTCN1 ($P=0.019$), BTLA ($P=0.005$) and CTLA4 ($P=0.026$) (Figure 1L). Based on the GDSC database, patients with high risk scores exhibited higher sensitivity to some drugs, including histone deacetylase (HDAC) inhibitor vorinostat ($P=0.009$; $P=0.030$), the Bcl-xL inhibitor ABT-787 ($P=0.020$; $P=0.008$), and the selective sulfonamide inhibitor AGI-6780 ($P=0.007$; $P=0.040$) (Figure 1M).

Conclusion TNFRSF14 is a favorable prognostic biomarker in DLBCL. Using machine learning algorithms, the truly low-risk TNFRSF14mut DLBCL patients were identified. Potential immunotherapeutic targets for future mechanism-based treatment in DLBCL was provided.

PO-1509

一例基于多方法诊断高比例异常克隆性 T 淋巴细胞的 T 细胞淋巴瘤病例

卢伟焯

广州华银医学检验中心

目的 对一例白细胞计数及淋巴细胞比例异常升高的患者进行诊断。

方法 运用流式细胞术、PCR、一代测序、高通量测序等多方法学对患者的标本进行检测并分析。

结果 运用流式细胞术对该患者外周血样本进行检测，可发现一群占有核细胞总数 94.9% T 淋巴细胞群，该细胞群的泛 T 细胞抗原 CD7 表达缺失，CD2 表达减弱，判断为一群免疫表型异常的 T 淋巴细胞群，结合患者血常规结果，提示为 T 淋巴细胞增殖性肿瘤。通过对该患者的基因组进行高通量测序后，检测到一级变异：SETD2 p.Gly1691*、STAT5B p.Asn642His 及三级变异：KDM6A p.Ser552Gly。使用 PCR 及一代测序对该患者进行 T 细胞克隆性评估可发现该患者 TCR 基因重排检测结果为阳性，提示可能存在克隆细胞群。在结合多方法的检测结果后，可判断患者存在高比例的异常克隆 T 淋巴细胞群，指证该患者患有 T 细胞淋巴瘤。

结论 通过不同方法学的相互印证，可有效提高结果的可靠性，帮助临床更明确地诊断 T 细胞淋巴瘤，是我们诊断 T 细胞淋巴瘤的主要思路。

PO-1510

淋巴瘤患者化疗前后体能状态与抑郁症状的交叉滞后分析

杨洁、吕萍萍、谢洪琼

浙江大学医学院附属第一医院

目的 探讨淋巴瘤患者化疗前后体能状态与抑郁症状的相互预测关系。

方法 基于便利抽样的方法，选取 2022 年 1 月 1 日至 12 月 31 日在浙江省某三甲医院血液科确诊并进行化疗的患者进行体能状态评分表 (ECOG) 和患者健康问卷 (PHQ-9) 的问卷调查，时间点为

初发淋巴瘤患者确诊时和其进行 4 个化疗疗程后的两次数据采集（确诊时为 T1 和进行四次化疗后为 T2），共保留有效样本 211 个，运用 MPLUS8.3 进行交叉滞后分析。

结果 T1 与 T2 的体能状态呈显著正相关（ $r=0.331$, $P<0.01$ ）；T1 与 T2 的抑郁症状呈显著正相关（ $r=0.202$, $P<0.05$ ）；T1 的体能状态与 T1 的抑郁症状呈显著正相关（ $r=0.322$, $P<0.01$ ），与 T2 的抑郁症状之间的相关性没有统计学意义（ $r=0.070$, $P>0.05$ ）；T1 的抑郁症状与 T2 的体能状态呈显著正相关（ $r=0.169$, $P<0.05$ ）。T1 的体能状态能够预测 T2 的体能状态（ $\beta=0.151$, $P<0.05$ ）；T1 的抑郁症状未能显著预测 T2 的抑郁症状（ $\beta=0.136$, $P>0.05$ ）。滞后回归中，T1 的体能状态未能显著预测 T2 的抑郁症状（ $\beta=0.014$, $P>0.05$ ）；T1 的抑郁症状能够显著预测 T2 的体能状态（ $\beta=0.179$, $P<0.01$ ）。

结论 淋巴瘤患者确诊初期的体能状态和抑郁症状能有效预测其化疗后的体能状态，预防淋巴瘤患者体能状态的减退可从抑郁症状入手，应尽早关注淋巴瘤患者的抑郁情况予以尽早干预。

PO-1511

利妥昔单抗治疗时代弥漫大 B 细胞淋巴瘤预后因素及预测模型的建立

张竞文

中国医科大学附属第一医院

目的 本研究旨在分析利妥昔单抗治疗时代弥漫大 B 细胞淋巴瘤预后的相关因素，进一步建立新的预后评分系统，以期实现弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）的精准预后分层和为个体化治疗提供理论依据。

方法 对 2018 年 1 月至 2023 年 6 月于中国医科大学附属第一医院血液内科收治的 558 例 DLBCL 患者进行单中心回顾性研究分析。对患者临床基本信息、实验室化验指标、物理检查、病理学、基因测序及治疗方案等因素进行单因素及二元 Logistic 回归分析，构建 DLBCL 预后新模型，最终在内部验证该模型并将其与传统 IPI、NCCN-IPI 预后评分系统做对比分析。

结果 根据标准共纳入研究对象 558 例，整组人群按 7: 3 的比例分为建模组（391 例）和验模组（167 例）。建模组中二元 Logistic 回归分析显示，受侵结外脏器数目 >1 个、淋巴细胞单核细胞比值（LMR） ≤ 2.73 、合并噬血细胞综合征和最大标准摄取值（SUVmax） ≥ 16.55 是 DLBCL 患者 24 个月无进展生存的独立危险因素。将上述因素用于建立预后模型，根据 Logistic 回归系数 β 值进行赋分如下：受侵结外脏器数目 >1 个：1 分、LMR ≤ 2.73 ：2 分、合并噬血细胞综合征：3 分、SUVmax ≥ 16.55 ：2 分。根据得分及结局绘制受试者工作特征（ROC）曲线，曲线下面积（AUC）为 0.703（95%CI: 0.634~0.772），临界点（cut-off）为 3.5 分，以此临界点进行分组：低危组：0~3 分，高危组：4~8 分。在验模组中高危 DLBCL 患者发生 24 个月内疾病进展的危险度较低危组患者高 1.55 倍。预测模型预测患者的无进展生存期（PFS），低危组 DLBCL 患者中位 PFS 未达到，高危组 DLBCL 患者中位 PFS 为 39 个月。预后模型、IPI 及 NCCN-IPI 三个预后模型 24 个月 PFS 的 AUC 分别为 0.615、0.568、0.560。以上四个独立危险因素中，SUVmax ≥ 16.55 与患者进展时间有关。含利妥昔单抗的各组治疗方案、原发部位、基础疾病与 DLBCL 预后无明显统计学差异。63 例行基因二代测序检测的病例中，突变频率较高的基因中 IGLL5 是 DLBCL 疾病进展的不良预后因素。

结论 DLBCL 在 24 个月内进展的独立危险因素包括：受侵结外脏器数目 >1 个、LMR ≤ 2.73 、合并噬血细胞综合征、SUVmax ≥ 16.55 。分组：低危组：0~3 分，高危组：4~8 分。与低危组患者相比，预测模型显示高危组 DLBCL 患者在 24 个月内进展的风险增加了 1.55 倍。预测模型预测患者的 PFS，低危组 DLBCL 患者中位 PFS 未达到，高危组 DLBCL 患者中位 PFS 为 39 个月。

PO-1512

泽布替尼联合 R-CHOP 方案治疗初治双表达弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的前瞻性临床研究

张奥¹、武盈盈¹、程志鹏¹、刘林¹、张璐¹、何文娟¹、刘芳¹、崔国惠¹、张利玲²、胡豫¹、夏凌辉¹、方峻¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院血液科

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院肿瘤中心

目的 探索使用泽布替尼联合 R-CHOP 方案治疗初治 MYC/BCL2 双表达弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (DE-DLBCL) 的疗效和安全性。

方法 该研究为前瞻性单臂临床研究，纳入 18-80 岁初治 DE-DLBCL 患者，接受 6 周期 ZR-CHOP+2R 方案治疗。DE-DLBCL 免疫组化标准为：MYC $\geq 40\%$ ，BCL2 $\geq 50\%$ ，并通过 FISH 检测排除伴有 MYC 和 BCL2 重排的高级别 B 细胞淋巴瘤。采用 PET/CT 评估疗效。主要研究终点为 2 年 PFS。

结果 2022 年 4 月 15 日至 2024 年 3 月 28 日共入组 15 例患者，中位年龄为 56 (35~70) 岁，9 例 (60.0%) 患者诊断时 Ann Arbor 分期为 III~IV 期，5 例 (33.3%) ECOG 评分 ≥ 2 分，5 例 (33.3%) IPI 评分 ≥ 3 分，伴有 B 症状 6 例 (40.0%)，伴有结外受累 5 例 (33.3%)，non-GCB 亚型 10 例 (66.7%)。其中 14 例 (93.3%) 完成 4 周期治疗，11 例 (73.3%) 完成 6 周期治疗，共 14 例可评估疗效，ORR 为 100.0%，13 例 (92.9%) 获得 CR，1 例 (7.1%) 获得 PR。截至随访日期为 2024 年 5 月 5 日，中位随访 12.9 (1.6~25.4) 个月，1 年预期 PFS 和 OS 均为 92.3%，2 年预期 PFS 和 OS 分别为 69.2%、92.3%；一例患者在诱导缓解后 18.9 个月复发，1 例患者因意外死亡。常见的 3~4 级不良反应为贫血 (7 例)、白细胞减少 (6 例)、中性粒细胞减少 (6 例)、血小板减少 (5 例) 和肺部感染 (4 例，均为 3 级)；无发热性中性粒细胞减少、严重出血、房颤事件发生。

结论 泽布替尼联合 R-CHOP 方案在初治 DE-DLBCL 中具有显著的疗效及良好的安全性，值得进一步探索。

PO-1513

Analysis of CCND3 mutations in diffuse large B-cell lymphoma

Wei Hua¹, Xin-Yi Zhang¹, Yue Li¹, Hua Yin¹, Kai-Xin Du¹, Jia-Zhu Wu¹, Hao-Rui Shen¹, Rui Gao², Jian-Yong Li¹, Jin-Hua Liang¹, Wei Xu¹

1. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital, Nanjing 210029, China

2. Department of Endocrinology, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital, Nanjing 210029, China

Objective The prognostic implications of CCND3 in DLBCL remain controversial. To investigate this, we evaluated CCND3 mutation status in DLBCL patients.

Methods The available clinical information and mutation data of 2059 DLBCL patients were obtained from four public databases, and a cohort of 167 patients treated at the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University (Jiangsu Province Hospital) was included in our analysis. We analyzed gene expression levels in the JSPH cohort using RNA sequencing (RNA-seq). Mutation analysis was performed with genomic DNA extracted from tumor tissue samples in patients of the JSPH cohort using clinically validated NGS mutation panels.

Results We analyzed the distribution patterns of the 113 mutations in the integrated cohort and the 19 mutations in the JSPH cohort, 100 mutations (88.5%, integrated cohort) and 18 mutations

(94.7%, JSPH cohort) occurred in exon 5 (Figure 1A and 1B). P284, R271, I290 and Q276 are described as CCND3 mutation hotspots (Figure 1A). As the LymphGen genetic subtype information was analyzed, most of the CCND3-mut DLBCL patients in the integrated cohort can be classified into other subtype (46%) due to missing the data of copy-number, followed by EZB (21%), BN2 (19%), MCD (6%), ST2 (7%) and N1 (2%), with similar distribution found in the JSPH cohort (Figure 1C). As regard to the COO subtype, 41 patients of integrated cohort without the information of COO subtypes were excluded, 34 patients were classified as GCB subtype, 27 were ABC subtype and 11 were unclassified subtype in the integrated cohort while 8 patients were GCB subtype and 11 were non-GCB subtype in the JSPH cohort. Given the detailed CCND3 mutations and distribution in DLBCL patients, we investigated whether CCND3 mutation status correlates with the progression and prognosis of the disease in the integrated cohort. It is showed that CCND3-mut patients had poor OS compared with CCND3-wt patients ($P=0.0472$, Figure 1D). Co-mutation and mutual exclusivity analysis identified 74 statistically significant interaction pair genes (Figure 1E) and CCND3 mutations significantly do not co-occur with DUSP2 mutation ($P<0.05$, Figure 1F). KEGG analysis revealed the pathways of cell cycle and DNA replication were high upregulated in CCND3-mut patients (Figure 1G). Figure 1H delineates additional chemotherapeutic agents showing statistical differences in effectiveness between CCND3-mut and CCND3-wt patients. The drugs highlighted in Figure 1H not only demonstrated heightened sensitivity in patients with CCND3 mutations but also exhibited a lower IC50 compared to alternative treatments.

Conclusion Our study sheds light on the clinical relevance of CCND3 mutations in DLBCL. The integration of genomic, transcriptomic, and clinical data not only refines our understanding of DLBCL heterogeneity but also unveils potential avenues for personalized therapeutic strategies.

PO-1514

在联合抗逆转录病毒治疗时代下 HIV 霍奇金淋巴瘤高侵袭性与免疫功能缺陷相关：来自中国多中心研究

梁喜平、王超雨、刘耀
重庆大学附属肿瘤医院

目的 在联合抗逆转录病毒治疗时代，HIV 阳性 HL 较 HL 的临床特征及预后影响。

方法 回顾性分析 2013—2023 年国内 4 家医疗中心收治的初治 HL 患者的临床资料。该研究从 HIV 阳性 HL 的临床和免疫功能方面进行分析，并以非 HIV-HL 患者作为对照，重点介绍预后及其影响因素的研究。

结果 在 168 名 HL 患者中，其中 19 例患者确诊为 HIV 阳性。HL 患者中位年龄 43 岁，以男性为主。与非 HIV 阳性 HL 患者 ($n=130$) 相比，HIV 阳性 HL 患者的临床分期更晚，美国东部肿瘤协作组体能状态评分 (ECOG-PS) 更高，有大肿块和 B 症状的比例更高。HIV 阳性 HL 患者的 CD4 细胞计数、CD4/CD8、白细胞、淋巴细胞、中性粒细胞和血小板均降低。在接受 ABVD 化疗的 HIV 患者和未接受 ABVD 化疗的患者中，HIV 和非 HIV 患者生存期相似。比较以 $200 \times 10^6 / L$ 为截断值的 CD4 计数对 HIV 阳性霍奇金淋巴瘤患者的影响。CD4 $< 200 \times 10^6 / L$ 组患者中淋巴细胞减少、中性粒细胞减少、大肿块、B 症状更多见。而 WBC 的减少、淋巴细胞的减少和中性粒细胞的减少与较差的 OS 和 PFS 密切相关。多因素分析显示，年龄 ≥ 60 岁、晚期、有 B 症状、ECOG-PS 差、 $\beta 2$ -MG 升高、WBC 降低、淋巴细胞减少和中性粒细胞减少是预后不良的危险因素。

结论 HIV 阳性 HL 的临床表现更具侵袭性，HIV 阳性 HL 患者较低的 CD4 计数与较低的免疫细胞损伤和较高的肿瘤负荷相关。

PO-1515

靶向 CXCR4/CXCL12 通路对 CD19+CAR-T 细胞 治疗 B 细胞淋巴瘤的影响

于艺冰¹、赵明峰²

1. 秦皇岛市第一医院

2. 天津市第一中心医院

目的 CD19+CAR-T 细胞治疗 B 细胞淋巴瘤的疗效远低于 B-ALL，可能与肿瘤微环境有关。CXCL12/CXCR4 轴可能参与淋巴瘤微环境对 CAR-T 细胞的功能抑制。本研究靶向 CXCR4/CXCL12 联合 CD19+CAR-T 细胞，提高了治疗淋巴瘤的疗效。

方法 体外实验：筛选并比较 CXCR4 高表达及低表达的 B 细胞淋巴瘤细胞株，验证 CXCR4 抑制剂对肿瘤细胞趋化作用及侵袭作用的影响；CXCR4 抑制剂对淋巴瘤细胞及 CD19+CAR-T 细胞的增殖及凋亡的影响；利用 BMSCs 与 Raji 细胞的多细胞球体实验来检测封闭 CXCR4/CXCL12 对 CD19+CAR-T 细胞杀伤 B 淋巴瘤细胞作用的影响；封闭 CXCR4 对 CD19+CAR-T 细胞杀伤肿瘤细胞的影响、细胞因子分泌的区别。

结果 1、高表达 CXCR4 的细胞比低表达 CXCR4 的细胞恶性程度更高。2、多细胞球体实验证明，给予 AMD3100 使得更多的 CD19+CAR-T 细胞进入到肿瘤球体中，增强了 CD19+CAR-T 对 Raji 细胞的杀伤作用。3、存在 BMSCs 时，CD19+CAR-T 对 Raji 细胞的杀伤作用减弱。加入 AMD3100 可以增强 CD19+CAR-T 对 Raji 细胞的杀伤作用。4、CD19+CAR-T 治疗前给予 AMD3100 组和未应用 AMD3100 组比较，小鼠模型的体积缩小更明显，骨髓、脾等转移更少，生存期延长，差异有统计学意义。

结论 CXCR4 在 B 细胞淋巴瘤细胞表面表达情况不一，大多数为高表达。并且，高表达的 B 细胞淋巴瘤细胞恶性程度更强。作为 CXCR4 的抑制剂，AMD3100 能有效阻断 B 淋巴瘤细胞的 CXCR4/CXCL12 通路，抑制肿瘤细胞的侵袭和趋化能力，但它脱离不了肿瘤微环境的分泌作用。在应用 CD19+CAR-T 细胞治疗 B 细胞淋巴瘤时，肿瘤微环境的作用是复杂的，一方面它可以滋养我们的 CAR-T 细胞，促进其增殖。同时也可以抑制 CAR-T 细胞的功能，在这一系列作用中，CXCR4/CXCL12 通路起到了重要的作用。应用 AMD3100 封闭 CXCR4 受体后，CD19+CAR-T 细胞杀伤 Raji 细胞的作用增强。并且，在小鼠模型体内实验中，验证了 CD19+CAR-T 治疗联合 AMD3100 的治疗效果更好，小鼠模型具有更长的生存期及更少的骨髓转移。而且我们推断 CXCR4/CXCL12 在 B 细胞淋巴瘤中的作用是与 PTEN-AKT 通路密切相关。

PO-1516

原发性中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤临床特征 及预后因素分析--基于单中心回顾性研究

许能文²、袁相贵¹、刘辉¹、梁赞¹、钱文斌¹

1. 浙江大学医学院附属第二医院

2. 丽水市中心医院

目的 原发性中枢神经系统淋巴瘤(PCNSL)是结外非霍奇金淋巴瘤的罕见亚型，弥漫大 B 细胞淋巴瘤为其最常见的病理亚型。目前关于 PCNSL 临床特征及预后因素分析的报道多来自于个案或单中心小样本报道，缺乏大样本人群研究。PCNSL 报道以西方国家居多，相比之下，中国相关的报道仍然相对有限。本研究旨在回顾性分析浙江地区单中心原发性中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤人群的临床病理特点及预后情况，以便为临床医生提供一定的数据参考。

方法 本研究纳入 2003 年 1 月至 2021 年 5 月期间在浙江大学医学院附属第二医院诊断的 205 例免疫功能正常的 PCNS-DLBCL 患者，收集临床病理资料。回顾性分析 PCNS-DLBCL 的临床诊治特点及预后情况。

结果 1.确诊时的中位年龄为 62 岁(年龄范围 18-96)。男女性别比为 1.28:1.00(115:90)。两性发病人数均在 60-69 岁达到高峰。所有患者均进行了诊断性活检。总共 76 例(37%)患者接受了肿块完全切除术，43 例(21%)患者接受了部分切除活检，86 例(42%)患者接受了立体定向活检。头痛(n=82;40%)和运动障碍(n=74;36%)是最常见的症状，而 B 症状(n=4;2%)罕见。2.大部分病灶位于大脑半球(n=129; 63%)，其中额叶(n=81; 40%)最常见。90 例患者(44%)观察到多灶性病变。65%的患者(133 例)有深部脑受累。3.病理特征方面，141 例(68%)属于 non-GCB 亚型，32 例(16%)属于 GCB 亚型，32 例(16%)不能分类。4. 93%(191/205)患者有详细治疗方案。在 191 例患者中，179 例(94%)患者接受了积极治疗，而 12 例(6%)患者接受了姑息性治疗。在接受化疗的 161 例患者中，大部分患者(n=125;78%)接受大剂量甲氨蝶呤(HD-MTX \geq 3.5g/m²)治疗。5. 中位随访时间为 28 个月，中位总生存期(OS)为 38 个月，中位无进展生存期(PFS)为 17 个月。多病灶和姑息治疗为 PFS 独立不良危险因素，多病灶、不含 HD-MTX 的治疗方案及姑息治疗为 OS 独立不良危险因素。

结论 原发性中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤以 non-GCB 型为主，男女发病率性别比为 1.28:1.00，初诊时中位年龄为 62 岁。首发临床表现主要为头痛和运动障碍，病变部位主要以额叶、基底节区和丘脑为主，接近半数患者表现为神经系统多病灶。37%患者接受肿块完全切除术，21%患者接受部分切除活检，42%患者接受立体定向活检，化疗方案多数选择基于 HD-MTX 的联合方案。神经系统多病灶和姑息治疗为 PFS 独立不良危险因素，神经系统多病灶、不含 HD-MTX 的治疗方案及姑息治疗为 OS 独立不良危险因素。

PO-1517

伴有合并症的弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的临床特征及预后分析

杨莉莉、师锦宁、马永超、周璇、张文静、张巍
南京医科大学附属江宁医院

目的 分析江苏省基层淋巴瘤工作组成员单位中伴有合并症的弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 患者临床特征，探讨一线应用 R-CHOP (利妥昔单抗 + 环磷酰胺 + 多柔比星 + 长春新碱 + 泼尼松) 样方案治疗患者的预后影响因素。

方法 收集基层淋巴瘤工作组成员单位中同时伴有合并症 (冠心病、高血压、糖尿病) 的 DLBCL 患者的临床及生存资料，回顾性分析一线接受 R-CHOP 样方案化疗患者中影响疗效及预后的相关危险因素。

结果 81 例伴有合并症的 DLBCL 患者纳入研究，其中既往有冠心病者 17 例，伴有高血压者 37 例，伴有糖尿病者 27 例，同时伴有 2 种及以上合并症的患者 16 例。R-CHOP 样方案、R-CHOP+X 方案对伴有合并症的 DLBCL 患者生存影响差异无统计学意义 ($P > 0.05$)。单因素分析显示患者合并症 ≥ 2 种、细胞起源、临床分期、B 症状、ECOG 评分、IPI 评分、血红蛋白水平、淋巴细胞/中性粒细胞、血清 LDH 水平对疗效有显著影响 ($P < 0.05$)；患者合并症 ≥ 2 种和临床分期对患者的总生存 (OS) 有显著影响 ($P < 0.05$)。Cox 多因素分析提示患者合并症 ≥ 2 种和临床分期是影响患者 OS 的独立因素 ($P < 0.05$)。

结论 伴有冠心病和/或高血压和/或糖尿病合并症的 DLBCL 患者在基层淋巴瘤中心较为常见，合并症 ≥ 2 种的患者预后较差。这些提示需重视伴有合并症的 DLBCL 患者的预后影响因素，力求做到个体化诊疗，延长患者生存及提高生活质量。

PO-1518

EBV 阳性淋巴结 T 细胞及 NK 细胞淋巴瘤 合并噬血细胞综合征 一例并文献复习

宋巧巧¹、葛仁英²、熊婷²

1. 湖北科技学院

2. 咸宁市中心医院

目的 提高临床医生对 EBV 阳性淋巴结 T 细胞及 NK 细胞淋巴瘤的认识。

方法 对 2023 年 4 月咸宁市中心医院诊治的 1 例 EBV 阳性淋巴结 T 细胞及 NK 细胞淋巴瘤 (Primary EBV-positive nodal T/NK-cell lymphoma, PTCL-EBV) 的临床诊疗过程进行分析和总结, 并复习国内外最新文献。该患者为 71 岁女性, 患者 2023 年初起无明显诱因出现双侧腋下淋巴结增大, 未给予特殊处理。2024 年 3 月自觉右侧腋窝淋巴结进行性肿大伴疼痛、发热、乏力、消瘦; 伴全身多发淋巴结肿大、全血细胞减少、肝功能衰竭、脾大, 乳酸脱氢酶、 $\beta 2$ 微球蛋白、甘油三酯、血清铁蛋白升高; 纤维蛋白原降低; EB 病毒核酸: 5.84×10^5 ; 骨髓细胞学示: 形态异常淋巴细胞比例占 18%, 噬血现象可见。流式免疫分型示: 可见异常 T 淋巴细胞 (16%); 骨髓活检示: 淋巴细胞散在或小灶分布易见、部分形态异常; 同时完善淋巴结粗针穿刺病理诊断示: 考虑结内 EBV 阳性 NK/T 细胞淋巴瘤。头颈部增强 MRI 未见确切异常。结合上述检查结果考虑诊断为: EBV 阳性淋巴结 T 细胞及 NK 细胞淋巴瘤、噬血细胞综合征。

结果 根据 HLH-1994 方案给予地塞米松联合依托泊苷治疗半月后, 患者血常规、肝功能、胆红素、凝血功能、体温均恢复正常, 患者强烈要求出院给予办理, 院外继续口服地塞米松治疗半月后患者猝死。

结论 PTCL-EBV 是一种系统性疾病, 成人发病罕见, EBV 感染的 T/NK 细胞的克隆性增殖是其重要特征, 常累及多系统, 临床表现为发热、淋巴结肿大、肝脾肿大、血细胞减少等, 成人患者呈高侵袭性病程, 早期容易误诊、漏诊, 目前缺乏有效治疗手段, 预后极差, 早期认识这组疾病并及时给予有效治疗有助于改善预后。

PO-1519

结合免疫趋化因子特征构建滤泡性淋巴瘤的预后风险标志物

龙再飞、王志红、赖毅婷、丁玲玲、张文慧、邹梦齐

福建省立医院

目的 本研究旨在通过生物信息学分析, 基于滤泡淋巴瘤 (FL) 和公共数据库中的免疫趋化因子特征, 为研究 FL 的预后和免疫相关机制提供新参考。

方法 从公共数据库中下载 FL 数据和趋化因子相关基因集数据, 对合并的数据进行回归分析, 构建趋化因子相关风险模型, 应用 Kaplan-Meier (K-M) 分析和受试者工作特征 (ROC) 曲线在训练集和验证集中验证模型。随后, 使用 HMDD 数据库预测与 FL 差异表达基因 (DEGs) 相关的潜在 miRNAs。最后, 发掘模型与肿瘤微环境 (TME) 的关系。

结果 我们筛选了具有显著影响的与 FL 相关的 6 种免疫趋化基因中并构建预后模型。ROC 曲线验证模型可靠性、K-M 曲线证实低风险 (LR) 组预后表现更好。通过检索 HMDD 数据库, 确定了与 FL 相关的 4 种 miRNA (has-mir-17、has-mir-31、has-mir-15a 和 has-mir-142)。免疫相关分析发现, 在 LR 组中, Macrophages、Check-point、Inflammation-promoting、T_helper_cells、CCR 的浸润水平较高并与风险评分显著负相关。

结论 我们建立了一个由 6 种趋化因子基因组能有效预测 FL 患者的风险模型, 该模型与 FL 的微环境密切相关。后续我们拟采取前瞻性队列实验进行验证, 证实该模型可以作为 FL 患者的可靠预

后风险标志物。总之，本研究的趋化因子相关基因风险模型，能够预测 FL 患者的预后。此外，该模型与 FL 的 TME 密切相关，这可能为未来的免疫相关研究提供新的见解。

PO-1520

一款新型 CD19、CD22 双靶点全人源环状 CAR-T 治疗复发/难治性非霍奇金淋巴瘤的疗效与安全性

王晗好、王高翔、李童娟、张沛凌、毛泽楷、罗辉、朱晓健、周剑峰、周晓曦、黄亮
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 靶向 CD19 的嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 在治疗 r/r B 细胞恶性肿瘤中显示出良好的疗效。然而抗原逃逸复发和 CAR-T 治疗毒性如 CRS、ICANS 等阻碍了 CAR-T 的临床应用。既往研究提示双靶点 CAR-T 以及利用人源化抗体片段可能是解决方法。

方法 我们最先设计了一款 CD19、CD22 双靶点全人源二价环状 CAR-T (CT120)，并纳入 23 名 r/r NHL 患者进行了开放标签、单中心、单臂 I/II 期试验，以探索 CT120 的有效性和安全性。

结果 23 例患者中最好总体反应率 ORR 为 65.2%。中位无进展生存期 PFS 和总生存期 OS 在 30.9(1.8-37.9)个月的中位随访后未达到。一年的 PFS、OS 率分别为 55.3%、77.3%。两年和三年的 PFS 和 OS 率一致，分别为 50.2%和 72.5%。大包块、IPI>2、结外病变数>2 或 MYD88 突变的患者预后更差。11 例复发患者中 7 例进行了肿瘤免疫表型分析，仅 1 例患者 CD19 靶点密度降低，但 CD22 仍保持阳性。≥3 级 CRS 仅发生在 1 例患者(4.3%)中，没有患者发生 ICANS。我们注意到 CT120 输注后早期和晚期细胞减少的发生。中性粒细胞减少呈双相模式，在第三周间歇性恢复，而血红蛋白和血小板水平呈单相模式，在第二个月有一个持续时间较长的低谷。我们还发现严重贫血与预后不良之间存在显著相关性。

结论 CD19、CD22 双靶点 CAR-T (CT120) 输注是有效且安全的，同时减少了抗原逃逸复发，为 r/r NHL 患者的治疗提供了新的可能。

PO-1521

Ocular adnexal marginal zone B-cell lymphoma: a single center retrospective study

CHONG ZHAO, Shaoxin Yang, Jun Shi
Shanghai Ninth People's Hospital, Shanghai JiaoTong University School of Medicine

Objective Ocular adnexal extranodal marginal zone B-cell lymphoma of mucosa-associated lymphoid tissue (OA-EMZL) is a rare form of non-Hodgkin's lymphoma, and the need for treatment in stage I-II patients remains uncertain. The objective of this study was to investigate whether patients with stage I-II need treatment

Methods A retrospective cohort study was conducted in a single-situation, and 59 patients with newly diagnosed primary localized OA-EMZL in stage I-II were enrolled. Detailed data of disease characteristics at diagnosis and treatments were collected for all patients. We compared progression-free survival (PFS) among patients with different treatments.

Results The median age was 60, with a male predominance (female : male=1:1.56). the 2-year PFS and 3-year PFS was 95.85% and 69.68%, respectively. Of the 59 patients, 32 underwent watchful waiting, whereas 27 received radiotherapy, immunotherapy, or immunochemical therapy. About surgical methods, 20 patients received complete resection of neoplasm, whereas 27 had residual lesion after surgery. Among the treated patients, the one who received complete resection and incomplete resection accounted for 7/27 and 20/27, respectively, and the 3-year

PFS of the two groups were 100% and 58.33%, respectively ($p=0.17$). In the complete resection group, the proportion of patients underwent watchful waiting and treatment was 13/20、7/20, the PFS at 3 years were 72.92% and 100%, respectively ($p=0.22$). In the incomplete resection group, 19/39 and 20/39 patients received watchful waiting and treatment, respectively. The 2-year PFS were 94.74% and 100%, respectively ($p=0.51$).

Conclusion Overall, treatment was associated with a good prognosis compared to watchful waiting after surgery. Surgical resection should be performed as completely as possible to reduce the risk of disease recurrence.

PO-1522

基于 SEER 数据库的原发性中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤预后列线图的构建与验证

许能文²、袁相贵¹、刘辉¹、梁赞¹、钱文斌¹

1. 浙江大学医学院附属第二医院

2. 丽水市中心医院

目的 基于美国监测、流行病学和最终结果(Surveillance, Epidemiology and End Results, SEER)数据库构建并验证原发性中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的预后列线图模型,以更精准和便捷地预测该类患者的预后。

方法 通过 SEER*Stat(8.4.2 版)软件获取 SEER 数据库 2000 年至 2018 年原发性中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的病例资料,对其临床及预后资料做相关分析。以 8:2 比例将筛选所得病例随机分为训练集及验证集。运用 R 语言 4.2.1 版软件进行 Lasso 回归及多因素 Cox 回归分析确定原发性中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤的独立预后危险因素,由上述预后因素构建预后预测模型,结果以可视化列线图呈现。通过受试者工作特征曲线(Receiver Operating Characteristic,ROC)、一致性指数(index of concordance,C-index)、校准曲线评估列线图的可靠性。

结果 1.共筛选出 2458 例患者,其中训练集 1966 例,验证集 492 例。经 Lasso 回归及多因素 Cox 回归分析后,年龄、种族、手术、婚姻状态及化疗 5 个因素为原发性中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的独立预后因素($P<0.05$)。

2.训练集与验证集的 C-index 分别为 0.704(95%CI0.697-0.712)和 0.709(95% CI:0.695-0.724)。ROC 曲线预测其 1 年、3 年及 5 年生存率的 AUC 值,其中训练集分别为 0.749、0.757 和 0.746,内部验证集分别为 0.763、0.783 和 0.764。外部验证集的 C-index 为 0.708(95%CI 0.700-0.715),ROC 曲线预测 PCNS-DLBCL 患者 1、3、5 年生存率的 AUC 分别为 0.758、0.711、0.725。模型的校正曲线显示预测值与实际观测值具有良好一致性。

结论 本研究是基于 SEER 的较大样本 PCNS-DLBCL 临床特征及预后相关因素研究。研究发现年龄、种族、手术、婚姻状态及化疗与原发性中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的预后相关,本研究构建的列线图模型能较准确地预测该类患者的预后状态。相较于传统 IELSG 及 MSKCC 预后评分系统,本模型预后因素包含治疗信息,其预后的准确性可能更好,但其广泛应用仍需大样本和前瞻性验证。

PO-1523

来那度胺联合利妥昔单抗及甲氨蝶呤治疗新诊断原发性中枢神经系统淋巴瘤的单中心、单臂、探索性临床研究

许能文²、袁相贵¹、刘辉¹、梁赞¹、钱文斌¹

1. 浙江大学医学院附属第二医院

2. 丽水市中心医院

目的 原发性中枢神经系统淋巴瘤(PCNSL)的治疗在过去几十年中不断发展,其一线标准全身治疗包括诱导和巩固/维持治疗。巩固/维持策略通常根据患者情况而定,包括全身治疗、放疗和干细胞移植。以大剂量甲氨蝶呤(high-dose methotrexate,HD-MTX)为基石的治疗方案被认为是初治PCNSL患者的标准诱导方案。MTX 3.5g/m²因疗效佳、安全性好被推荐为常规治疗剂量。化疗联合放疗可显著提高疗效。近年来,多项研究均表明一线以HD-MTX为基础的化疗方案联合利妥昔单抗可以提高PCNSL患者的生存。来那度胺单药维持疗法对中枢神经系统淋巴瘤被证实有效,且对老年人也耐受。但目前首选一线联合化疗方案尚未明确。本研究旨在评估R2-MTX(来那度胺、利妥昔单抗和甲氨蝶呤)作为无法或不愿意进行自体造血干细胞移植PCNSL患者一线诱导治疗方案的有效性和安全性。

方法 这是一项针对新诊断的PCNSL患者的单中心、单臂、探索性临床研究。诱导治疗包括六个周期的来那度胺(25 mg/天,口服,d1-10)、利妥昔单抗(375 mg/m², IV, d1)和甲氨蝶呤(3.5g/m², IV, d1),每3周一次。随后进行维持治疗,共四个周期,具体方案为来那度胺(25mg/天,口服,d1-14, d29-42)和利妥昔单抗(375 mg/m², IV, d1),每8周给药一次。主要观察终点是诱导治疗后的客观缓解率(ORR)。次要观察终点包括无进展生存期(PFS)、总生存期(OS)和安全性。

结果 1. 在2020年1月1日至2022年5月16日期间,共有17名患者入组。在诱导治疗结束时,13名(76.5%)患者达到完全缓解(CR),2名(11.8%)患者部分缓解(PR),ORR为88.2%(95%CI:63.6%-98.5%)。中位随访时间为23.0个月(范围,1-41个月),2年PFS和3年OS率分别为58.8%和76.0%。亚组分析显示,低中等IELSG风险的患者与高风险患者相比具有更好的PFS(P=0.0035)和OS(P=0.01)。

2. 最常见的≥3级治疗相关不良事件包括中性粒细胞减少症(47.1%)、白细胞减少症(23.5%)、血小板减少症(11.8%)、谷丙转氨酶升高(5.9%)和谷草转氨酶升高(5.9%)。

结论 R2-MTX方案显示出较好的疗效和生存获益,且毒副反应可控,可能为新诊断的PCNSL患者提供了新的治疗选择,但仍需通过前瞻性、随机对照的临床研究来进一步验证和明确其疗效。

PO-1524

ORELABRUTINIB, RITUXIMAB, AND THIOTEPA COMBINED WITH OR WITHOUT HIGH-DOSE METHOTREXATE IN UNTREATED PRIMARY CENTRAL NERVOUS SYSTEM LYMPHOMA

Wenjuan Yu¹, Chunmei Yang¹, Juying Wei¹, Ying Lu², Liping Mao¹, Yanan Zhu¹, Xiang Zhang¹, Xuewu Zhang¹, Xingnong Ye¹

1. The First Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine

2. Yinzhou Hospital, Affiliated to College of Medicine, Ningbo University

Objective Background and Aims: Primary central nervous system lymphoma (PCNSL), an aggressive extranodal non-Hodgkin's lymphoma confined to the central nervous system, presents a poor prognosis. Conventional first-line treatment for PCNSL, including high-dose methotrexate

(HD-MTX) and rituximab followed by whole-brain radiation therapy or autologous stem cell transplantation (ASCT), exhibited limited efficacy and severe toxicities. Thiotepa is a polyfunctional alkylating agent with promising anti-tumor activity by disrupting DNA bonds. Orelabrutinib, a potent Bruton's tyrosine kinase (BTK) inhibitor displaying high blood-brain barrier permeability, showed effects against PCNSL. Thiotepa, orelabrutinib, and rituximab combined with or without HD-MTX may improve the treatment outcomes in untreated PCNSL patients. This study (ChiCTR2200062302) was conducted to evaluate the efficacy and safety of orelabrutinib, rituximab, and thiotepa (ORT) regimen, combining with or without HD-MTX, in untreated PCNSLs. **Methods** In this single-arm study, untreated PCNSLs (aged ≥ 18) received ORT (orelabrutinib 150 mg per day orally, rituximab 375 mg/m² intravenously [IV] on day 0, thiotepa 40 mg/m² IV on day 1) in a 21-day cycle. HD-MTX (3.5 g/m² IV on day 2) was only concurrently administered every 3 weeks to patients aged ≤ 60 with normal renal function. After 4 cycles, patients achieving response continued same dosing for up to 4 cycles, and ASCT was also recommended for those aged ≤ 60 ; when complete response (CR) occurred, orelabrutinib maintenance was followed until the completion of 2-year treatment, unacceptable toxicity, withdrawal of consent, progressive disease (PD), death. The tumor was assessed by combined positron emission tomography/computed tomography and magnetic resonance imaging per Lugano classification. Adverse events (AEs) were graded according to the Common Terminology Criteria for Adverse Events, version 5.0. The primary endpoint was objective response rate (ORR). Secondary endpoints included disease-free survival (DFS) and overall survival (OS).

Results Between August 2022 and January 2024, a total of 12 patients with untreated PCNSLs were enrolled in our study, with 6 receiving ORT and 6 receiving ORT+HD-MTX. The median age was 65 years (range: 49-78). Eight (72.7%) of 12 patients were classified as MCD subtype. At the data cutoff (February 27, 2024), median follow-up was 7.5 months (range, 1.6-18.4), and the median treatment cycle was 4.5 cycles (range, 2-8). Nine patients (ORT, n=5; ORT+HD-MTX, n=4) completed ≥ 4 cycles of treatment and underwent evaluation, of whom 8 (88.9%) achieved CR for an ORR of 88.9%, with the longest duration being 18.4 months; 1 (11.1%) had PD and 12-month PFS rate was 88.9%. Six responders received orelabrutinib maintenance treatment, and 2 underwent ASCT. The CR rate and ORR were both 80.0%, and 12-month PFS rate was 75.0% in patients receiving ORT; all achieved CR in 4 patients receiving ORT+HD-MTX with a 12-month PFS rate of 100%. None of the patients achieving CR developed disease recurrence. OS and DFS data are still immature. Adverse events (AEs) occurred in 10 of 12 patients (83.3%), with leukopenia (9/12, 75.0%) and anemia (5/12, 41.7%) being common. Only two patients (16.7%) reported grade ≥ 3 AEs (leukopenia).

Conclusion Summary/Conclusion: The combination of ORT with or without HD-MTX regimen has shown preliminary efficacy and manageable safety in PCNSL. As additional data is collected, these results will continue to be updated.

PO-1525

rWTC-MBTA Vaccine Induces Potent Immune Responses Against Central Nervous System Lymphoma

Yaping Zhang¹, Wenyu Shi¹, Herui Wang², Zhengping Zhuang²

1. Affiliated Hospital of Nantong University

2. National Institutes of Health

Objective Our group has embarked on the exploration of a pioneering vaccine strategy comprising irradiated whole tumor cells combined with mannan-BAM, Toll-like receptor (TLR) agonists, and CD40 ligands. This multifaceted approach has demonstrated therapeutic promise in a spectrum of tumor models, including those of colon carcinoma, breast tumors, and melanoma, suggesting its potential versatility across different cancer types. Crucially, given the unique immunobiology of lymphoma, particularly the distinct expression patterns of TLRs during the

various stages of B cell development, and the known immunostimulatory function of CD40 ligands, our research now turns to the evaluation of the rWTC-MBTA vaccine's efficacy within lymphoma models. The central question we aim to address is whether this vaccine strategy that has shown success in other tumor types can extend its therapeutic benefits to lymphoma, including the challenging context of central nervous system (CNS) lymphoma.

Methods To investigate the efficacy of the rA20-MBTA vaccine in treating central nervous system (CNS) lymphoma, we established an intracranial A20 lymphoma model in BALB/c mice. We intracranially injected syngeneic A20 cells (50,000 cells per mouse) into the right frontal lobe. Brain pathology was assessed five days after injection to confirm successful A20 cell implantation. Following this, mice were allocated into two groups for treatment: PBS (control) and rA20-MBTA. The rA20-MBTA vaccine was administered subcutaneously to the right flank daily for three days, with subsequent weekly administrations for a duration of four weeks. Mice were monitored until the endpoint.

Results The vaccine of rWTC-MBTA demonstrated obvious efficacy in inhibiting tumor growth and extending survival in intracranial lymphoma model. Treatment with the rA20-MBTA vaccine significantly enhanced overall survival rates to 33.3%, compared to the control group treated with PBS ($P=0.0189$), underscoring the rA20-MBTA vaccine's potential as a therapeutic strategy for CNS lymphoma. To further illustrate the dynamic efficacy of the rA20-MBTA vaccine in eliciting a strong antitumor immune response against A20 lymphoma in the CNS, three specific time points were designated for collecting brains for histopathology examination: day 8 following the first vaccine cycle (days 5-7), day 15 after the second cycle (days 12-14), and day 22 subsequent to the third cycle of treatment (days 19-21). This approach was designed to closely monitor the evolution of the immune response over time. Three days post-vaccination (Day 8), HE staining of whole brain sections revealed that tumor growth patterns were similar between the control and vaccine groups, with tumors clustering and present in both the parenchyma and lateral ventricles. Infiltration of CD4+ and CD8+ T cells into the tumor microenvironment (TME) was minimal and comparable between groups. By Day 15, ten days after vaccination, notable immunological changes were observed. In the control group, tumors began to invade the meninges, as evident from gross HE staining morphology. Conversely, in the vaccinated group, tumor expansion remained confined to the parenchyma and was limited in the lateral ventricles. Although increased T cell infiltration was noted in the TME of both groups, the subtype distribution differed; the control group saw a significant rise in CD4+ T cells, whereas the vaccinated group exhibited a marked increase in CD8+ T cells, accompanied by elevated PD1 expression. Seventeen days post-vaccination (Day 22), the PBS-treated group's tumors had infiltrated the parenchyma, lateral ventricles, and meninges, maintaining a clustered morphology. In contrast, tumors in the vaccinated group began to disperse and were not observed infiltrating the lateral ventricles or meninges. T cell analysis showed a reduction in both CD4+ and CD8+ T cells in the control group. Meanwhile, the vaccinated group maintained low CD4+ expression and high CD8+ and PD1 expressions. These findings highlight the vaccine's capacity to elicit a specific and dynamic immune response against CNS lymphoma. Meanwhile, T cell depletion experiment proved that the immune efficacy of vaccine depends on CD4/CD8. Furthermore, the assessment of antitumor cytokine levels, including IFN- γ and TNF- α , through co-culture with lymph nodes and spleen cells revealed that the rA20-MBTA vaccine not only establishes lasting immunological memory, but also elicits a stronger cytokine release response against lymphoma cells.

Conclusion The rWTC-MBTA showed excellent efficacy in central nervous system lymphoma mouse model, and provided long-term protection to prevent relapse by inducing memory immunity.

PO-1526

Real-world analysis of orelabrutinib in patients (pts) with chronic lymphocytic leukemia (CLL)/small lymphocytic lymphoma (SLL)

Wenjuan Yu, Xuewu Zhang, Haitao Meng, Gaixiang Xu, Min Yang, Wanzhuo Xie, Juying Wei, Liya Ma, Xingnong Ye, Liping Mao, Wenyan Mai, Chunmei Yang, Yinjun Lou, Yanling Ren, Hongyan Tong, Yanan Zhu, Xiang Zhang
First Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine

Objective Background and Aims: CLL/SLL is the most common B-cell malignancy associated with chronic active B-cell receptor (BCR) signaling. Bruton's tyrosine kinase inhibitor (BTKi) has become the preferred treatment for most first-line and relapsed pts with CLL/SLL. Orelabrutinib is an optimized, novel, and highly selective BTKi with a unique molecular structure, which can effectively avoid or reduce the clinical toxic side effects of existing BTKi. The treatment of 80 Chinese patients with relapsed refractory CLL/SLL showed excellent efficacy and safety, with a median follow-up of 32.3 months and a median onset time of 1.9 months. The objective response rate assessed by the investigators was 93.8%, and the complete response rate was as high as 26.3%. Orelabrutinib has notably improved patient outcomes with CLL/SLL, but real-world data remain scarce. This study aimed to evaluate the efficacy and safety of orelabrutinib in pts with CLL/SLL in the real world. The characteristics of patients treated with aubutinib alone or in combination were further analyzed.

Methods This retrospective study included pts with pathologically confirmed CLL/SLL and had pts received orelabrutinib as initial treatment or have been receiving orelabrutinib for ≥ 3 months between December 25, 2020 and November 30, 2023. The main outcomes were hematologic response rate (HRR), including hemoglobin (Hb) response (Hb value return to or increase $\geq 50\%$ from baseline), platelet (Plt) response (Plt count return to or increase $\geq 50\%$ from baseline), or lymphocyte (Lym) response (Lym count return to or reduce $\geq 50\%$ from baseline) in pts with abnormal baseline hematologic parameters. Secondary endpoints were overall objective response (OS, the evaluation criteria was iwCLL2018); demographic and clinical characteristics of patients initially treated with orelabrutinib; progression-free survival (PFS) and safety assessed by incidence of adverse events (AEs). In subgroup analysis, we also collected information on patients' comorbidities, drug combinations, IGHV, TP53, 17p-testing, and time from diagnosis to treatment.

Results 44 pts (32 males, 12 females; median age, 65 years [range, 44-85]) with CLL/SLL at median follow-up of 6.7 months (range, 0.7-25.7) were included; of whom, the majority had ECOG PS of ≥ 1 (23/44; 52.3%) and enlargement of lymph nodes (24/44; 54.5%), comorbidity (19/44; 43.2%). 40.9% of patients were Binet C (18/44), while Binet A was 16% and Binet B was 18%. 26.7% had cardiovascular complications. 21 (21/44; 47.7%) pts were treatment-naïve and 21 (21/44; 47.7%) were relapsed or refractory (RR) diseases. The median treatment line was 1 (range, 1-6), and most of the pts were the first- (21/44; 47.7%) or second-line of treatment (12/44; 27.3%). 13 of 44 pts (29.5%) had received prior therapy with other BTKi (2 SS-001, 8 ibrutinib, 4 zanubrutinib) and switched to orelabrutinib mostly due to intolerance of AEs (6/13; 46.2%) and unsatisfactory efficacy (5/13; 38.5%). Of the 44 patients, 41 were treated with monotherapy and 2 were treated with a combination of glucocorticoids. Adverse reactions, such as hyperglycemia, liver failure, hypertension, and rash were all classified as intolerance. 41 (41/44; 93.2%) pts received orelabrutinib monotherapy and 2 (2/44; 4.5%) received combination therapy. During treatment, 7 of 44 (15.9%) pts occurred AEs. 1 (1/44; 2.3%) pts had a dose reduction of orelabrutinib and was successfully relieved. Adverse reactions that require treatment include lung infection and cough. Other adverse reactions such as reduced platelet counts, itchy skin, petechiae, and infections were not interfered with. The median PFS of all pts was not reached, with a 12-month PFS rate of 95.8% (95% CI, 88.2%-100%). The 12-month PFS rate of treatment-naïve pts was 100% (95% CI, 100%-100%), the 12-month PFS rate of RR pts was 93.3% (95%

CI, 81.5%-100%), of whom only 1 patient progressed (Figure 1). A blood routine examination showed that 28 pts (63.6%) were abnormal. In 18 pts evaluable for hematologic response assessment, HRR was 66.7% (12/18). Lymphocytes returned to normal in 5 patients, hemoglobin returned to normal in 8 patients, platelets returned to normal in 3 patients, lymphocytes decreased by $\geq 50\%$ from baseline in 10 patients, hemoglobin increased by $\geq 50\%$ from baseline in 5 patients, and platelets increased by $\geq 50\%$ from baseline in 3 patients. No significant difference was found in HRR between pts in the presence or absence of comorbidities ($p=0.162$) and cardiovascular comorbidities ($p=0.231$).

Conclusion Summary/Conclusion: Up to now, this retrospective analysis is the largest real-world data analysis of orelabrutinib in pts with CLL/SLL from a single center in China. Orelabrutinib obtained encouraging hematologic response and favorable safety in pts with treatment-naïve or RR CLL/SLL based on limited real-world data, which provides beneficial evidence for the treatment of CLL/SLL. Whether the patients had comorbidities did not affect the therapeutic effect of orelabrutinib. BTKi is a commonly used therapeutic regimen for B-cell malignancies. If adverse reactions occur in patients using BTKi, CSCO guidelines suggest that BTKi with fewer adverse reactions can be replaced to avoid similar side effects. In this study, we found that patients who had previously used BTKi showed better tolerability and safety when replaced with orelabrutinib. We will report more real-world data on CLL/SLL pts in the future.

PO-1527

CAR-T cell therapy targeting BCMA for relapsed/refractory plasmablastic lymphoma

Liang Wang, Liwei Lv, Jia Cong, Yiping Wu
Beijing Tongren Hospital, Capital Medical University

Objective Plasmablastic lymphoma (PBL), a rare and aggressive subtype of large B-cell lymphoma, has a poor prognosis without standardized treatment protocols. Traditional therapeutic strategies have yielded suboptimal outcomes. Chimeric antigen receptor T-cell (CAR-T) therapy has revolutionized the management of diffuse large B-cell lymphoma and multiple myeloma, offering hope for patients with PBL. However, empirical evidence supporting the application of CAR-T in PBL treatment remains scant.

Methods Here we reported a case of an elderly patient with PBL who achieved a complete response following B-cell maturation antigen (BCMA)-CAR-T therapy. The patient provided informed consent to participate in the study of CAR-T cell therapy, approved by the Ethics Committee of Beijing Tongren Hospital (No. TRECKY2021-225).

Results A patient in his 70s presented to the Hematology Department of Beijing Tongren Hospital, with a one-month history of a right submandibular mass. Positron emission tomography-computed tomography (PET-CT) shows that the tumor involves multiple lymph nodes and extranodal organs. A biopsy of the abdominal mass confirmed the diagnosis of PBL. The patient initially received six cycles of the V-EPOCH regimen (bortezomib, etoposide, doxorubicin liposomes, vindesine, cyclophosphamide, dexamethasone), achieving a complete response (CR) after four cycles. However, the fifth cycle was delayed due to *Pneumocystis carinii* pneumonia. After six cycles, disease recurrence was confirmed by PET-CT and pathology. Subsequent treatment with a combination of daratumumab, lenalidomide, linterlisib, and dexamethasone led to a transient response and then quickly progressed with extensive lymphoma infiltration. Weak expression of BCMA in the pathological tissues prompted us to administer BCMA CAR-T therapy after bridging chemotherapy. The patient experienced only grade 1 cytokine release syndrome (CRS) without immune effector cell-associated neurotoxicity syndrome (ICANS). CAR T-cell expansion was satisfactory on days 7, 10, 14, and 28. After 28 days, the efficacy was evaluated as CR through PET-CT.

Conclusion We reported a case of BCMA CAR-T therapy leading to CR in an elderly patient with relapsed and refractory PBL. This case offers hope for patients with PBL in terms of potential survival prolongation and prognostic improvement. Future clinical and basic research endeavors are anticipated to yield further insights into the application and mechanisms of CAR-T therapy in PBL management.

PO-1528

Advances in the multi-omics landscape of follicular lymphoma

Tianyuan Xu, zhong zheng, rui sun, nan wang, ruichi li, weili zhao
上海交通大学医学院附属瑞金医院

Objective Follicular lymphoma (FL) is the second most common type of non-Hodgkin's lymphoma, accounting for approximately 15-25% of adult lymphomas with an annual incidence of 3-5/100 000. As an indolent lymphoma, about 80% of FL patients have an overall survival (OS) of more than 10 years, but most patients experience recurrent remission and relapse with increasing drug resistance. Moreover, a subset of patients experiences early progression or transformation and has a poor prognosis. The underlying genetic, epigenetic, and microenvironmental mechanisms driving FL progression and resistance need to be further elucidated.

Methods The multi-omics approaches provide a comprehensive assessment of the biological features of disease by integrating information at different levels, including the genome, epigenome, transcriptome and proteome. These techniques have been applied to not only comprehensively elucidate the pathogenesis and progression of the disease, but also to identify the biomarkers for improving clinical management and explore novel treatment approaches.

Results Recurrent somatic gene aberrations mainly involve epigenetic modifiers, transcription factors, oncogenic pathways and microenvironment modulators. Single-cell transcriptomic analysis show marked inter- and intra-patient FL subclone heterogeneity. In addition, a comprehensive profile of microenvironmental components is provided, unveiling the crosstalk between tumor and microenvironment that induce FL progression and facilitate immune escape.

Conclusion These studies provide insights into the mechanisms and biomarkers of high-risk FL populations, as well as the potential targeted and immunotherapy options. Future research should focus on integrating multi-omics aberrations to optimize therapeutic strategies in FL.

PO-1529

心理护理干预对恶性淋巴瘤患者遵医行为和负性情绪的影响

袁海
陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨心理护理干预对恶性淋巴瘤 (ML) 患者遵医行为和负性情绪的影响。

方法 纳入 2021 年 1 月至 2024 年 1 月期间在我院收治的 90 例 ML 患者。根据护理干预方法将患者分为研究组 (n=45) 和对照组 (n=45)。对照组给予常规护理干预, 研究组在此基础上增加心理护理干预。心理护理干预措施包括健康认知干预、支持干预和行为干预。通过为期三个月的护理干预, 比较两组患者的焦虑、抑郁评分以及遵医行为。焦虑和抑郁情绪分别采用焦虑自评量表 (SAS) 和抑郁自评量表 (SDS) 进行评估, 遵医行为通过自行设计的调查问卷进行统计。

结果 护理干预三个月后, 研究组患者的 SAS 和 SDS 评分显著低于对照组, 差异具有统计学意义 (P<0.05)。具体而言, 研究组患者的正确用药、禁忌规避、情绪调节、自我监测、及时复查及

主动寻求专业求助的比例均显著高于对照组，差异均具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。这表明，心理护理干预能够有效减轻 ML 患者的焦虑和抑郁情绪，同时显著改善其遵医行为。

结论 心理护理干预对 ML 患者具有显著的积极影响。通过健康认知、支持和行为等多方面的心理干预措施，患者的负性情绪得到了有效缓解，治疗依从性显著提高。因此，心理护理干预作为一种有效的护理策略，值得在临床实践中推广应用，以提高 ML 患者的整体治疗效果和生活质量。

PO-1530

38 例肠病相关 T 细胞淋巴瘤的临床特征及治疗结局的回顾性分析

丁心

中国医科大学附属第一医院

目的 肠病相关 T 细胞淋巴瘤（EATL）作为罕见的原发于肠道的结外恶性淋巴瘤，具有高侵袭性和预后不良的特点。既往曾分为 I 型经典型和 II 型单形型，2016 年 WHO 分型将这两种亚型重新定义为两个新病种——EATL 和单形性亲上皮性肠道 T 细胞淋巴瘤（MEITL）。本次研究回顾性分析了共 38 例患者，通过对其临床资料和后期随访进行统计分析，明确预后相关危险因素，探寻早期诊断和更为合理的治疗方案，以提高该疾病的总体生存率。

方法 本研究选取 2011 年 7 月至 2023 年 10 月于本中心确诊为 EATL 和 MEITL 的患者共 38 例，收集相关临床资料，采用 SPSS 26.0 统计学软件进行数据分析以检验水准 $\alpha = 0.05$ ， $P < 0.05$ 被认为有统计学意义。

结果 1、临床表现（1）38 例患者中，男女比例为 2.8:1。平均诊断年龄为 64 岁。（2）本研究中 EATL 和 MEITL 临床表现的最常见的是腹痛，其次为腹胀、体重减轻、腹泻、消化道出血。（3）7 例 EATL 中，6 例累及小肠，1 例累及胃；31 例 MEITL 中，涉及小肠受累共有 25 例，其他部位受累包括胃、膀胱、肾上腺、阑尾、结肠。在本研究的 38 例患者中，未发现骨髓受累。（4）在确诊方式上，有 29 例患者行急诊手术确诊，7 例患者行内镜下活检确诊，2 例患者为影像学提示腹部肿物后行活检确诊。（5）在治疗方法上，以手术联合化疗为主，通过对比不同治疗方法的 CR 率，不同治疗方法之间疗效无明显统计学差异。

2. 对 38 例患者的 OS 及 PFS 以 Kaplan-Meier 法进行单因素预后生存分析，结果显示，胃肠道 Lugano 分期晚期、白蛋白 $\leq 26.9\text{g/L}$ 、乳酸脱氢酶升高、 $\beta 2$ -微球蛋白升高和 PIT 预后评分 2~4 分是预后的危险因素。将上述危险因素进行多因素分析，结果提示白蛋白是影响预后的独立危险因素。

4、对两组患者进行组间比较，结果显示在年龄、性别、Lugano 分期、PIT 预后评分、LDH 水平、 $\beta 2$ -MG 水平和白蛋白水平上未见到明显统计学差异，考虑可能与样本量较小有关。

结论 1、EATL 和 MEITL 好发于中老年男性，平均诊断年龄为 64 岁。常见的临床表现为腹痛、腹胀、体重减轻、腹泻和消化道出血。最常见的发病部位为小肠，MEITL 更易累及其他部位，包括胃、膀胱、肾上腺、阑尾和肺等，大部分患者因急性穿孔或梗阻行急诊手术时确诊。

2、在临床资料的组间比较中，EATL 和 MEITL 未见到明显差异，考虑可能与本研究中 EATL 仅为 7 例有关。

3、对六种不同治疗方法进行疗效评估——手术联合化疗治疗、单纯手术治疗、单纯化疗、化疗联合西达本胺靶向治疗、手术联合化疗及西达本胺靶向治疗和手术联合西达本胺靶向治疗，未发现明显疗效差异。

4、胃肠道 Lugano 分期晚期、白蛋白 $\leq 26.9\text{g/L}$ 、乳酸脱氢酶升高、 $\beta 2$ -微球蛋白升高和 PIT 预后评分 2~4 分是预后的危险因素，其中白蛋白 $\leq 26.9\text{g/L}$ 是影响预后的独立危险因素。

PO-1531

Clinical implications of CSF-ctDNA positivity in newly diagnosed diffuse large B cell lymphoma

Yifan Wu¹, Jinhua Liang¹, Haorui Shen¹, Yue Li¹, Junheng Liang², Rui Gao¹, Wei Hua¹, Chunyu Shang¹, Kaixin Du¹, Tongyao Xing¹, Xinyu Zhang¹, Chenxuan Wang², Liuqing Zhu², Yang Shao², Jianyong Li¹, Jiazhu Wu¹, Hua Yin¹, Li Wang¹, Wei Xu¹

1. the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital

2. Nanjing Geneseeq Technology Inc.

Objective Central nervous system involvement (CNSi) is an uncommon but often fatal event in patients with systemic diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL), occurring in approximately 2%–5% of patients during or shortly after primary treatment. However, conventional diagnostic methods for the detection of secondary central nervous system lymphoma (SCNSL) have limited sensitivity. Here, we conducted a retrospective evaluation of 100 ND-DLBCL patients as a training cohort and subsequently recruited additional 26 ND-DLBCL patients for validation to reveal the clinical and biological implications of CSF-ctDNA positivity in ND-DLBCL patients.

Methods Between December 2021 and April 2023, 100 ND-DLBCL patients were consecutively enrolled at our center as the training cohort. Between May 2023 and June 2023, the additional 26 ND-DLBCL patients who were willing to receive baseline CSF-ctDNA analysis were prospectively enrolled as the validation cohort. An independent 24 ND-PCNSL patients were used to compare the genomic differences. Tissue, plasma and CSF samples were collected for targeted next-generation sequencing according to study design.

Results CSF-ctDNA positivity (CSF(+)) was identified in 25 patients (25.0%) in the training cohort and 7 patients (26.9%) in the validation cohort, extremely higher than CNS involvement rate detected by conventional methods. Among the 25 patients (25.0%) who were finally diagnosed with CNSi (+), only 3 patients (12.0%) have evidences of CNS involvement detected by conventional methods. Most gene alterations (GAs) detected in CSF were consistent with those found in plasma and tissue in both cohorts, suggesting early CNS infiltration without clone evolution. Most of the PCNSL patients were classified as the MCD subtype (18/24, 75.0%), whereas only 44.0% (11/25) of the CSF(+) ND-DLBCL patients were classified as the MCD subtype. Patients with mutations of CARD11, JAK2, ID3, and PLCG2 were more predominant with CSF(+) while FAT4 mutations were negatively correlated with CSF(+). The downregulation of PI3K-AKT signaling, focal adhesion, actin cytoskeleton, and tight junction pathways were enriched in CSF(+) ND-DLBCL. Furthermore, pretreatment CSF(+) was significantly associated with poor outcomes. Three risk factors, including high CSF protein level, high plasma ctDNA burden, and involvement of high-risk sites were used to predict the risk of CSF(+) in ND-DLBCL. Pretreatment CSF(+) translated to poor outcomes on both PFS and OS. Among the 25 CSF(+) patients, 3 patients clonally evolved into CNS solid lesions (CNS relapse) detected by CM. As regard to the 75 CSF(-) DLBCL patients, no patients were diagnosed with CNS disease until the last follow-up. Therefore, the sensitivity and specificity of pretreatment CSF-ctDNA to predict CNS relapse were 100% and 77.3%, respectively. However, only 1 of the 3 patients with CNS relapse was identified as CNS-IPI high risk, indicating the sensitivity of high-risk CNS-IPI in predicting CNS relapse was 33.3%.

Conclusion Taken together, we firstly present the prevalence and the genomic and transcriptomic landscape for CSF-ctDNA positive DLBCL and highlight the importance of CSF-ctDNA as a noninvasive biomarker in detecting and monitoring of CSF infiltration and predicting CNS relapse in DLBCL.

PO-1532

脾脏浸润为初发表现的淋巴瘤患者临床特征及预后分析

叶琇锦¹、李黎¹、熊梦琦^{1,2}、汪露露^{1,2}、朱丽霞¹、赵葵¹、王丽君¹

1. 浙江大学医学院附属第一医院

2. 浙江大学医学院

目的 本研究旨在探讨以脾脏浸润为初发表现的淋巴瘤患者的预后相关因素

方法 该研究纳入 2011 年 3 月至 2023 年 2 月浙大一院通过脾脏切除或脾脏穿刺诊断为淋巴瘤的患者，分析其临床特点及预后特征。

结果 共 134 例患者纳入本次回顾性研究，发病中位年龄为 59 岁（18-82）岁，年龄 \geq 60 岁共 65 例（48.5%），男女比为：1.20:1。56 例患者有 B 症状（46.8%）。66 例（49.3%）接受了脾切联合化疗，24 例（17.9%）只接受了脾脏切除，41 例（30.6%）只接受了化疗。3 例（2.2%）后续接受了造血干细胞移植。接受脾切的患者总生存率优于未行脾切患者（ $P=0.042$ ）。单因素分析：活化部分凝血活酶时间（APTT） >33 秒（ $HR=2.262$ ，95%CI：1.311-3.901， $P=0.003$ ）、B 症状（ $HR=3.072$ ，95%CI：1.732-5.449， $P<0.001$ ）、谷丙转氨酶（ALT） $>40U/L$ （ $HR=3.408$ ，95%CI：1.817-6.392， $P<0.001$ ）、乳酸脱氢酶（LDH） $>250U/L$ （ $HR=2.014$ ，95%CI：1.053-3.852， $P=0.031$ ）、铁蛋白 $>330ng/ml$ （ $HR=2.277$ ，95%CI：1.288-4.023， $P=0.004$ ）是 OS 的不良预后因素。多因素分析：ALT $>40U/L$ （ $P=0.008$ ），APTT >33 秒（ $P=0.031$ ），B 症状（ $P=0.01$ ）是影响预后的独立危险因素。

结论 以脾脏浸润为主要表现的淋巴瘤患者脾脏切除术后的生存率优于未切除患者。此外，可根据 APTT、B 症状和 ALT 做为评估患者的预后指标

PO-1533

弥漫性大 B 细胞淋巴瘤基因遗传学特征

杨利群、潘兆东、杨凡

华银康集团

目的 探讨 121 例弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）基因遗传学特征。

方法 收集 121 例 DLBCL 对其二代测序（114 种基因突变）、高级别 B 细胞淋巴瘤相关免疫荧光杂交（MYC、BCL-2、BCL-6）、拷贝数变异（MYC、BCL-2、BCL-6、TP53）及融合基因（IGH::MYC、IGH::BCL-2、IGH::BCL-6）进行回顾性分析，分子分型结果参照 Guidance-01 研究和 Shen R 等人研究。

结果 非特指型（NOS）33 例（27.2%），TP53 突变型 28 例（23.1%）；MCD 样型 26 例（21.4%）；BN2 样型 16 例（13.2%），ST2 样型 8 例（6.6%），N1 样型 5 例（4.1%），EZB 样型 5 例（4.1%）。MYC 重排及 IGH::MYC 融合 12 例（9.9%），MYC 拷贝数分别为 CN=2（88 例，72.7%）、CN=3（26 例，21.4%）、CN=4（4 例，3.3%）、CN=1（2 例，1.6%）、CN=5（1 例，0.8%）；BCL2 重排及 IGH::BCL-2 融合 4 例（3.3%），BCL-2 拷贝数分别为 CN=2（60 例，49.5%）、CN=3（35 例，28.9%）、CN=4（18 例，14.8%）、CN=5、6、1（各 2 例，1.6%）、CN=8、10（各 1 例，0.8%）；BCL-6 重排及 IGH::BCL-6 融合 17 例（14%），BCL-6 拷贝数分别为 CN=2（81 例，66.9%）、CN=3（30 例，24.7%）、CN=4（7 例，5.7%）、CN=1（3 例，2.4%）；TP53 拷贝数分别为 CN=2（94 例，77.6%）、CN=1（20 例，16.5%）、CN=3（6 例，4.9%）、CN=4（1 例，0.8%）。

结论 DLBCL 分子分型非特指型、TP53 突变型及 MCD 样型最常见，BN2 样型次之，ST2、N1、

EZB 样型少见；BCL-6 重排及 IGH::BCL-6 融合最常见，MYC 重排及 IGH::MYC 融合次之，BCL2 重排及 IGH::BCL-2 融合最少；BCL-2 拷贝数异常最常见，其次依次为 MYC、BCL-6、TP53。

PO-1534

拟素化抑制剂 MLN4924 在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的耐药机制及联合干预策略

鲁田歌、余卓雅、丁梦飞、詹琳荃、刘莺玥、周香香、王欣
山东省立医院

目的 揭示拟素化小分子抑制剂 MLN4924 在弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）中的疗效潜力及潜在的耐药机制，提出一种联合用药策略以改善耐药。

方法 构建获得性耐药株，对亲代及耐药细胞进行转录组学和时程蛋白质组学检测揭示耐药机制，利用药物库高通量筛选出联合治疗方案。

结果 拟素化在 DLBCL 中过度激活且与不良预后相关，体外实验证实 MLN4924 可诱导 DLBCL 细胞发生 DNA 损伤、G2/M 期阻滞及凋亡，具有良好的抗 DLBCL 活性。为探寻耐药机制，构建获得性耐药株，亲代与耐药株的转录组测序及位点突变揭示药物靶点 UBA3 A171T 突变可赋予 DLBCL 对 MLN4924 的抗性。为探索其他耐药机制，进行了时程依赖的蛋白质组学测序，显示耐药株中上调蛋白富集于染色体组装和细胞周期，其中 PCNA 结合蛋白，PCLAF，在耐药和亲代细胞间表达差异显著。过表达 PCLAF 可导致 DLBCL 对 MLN4924 耐药，反之在耐药株中敲减 PCLAF，可部分恢复其敏感性，机制实验证实 PCLAF 通过增强 DNA 跨损伤合成修复驱动耐药，其 Lys15 及 Lys24 位点泛素化修饰的动态改变是关键环节。为改善耐药，利用 FDA 抗癌药物库进行了高通量筛选，发现 HDACi 伏立诺他可以与 MLN4924 协同，改善 MLN4924 耐药，这一结论在小鼠体内得到证实。

结论 本研究揭示了拟素化抑制剂 MLN4924 在 DLBCL 中的潜在耐药机制及联合给药策略，为 DLBCL 的个体化诊疗提供依据。

PO-1535

伴有不同 TP53 异常改变的弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的临床预后特征及分子机制探索

房莹、王黎、赵维莅
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）作为非霍奇金淋巴瘤的最常见亚型，疾病具有极强的异质性。TP53 异常改变（TP53 突变和 TP53 缺失）作为肿瘤中最重要的基因异常事件之一，对肿瘤患者疗效及预后有着不同程度的影响。随着二代测序等技术的普及应用，基于分子层面的更为精准的分型及其对患者预后的影响及其潜在的分子生物学特征尚需进一步证实。因此，回顾性研究 TP53 异常改变的 DLBCL 患者的预后特征，以期为进一步优化 TP53 改变的 DLBCL 患者的靶向治疗策略提供新的思路。

方法 我们回顾性研究了 464 例 DLBCL 患者，其中 391 例患者接受标准 R-CHOP 治疗，73 例患者接受地西他滨联合 R-CHOP（简称 DR-CHOP 治疗）。一方面我们采用，采用 Kaplan-Meier 方法分析比较伴有不同 TP53 异常改变的弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的临床预后特征，另一方面基于转录组学数据明确患者肿瘤微环境（LME）分型及通路特征探究潜在分子机制。

结果 在 464 例 DLBCL 患者的研究队列中，共计 35 例患者存在 TP53 突变伴缺失（TP53mutdel），77 例患者存在单纯 TP53 突变（TP53mut），31 例患者存在单纯 TP53 缺失（TP53del），321 例患者不存在 TP53 突变及缺失（non-TP53mutdel）。生存分析提示，在接受标准 R-CHOP 方案治疗下，TP53mut 及 TP53mutdel 的患者 PFS 显著差于 TP53del 及 non-TP53mutdel 患者。在 DR-CHOP 方案治疗下，TP53mut 患者 PFS 得到显著提升，而 TP53mutdel 的患者 PFS 仍显著差于 TP53del 及 non-TP53mutdel 患者。进一步通过转录组学数据对上述分组患者分析发现 TP53mutdel 患者相较于 TP53mut、TP53del、non-TP53mutdel 患者而言，主要表现为免疫荒漠型 LME，TP53mutdel 相较于 TP53mut 患者存在抑制的免疫微环境状态，具体表现为干扰素 γ 通路及 T 细胞通路的显著抑制。

结论 在靶向治疗时代，TP53mutdel 患者的预后仍有待进一步提升，患者主要表现为免疫荒漠型 LME，存在干扰素 γ 通路及 T 细胞通路的显著抑制。

PO-1536

TdT 阳性、MYC 重排阳性的高级别 B 细胞淋巴瘤患者 1 例

侯梦佳²、徐婷^{1,2}

1. 苏州大学附属第一医院
2. 苏州弘慈血液病医院

目的 探讨 1 例 TdT 阳性、MYC 重排阳性的 HGBCL 患者的疾病诊治及预后。

方法 患者系一名 58 岁中年女性，因左下肢水肿进行性加重、盗汗、体重减轻（10kg）收住入院，影像学检查提示左侧髂内肌肉及左侧盆壁巨大的软组织肿块，伴腹膜后多发肿大淋巴结、胆囊底部软组织结节、胰尾部异常密度表现、脾脏肿大。血常规：WBC $22.28 \times 10^9/L$ 、HB 53g/L、PLT $36 \times 10^9/L$ 。完善骨髓穿刺，同时在超声引导下颈部淋巴结活检；综合形态学、流式免疫表现、FISH、染色体及基因组数据，诊断为具有 MYC 重排阳性、复杂核型染色体异常、TP53 (+) 的 HGBCL，TdT 在淋巴结的淋巴瘤细胞中表达。采用 AZA+R-CHOP[阿扎胞苷、环磷酰胺、表柔比星、和利妥昔单抗、地塞米松]拆分用药，病程中患者合并中枢神经系统浸润，加用 HD-MTX 及奥布替尼口服、三联鞘内注射至脑脊液恢复正常。在一个月随访中达到疾病完全缓解。

结果 患者目前血象基本恢复正常，骨髓形态缓解，髓外病灶基本消失，但遗留双下肢肌力低下及尿潴留并发症，生活质量差。

结论 TdT 阳性 HGBCL 发病率低（占大 B 细胞淋巴瘤的 2%），临床需与 B-ALL 相鉴别，其特征表现为广泛的淋巴结或结外组织受累，CD34 (-) 和 TdT (+)，大多数情况下合并双重打击或三重打击、复杂核型及短生存期（中位生存期 2-5 个月）。TdT 阳性 HGBCL 与 B-ALL 的早期鉴别对后续患者的治疗及评估预后具有重要意义。

PO-1537

来那度胺联合利妥昔单抗（R2）方案一线维持治疗伴不良预后因素弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的探索

郭静、李佳、白鸥
吉林大学第一医院

目的 探索真实世界 R2 维持治疗初治伴不良预后因素弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）疗效以及来那度胺（len）最佳给药模式。

方法 回顾性分析我中心 2019.2-2024.3 的伴不良预后因素 (≥ 2 项), 一线疗效达 PR 及以上, R2 维持治疗的 DLBCL 患者。与 2005.12-2024.3 的伴不良预后因素 (≥ 2 项), 一线疗效达 PR 及以上, 无维持治疗的 DLBCL 作为非 1:1 历史对照进行对比分析。

结果 R2 维持组共 35 例。中位随访时间为 33 个月。以老年 (77.1%)、女性 (65.7%)、ECOG ≥ 2 分 (62.9%) 为主。83.3% 疾病晚期 (III-IV)。中高危/高危者占比 80%。结外累及部位 ≥ 2 处 (71.4%) 居多。non-GCB 亚型占 77.1%。无维持组 152 例患者, 基线特征显示 R2 维持组患者病情较无维持组重。R2 维持组中位 DOR、PFS、OS 均未达到。相比于无维持组, R2 维持组 DOR (1 年: 93.5% vs. 68.7%; 2 年: 83.9% vs. 60.0%, $P=0.001$)、PFS (1 年: 96.9% vs. 70.8%; 2 年: 85.2% vs. 61.5%, $P=0.001$)、OS (1 年: 96.7% vs. 80.3%; 2 年: 84.2% vs. 71.4%, $P=0.006$) 显著获益。亚组分析显示: 相比于无维持组, 无论用药前疾病状态为 PR 还是 CR, R2 维持组的 DOR (PR: $P=0.031$, CR: $P=0.043$) 和 PFS (PR: $P=0.030$, CR: $P=0.045$) 显著获益。R2 维持组中 7 例患者维持治疗期间由 PR 转为 CR, 将 CR (包括由 PR 转为 CR) 与 PR 患者 ($n=4$) 进行疗效分析, 显示 CR 患者 DOR ($P=0.012$)、PFS ($P=0.013$) 和 OS ($P=0.041$) 显著获益。

在不考虑用药周期时, len=25mg/20mg 对于患者 DOR、PFS、OS 无显著性差异, 但 len=20mg 时, 患者耐受性较好。对 len 周期进行亚组分析, 1-21/28 天周期疗效更稳定。进一步分析 len=25mg, 1-14/21 天周期和 len=20mg, 1-21/28 天周期两种给药模式的 DOR、PFS、OS 无显著性差异。因此推荐 len 给药模式为 20mg/次/1-21 天, 每 28 天为 1 周期。

结论 1、R2 维持治疗 DLBCL 明显生存获益 (DOR、PFS、OS) ;

2、R2 维持治疗增加 CR 率, 延长 DOR, 并转化为生存获益;

3、R2 维持治疗推荐来那度胺 20mg/次/1-21 天, 每 28 天为 1 周期。

PO-1538

Brentuximab vedotin in combination with lenalidomide and rituximab in patients with relapsed/refractory diffuse large B-cell lymphoma: results from the phase 3 ECHELON-3 study

Jeong Kim¹, Uwe Hahn², Won Seog Kim³, Isabelle Fleury⁴, Kamel Laribi⁵, Juan Miguel Bergua⁶, Krmo Bouabdallah⁷, Nick Forward⁸, Fontenet Bijou⁹, David MacDonald¹⁰, Craig Portell¹¹, Hervé Ghesquieres¹², Grzegorz Nowakowski¹³, Christopher Yasenachak¹⁴, Evelyn Rustia¹⁵, Michelle Fanale¹⁵, Fei Jie¹⁵, Nancy L. Bartlett¹⁶

1. St. Vincent's Hospital, The Catholic University of Korea, Suwon, South Korea

2. Haematology Unit, Royal Adelaide Hospital, Adelaide, Australia

3. Sungkyunkwan University School of Medicine, Samsung Medical Center, Seoul, South Korea

4. CIUSSS de l'Est-de-l'Île-de-Montréal, Montreal, QC, Canada

5. Department of Hematology, Centre Hospitalier Le Mans, Le Mans, France

6. Hospital San Pedro de Alcantara, Cáceres, Spain

7. Service d'hématologie clinique et thérapie cellulaire, CHU Haut-Leveque, Pessac, France

8. Queen Elizabeth II Health Sciences Centre, in Halifax, NS, Canada

9. Centre de Lutte Contre le Cancer (CLCC) - Institut Bergonié, Bordeaux, France

10. Division of Hematology, The Ottawa Hospital, Ottawa, ON, Canada

11. Division of Hematology/Oncology, University of Virginia, Charlottesville, Virginia

12. Hospices Civils de Lyon, Centre Hospitalier Lyon-Sud, Service d'Hématologie, Pierre-Bénite, France

13. Division of Hematology, Mayo Clinic, Rochester, MN, USA

14. Willamette Valley Cancer Institute and Research Center/US Oncology Research, Eugene, OR

15. Pfizer Inc., Bothell, WA, USA

16. Division of Oncology, Washington University School of Medicine, St. Louis, MO, USA

Objective Despite recent advances, there remains a need for novel therapies for pts with R/R DLBCL. BV, an anti-CD30 antibody-drug conjugate, has shown efficacy and safety when combined with lenalidomide (len) and with rituximab (R) in heavily pretreated populations (Bartlett

2022; Ward 2022). The double-blind, global phase 3 ECHELON-3 study (NCT04404283) compared BV with R+len (R2) vs R2 in pts with R/R DLBCL who are ineligible for HSCT or CAR T-cell therapy. Here, we present results from the interim analysis (IA) for overall survival (OS).

Methods Pts with R/R DLBCL received BV+R2 or placebo+R2 (randomized 1:1). Pts received BV (1.2 mg/kg) or placebo q3w, R (375 mg/m²) q3w, and len (20 mg) qd. The primary endpoint was OS in the intent-to-treat population. Secondary endpoints were investigator-assessed progression-free survival (PFS), objective response rate (ORR), and complete response (CR) rate. The preplanned IA was performed at 134 OS events with a prespecified efficacy boundary of 2-sided P=0.0232.

Results 230 pts were randomized: 112 to BV+R2 and 118 to R2; all but 2 pts (both in R2 arm) received ≥1 dose of study drug. Median age was 71 yrs (range, 21-89), 56.5% were male, and 10.9% had an ECOG of 2. Median prior lines of therapy was 3 (range, 2-8); 29% had prior CAR T-cell therapy and 68% were CD30- (<1% CD30 tumor expression).

At median follow-up of 16.4 months (mos) (range, 0.1-31.5) (cut-off: January 22, 2024), median OS was 13.8 mos (95% CI: 10.3-18.8) with BV+R2 vs 8.5 mos (95% CI: 5.4-11.7) with R2 (HR 0.629; 95% CI: 0.445-0.891; P=0.0085); OS benefit was consistent across key subgroups. Median PFS was 4.2 mos (95% CI: 2.9-7.1) with BV+R2 vs 2.6 mos (95% CI: 1.4-3.1) with R2 (HR 0.527; 95% CI: 0.380-0.729; P<0.0001). ORR was 64.3% (95% CI: 54.7-73.1) with BV+R2 vs 41.5% with R2 (95% CI: 32.5-51.0; P=0.0006); CR rate was 40.2% vs 18.6%, respectively. In CD30+ vs CD30- subgroups, ORR/CR was 72.2%/38.9% vs 60.5%/40.8% with BV+R2, respectively, and 50.0%/26.3% vs 37.5%/15.0% with R2, respectively. Efficacy analysis including cell of origin will be presented.

The safety profile of BV+R2 was tolerable vs R2: Grade (Gr) ≥3 treatment-emergent adverse events (TEAEs) were 88% vs 77%, serious TEAEs were 60% vs 50%, and Gr 5 TEAEs were 12% vs 8%, respectively. Most common TEAEs were neutropenia (46% vs 32%), anemia (29% vs 27%), and diarrhea (31% vs 23%). Rates of peripheral neuropathy for BV+R2 vs R2 were 31% vs 24% (all Gr) and 6% vs 2% (Gr 3). Median treatment duration was 3.6 mos with BV+R2 vs 2.0 mos with R2.

Conclusion Treatment with BV+R2 triplet, compared to R2, demonstrated statistically significant and clinically meaningful improvements in all key efficacy outcomes including OS, with manageable safety. This triplet regimen represents a novel treatment option for pts with heavily pretreated R/R DLBCL.

© [2024] American Society of Clinical Oncology, Inc. Reused with permission. This abstract was accepted and previously presented at the [2024ASCO]. All rights reserved.

This is an encore from a ASCO 2024 abstract accepted for presentation, which has been updated to align with CSH guidelines.

PO-1539

新型 STAT3 抑制剂 SMY002 在弥漫 大 B 细胞淋巴瘤中的抗肿瘤作用及机制研究

王颖¹、郭淑利¹、徐学军²、武天娇³、韩宜辰³、王慧睿⁴

1. 洛阳市中心医院（郑州大学附属洛阳中心医院）

2. 河南省锐达医药有限公司

3. 郑州大学

4. 河南科技大学第二附属医院

目的 本研究通过体内外实验，探讨 SMY002 在 DLBCL 中的抗肿瘤作用及其机制。

方法 用不同浓度 SMY002 处理 DLBCL 细胞系（OCI-LY10、U2932、SU-DHL-4），

1. 用 CCK-8 法检测 SMY002 对细胞体外增殖的影响；
2. 用 Western blot 检测 SMY002 对细胞 STAT3 及 p-STAT3 表达水平的影响；

3. 用免疫荧光法检测 SMY002 对 STAT3 蛋白核易位的影响;
4. 用流式细胞术检测 SMY002 对细胞凋亡及周期的影响;
5. 用 Western blot 检测 SMY002 对细胞凋亡及周期相关蛋白的影响;
6. 构建 DLBCL 小鼠移植瘤模型, 检测 SMY002 的体内抗肿瘤作用;
7. 用 GraphPad Prism 9.4 对实验结果进行分析与绘图, 当 $p < 0.05$ 时认为有统计学差异。

结果 1. SMY002 以浓度和时间依赖的方式抑制 DLBCL 细胞的体外增殖 ($p < 0.01$);

2. SMY002 抑制 DLBCL 细胞 p-STAT3 的表达, 并呈浓度依赖性, 对 STAT3 的表达没有显著影响 ($p < 0.01$);
3. SMY002 抑制 STAT3 蛋白核易位, 使 DLBCL 细胞核内 p-STAT3 的表达减少;
4. SMY002 通过下调 Bcl-2、Survivin 的表达, 上调 cleaved Caspase-3 和 cleaved Caspase-9 的表达, 激活内源性凋亡途径, 诱导 DLBCL 细胞凋亡, 并呈浓度依赖性 ($p < 0.05$);
5. SMY002 通过下调 CyclinD1 的表达, 诱导细胞周期阻滞在 G1 期, 并呈浓度依赖性 ($p < 0.05$);
6. SMY002 抑制 DLBCL 小鼠移植瘤的体内生长, 并呈浓度依赖性 ($p < 0.001$)。

结论 1. 本研究发现 SMY002 通过抑制 DLBCL 细胞 STAT3 的异常磷酸化激活, 阻止其向核内转移, 在体外诱导 DLBCL 细胞凋亡和 G1 期细胞周期阻滞;

2. 本研究成功构建了 DLBCL 小鼠移植瘤模型, 发现 SMY002 在体内抑制小鼠肿瘤的生长, 发挥着体内外抗 DLBCL 作用。

PO-1540

Frontline brentuximab vedotin and CHP (A+CHP) in patients (pts) with peripheral T-cell lymphoma with less than 10% CD30 expression: results from the phase 2 SGN35-032 study

Swaminathan P. Iyer¹, Deepa Jagadeesh², Eva Domingo Domènech³, Fabio Benedetti⁴, Antonia Rodriguez Izquierdo⁵, Krime Bouabdallah⁶, Umberto Vitolo⁷, Tim M. Illidge⁸, Jingmin Liu⁹, Eeman Shaikh⁹, Steven M. Horwitz¹⁰

1. The University of Texas MD Anderson Cancer Center, Houston, TX, USA
2. Cleveland Clinic Taussig Cancer Institute and Case Comprehensive Cancer Center, Cleveland, OH, USA
3. Institut Catala d'Oncologia - Hospital Duran i Reynals, Barcelona, Spain
4. University of Verona, Verona, Italy
5. Hospital 12 De Octubre, Madrid, Spain
6. Service d'hématologie clinique et thérapie cellulaire, CHU Haut-Leveque, Pessac, France
7. Candiolo Cancer Institute, FPO-IRCCS, Candiolo, Italy
8. The Christie NHS Foundation Trust, Manchester, UK
9. Seagen Inc./Pfizer Inc, Bothell, WA, USA
10. Lymphoma Service, Memorial Sloan Kettering Cancer Center, New York, NY, USA

Objective Brentuximab vedotin (BV), an anti-CD30 antibody-drug conjugate, combined with cyclophosphamide, doxorubicin, and prednisone (A+CHP) was evaluated in the phase 3 ECHELON-2 trial in pts with anaplastic large cell lymphoma (ALCL) and other peripheral T-cell lymphoma (PTCL) types with $\geq 10\%$ CD30 expression. Compared to conventional frontline therapy, pts treated with A+CHP had a 30% risk reduction in progression-free survival (PFS) (stratified HR = 0.70 [95% CI: 0.53, 0.91], $P = 0.0077$) and a survival benefit (HR = 0.72 [95% CI: 0.53, 0.99], $P = 0.0424$) (Horwitz 2022). Since no correlation between CD30 expression and duration of response (DOR) was found, it was hypothesized that frontline A+CHP may also be active in pts with non-sALCL PTCL with $< 10\%$ CD30 expression.

To report updated efficacy and safety results of A+CHP as frontline treatment for pts with non-sALCL PTCL with $< 10\%$ CD30 expression.

Methods SGN35-032 (NCT04569032; EudraCT 2020-002336-74) is an ongoing phase 2 study. Pts with newly diagnosed non-sALCL PTCL with < 10% CD30 expression (by local assessment) are enrolled. Pts are assigned to CD30 < 1% or CD30 1% to < 10% cohorts. All pts receive 21-day cycles of A+CHP (BV 1.8 mg/kg, cyclophosphamide 750 mg/m², doxorubicin 50 mg/m² by IV infusion, and prednisone 100 mg po qd on Days 1-5) for up to 6-8 cycles. The primary end point, overall response rate (ORR), is assessed by blinded independent central review (BICR) per Cheson 2007. Secondary endpoints are complete response (CR) rate, PFS, overall survival(OS), DOR, ORR per BICR using modified Lugano, and safety.

Results Seventy pts received ≥1 dose of study drug as of June 30, 2023. Median age was 63.5 years, 57% were male, and 90% had ECOG ≤1. Most had stage IV disease (63%) and CD30 expression of 1% to < 10% per local CD30 estimation (55%). Median treatment duration was 18 weeks (range, 0-24 weeks). Per BICR, ORR was 77% (95% CI: 65.3%, 86.7%), including 65% (95%CI: 52.4%, 76.5%) with CR among the 66 efficacy evaluable (EE) pts. ORR and CR rate per BICR are listed by cohort in the Table. Grade ≥3 treatment-emergent adverse events (TEAEs) were experienced by 43 pts (61%), most common are neutropenia (20%), febrile neutropenia (17%), and anemia (10%). Six pts (9%) discontinued treatment due to TEAEs. Nineteen pts (27%) had BV-related serious TEAEs. There were 2 (3%) treatment-related deaths: 1 pt died of decreased appetite and 1 pt died of general physical health deterioration.

Conclusion In pts with non-sALCL PTCL with < 10% CD30 expression, A+CHP as frontline therapy appears effective and has a safety profile consistent with label.

This is an encore from a EHA 2024 abstract accepted for presentation, which has been updated to align with CSH guidelines.

References:

FRONTLINE BRENTUXIMAB VEDOTIN AND CHP (A+CHP) IN PATIENTS (PTS) WITH PERIPHERAL T-CELL LYMPHOMA WITH LESS THAN 10% CD30 EXPRESSION: RESULTS FROM THE PHASE 2 SGN35-032 STUDY by Swaminathan Iyer

EHA Library;

[https://library.ehaweb.org/eha/2024/eha2024-](https://library.ehaweb.org/eha/2024/eha2024-congress/419244/swaminathan.iyer.frontline.brentuximab.vedotin.and.chp.28a2Bchp29.in.patients.html?f=listing%3D0%2Abrowseby%3D8%2Asortby%3D1%2Ac_id%3D419244)

[congress/419244/swaminathan.iyer.frontline.brentuximab.vedotin.and.chp.28a2Bchp29.in.patients.html?f=listing%3D0%2Abrowseby%3D8%2Asortby%3D1%2Ac_id%3D419244](https://library.ehaweb.org/eha/2024/eha2024-congress/419244/swaminathan.iyer.frontline.brentuximab.vedotin.and.chp.28a2Bchp29.in.patients.html?f=listing%3D0%2Abrowseby%3D8%2Asortby%3D1%2Ac_id%3D419244) Jun 13 2024;

PO-1541

Safety and Feasibility of a 41BB Co-stimulated CD19 CAR-NK Cell Therapy in Refractory/relapsed Large B-cell Lymphoma

Wen Lei¹, Hui Liu¹, Wenhai Deng², Yun Liang¹, Xianggui Yuan¹, Shanshan Guo¹, Ping Li³, Jinyong Wang⁴, Xiangmin Tong⁵, Aibin Liang³, WenBin ian¹

1. the Second Affiliated Hospital, College of Medicine, Zhejiang University

2. Wenzhou Medical University

3. Tongji Hospital of Tongji University, Shanghai

4. Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences, Beijing

5. Hangzhou First People's Hospital

Objective Autologous chimeric antigen receptor (CAR)-T cells have greatly changed the therapeutic landscape of hematological malignancies. Nevertheless, the use of allogeneic CAR Natural Killer (NK) cells offer several potential advantages over CAR-T cells, including the potential immediate availability of cryopreserved cells for patient treatment, possible standardization of the products, reduced cost, and less toxicity, especially cytokine-release syndrome (CRS) and neurotoxicity. A limited number of clinical studies have demonstrated the safety and efficacy of CAR-NK therapy. However, it remains unclear to date whether CAR-NK cells can induce sustained, durable remissions.

Methods Here, we generated an anti-CD19 CAR-modified NK cells (CD19-BBz CAR-NK) by transduction of cord blood-derived NK cells and demonstrated their anti-cancer activity in a preclinical study. Additionally, we performed a phase 1 dose trial involving repetitive administration of CD19-BBz CAR-NK cells in patients with relapsed or refractory (r/r) large B-cell lymphoma (NCT05472558).

Results Importantly, none of the 9 treated patients experience CRS, neurotoxicity, or graft-versus-host disease. The overall response rate at day 30 was 66.7% (6 of 9), with 5 patients (55.6%) achieving a complete remission. With a median follow-up of 12 months, the median progression-free survival was 9 months, and median duration of response was not reached. Single-cell RNA sequencing suggested an association between the mature state and activation of CAR-NK cell products and clinical outcome, as well as the presence of crosstalk between host immune cells and CAR-NK cells.

Conclusion CD19-BBz CAR-NK cells were feasible and therapeutically safe, demonstrating high efficacy in inducing durable remission in r/r large B-cell lymphoma patients.

PO-1542

CD27-Armored BCMA CAR T Cell Therapy (CBG-002) for Relapsed and Refractory Multiple Myeloma: A Phase I Clinical Trial

Yang Xu, Xuzhao Zhang, Wen Lei, Xi Qiu, WenBin Qian
the Second Affiliated Hospital, College of Medicine, Zhejiang University

Objective B-cell maturation antigen (BCMA)-chimeric antigen receptor (CAR) T cell therapy has been approved for the treatment of relapsed or refractory multiple myeloma (RRMM); however, long-term response has yet to be established. We investigated the safety and feasibility of CBG-002, an CD27-armored BCMA CAR T therapy, to improve clinical efficacy in patients with RRMM.

Methods We present preclinical data of CBG-002 against myeloma, and conduct a phase I clinical trial (NCT04706936) to evaluate the safety and efficacy of CBG-002 in patients with RRMM. The primary endpoint was safety, as assessed by grade 3 or 4 adverse events (AEs). Key secondary endpoints were overall response rate (ORR), duration of response (DOR), progression-free survival (PFS) and overall survival (OS).

Results A total of 11 patients were enrolled and received CBG-002 therapy. Nine patients developed grade 1 or 2 cytokine release syndrome (CRS), while no patients experienced grade 3 or higher CRS or immune effector cell-associated neurotoxicity syndrome (ICANS). Other grade 3 or higher AEs included neutropenia (72.7%), thrombocytopenia (45.5%) and anemia (36.4%). At a median follow-up of 16.7 months, the ORR was 81.8%, including a stringent complete response (sCR)/complete response (CR) rate of 45.5%, very good partial response (VGPR) rate of 18.2%, and partial response (PR) rate of 18.2%, with a median DOR of 8.9 (range 1.8-21.9) months. The median OS was not reached, and the median PFS was 8.5 (2.7-22.9) months.

Conclusion In this phase I study, CBG-002, a CD27-armored BCMA CAR T therapy, demonstrated significant safety and clinical efficacy in patients with RRMM.

PO-1543

118 例原发中枢神经系统淋巴瘤多中心回顾性分析吴少杰¹、邓燕妮¹、赖名耀²、叶敏婷²、涂三芳¹、黄宇贤¹、宋朝阳¹、甄俊杰²、蔡林波²、李玉华¹

1. 南方医科大学珠江医院

2. 广东三九脑科医院肿瘤综合诊疗中心

目的 回顾性分析以大剂量甲氨蝶呤（HD-MTX）为基础方案治疗原发中枢神经系统淋巴瘤（PCNSL）的临床疗效,并分析以自体造血干细胞移植（AHSCT）或维持治疗对患者长期生存的影响。

方法 收集 2016 年 01 月至 2023 年 12 月治疗的 PCNSL 患者 118 例, 根据治疗方案分为 5 组, 分别为单药组（17 例）、两药组（18 例）、三药组（39 例）、四药组（20 例）和单纯放疗组（24 例）, 分析 5 组患者的临床疗效及不良反应。

结果 118 例 PCNSL 患者的中位随访时间为 45 个月, 中位总生存（OS）为 25 个月,中位无进展生存（PFS）为 20 个月; 亚组分析发现四药组方案患者 OS 和 PFS 显著高于其余四组（P 值分别为 0.045 和 0.036）, 且四药组患者两疗程客观反应率（ORR）明显高于其它四组（P=0.026）; 进一步分析发现含 BTKi 方案组 OS（P=0.077）和 PFS（P=0.067）有获益趋势; 诱导后策略分别为 AHSCT、维持和观察, 结果发现 AHSCT 组中位 OS 为 25 个月, 中位 PFS 为 20 个月, 维持组中位 OS 为 25 个月, 中位 PFS 为 20 个月, 维持组和 AHSCT 组的 OS 显著高于观察组（P 值分别为 0.037 和 0.039）,维持组的中位 PFS 优于观察组（P=0.017）。53.4%(63/118)患者出现血液学毒性, 均为 CTCAE 1-2 级; 非血液学毒性主要是恶心、呕吐及黏膜炎, 均为 1-2 级, 未见因毒性导致死亡发生。

结论 采用含 HD-MTX 四药方案治疗 PCNSL 疗效显著, 且两疗程 ORR 更高; 诱导后采用 AHSCT 或维持治疗可进一步提高疗效; 同时发现含 BTKi 方案长期生存有获益趋势, 值得进一步研究。

PO-1544

氨基酸代谢相关基因 KYNU 在弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的预后和免疫特征中的预测价值张玉、吕烈媚、孔冉、王聪、钟光彩、王娜、李沛沛、王欣、周香香
山东省立医院

目的 近来研究发现, 氨基酸代谢失调在肿瘤发生和微环境调节中起着至关重要的作用。然而, 氨基酸代谢相关基因在弥漫性大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）中的作用尚不清楚。

方法 本研究使用公共数据库回顾性分析了 DLBCL 的转录组学和临床数据。基于氨基酸代谢相关基因, 开发了用于预后分析的风险模型。此外, 我们系统地研究了高低风险组在免疫微环境和体细胞突变等方面的差异。通过 qRT-PCR 验证差异基因在 DLBCL 细胞株中的表达水平。使用流式细胞术和细胞增殖测定法探究犬尿酸酶（KYNU）抑制对 DLBCL 细胞功能的影响。

结果 我们使用共识聚类分析表明氨基酸代谢重编程在 DLBCL 中具有预后价值。包含 8 个氨基酸代谢相关基因（AUH、CS、BLMH、MCCC2、RPLP0、PSMA2、MDH1 和 KYNU）的预后风险模型对 DLBCL 患者的预后预测具有很高的价值。重要的是, 高风险组的免疫检查点表达水平也更高。KYNU 被确定为一种具有潜在价值的生物标志物。临床样本和公共数据库均证实, KYNU 在 DLBCL 患者中高表达。敲减 KYNU 表达后, 显著抑制 DLBCL 细胞增殖并诱导细胞凋亡。

结论 本研究证明了氨基酸代谢基因在 DLBCL 中的重要预后价值。这些发现可能有助于确定疾病预后, 为 DLBCL 提供潜在的治疗策略。

PO-1545

一例罕见的 T 细胞淋巴瘤为特征的慢性淋巴细胞增殖性疾病病例

卢伟烨

广州华银医学检验中心

目的 阐述一例罕见的以 T 细胞淋巴瘤(T-cell lymphoma, TCL)为特征的慢性淋巴细胞增殖性疾病(CLPD)。

方法 运用流式细胞术、PCR、一代测序、高通量测序等多方法学对患者的标本进行检测并进行综合分析。

结果 运用流式细胞术对该患者外周血样本进行检测,可发现一群占有核细胞总数 94.9% T 淋巴细胞群,该细胞群的泛 T 细胞抗原 CD7 表达缺失,CD2 表达减弱,为一群免疫表型异常的 T 淋巴细胞群,提示为 T 细胞淋巴瘤。通过对该患者的基因组进行高通量测序,检测到一级变异: SETD2 p.Gly1691*、STAT5B p.Asn642His,为 T 细胞淋巴瘤的相关基因突变。使用 PCR 及一代测序对该患者进行 T 细胞克隆性评估可发现该患者 TCR 基因重排检测结果为阳性,提示可能存在克隆细胞群。通过综合分析,可以判断这是一例罕见的以克隆性成熟 T 淋巴细胞异常增生为特征的慢性淋巴细胞增殖性疾病。

结论 慢性淋巴细胞增殖性疾病是一组形态学、免疫学及临床特点各异的恶性疾病。根据其免疫表型大致可分为 B 细胞性、T 细胞性和 NK 细胞性三类,其中大部分属 B 细胞性。而该病例为一例罕见的以 T 细胞淋巴瘤为特征的慢性淋巴细胞增殖性疾病,阐述其免疫表型及基因特征具有一定的临床参考意义。

PO-1546

基于机器学习预测滤泡性淋巴瘤患者的早期复发和进展风险

刘莺玥¹、詹琳荃²、何梦媛²、鲁田歌²、丁梦飞²、周香香²、王欣²

1. 山东大学第二医院

2. 山东第一医科大学附属省立医院

目的 近年来,FL 的治疗效果显著提高,但部分患者仍预后较差。对早期 POD (E-POD) 进行风险预测有助于尽早识别出高危人群。因此,本研究旨在建立一个基于机器学习 (ML) 的预测模型,以便更早地识别此类患者并改善预后。

方法 本研究回顾性地纳入了 2010-2023 年在我院诊为 FL 的患者。根据 ML 算法在 70% 的样本中建立模型,并保留 30% 的样本用于内部测试。并进一步比较了 E-POD (<2 年) 和晚期 POD (>5 年, L-POD) FL 患者的特征。

结果 在 224 名患者中,有 45 人 (20.1%) 至少出现过一次 POD。诊断时的中位年龄为 49 岁 (19-82 岁)。大多数被诊断为晚期疾病 (III/IV 期, 80.8%), 组织学为 1-2 级 (75.9%)。75 例 (33.9%) 有骨髓受累, 63 例 (28.1%) Ki-67≥30%。

本研究在 14 个基于 ML 算法的模型中,筛选出最佳模型: 随机森林模型 (RF, AUC: 0.83, 准确率: 89.5%) 并对其进行了优化。同时,我们使用验证队列数据评估了预测模型的可行性。最终,对三种表现较好的模型中进行了整合,筛选出 5 种指标: ADA、β₂-MG、CRP、AST 和 D-二聚体。除了 23 例 (60.5%) E-POD 患者外,还有 6 例 (15.8%) L-POD 患者。与 E-POD 患者相比, L-POD 患者的预后更好且表现出病理分级较低 (1-2 级)、无贫血、CARD11 无突变的特征。

结论 本研究基于 ML 建立了预测 FL 患者发生 E-POD 的风险模型,并动态监测其变化。进一步的验证将有望促进这些简单的生物标志物纳入临床决策以提高预后。

PO-1547

肿瘤微环境免疫评分在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的预后价值

刘冰玉、胡顺风、余卓雅、鲁田歌、丁梦飞、王欣
山东省立医院

目的 本研究旨在建立基于肿瘤微环境 (TME) 免疫成分的新型预后评分系统, 探索免疫相关生物标志物在弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的预后价值。

方法 我们分析了来自 GEO 数据库 GSE23501, GSE53786, GSE10846, GSE136971, GSE57611 和 GSE32918 队列的 946 名 DLBCL 患者的转录芯片数据和临床预后信息。使用 CIBERSORT 算法分析了 DLBCL 患者的免疫细胞组成, 并纳入 lasso-cox 算法建立模型。采用免疫组织化学染色 (IHC) 评估了 CD2 在 DLBCL 组织中的表达水平。

结果 本研究中, 我们将 CIBERSORT 计算得出的 22 种免疫细胞比例纳入 lasso-cox 模型, 建立了肿瘤微环境 TME 免疫评分。在 DLBCL 患者 (n= 946) 中, 高 TME 免疫评分与较差的预后显著相关。随后, 我们在一个包含 230 名 DLBCL 患者的 NCICCR 外部队列中验证了模型的预后效能。此外, 高 TME 免疫评分与 DLBCL 患者的晚期 Ann Arbor 分期、non-GCB 亚型等临床病理特征密切相关。我们通过 limma 分析进一步筛选出了不同 TME 免疫评分组中的 81 个差异表达基因, 基于蛋白互作网络的连接度和中介中心性确定了 6 个枢纽基因(CCL5、CD2、CD3E、MMP9、CCR5、GATA3), 发现它们的表达水平与 DLBCL 患者 (n= 946) 的预后密切相关。我们开展了 IHC 并发现 CD2 蛋白在 DLBCL 患者中表达下调, 且与 DLBCL 患者的不良预后有关。单细胞分析结果显示 CD2 主要表达在 DLBCL 患者的 T 细胞亚群, 并与 T 细胞的活化及分化状态有关。

结论 综上, 我们建立了新型 TME 免疫预后评分, 发现了免疫分子 CD2 可作为 DLBCL 患者的潜在预后生物标志物。研究结果为 DLBCL 患者提供一种新的预后分层策略, 促进 DLBCL 患者的个体化精准诊疗。

PO-1548

新型糖基化相关风险评分及生物标志物 在合并糖尿病的弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的预后价值

孙文月、胡顺风、乔琪琪、刘冰玉、王欣
山东省立医院

目的 我们的研究旨在探索糖基化相关指标在合并糖尿病的弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 患者中的预后价值, 建立新型风险评分, 并鉴定出潜在的糖基化相关预后生物标志物。

方法 我们回顾性分析了于山东省立医院确诊的 176 例合并糖尿病的 DLBCL 患者的临床数据, 应用单变量和多变量分析评估临床指标的预后预测价值, 建立新型风险评分并进行验证。从 GSE23647 (n=42)、GSE32018 (n=35) 和 GSE181063 (n=1037) 数据集中收集 DLBCL 患者的 RNA 测序数据和生存资料, 分析差异表达的糖基化相关基因 (GRGs) 的预后价值及免疫调控作用。开展免疫组化实验检测 ST8SIA1 分子的表达水平。

结果 单因素及多因素分析表明唾液酸 (P = 0.01)、乳酸脱氢酶 (P = 0.005) 和肌酐 (P = 0.04) 是合并糖尿病的 DLBCL 患者的独立预后因子。进一步构建新预后模型 SLC-Score, 发现高分组患者的预后明显较低分组差 (P<0.001), 而且其风险评估能力以及净效益优于 NCCN-IPi 评分。此外, 多种生信分析联合筛选出 5 个在 DLBCL 患者和对照组具有显著表达差异且与 DLBCL 患者预后相关的 GRGs。利用这 5 个基因建立的模型在 DLBCL 患者中具有可靠的预后预测能力。免疫浸润以及免疫检查点分析表明, GRGs 与肿瘤免疫微环境密切相关, 且高危组患者中 PD-1、CTLA-4

等免疫检查点的表达水平较低危组降低 ($P<0.001$)。泛癌分析表明该模型在急性髓性白血病和膀胱尿路上皮癌等多种肿瘤中具有预后预测作用。免疫组化结果显示,与对照组相比,ST8SIA1的表达在合并和不合并糖尿病的DLBCL组织中均上调,其中合并糖尿病的DLBCL组织中表达水平最高,ST8SIA1的高表达与DLBCL患者较差的预后显著相关。

结论 我们在合并糖尿病的DLBCL患者中首次建立了糖基化相关的预后模型,发现糖基化相关基因ST8SIA1是DLBCL预后预测和用药指导的新型潜在生物标志物,研究成果为推动DLBCL的个体化精准诊疗提供了新的科学依据。

PO-1549

伴发浆膜腔积液的T细胞淋巴瘤患者 中新型预后模型的建立及分子标志物探索

尚娟娟、胡顺风、周晓丽、刘冰玉、王欣
山东省立医院

目的 T细胞淋巴瘤(TCLs)是一类具有高度异质性的肿瘤,浆膜腔积液(SE)是TCLs患者常见的合并症,伴发SE的TCLs患者具有更差的预后。本研究旨在筛选伴发SE的TCLs患者中的独立预后因素、建立新型预后模型,探索潜在预后及用药指导分子标志物。

方法 本研究回顾性收集了518例初诊TCLs患者(2010-2023)的临床资料。通过单因素和多因素分析筛选伴发SE的TCLs患者中的预后因素,建立并验证预后模型。基于RNA测序数据(GSE55846、GSE58445、GSE6338)进行SE相关基因(SERGs)的鉴定、功能富集和免疫分析。通过IHC和药物敏感性分析,探讨缺氧诱导因子-1 α (HIF1A)在伴发SE的TCLs中的预后价值。

结果 单因素及多因素分析发现,年龄 >60 、ECOG PS >1 、 $\beta 2$ -微球蛋白 >3.0 mg/L、SE体积 >1000 ml是伴发SE的TCLs患者中的独立预后因素。基于此建立了AEBS模型,其在训练和验证队列中均表现出可靠的预测性能(AUC=0.770, 0.700)。此外,功能富集分析发现,SERGs表达水平与肿瘤免疫应答密切相关。基于单因素及LASSO回归分析建立的SERGs评分(SERGs score = $-0.169 \times \text{HIF1A} - 0.032 \times \text{FERMT2} - 0.031 \times \text{NFATC1} - 0.018 \times \text{COL1A1}$)能较好预测TCLs患者的预后(AUC=0.790)。IHC结果表明,伴发SE的TCLs组织中HIF1A表达水平显著低于不伴SE的TCLs及反应性淋巴结增生组织,且HIF1A低表达与伴发SE的TCLs患者的较差预后显著相关,但这种关联在非SE亚组中并不明显。泛癌分析发现,HIF1A在肺腺癌、肾上腺癌等多种肿瘤中的表达显著降低,且其低表达与急性淋巴细胞白血病、急性髓系白血病等多种肿瘤患者的较差预后相关。而且,HIF1A表达水平与肿瘤细胞对Navitoclax、Venetoclax等多种药物的敏感性密切相关。

结论 综上,本研究构建了新型AEBS预后模型,发现HIF1A可作为预后预测及用药指导的潜在生物标志物,研究结果有助于推动伴发SE的TCLs患者的精准风险分层,为促进个体化诊疗奠定了理论基础。

PO-1550

真实世界奥布替尼联合 R-CHOP 方案治疗 MCD 亚型弥漫大 B 细胞淋巴瘤疗效及安全性分析

尹华、华玮、申浩睿、吴佳竹、李悦、王莉、梁金花、李建勇、徐卫
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 本文探讨奥布替尼联合 R-CHOP 方案（OR-CHOP）治疗 MCD 亚型弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）患者的疗效及安全性。

方法 对 2022 年 6 月至 2023 年 6 月在南京医科大学第一附属医院血液科确诊为 DLBCL 且基线肿瘤组织和/或基线血浆根据 LymphGen 算法为 MCD 亚型，第 1 疗程使用 R-CHOP 方案，第 2~6 疗程使用 OR-CHOP（利妥昔单抗 375 mg·m²·d⁻¹ 静脉滴注，第 0 天；环磷酰胺 750 mg·m²·d⁻¹ 静脉滴注，第 1 天；多柔比星 50 mg·m²·d⁻¹ 静脉滴注，第 1 天；长春新碱 1.4 mg·m²·d⁻¹ 静脉推注，第 1 天；泼尼松 60 mg·m²·d⁻¹（分 2 次）口服 第 1~5 天；奥布替尼 150 mg·d⁻¹，d1~21；21 天为 1 个疗程）方案治疗的患者进行回顾性分析。

结果 共 23 例初诊患者纳入分析，中位年龄 58 岁（30~81 岁），其中男性 11 例（47.8%）；11 例（47.8%）年龄>60 岁；9 例（39.1%）有 B 症状；7 例（30.4%）ECOG 评分≥2 分；16 例（69.6%）血清乳酸脱氢酶（LDH）>正常上限；14 例（60.9%）结外病灶>1 个；15 例（65.2%）国际预后指标（IPI）评分 3~5。组织前 10 突变的基因分别为：PIM1（78.3%）、MYD88（69.6%）、ETV6（43.5%）、BTG1（39.1%）、CD79B（43.5%）、HIST1H1E（39.1%）、BTG2（34.8%）、KMT2D（30.4%）、CD58（26.1%）和 CDKN2B（21.7%）。组织和血浆基因检测突变的一致率为 80%，且基线血浆循环肿瘤 DNA（ctDNA）负荷与 LDH 以及 IPI 评分密切相关。所有患者均接受 6 疗程 OR-CHOP 方案治疗，中期（3 疗程后）评估总有效率（ORR）为 100%（23/23），22 例（22/23，95.65%）患者获得完全缓解（CR），1 例（1/23，4.35%）患者获得部分缓解（PR）；治疗结束后疗效评估 ORR 为 95.65%（22/23），21 例（21/23，91.30%）患者获得 CR，1 例（1/23，4.35%）患者获得 PR，1 例（1/23，4.35%）患者疾病进展（PD）。在 21 例有治疗后血浆 ctDNA（EOT-ctDNA）的动态随访结果患者中，4 例患者（19.0%）未达到 EOT-ctDNA 清零，17 例患者（81.0%）取得 EOT-ctDNA 清零。中位随访时间为 20.8（15.3~30.0）个月，中位 PFS 和 OS 均未达到。2 年 PFS 率为 71.8%（95%CI:54.7%~94.2%），2 年 OS 率为 91.3%（95%CI:80.5%~100.0%）。此外，OR-CHOP 方案临床应用的总体耐受良好，主要不良反应是血液学毒性。

结论 在真实世界中，OR-CHOP 方案治疗 MCD 亚型 DLBCL 患者是安全且存在临床获益的。

PO-1551

自体造血干细胞移植治疗血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤 23 例临床疗效及预后影响因素分析

黄正华、宋永平
郑州大学第一附属医院

目的 探讨自体造血干细胞移植（Autologous hematopoietic stem cell transplantation, ASCT）治疗血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤（angioimmunoblastic T-cell lymphoma, AITL）的临床疗效及预后影响因素。

方法 回顾性分析 2013 年 6 月至 2021 年 12 月于郑州大学第一附属医院和河南省肿瘤医院接受 ASCT 治疗 AITL 患者临床资料。

结果 23 例患者均获得造血重建，中性粒细胞和血小板植入中位时间分别为 11d(9-14d)和 13d(10-19d)。移植前后 CR 率分别为 46.2% (6/13) 和 69.2% (9/13)，3 年 OS 和 PFS 分别为 61.5% 和 53.8%，其中移植时 CR1、CR2 和 PR 患者 3 年 OS 分别为 100%、50% 和 42.8%。单因素方差分析显示移植时疾病状态、骨髓侵犯、结外受累和 AITL 预后评分(PIAI)是影响 ASCT 治疗 AITL 患者预后的因素 (均 $P < 0.05$)。多因素方差分析显示，以上因素均不是独立影响因素 (均 $P > 0.05$)。

结论 ASCT 是提高 AITL 患者长期生存率的有效治疗方法，疾病状态 CR1 患者移植疗效更好。

PO-1552

Two-Sample Mendelian Randomization Analysis for Predicting Causal Factors in Lymphoma

Jian-Di Li,Zhi-Guang Huang,Rong-Quan He,Gang Chen,Sheng-Sheng Zhou

1

Objective Lymphoma, a prevalent malignancy originating from the immune system, poses significant challenges in treatment due to its refractory nature and high recurrence rate. The objective of this study is to investigate potential causative factors contributing to the development of lymphoma.

Methods A total of 2584 exposure factors were downloaded from the EBI database of complete genome-wide association study (GWAS) summary data. With $p = 5 \times 10^{-8}$, single-nucleotide polymorphisms (SNPs) shared significant association with lymphoma in phenotypic GWAS results were selected. To remove the linkage disequilibrium, parameters were set at $r^2 = 0.001$ and $kb = 10000$. The causal relationship between exposure factors and lymphoma (ebi-a-GCST90018878) were examined using an inverse variance weighted method in the TwoSampleMR package (version 0.5.7). Heterogeneity test, pleiotropy test, and leave-one-out sensitivity test were conducted to test the stability of the causal relationship between exposure factors and lymphoma. A multiplicative random effect model would be selected if significant heterogeneity was detected.

Results A total of 1568 exposure factors, covering 96,513,054 samples, were identified to have significant association with lymphoma, without linkage disequilibrium. After testing pleiotropy, a total of 44 causal relationships were figured out from the lymphoma. Specifically, risk factors of lymphoma covered CD28- CD8+ T cell absolute count (OR = 1.59, $p = 1 \times 10^{-5}$), appendicular lean mass (OR = 1.25, $p = 0.0002$), juvenile idiopathic arthritis (oligoarticular or rheumatoid factor-negative polyarticular) (OR = 1.07, $p = 0.0006$), membranous nephropathy (OR = 1.13, $p = 0.0011$), protein S100-A12 levels (OR = 1.25, $p = 0.0031$), varicella zoster virus glycoproteins E and I antibody levels (OR = 1.9, $p = 0.0077$), CD27 on IgD+ CD24+ B cell (OR = 1.13, $p = 0.0096$), CD24+ CD27+ B cell %lymphocyte (OR = 1.32, $p = 0.0166$), circulating leptin levels adjusted for body mass index (OR = 1.45, $p = 0.0169$), red cell distribution width (OR = 1.13, $p = 0.0183$), unswitched memory B cell %lymphocyte (OR = 1.46, $p = 0.0191$), CD27 on IgD- CD38dim B cell (OR = 1.1, $p = 0.0203$), QT interval (OR = 1.01, $p = 0.0218$), CD28+ CD45RA+ CD8+ T cell absolute count (OR = 1.34, $p = 0.024$), CD3 on CD39+ secreting CD4 regulatory T cell (OR = 1.1, $p = 0.027$), CD27 on IgD+ CD38- unswitched memory B cell (OR = 1.11, $p = 0.0275$), body mass index (OR = 1.37, $p = 0.0289$), Merkel cell polyomavirus VP1 antibody levels (OR = 1.28, $p = 0.032$), body fat percentage (OR = 1.77, $p = 0.0364$), kidney volume (OR = 1.42, $p = 0.04$), CD25++ CD45RA+ CD4 not regulatory T cell %CD4+ T cell (OR = 1.08, $p = 0.0432$), multiple sclerosis (OR = 1.08, $p = 0.0435$), interleukin-1-receptor antagonist levels (OR = 1.21, $p = 0.0437$), CD25++ CD45RA+ CD4 not regulatory T cell %T cell (OR = 1.08, $p = 0.0438$), ulcerative colitis (OR = 1.07, $p = 0.0463$), etc.. Conversely, protective factors of lymphoma included Epstein-Barr virus EA-D antibody levels (OR = 0.56, $p = 1 \times 10^{-8}$), HLA DR on dendritic cell (OR = 0.93, $p = 0.0012$), tumor necrosis factor receptor superfamily member 5 levels (OR = 0.82, $p = 0.0013$), etc..

Conclusion The present study systematically explored the causal factors for lymphoma, thus providing novel understanding on the early prevention of onset and progression.

PO-1553

Identifying Potential Biomarkers for Cutaneous T Cell Lymphoma through Single Cell RNA Sequencing Analysis

Jian-Di Li,Zhi-Guang Huang,Rong-Quan He,Sheng-Sheng Zhou,Gang Chen

1

Objective Primary cutaneous T cell lymphoma (CTCL) is a rare type of non-Hodgkin's lymphoma, with mycosis fungoides being the most common form. CTCL remains challenging to cure, as it follows a long and recurrent disease course, imposing a significant burden on patients. This study sought to investigate potential markers for CTCL at a single-cell resolution, aiming to provide a theoretical foundation for the identification of new therapeutic targets.

Methods We analyzed the single-cell RNA sequencing profile of skin specimens from five CTCL patients, sourced from the GEO platform under accession number GSE128531 (10X Genomics). Data dimensionality was reduced using the UMAP method, followed by cell cluster annotation according to CHETAH, a robust supervised learning model. Malignant cells were identified among CTCL single cells using the CopyKAT tool. Over-expressed genes specific to CTCL single cells were calculated and functionally annotated using gene ontology and the Kyoto encyclopedia of genes and genomes. The protein-protein interaction relationships between these over-expressed genes were explored using Search Tool for the Retrieval of Interacting Genes (Version 12.0). Core genes were identified from the interaction network using Cytoscape (Version 3.9.0). Subsequently, gene set enrichment analysis was performed based on the core gene in CTCL tissues.

Results Nine predominant cell clusters were annotated from the CTCL single cells, including malignant cells, T cells, fibroblasts, endothelial cells, and others. We identified 94 over-expressed genes in the malignant cells of CTCL. These genes were significantly enriched in biological processes related to epidermis development, epidermal cell differentiation, and skin development. Major cellular components enriched included cornified envelopes, desmosomes, and intermediate filament cytoskeletons. Significant molecular functions enriched encompassed structural constituents of the skin epidermis, cell-cell adhesion mediator activity, and cell adhesion mediator activity. Furthermore, these over-expressed genes were functionally clustered in Reactome pathways involved in formation of the cornified envelope, keratinization, and apoptotic cleavage of cell adhesion proteins. KRT5 emerged as the core gene in the interaction network of CTCL over-expressed genes. Over-expression of KRT5 correlated with activation of hallmark signals such as estrogen response, Kras signaling, p53 pathway, Notch signaling, Heme metabolism, xenobiotic metabolism, apical junction, and protein secretion.

Conclusion This study offers novel insights into the molecular landscape of CTCL from a single-cell perspective. KRT5 may serve as a potential therapeutic target for CTCL patients; however, further experimental validation is warranted in future studies.

PO-1554

Overexpression of Keratin 10 in Cutaneous T-Cell Lymphoma: Implications for Molecular Mechanisms and Therapeutic Targeting

Jian-Di Li,Zhi-Guang Huang,Rong-Quan He,Gang Chen,Sheng-Sheng Zhou

1

Objective Keratin 10 (KRT10), a key component of the epithelial cell cytoskeleton, has been implicated in the development and therapeutic resistance of various malignancies, including ovarian and prostate cancer. However, its expression profile and molecular function in cutaneous T cell lymphoma (CTCL) remain elusive. This study aims to elucidate the expression levels of KRT10 in CTCL single cells and explore its associated molecular signaling pathways.

Methods Single-cell RNA sequencing data from CTCL samples were retrieved from the Gene Expression Omnibus database (GSE128531, droplet-based). Cellular identity was determined using the CHETAH algorithm, while the CopyKAT algorithm was employed to distinguish malignant cells, with macrophages serving as normal cell controls. KRT10 expression levels were compared between malignant and non-malignant cells. To uncover the molecular functions of KRT10 in CTCL, bulk RNA sequencing data from 14 CTCL tissue samples (GSE59307, Affymetrix Human Genome U133 Plus 2.0 Array) were analyzed. Utilizing the Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes background gene sets, a gene set enrichment analysis based on KRT10 expression in CTCL tissues was conducted.

Results A total of 2325 malignant cells were annotated from CTCL lesions. KRT10 was significantly overexpressed in these malignant cells (average log₂fold change= 2.913, $p < 0.0001$). The over-expression of KRT10 was also found in seven CTCL tissues in comparison with seven healthy controls (log₂fold change= 1.129, $p < 0.001$). In CTCL tissues, elevated KRT10 expression correlated with increased pathway activity in drug metabolism cytochrome P450 (normalized enrichment score = 2.281), tight junction (normalized enrichment score = 1.874), Wnt signaling pathway (normalized enrichment score =1.661), extracellular matrix receptor interaction (normalized enrichment score =1.588), basal cell carcinoma (normalized enrichment score =1.543), adherens junction (normalized enrichment score = 1.534), among others. Conversely, KRT10 expression was associated with diminished pathway activity in natural killer cell mediated cytotoxicity (normalized enrichment score = -2.405), antigen processing and presentation (normalized enrichment score = -2.158), and T cell receptor signaling pathway (normalized enrichment score = -1.778).

Conclusion Specific overexpression of KRT10 in malignant CTCL single cells suggests its potential as a novel biomarker for CTCL. Further exploration of the underlying molecular mechanisms may offer insights into targeted therapeutic approaches for this disease.

PO-1555

Cyclin D1-Positive Expression Associated with Aggressive Clinical Behavior By pave the way of Abnormal Cell cycle Transition in Diffuse Large B-cell Lymphomas

liangxiping liangxiping,Renzhi Hu,Yao Liu
Chongqing Cancer Hospital

Objective Cyclin D1 protein expression in lymphocytes is commonly associated with mantle cell lymphoma. However, it has rarely been reported in patients with diffuse large B-cell lymphoma

(DLBCL), particularly in Asia where studies on cyclin D1 expression in DLBCL are limited and often small. In this study, we focus on the clinical, immunohistochemical, and genetic feature of cyclin D1 expression DLBCL patients.

Methods In this study, a total of 815 patients diagnosed with DLBCL and treated with R-CHOP or R-CHOP-like regimens over a five-year period were reviewed. The authors conducted clinical, immunohistochemical, and genetic analyses, with a specific focus on cyclin D1. Immunohistochemistry was used to identify cyclin D1-positive patients, and fluorescence in situ hybridization was employed to assess cyclin D1 gene (CCND1) rearrangements. A comparison was made between DLBCL patients with and without cyclin D1 expression in terms of clinical, immunohistochemical, and genetic features.

Results Among the DLBCL patients, 16 individuals (2.61%) exhibited cyclin D1 expression without CCND1 gene rearrangements. Cyclin D1-positive DLBCLs were observed in patients with a median age of 58.88 ± 4.07 years, with 93.75% of them classified as stage IV. The majority of cyclin D1-positive patients (81.25%) displayed elevated serum lactate dehydrogenase (LDH) levels and advanced international prognostic index (IPI) scores. Additionally, all cases exhibited a proliferation rate exceeding 80%, and a significant proportion (93.75%) demonstrated MYC expression. Cyclin D1-positive DLBCLs were associated with elevated LDH levels, higher IPI scores, advanced stage, increased Ki-67 proliferation, and MYC expression ($p < 0.05$). However, no significant differences were observed in other clinical characteristics and immunohistochemical features. Patients with cyclin D1 expression experienced shorter progression-free survival (PFS) and overall survival (OS) compared to cyclin D1-negative patients ($p < 0.05$). Next-generation sequencing (NGS) was performed to explore the molecular mechanisms underlying cyclin D1-positive DLBCL. Among the top 50 gene alterations identified, all samples exhibited BRD9 and NOTCH2NL gene mutations, while gene alterations in the PI3K/AKT signaling pathways were evident in cyclin D1-positive DLBCLs. Furthermore, a more pronounced variation in the MTOR gene was observed between cyclin D1-positive and negative patients. Notably, DLBCL patients with cyclin D1 expression frequently exhibited CDKN2A and CDKN2B gene deletions, known to regulate the cell cycle transition from G1 to S phase in tumors.

Conclusion Cyclin D1-positive DLBCL patients exhibited aggressive clinical behavior and inferior survival outcomes compared to DLBCL patients without cyclin D1 expression. NGS studies revealed a potential association between cyclin D1 expression and abnormal cell cycle transition. These findings support the existence of a diagnostically challenging "gray zone" of DLBCL associated with cyclin D1 expression.

PO-1556

ZBR 治疗 TP53 突变及 BCL2/MYC 双表达高龄 DLBCL 及文献复习

江小瑜、杨娜、吴春平、吴家春、钟大平
贵黔国际总医院

目的 探讨 TP53 突变及 BCL2/MYC 双表达高龄弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 的临床特征及诊治方法。

方法 回顾分析我院血液科 1 例 TP53 突变及 BCL2/MYC 双表达高龄 DLBCL 的临床资料并复习文献, 总结其临床特征及诊治经验。

结果 女性 75 岁, 2023 年 4 月初无明显诱因出现咽部异物感, 无咳嗽咳痰, 无消瘦盗汗等, 4 月 18 日我院病理诊断 (左侧扁桃体肿物) DLBCL, non-GCB, 免疫组化 CD20(+), Ki-67(约 90%), Bcl-2(约 80%+), C-Myc(约 60%+), Bcl-6(约 30%弱+), P53(约 80%弥漫强阳, 突变型表达), CD30(<5%弱+). PET/CT 显像示淋巴瘤 IV 期, 左侧肾上腺受累可疑。FISH 提示 P53 基因缺失 75% 阳性, 肿瘤基因突变检测提示 TP53 基因 p.R273H 突变。临床诊断 DLBCL, non-GCB IV A 期双

表达及 TP53 基因突变 IPI 评分 4 高危。予以 R-CHOP+3 Pola-R-CHP（维泊妥珠单抗+利妥昔单抗+环磷酰胺+脂质体多柔比星+地塞米松）化疗效果欠佳，中期评估 NR，再依次予以 1Pola-BR（B 苯达莫司汀，化疗后肺部感染），2Pola-BR+Z（泽布替尼），2BR+Z 达到 CR1，2023 年 11 月底自行中断治疗。2024 年 2 月 28 日病情复发，原发部位（扁桃体）无肿大，但左侧颈部淋巴结肿大，经活检确诊为复发 DLBCL，再次予以 4BR+Z 治疗，目前达到完全缓解 CR2。

结论 TP53 突变及双表达高龄 DLBCL 预后差，治疗难度大，泽布替尼联合化疗可以克服 TP53 突变及双表达的预后不良因素获得较好疗效。

PO-1557

NK/T 细胞淋巴瘤移植瘤小鼠模型的建立

李孝东

宁波市医疗中心李惠利医院

目的 探讨利用重度免疫缺陷 NSG 小鼠构建 NK/T 细胞淋巴瘤（natural killer/T-cell lymphoma, NK/TCL）小鼠移植瘤模型，为该疾病的发病机制及新型靶向药物研究提供支撑。

方法 体外培养人 NK/TCL 细胞系 YT，CCK8 法检测细胞增殖能力；采用皮下注射方式分别接种 2×10^6 、 4×10^6 以及 6×10^6 个 YT 细胞至 NSG 小鼠体内，观察并记录每组小鼠的成瘤率、皮下移植瘤生长速度及体重变化情况；成瘤实验结束，解剖荷瘤小鼠并取出完整移植瘤组织，分析各组小鼠皮下移植瘤重量差异。

结果 YT 细胞体外生长状态较好，增殖速度快。皮下接种 YT 细胞至 NSG 小鼠体内，造模成功率为 100%。 2×10^6 个 YT 细胞接种组小鼠皮下移植瘤生长速度较慢，体积较小； 4×10^6 个 YT 细胞接种组小鼠皮下移植瘤生长速度和体积适中； 6×10^6 个 YT 细胞接种组小鼠皮下移植瘤生长速度过快，体积过大。

结论 皮下注射 4×10^6 个 NK/T 淋巴瘤细胞至 NSG 小鼠体内，成功构建 NK/T 细胞淋巴瘤移植瘤小鼠模型，可作为该疾病动物模型构建的参考条件。

PO-1558

单中心浆母细胞淋巴瘤的临床特征及预后

郭冰凌、李杰平

重庆大学附属肿瘤医院

目的 探索浆母细胞淋巴瘤（PBL）的临床特征及预后。

方法 收集重庆大学附属肿瘤医院 2013 年 1 月至 2023 年 12 月诊断及治疗的浆母细胞淋巴瘤患者的临床资料及随访结果，使用 Logistic 回归分析、Kaplan-Meier 和 COX 回归分析对病例的特征、分子病例、治疗及预后进行分析。

结果 共收集 13 例浆母细胞淋巴瘤患者，中位年龄 52.15 ± 15.51 岁；病理表现均为弥漫生长的大细胞，免疫组化主要表达浆细胞标志如 CD38（12 例）、CD138（1 例），MUM-1，B 细胞标志物 CD20、CD10、PAX-5、BCL6 少见，BCL2 有 4 例阳性表达。Ki67 中位数为 80%（30-90%），EBER 阳性 6 例。4 例患者外周血中 EB-DNA 升高（HIV 阴性 1 例，HIV 阳性 3 例）。13 例患者全部接受化疗，HIV 阴性组一线方案：EPOCH 1 例，CHOP 3 例，硼替佐米联合 EPOCH 1 例，硼替佐米联合 CAP 1 例。HIV 阳性组一线方案：EPOCH 4 例，EPOCH 联合来那度胺 1 例，EPOCH 联合 PD1 1 例，硼替佐米联合 CAP1 例。通过一线治疗后，6 例完全缓解，5 例部分缓解。3 例患者结合自体造血干细胞移植（HIV 阴性 2 例，HIV 阳性 2 例）。中位随访时间：22 个月。死亡 5 例（HIV 阴性 4 例，HIV 阳性 1 例）。

结论 浆母细胞淋巴瘤侵袭性强，结外受累常见，分期晚，方案可选择：联合硼替佐米、来那度胺或 PD1，结合自体造血干细胞移植可提高疗效。HIV 感染对于预后影响不明显。

PO-1559

华氏巨球蛋白血症继发血液系统第二肿瘤的单中心诊治经验

王玲玲、黄永芬、徐浩、苗雨青、程月新
盐城市第一人民医院

目的 华氏巨球蛋白血症（WM）是一种罕见的惰性 B 细胞淋巴瘤。关于中国 WM 患者继发血液系统第二肿瘤（SM）的临床特征、生存及预后的研究非常少。

方法 我们回顾性分析了 2002 年 2 月至 2023 年 5 月于盐城市第一人民医院血液科诊治的 102 例 WM 患者的临床特征，共 6 例患者继发血液系统第二肿瘤。分析该人群的临床特征并与其他中心的数据进行比较。进一步分析了潜在的发病机制，并提出建立预测继发血液系统第二肿瘤的危险因素模型及更适于临床的早期筛查方法。

结果 102 例 WM 患者中，有 4 名男性和 2 名女性继发血液系统第二肿瘤。1 人继发为 AML，1 人继发为 MM，1 人继发为 MDS，1 人继发为 B-ALL，2 人继发为 DLBCL。继发第二肿瘤的中位年龄为 65.5 岁（56-74 岁）。WM 诊断与血液学 SM 之间的中位间隔时间为 39.5 个月（10-117 个月）。在患有 WM 并伴有血液系统 SM 的患者中，5 人死亡，1 人存活。总生存期的中位数仅为 33 个月（12-119 个月）。无 SM 的 WM 患者中，共有 32 人死亡，64 人存活，中位生存期为 82 个月（3-250 个月）。

结论 WM 继发血液系统第二肿瘤的患者生存及预后非常差，MRD 监测有望成为早期筛查方法。

PO-1560

预见性护理干预在淋巴瘤病人化疗后口腔感染预防中的效果

曾佳玉
绵阳市第三人民医院

目的 在淋巴瘤病人化疗后口腔感染预防中采用预见性护理干预的综合价值。结论预见性护理干预的应用，可针对淋巴瘤化疗期间口腔感染发生的危险因素，制定个性化护理方法，从治疗开始，就给予患者综合化的护理指导，减少不良因子诱发口腔感染的可能性。通过漱口、疾病变化观察、饮食干预等方式，为患者提供针对性的预见护理指导，从而有效减轻患者化疗期间的痛苦，尽可能地保障淋巴瘤患者化疗期间的安全，从根源控制口腔感染事件的发生。

方法 方法选取 2023 年 1 月-2023 年 12 月为研究起止时间，期间共 60 例淋巴瘤化疗患者为研究对象，按照随机数字表法进行分组，组别有对照组（n=30）、实验组（n=30），对照组患者接受常规护理干预，实验组患者则接受预见性护理干预，对比两组患者口腔感染问题的预防效果以及咽部疼痛情况。

1.2.1 常规护理干预

对照组患者接受常规护理，包括健康宣教，指导患者使用生理盐水清洁口腔，保持口腔清洁度。

1.2.2 预见性护理干预

实验组患者采取预见性护理干预。在护理期间，宣教正确漱口的时间与方法，比如，漱口时间点分别为晨起、睡前、3 餐前后；漱口方法为口含漱口液，频繁鼓腮 10 次以上，期间尽量将头前倾，使漱口液与口腔充分接触，并停留 1~2 分钟，期间可使用舌头震动口腔内液体。饮食方面，告知患者粗糙、辛辣食物的危害，建议患者选择流质、半流质饮食，食物以低脂肪、高蛋白、高维生素为主。化疗起，引导患者进行张口运动，观察患者是否存在牙龈出血、口腔疼痛等问题。

结果 结果对照组患者口腔疼痛发生例数为 6 例, 口腔溃疡发生例数为 4 例, 口腔黏膜出血例数为 1 例, 总发生例数为 11 例, 占比 36.67%; 咽部疼痛发生例数为 4 例, 占比 13.33%; 实验组患者口腔疼痛发生例数为 2 例, 口腔溃疡发生例数为 1 例, 口腔黏膜出血例数为 0 例, 总发生例数为 3 例, 占比 10%, 咽部疼痛发生例数为 0 例。经对比, 实验组淋巴瘤化疗患者的口腔感染发生率与咽部疼痛发生率均低于对照组, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。

结论 说明预见性护理可控制不良并发症的发生, 使得淋巴瘤化疗过程更加安全, 为患者争取良好预后。综上所述, 预见性护理干预对预防口腔感染的效果优异, 值得推广。

PO-1561

慢性淋巴细胞白血病/小 B 细胞淋巴瘤 相关肾损害的临床特征及随访结果

王冰洁、赵一明、梁曠隐、王莉红、王文生、欧晋平、邱志祥、岑溪南、任汉云、董玉君
北京大学第一医院

目的 提高慢性淋巴细胞白血病/小 B 细胞淋巴瘤 (CLL/SLL) 相关肾脏病变的认识, 探讨有效治疗策略。

方法 本研究回顾性总结 2010-1 月至 2023-12 月期间在北京大学第一医院就诊的 13 例 CLL/SLL 合并肾脏病变患者的临床资料, 随访疾病转归。

结果 13 例患者中 8 例男性, 女性 5 例, 年龄范围 58-76 岁, 中位年龄 66 岁。9 例为 CLL, Rai 分期: 2 例 I 期, 4 例 II 期, 1 例 III 期, 2 例 IV 期; 4 例为 SLL, 1 例 I 期, 3 例 III-IV 期。8 例行 IGHV 检测, 2 例未突变, 7 例行 TP53 突变阴性, 9 例 17p-检测均阴性。3 例患者同时确诊 CLL 并发现肾脏病变, 10 例患者在确诊 CLL 等待观察中位 2 年 (1-10) 后发现肾脏病变。13 例患者均有不同程度蛋白尿, 8 例血尿, 5 例达肾病综合征, 6 例出现肾损伤。所有患者均接受肾脏活检, 均存在肾脏淋巴细胞浸润, 2 例局灶增生性肾小球肾炎, 1 例肉芽肿性间质性肾炎, 2 例冷球蛋白肾损伤, 1 例局灶增生硬化性肾小球肾炎, 1 例血栓性微血管病, 4 例膜性肾病, 1 例免疫触须样肾小球病。3 例维持透析, 1 例行血浆置换。4 例一线应用化疗联合/不联合利妥昔单抗, 6 例一线应用 BTKi 治疗, 4 例出现不同程度血肌酐降低, 6 例尿蛋白降低超过 50% 以上。

结论 CLL/SLL 相关肾脏损伤相对少见, 通常需要启动 CLL/SLL 治疗, 部分肾脏病变能够显著改善。

PO-1562

弥漫大 B 细胞淋巴瘤异常胆固醇代谢促进肿瘤 微环境中髓源性抑制细胞浸润机制研究

刘梦珂、王黎、赵维莅
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 髓源抑制性细胞 (MDSC) 是一种免疫抑制细胞, 在肿瘤发生发展中起到重要作用。然而在弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 中, 肿瘤细胞诱导 MDSC 浸润, 及 MDSC 发挥免疫抑制作用的具体机制有待进一步研究。

方法 采用流式细胞分析的方法检测 DLBCL 患者和正常对照外周血中 MDSC 细胞比例。通过转录组分析模拟肿瘤组织 MDSC 浸润水平, 与外周血 MDSC 水平进行相关性分析。并通过 RNA 测序转录组分析探究肿瘤细胞与 MDSC 激活相关的信号通路。体外实验进一步验证 DLBCL 中肿瘤细胞诱导或招募 MDSC 的机制。

结果 DLBCL 患者外周血 MDSC 比例较正常对照均有所升高，同时与患者不良预后有关。外周血 MDSC 水平与患者肿瘤 RNAseq 中 MDSC 相关细胞因子白介素 1β (IL- 1β)，白介素 6 (IL-6) 等表达水平呈正相关。MDSC 高的患者肿瘤胆固醇代谢通路激活，巨噬细胞炎症小体 NLRP3 激活，促进 IL- 1β 分泌。细胞实验发现二甲双胍能够下调胆固醇合成相关 SREBF2, HMGCR 等基因表达，减少与肿瘤细胞共培养的 PBMC 中 MDSC 的比例。

结论 DLBCL 患者外周血 MDSC 水平与患者预后不良相关，与肿瘤组织中 MDSC 浸润存在相关性，靶向肿瘤代谢，减少 MDSC 浸润有可能成为 DLBCL 治疗新的靶点。

PO-1563

淋巴细胞/单核细胞及其与乳酸脱氢酶比值 对 CAR-T 细胞治疗 B 细胞非霍奇金淋巴瘤疗效及预后的影响

王莹¹、李娜²、邱婷婷¹、朱锋¹、闫志凌¹、齐昆明¹、桑威¹、李德鹏¹、李振宇¹、徐开林¹

1. 徐州医科大学附属医院

2. 徐州医科大学

目的 探讨复发难治性 (R/R) B 细胞非霍奇金淋巴瘤 (B-NHL) 患者外周血中淋巴细胞/单核细胞比值 (LMR) 和 LMR 与乳酸脱氢酶 (LDH) 比值 (LMR/LDH) 对患者嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 疗法治疗后近期疗效和远期预后的影响。

方法 回顾性分析 2017 年 01 月至 2020 年 11 月在徐州医科大学附属医院血液科接受 CAR-T 细胞治疗的 51 例 R/R B-NHL 患者的临床资料，评估患者国际预后指数 (IPI)，CAR-T 细胞治疗后有效率，无进展生存期 (PFS) 和总生存期 (OS)。分析 LMR、LMR/LDH 与疗效和预后的相关性。

结果 接受 CAR-T 细胞治疗的 51 例 R/R B-NHL 患者中，CAR-T 细胞治疗前低 LMR 患者的有效率低于高 LMR 组 ($P=0.012$)，低 LMR/LDH 组有效率低于高 LMR/LDH 组 ($P=0.006$)。治疗有效组患者治疗前 AMC、合并大包块的比例和 IPI 评分低于治疗无效组患者 ($P=0.033$, 0.019 和 0.015)，治疗前 LMR 高于疗效无效患者 ($P=0.012$)；Cox 多因素回归分析法显示，合并大包块是影响有效率的独立影响因素 ($P=0.022$)。进一步分析与患者预后相关的因素，治疗前外周血中 LMR 较高的患者较 LMR 较低的患者 PFS ($P=0.022$)、OS ($P=0.006$) 延长，单因素分析结果显示 LMR ($P=0.022$)、LMR/LDH ($P=0.039$)、近期疗效 ($P=0.011$) 与 CAR-T 细胞治疗后患者的 PFS 相关；AMC、LMR、性别、IPI 评分、疾病类型、近期疗效与患者的 OS 相关。将上述因素纳入 Cox 多因素分析，结果显示：LMR ($P=0.013$, HR=0.36; 95%CI: 0.16-0.80)、疾病类型 ($P=0.030$, HR=0.18; 95%CI: 0.04-0.85) 及近期疗效 ($P=0.003$, HR=5.09; 95%CI 1.76-14.73) 是患者 OS 的独立预后因素。

结论 1. 接受 CAR-T 细胞治疗的 B-NHL 患者治疗前外周血 LMR 和 LMR/LDH 与患者的有效率和 PFS 有关。2. 治疗前外周血中 LMR 是影响患者 OS 的独立预后因素。

PO-1564

A novel prognostic nomogram based on imaging and molecular parameters for newly diagnosed extranodal natural killer/T-cell lymphoma patients

Dezhi Huang, Fu Li, Shijia Lin, Jing Xia, Bangdong Liu, Xinlei Li, Naya Ma, Yishuo Duan, Yunjing Zeng, Sha Zhou, Shuhan Tang, Wenqiu Huang, Lingyi Rao, Li Gao, Qiong Li, Jun Rao, Xi Zhang
Xinqiao Hospital, Army Medical University

Objective Extranodal natural killer/T-cell lymphoma (ENKTL) is a rare non-Hodgkin lymphoma that is typically associated with poor survival outcomes. A risk-adjusted chemotherapy strategy is pivotal for improving patient clinical outcomes. This research aimed to construct a prognostic prediction and risk stratification model based on imaging and molecular biomarkers

Methods Patients with ENKTL in a prospective cohort were systemically reviewed and all the pretreatment PET/CT, EBV-DNA, and ctDNA data were obtained. A total of 91 newly diagnosed ENKTL patients (02/2017-11/2023) were enrolled. Independent prognostic factors were identified and integrated to construct the predictive nomogram using the Cox regression model. The nomogram was evaluated by calibration curve analysis. We investigated the prognostic performance of the nomogram in comparison with the International Prognostic Index (IPI), the Korean Prognostic Index (KPI), the prognostic index of natural killer lymphoma (PINK) or with EBV-DNA (PINK-E) and PINK-E combined with ctDNA (PINK-EC) by calculating Harrell's concordance index (C-index), the Akaike information criterion (AIC) analysis and Bayesian information criterion (BIC) and performing receiver operating characteristic (ROC) curve and decision curve analysis (DCA). Kaplan-Meier curves and time-dependent ROC curves were plotted to compare the risk stratification capabilities.

Results Univariate and multivariate analyses identified the SUVmax, EBV-DNA, and ctDNA concentration as independent prognostic factors for overall survival (OS), and a new nomogram, SEC, based on the three prognostic factors was constructed. The calibration plots demonstrated satisfactory consistency between the nomogram prediction for OS and the actual observation data. The calculated C-index, AIC, and BIC were 0.817, 261, and 266, respectively, for OS. ROC curve and DCA analyses indicated that compared with the IPI, KPI, PINK/PINK-E, and PINK-EC models, the SEC nomogram showed better prognostic predictive efficacy for ENKTL. Kaplan-Meier survival analysis showed that intermediate-risk patients could be distinguished from low- (HR = NA, P = 0.015) and high-risk patients (HR = 4.965; 95% CI, 2.287-10.777; P < 0.001) for OS. The 3-year OS rates were 100% (95% CI, NA), 62.2% (95% CI, 48.6-79.6), and 4.5% (95% CI, 0.7-30.4). Time-dependent ROC curves indicated that the SEC had a better risk stratification capability.

Conclusion The SEC nomogram had better prognostic prediction, risk stratification, and clinical use than the IPI, KPI, PINK/PINK-E, or PINK-EC. The SEC scoring system reflects the recognition of existing therapies for identified low-risk patients and the urgent need for better and more novel treatment options for high-risk patients.

PO-1565

Predictors and Response in Varying Duration of BTK Inhibitor Bridging Therapy before Anti-CD19 CAR T cell Treatment for relapsed/refractory DLBCL

Jia Wang,Rui Cui,Yao Qi,Juan Mu,Xin Li,Qing Li,Qi Deng
Tianjin First Central Hospital

Objective Anti-CD19 chimeric antigen receptor (CAR) T cell therapy has emerged as a promising salvage strategy for patients with relapsed/refractory (R/R) diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL). Despite its potential, enhancing the efficacy of CAR T cell therapy remains a significant challenge. Bridging therapy with Bruton's tyrosine kinase inhibitor (BTKi), such as Ibrutinib or Zanubrutinib, has been investigated as a potential approach to optimize outcomes in this setting.

Methods In this post hoc analysis, we evaluated the impact of varying durations of BTKi bridging therapy preceding anti-CD19 CAR T cell treatment in 33 patients diagnosed with R/R DLBCL. Patients meeting enrollment criteria, including the presence of at least one high-risk factor indicative of poor prognosis, were categorized into two cohorts based on the duration of BTKi bridging therapy: ≥ 2 months and < 2 months. Efficacy outcomes and associated adverse events were assessed across these cohorts.

Results Despite the ≥ 2 months group exhibiting inferior baseline characteristics, including higher International Prognostic Index (IPI) scores, double hit/expression, and extranodal lesions, they demonstrated a superior overall response rate (ORR) compared to the < 2 months group. However, no statistically significant differences in progression-free survival (PFS) or overall survival (OS) were observed between the two cohorts. Additionally, we identified potential predictive markers for the efficacy of BTKi bridging therapy, namely the modulation of nicotinamide phosphoribosyl transferase (NAMPT) and programmed cell death 1 (PD-1) expression.

Conclusion Our findings suggest that prolonging the duration of BTKi bridging therapy may improve the overall response to subsequent anti-CD19 CAR T cell treatment in R/R DLBCL patients, despite baseline disparities. However, careful consideration of hematological toxicity associated with prolonged BTKi exposure is warranted. Further investigation is essential to validate and translate these observations into clinical practice, highlighting the need for ongoing research in this area.

PO-1566

A case report of T-cell prolymphocytic leukemia and literature review

Fengdi Wang,Jianming Yu,Chun Zhang
Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective T-cell prolymphocytic leukemia (T-PLL) is currently recognized as an aggressive T-cell leukemia, which is a very rare disease with an overall incidence of only 0.6/ Million in the general population and representing 2% of chronic leukemias in adults. T-PLL patients usually undergo highly aggressive clinical course with poor prognosis and short survival time. Here we report a case of adult T-PLL and review the current literature.

Methods A 52-year-old Chinese male patient initially presented with skin rash at both upper limbs, chest and back, periorbital and conjunctival edema, along with cervicals lymphadenectasis.

A complete blood count showed hyperleukocytosis, lymphocytosis, mild anemia and severe thrombocytopenia (WBC: $211.18 \times 10^9/L$ with 93.4% lymphocytes, 0.7% neutrophils, HGB 100g/L, PLT $18 \times 10^9/L$). The diagnosis of T-PLL was confirmed in April 2023 by comprehensive consideration of bone marrow cytology, immunophenotyping, cytogenetics, molecular biology and clinical manifestations. Since then, the patient had received bendamustine for three cycles, bendamustine+ruxolitinib for two cycles, bendamustine+chidamide for four cycles, and FMC (fludarabine, liposome mitoxantrone, cyclophosphamide) for three cycles.

Results The patient responded to the bendamustine chemotherapy quickly at first, characterized by lymphocytes decrease, anemia and numerical platelet recovery, deflorescence and lymph node reduction. The abnormal phenotypic tumor cells in the bone marrow also reduced from 93% to 32% according to MRD detection. Efficacy assessments indicated achievement of partial remission (PR) after three bendamustine chemotherapy. However, the WBC counts started to elevated again with the skin rash reemergence, implying progress disease (PD). The JAK inhibitor ruxolitinib was added in addition to bendamustine, which resulted in no response (NR) after two cycles. Ruxolitinib was then replaced by HDAC inhibitor chidamide to combined with bendamustine chemotherapy. The efficacy of this regimen resembled bendamustine monotherapy, showing response at first then progressing quickly. Finally, more intensive chemotherapy FMC was chosen, and PR was achieved after only 1 cycle. Unfortunately, after 3 cycles of FCM, the patient died from severe infection and bone marrow suppression. The overall survival time of this patient was 13 months, which was comparable with the results of clinical studies of T-PLL.

Conclusion This case report indicated the poor treatment effect and prognosis of T-PLL. More efforts are needed in investigating the pathogenesis and novel therapeutic strategies for T-PLL.

PO-1567

基于 LC-MS/MS、网络药理学及分子对接的固本消瘤方抗弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的作用机制研究

战昕卓^{1,2}、薄毅文³、倪海雯¹

1. 南京中医药大学附属医院 江苏省中医院

2. 北京中医药大学 中医学院

3. 南京中医药大学 医学院

目的 本研究旨在探讨固本消瘤方(Gu-Ben Xiao-Liu Decoction, GBXLD)中抗弥漫大 B 细胞淋巴瘤(Diffuse large B-cell lymphoma, DLBCL)的活性成分及其分子机制。

方法 通过液相色谱-串联质谱(LC-MS/MS)技术对 GBXLD 中的化学成分进行非靶向分析; 采用网络药理学及分子对接预测 GBXLD 中抗 DLBCL 的潜在的活性成分及作用靶点; 最后, 对筛选出的关键成分及核心靶点进行体外及体内实验验证。

结果 LC-MS/MS 共鉴定出 GBXLD 中的化学成分 185 种, 与网络药理学的预测结果进行交集, 共获得木犀草素、落新妇苷、毛蕊异黄酮等 15 个化合物。其中, 木犀草素来自 GBXLD 中的君药半枝莲及臣药夏枯草, 在方中发挥解毒的功效, 在“中药-成分-靶点”网络结果显示, 木犀草素的度值排名较高; GO 和 KEGG 富集分析结果显示, JAK/STAT 等信号通路参与 GBXLD 治疗 DLBCL 的过程, 并且分子对接结果显示木犀草素与 JAK2 和 STAT3 具有良好的结合潜力。因此本文后续实验选用木犀草素作为研究对象。细胞实验结果显示, 木犀草素以浓度依赖性的方式抑制人弥漫大 B 淋巴瘤细胞 U2932 细胞增殖, 诱导细胞凋亡, 阻滞细胞于 G2/M 期, 下调 p-JAK2、p-STAT3 蛋白的表达 ($P < 0.05$)。动物实验表明, 与空白组比较, 木犀草素组以剂量依赖性的方式抑制人弥漫大 B 淋巴瘤细胞 U2932 皮下荷瘤裸鼠的瘤体生长 ($P < 0.05$); Western blot 结果显示, 木犀草素治疗组在体内同样能够诱导肿瘤细胞凋亡, 下调 p-JAK2、p-STAT3 的蛋白表达水平 ($P < 0.05$)。

结论 木犀草素可能是 GBXLD 中治疗 DLBCL 的一种有前景的天然活性成分，其机制可能与抑制 JAK2/STAT3 信号通路有关，为后续临床开发 GBXLD 有效中成药提供理论依据。

PO-1568

基于靶点-配体分析和 LC-MS/MS 探究芪苓白头翁汤 治疗弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的机制

战昕卓^{1,2}、倪海雯¹

1. 南京中医药大学附属医院 江苏省中医院

2. 北京中医药大学 中医学院

目的 本研究拟探讨芪苓白头翁汤（Qiling Baitouweng Tang, QLBTWT）（黄芪、土茯苓、白头翁、黄连、黄柏、秦皮）及其活性成分治疗弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）的潜在机制。

方法 采用靶点-配体指纹图谱技术结合液相色谱-串联质谱法（LC-MS/MS）预测 QLBTWT 中抗 DLBCL 的潜在功效成分及相应的疾病靶点。通过体外、体内实验及分子动力学对预测结果进一步验证。

结果 靶点-配体指纹图谱技术和 LC-MS/MS 分析结果表明，槲皮素、柚皮素、落新妇苷等 14 种化合物可能是 QLBTWT 中具有抗 DLBCL 作用的潜在有效化合物。根据对接得分，我们选择槲皮素作为目标单体。同时，计算结果表明槲皮素与 JAK2 具有更好的对接潜力。体外实验表明，槲皮素能明显抑制 DLBCL 细胞 U29232 的增殖和迁移，诱导 DLBCL 细胞凋亡，并且阻断细胞周期于 G2/M 期（ $P < 0.05$ ）。体内实验结果显示，与模型组相比，QLBTWT 对 U2932 荷瘤裸鼠瘤体组织的生长具有明显的抑制作用（ $P < 0.05$ ），QLBTWT 能显著诱导肿瘤细胞凋亡（ $P < 0.05$ ）。随着 QLBTWT 剂量的升高荷瘤裸鼠血清中 IL-10、TNF- α 水平表达下降（ $P < 0.05$ ）；QLBTWT 以剂量依赖性方式上调促凋亡蛋白 Bax、Cleaved PARP、Cleaved Caspase-3 蛋白的水平，下调 BCL-2、C-Myc、p-JAK2、p-STAT3、Ki67 蛋白的水平（ $P < 0.05$ 或 $P < 0.01$ ）。

结论 本研究证实了槲皮素可能是 QLBTWT 中发挥抗 DLBCL 作用的活性化合物之一；QLBTWT 在体内具有抑制人 DLBCL 细胞株 U29232 细胞增殖的作用，其机制可能与诱导细胞凋亡、阻断 JAK2/STAT3 信号通路有关。

PO-1569

利妥昔单抗和奥妥珠单抗治疗滤泡性淋巴瘤 致急性重症血小板减少一例报告

张旻玥、肖菲、黄洪晖

上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 抗 CD20 单克隆抗体（CD20 单抗）目前已被广泛用于 B 细胞非霍奇金淋巴瘤，CD20 单抗诱导急性血小板减少报道较少。我们报告 1 例先后使用利妥昔单抗和奥妥珠单抗均出现急性重度血小板减少的滤泡性淋巴瘤（FL）患者。

方法 患者，女性，58 岁，2021 年 11 月因“体检 B 超发现颈部肿块 2 月余”入院，病程中有体重减轻。左颈淋巴结活检病理提示高级别滤泡性淋巴瘤（3A 级）。血常规提示三系下降。全身增强 CT 检查提示全身多区域淋巴结肿大，脾肿大。骨穿检查提示淋巴瘤累及骨髓。故诊断为 FL(3A 级)，IVB 期。

结果 因患者病程中出现 B 组症状、血常规提示三系下降、脾脏肿大，故有治疗指征，拟用 R-CHOP 方案化疗。患者首次接受利妥昔单抗治疗过程中出现输液反应。次日复查血常规提示 IV° 血

小板减少，伴 D-二聚体和降钙素原升高，考虑利妥昔单抗相关免疫反应，故停用 CHOP 化疗，予以输注血小板、丙种球蛋白+糖皮质激素治疗后血小板计数、D-二聚体和降钙素原逐渐恢复正常。患者分别于 2022 年 1 月和 2 月接受第一、二疗程 CHOP 方案化疗，2024 年 3 月首次接受奥妥珠单抗治疗过程中再次出现输液反应。次日复查血常规提示 IV°血小板减少，伴 D-二聚体和降钙素原升高，经输注血小板、丙种球蛋白+糖皮质激素等治疗后缓解。考虑患者接受 CD20 单抗反复出现重度血小板减少，后续未再使用，于 2022 年 6 月和 7 月接受第三、四疗程 CHOP 方案化疗后失访。

结论 该病例是首次报道 FL 患者接受两种 CD20 单抗均出现急性重度血小板减少。对于高肿瘤负荷患者在接受 CD20 单抗治疗期间应密切监测血小板计数，一旦发生急性血小板减少，应及时处理，以防止严重出血性事件。

PO-1570

聚乙二醇修饰白细胞介素-2 通过重塑抑制性免疫微环境延缓 B 细胞淋巴瘤进展

孙顺容、谢彦晖
复旦大学附属华东医院

目的 肿瘤免疫治疗已成为治疗淋巴瘤的重要手段，但是患者存在响应率低，复发率高等问题。这是由于肿瘤组织免疫微环境中存在多种免疫抑制性因素，包括了高调节性 T 细胞（Treg）比例和免疫细胞耗竭（Tex）等。寻找一种能够减少 Treg 细胞和逆转细胞耗竭的免疫治疗方案是十分有必要的。

方法 构建免疫经典动物模型黑色素瘤、常见的实体肿瘤肺腺癌和 B 细胞淋巴瘤模型小鼠，了解淋巴瘤小鼠的肿瘤免疫微环境是实现肿瘤免疫治疗疗效最大化的基础。构建不同分子量聚乙二醇修饰白细胞介素-2（PEG-IL-2），比较健康生理模型小鼠脾脏的免疫细胞比例和 Tex 比例，筛选出 40kd PEG-IL-2 可能具有抗肿瘤效应。在 B 细胞淋巴瘤模型小鼠中腹腔注射等活性单位的人重组白细胞介素-2（rhIL-2）和 40kd PEG-IL-2，B 细胞淋巴瘤模型小鼠中研究 40kd PEG-IL-2 的抗肿瘤效应和比较肿瘤引流淋巴结、脾脏和肿瘤组织内免疫细胞比例和耗竭细胞比例的变化。

结果 B 细胞淋巴瘤肿瘤组织中 CD8⁺ T 细胞多分布在肿瘤组织边缘，表现为“免疫排斥型”肿瘤，肿瘤组织中 Treg 细胞比例相对较高。40kd PEG-IL-2 通过减少 STAT5 磷酸化减少 Treg 细胞比例。另外，和肿瘤细胞共同培养时，减少 CD8⁺PD-1⁺ Tex 细胞比例和减少细胞耗竭相关的转录因子表达。和连续 5 天给予人重组白细胞介素-2（rhIL-2）治疗相比，单次 40kd PEG-IL-2 显著延缓 B 细胞淋巴瘤的增长，肿瘤生长抑制率高达 82.32%。40kd PEG-IL-2 可以促进肿瘤组织中 NK 细胞和 CD8⁺ T 细胞比例增加，促进更多的 CD8⁺ 细胞浸润至肿瘤组织内部，同时减少 Treg 细胞的比例，上调了 NK/Treg 和 CD8/Treg。另外，40kd PEG-IL-2 不促进 CD8⁺PD-1⁺ 细胞比例和绝对计数的增加，从同时表达多种免疫检查点分子的 CD8⁺ T 细胞比例、CD8⁺PD-1⁺ T 细胞表面 TCF-1 的表达量和 CD8⁺PD-1⁺ T 细胞分泌干扰素、颗粒酶 B 效应分子和耗竭相关的转录因子表达情况来看，40kd PEG-IL-2 维持 CD8⁺ T 细胞的“干性”，不促进肿瘤组织 CD8⁺ T 细胞进入终末耗竭状态，使 CD8⁺ T 细胞停留在早期耗竭状态。

结论 B 细胞淋巴瘤是一种“冷肿瘤”，而 40kd PEG-IL-2 可以重塑抑制性肿瘤微环境，显著增加 CD8/Treg，改变免疫平衡，同时减缓或者逆转细胞耗竭，最大程度地弱化了促进 B 细胞淋巴瘤免疫逃逸的因素，成为有效的抗肿瘤方案。

PO-1571

华氏巨球蛋白血症向弥漫大 B 细胞淋巴瘤同源转化的诊治分享

叶艳艳、袁国林

襄阳市中心医院 湖北文理学院附属医院

目的 华氏巨球蛋白血症（WM）以浆细胞样淋巴细胞骨髓和淋巴结内浸润和血清产生大量单克隆 IgM 为特征，多数呈惰性病程，极少数可组织学转化（HT）为高级别淋巴瘤，多为弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）。转化后病程进展迅速，预后差，目前尚无明确有效的治疗指导。本文报道 1 例 WM、WM 与 DLBCL 并存、同源转化为 DLBCL 患者的诊断和治疗，以提高对 WM 组织学转化的认识。

方法 回顾性分析我科 2015 年 9 月至今收治的 1 例 WM、WM 与 DLBCL 并存、同源转化为 DLBCL 患者的诊治资料。

结果 患者诊断 WM 后分别予氟达拉滨+环磷酰胺+地塞米松（FCD）化疗 8 疗程、苯达莫司汀+硼替佐米+地塞米松（BVD）化疗 6 疗程、口服泽布替尼 3 月余，出现 WM 与 DLBCL (non-GCB 型) 并存，予 8R-6CHOP+泽布替尼治疗，评估疾病缓解（CR），但短期内复发并同源转化为 DLBCL，予利妥昔单抗+吉西他滨+奥沙利铂（R-Gemox）至今共化疗 4 疗程，评估疾病 CR。

结论 WM 可逐渐同源转化为 DLBCL，R-CHOP 和 R-Gemox 短期内有效，长期预后差。

PO-1572

淋巴结边缘区淋巴瘤向弥漫大 B 细胞淋巴瘤转化的诊治分享

叶艳艳、袁国林

襄阳市中心医院 湖北文理学院附属医院

目的 淋巴结边缘区淋巴瘤（NMZL）表现为局部或全身淋巴结肿大，易侵犯骨髓和外周血，常不伴结外部位和脾脏受累。NMZL 通常呈惰性病程，但少数患者可转化为高级别淋巴瘤，表现为侵袭性和较短的生存期，主要为弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）。尽管在利妥昔单抗时代，NMZL 患者的预后显著改善，组织学高级别转化（HGT）仍然是管理惰性患者的主要挑战之一。本文报道 1 例 NMZL 同源转化为 DLBCL 患者的诊断和治疗，以提高对 NMZL 组织学转化的认识。

方法 回顾性分析我科收治的 1 例难治性 NMZL 转化为 DLBCL 患者的诊治资料。

结果 患者诊断为 NMZL IV 期高危组，建议利妥昔单抗联合化疗，患者拒绝后选择口服伊布替尼靶向治疗，后因间断咳嗽咯血 8 月余逐渐停用；2 月后病情进展予 BR（苯达莫司汀+利妥昔单抗）化疗 2 疗程后未再治疗，3 月后发现 DLBCL 转化，考虑 NMZL 与 DLBCL 并存，予 R2-CHOP（来那度胺+利妥昔单抗+环磷酰胺+阿霉素+长春地辛+泼尼松）化疗 3 疗程，评估疗效 PR，但化疗后骨髓抑制，因家属治疗不积极血小板低颅内出血而死亡。

结论 NMZL 向 DLBCL 组织学转化比较少见，转化后预后极差。

PO-1573

原发性膀胱黏膜相关淋巴组织淋巴瘤 1 例并文献复习

韩书雯、李嘉欣

遵义医科大学附属医院

目的 原发于膀胱的淋巴瘤极为罕见。该病无特异性临床表现，肉眼难与其他泌尿系疾病相鉴别。

故通过介绍此病例，以总结此类患者的临床特点、诊疗思路，以期提高临床医生对该病的认识。

方法 分析遵义医科大学附属医院收治的 MALT1 例，并进行文献复习。

结果 患者女，58 岁，因“血尿伴尿频、尿急 1 月”入院。尿常规示红细胞 1871 个/ul,白细胞 28 个/ul。泌尿系彩超：膀胱壁见约 71mm* 38mm 低回声团块。泌尿系 CT：膀胱壁明显增厚、疑淋巴瘤。膀胱镜检查提示巨大实性占位病变，基底部覆盖整个后壁，送病理活检：黏膜小淋巴细胞增生性病变。免疫组化：黏膜相关淋巴组织结外边缘区淋巴瘤。CD20(+)、CD19 (+)、MUM1 (+)、K-67 (5-10%)，Bcl-2 (-)、Bcl-6 (-)。完善 PET-CT：膀胱外侧壁不规则增厚，FDG 代谢异常增高，余所扫及全身淋巴结均未见明显代谢异常。治疗上予以 BR 方案化疗，目前仍在随访中。

结论 膀胱原发性 MALT 发病率低，常合并尿路感染，应注意与慢性膀胱炎、膀胱癌等相鉴别。影像学有利于发现该病，病理是诊断该病的有效手段。治疗常以化疗为主，辅以手术清除病灶，早期诊断并及时干预有利于疾病预后。

PO-1574

RMO 方案在初治原发中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤诱导治疗中的初步疗效探讨

周沙、向茜茜、曾韞璟、饶军、李佳丽、董松、刘波、杨涵善、李甫、蔺诗佳、刘红云、高力、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 评估奥布替尼联合利妥昔单抗、大剂量甲氨蝶呤（RMO）的诱导方案在初治原发中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤中的疗效与安全性。

方法 年龄 18 岁以上的初治原发中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者，接受奥布替尼靶向治疗联合化疗的诱导方案（奥布替尼 150mg 持续+利妥昔单抗 375mg/m² d1、HD-MTX 3.5mg/m² d2/28 天）方案诱导治疗 3 个疗程，疗效评估达部分缓解（partial remission, PR）及以上的患者接受自体造血干细胞移植（autologous stem cell transplantation, ASCT）或 yuan2 方案继续巩固治疗后奥布替尼维持治疗 2 年。

结果 2021 年 3 月至 2024 年 3 月我院共 26 例原发中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者接受了奥布替尼+利妥昔单抗+HD-MTX 方案诱导化疗。中位年龄 56 岁（43-72），男性 12 例女性 14 例，病理类型中 8 例生发中心亚型，18 例为非生发中心亚型。5 例患者诱导治疗 2 疗程疾病未控制出组，3 例患者治疗 3 疗程后疾病进展；3 疗程诱导治疗后 13 例患者达完全缓解，5 例患者 PR，3 疗程诱导治疗结束后所有患者总反应率（overall response rate, ORR）为 61.5%，CR 率为 50%。达 PR 以上的 18 例患者中 7 例患者随后接受了 ASCT。所有患者均未观察到 III-IV 级血液学和非血液学不良事件。

结论 RMO 方案是一种有效且安全的原发中枢神经系统弥漫大 B 细胞淋巴瘤诱导方案。

PO-1575

1 例胃弥漫大 B 细胞淋巴瘤化疗后消化道大出血患者的护理体会

赵永莉
中国人民解放军陆军军医大学第一附属医院

目的 本文讨论了一例胃弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者化疗后消化道大出血的护理体会。

方法 通过跨学科团队合作，我们为患者定制了一套个性化护理方案，以确保全面细致的护理服务。方案包括心理疏导，患者家属全程陪伴给与情感支持，帮助患者建立治疗和康复的信心；调整患入住单间病房，确保患者情绪稳定，睡眠充足；建立中心静脉通路，有效输注药物及血制品；留置胃

管经胃管交替注入凝血酶溶液及去甲肾上腺素稀释液，促进止血；急性期禁食，肠外营养支持，出血停止后逐渐过渡到正常饮食。

结果 这些措施的实施有效控制了出血，使患者顺利完成第二疗程化疗并顺利出院。

结论 本文总结了此病例的护理经验，为今后此类疾病的护理提供参考，强调了多学科协作和个性化护理在提高患者治疗效果和生活质量中的作用。

PO-1576

复发难治性淋巴瘤患者预期性悲伤现状及影响因素研究

谭楚霞¹、李成媛¹、李媛媛²

1. 中南大学湘雅三医院

2. 湖南省肿瘤医院

目的 了解复发难治性淋巴瘤患者预期性悲伤水平，并分析其影响因素，为临床识别高危因素和制定针对性的干预措施提供依据。

方法 采用便利抽样法，选取 2024 年 1~6 月于湖南省两所三级甲等医院就诊的 155 例复发难治性淋巴瘤患者为研究对象，使用一般资料调查问卷、癌症患者预期性悲伤量表、痛苦表露指数量表、简易疾病感知问卷、社会支持评定量表进行调查，采用单因素分析、相关性分析及多元线性回归分析患者预期性悲伤的影响因素。

结果 淋巴瘤患者患者的预期性悲伤得分为（73.57±16.14）分，单因素分析结果显示，不同年龄、性别、受教育程度、家庭人均月收入、临床分期的患者预期性悲伤得分差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。相关性分析发现患者预期性悲伤得分与自我表露、社会支持呈负相关，与疾病感知呈正相关（ $P < 0.05$ ）。多元回归分析显示，受教育程度、家庭人均月收入、自我表露、社会支持是其预期性悲伤的重要影响因素，可解释其总变异的 42.6%。

结论 复发难治性淋巴瘤患者的预期性悲伤处于中高水平，临床医护应重视该人群的心理健康，关注可能发生预期性悲伤的高危人群。通过提高患者的自我表露、建立系统完善的社会支持体系、积极开展适宜的心理干预，以期降低预期性悲伤水平，促进患者全面康复。

PO-1577

环孢霉素拯救多线治疗失败伴噬血细胞综合征 皮下脂膜炎 T 细胞淋巴瘤一例报告附文献复习

胡青、向兵

四川大学华西医院

目的 探讨伴嗜血细胞综合征皮下脂膜炎样 T 细胞淋巴瘤（SPTCL）的有效的治疗方案及预后。

方法 回顾性分析我院病理诊断的 1 例 SPTCL 患者的临床病理特征、诊断治疗及预后，并进行文献复习。

结果 15 岁男性患者，以腰背部及左下肢大腿根部皮肤局肿胀，皮下痛性结节伴发热起病，完善左侧小腿皮肤活检，病理诊断:皮脂膜炎 T 细胞淋巴瘤继发嗜血，给予 3 疗程西达本胺+CHOP 方案达到 PR，5 疗程吉西他滨+西达本胺+CHOP 评估仍然为 PR，后行干细胞采集，未达采集量要求。后续予以二线拯救化疗，1 疗程地西他滨+GMOX、4 疗程 PD-1、1 疗程 G-ABVD 患者病情呈进行性进展，停止所有化疗改为环孢素口服治疗，病情逐渐稳定，1 年后达到完全缓解，长期口服并随访，目前 PFS 6 年。

结论 SPTCL 发病率低，目前无统一标准的治疗方案。该病侵袭性强，病情进展迅速，治疗上主张采取联合化疗、局部放疗等措施。此患者经多疗程联合化疗后仍不能达到疾病缓解，给予环孢素口服治疗，患者未再发热，全身结节消退，目前该患者处于随访中。临床证实环孢素对多线治疗失败的伴嗜血细胞综合征皮下脂膜炎样 T 细胞淋巴瘤有效。

PO-1578

维泊妥珠单抗联合二线方案化疗治疗复发/难治 原发纵隔大 B 细胞淋巴瘤

黄赛、刘要伟、董丽丽、陈平、王全顺、刘代红、窦立萍
中国人民解放军总医院第一医学中心

目的 原发纵隔大 B 淋巴瘤（PMBCL）是一种起源于胸腺 B 细胞的侵袭性前纵膈包块，其特征为 PD-L1/PD-L2 的过表达以及 JAK/STAT 信号通路的激活，一线治疗后 5 年 OS 率超过 80%，但仍有 10%~30% 的 PMBCL 患者原发难治或复发（R/R），预后较差，挽救性化疗后缓解比例仅为 25%，2 年总生存率（OS）率不足 15%。R/R PMBCL 是目前的治疗难点，如何提高此类患者的临床疗效、改善生存质量，是临床上亟需解决的问题。

方法 收集中国人民解放军总医院血液科诊治的 R/R PMBCL 2 例。入院时组织活检：免疫组化结果考虑 PMBCL。既往接受过 R-DA-EPOCH 方案、联合 BV+纳武利尤单抗方案等多种治疗无效。

结果 患者接受 R-DHAP+维泊妥珠单抗+纳武利尤单抗化疗 1 疗程后，疗效评估均达到 PR。主要不良反应为周围神经病变，经对症支持治疗后明显缓解。

结论 R/R PMBCL 患者预后差，接受 R-DA-EPOCH 方案治疗后复发/难治的 PMBCL 疗效仍有待提高。维泊妥珠单抗联合二线方案 R-DHAP、纳武利尤单抗化疗是这类患者的潜在、新型治疗方法，不良反应可控。以维泊妥珠单抗为代表的 ADC 药物治疗，可有效提升 R/R PMBCL 患者的总反应率，为目前 R/R PMBCL 患者的治疗起到参考作用。

PO-1579

含静脉马法兰预处理方案联合自体外周血造血干细胞移植治疗 弥漫大 B 细胞淋巴瘤：无进展生存单中心临床分析

赛比亚·艾克巴尔、袁海龙
新疆医科大学第一附属医院

目的 评价含静脉马法兰预处理方案联合自体外周血造血干细胞移植治疗弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）患者的疗效并分析其预后影响因素。

方法 回顾性分析自 2019 年 3 月至 2024 年 3 月在新疆医科大学第一附属医院血液病中心接受 ASCT 的连续 51 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者的病例资料，对其无进展生存（PFS）及影响预后的因素进行分析。

结果 49 例患者获得造血重建，无移植相关死亡。随访至 5 月 31 日，51 例 DLBCL 患者的中位随访时间为 2-62 个月（30 个月）。ASCT 后 7 例复发，6 例死亡，3 年预期 PFS 和总生存率（OS）分别为 78.5% 和 79.8%。ASCT 前危险程度分层为高危组的患者较非高危组的患者有更高的 3 年预期 PFS（94.7% 和 73.6%），但差异无统计学意义（ $p=0.158$ ）；ASCT 前细胞起源为 GCB 组的患者较 Non-GCB 组有更高的 3 年预期 PFS（80.1% 和 78.3%），但差异无统计学意义（ $p=0.803$ ）。ASCT 前预处理方案为 BEAM 组的患者 3 年预期 PFS 较 BeaEAM 组更高（80.1%

和 61.1%)，但差异无统计学意义 ($p=0.106$)。在 ASCT 前移植时机为常规巩固型患者的 3 年预期 PFS 显著高于复发难治型患者 (85.4% 和 64.3%)，但差异无统计学意义 ($p=0.171$)。

结论 大剂量化疗后 ASCT 能显著改善高危患者的预后。不同细胞起源对于 ASCT 后患者的缓解率及生存无明显差异。ASCT 前选择 BEAM 预处理方案可获得更好的 ASCT 后 PFS 获益。常规巩固型患者相对复发难治型患者有更好的预后，高危的 DLBCL 患者在周期性化疗结束后尽快行 ASCT 对于长期 PFS 及生存至关重要。

PO-1580

Efficacy and safety of CD19-specific CAR-T cell-based immunotherapy in central nervous system lymphoma

Huanxin Zhang, Zhiling Yan, Ying Wang, Yuekun Qi, Zhenyu Li, Kailin Xu
Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

Objective Encouraging response has been achieved with chimeric antigen receptor T (CAR-T) cells in relapsed/refractory B-cell lymphoma. However, the efficacy and safety of CAR-T cells in central nervous system lymphoma (CNSL) are still elusive. Herein, we retrospectively analyzed 19 patients with relapsed/refractory CNSL, including 4 primary CNSL (PCNSL) and 15 secondary CNSL (SCNSL).

Methods After conditioning regimen of cyclophosphamide and fludarabine, all patients received CD19, CD19/CD20 or CD19/CD22 CAR-T cell infusion.

Results The overall response rate of CNSL was 73.7% (14/19), and 10 (52.6%) patients achieved complete remission (CR), 4 (21.1%) patients achieved partial remission (PR). With a median follow-up of 14 months, the median progression-free survival (PFS) was 5 months, and the median Overall survival (OS) was 9 months. The patients with primary lymphoma had worse Progression-free survival (PFS) than those with relapsed lymphoma (1.5 months vs 9 months, $P=0.0468$). The OS in the patients requiring bridging treatment had a shorter OS than the patients without bridging treatment (5 m vs 11 m, $P=0.036$). Of the 14 patients with systemic tumor infiltration, 9 (64.3%) achieved the CNS complete response, and 6 (42.8%) systemic complete response. Up to the cutoff date, of the 9 patients with the CR of CNS disease, 5 patients were still alive and 4 patients died. The CNS diseases of 5 surviving patients maintained CR status, the 4 dead patients all died of systemic progression, of whom only one patient had the relapsed of CNS disease. Of the 19 patients, 15 (78.9%) experienced grades 1-2 CRS, and no patient had grades 3-4 CRS. Neurological events (NEs) occurred in 4 (21.1%) patients, with grades 3-4 NE occurring in 2 (10.5%) patients. All the CRS or NEs were manageable.

Conclusion The CD19-specific CAR-T cell-based immunotherapy appeared as a promising therapeutic approach in CNSL, based on its antitumor effects and an acceptable side effect profile.

PO-1581

肾上腺淋巴瘤的临床分析

张蒙蒙
郑州大学第一附属医院

目的 探讨原发性肾上腺淋巴瘤 (primary adrenal lymphoma PAL) 和淋巴瘤累及肾上腺 (secondary adrenal lymphoma SAL) 的临床及病理特征分析。

方法 回顾性分析郑州大学第一附属医院血液科 201810-202107 的 11 例经病理检查确诊或有 PET-CT 证据证明 PAL 和 SAL 临床特点及病理资料, 比较 PAL 和 SAL 的临床特点。

结果 11 例淋巴瘤中, PAL 占 4 例, SAL 占 7 例, 男女比例为 7: 4; 其临床表现有消化道症状、发热、头晕、乏力等。PET-CT 上, PAL 主要以累及双侧 (100%) 的肾上腺大包块为主, 同时伴有其他淋巴结或部位累及, 中位直径约为 8.05cm (7-10.3), 中位 SUVmax 为 23.73 (15.8-32.3); 而 SAL 多伴有多个器官或组织的肿大, 如消化道、肌肉软组织及淋巴结等, 其中累及单侧者有 3 例 (42.9%), 双侧者 4 例 (57.1%), 中位直径为 3.38cm (增粗-6cm), 中位 SUVmax 为 15.55 (10-20)。PAL 中有 3 例 (75%) 伴有肾上腺皮质功能不全, 而 SAL 中无此表现。细胞因子水平上, PAL 的 IL-6 水平高于 SAL (51.55pg/mL vs 19.2Lpg/mL)。病理类型上均以非生发中心来源的弥漫大 B 细胞淋巴瘤为主 (10/11), 其中 1 例 SAL 为血管内大 B 细胞淋巴瘤, Ki67 百分比均大于 70%。生存上, 中位随访 11 个月, 6 例死亡, 其中 2 例 PAL, 4 例为 SAL。

结论 肾上腺淋巴瘤的临床表现及病理类型缺乏特异性。但在 PET-CT 上, 同 SAL 相比, PAL 主要以双侧伴有 SUV 明显升高的腹部大包块为主, 且多伴有肾上腺皮质功能不全。

PO-1582

IM2 regimen is effective and safety for relapsed or refractory T-cell lymphoblastic lymphoma/leukemia

Shixuan Tang, Chongmei Huang, HuiYing Qiu, Jun Yang, Kun Zhou, Yin Tong, Yu Cai, Baoxia Dong, Liping Wan, Xianmin Song, Jiahua Niu
Shanghai General Hospital

Objective This retrospective study assesses the efficacy and safety of the IM2 regimen (in combination with Ifosfamide, Idarubicin or liposome Mitoxantrone, and Methotrexate) in patients with R/R T-LBL/ALL.

Methods From October, 2017 to December, 2022, 23 patients with relapsed or refractory T-LBL/ALL were enrolled into the retrospective study.

Results Among the cohort, 78% were male, 48% presented with mediastinum giant mass, and 70% had bone marrow involvement. Following 1 to 6 cycles, 7 patients (30.4%) achieved complete remission (CR), 7 (30.4%) achieved partial remission (PR), resulting in a best overall response rate (ORR) of 60.8%. Treatment-related adverse events (AEs) were observed in 91% of patients, with no treatment-related deaths reported. With a median follow-up time of 7 months (range, 2-50 months), the median OS and PFS of all 23 patients were 9 months and 5 months. The estimated 2-year OS and PFS were 39.25% and 37.26%. The median survival for patients achieving CR post IM2 regimen was 24 months (range 6-50 months), with 1-year overall survival (OS) and progression-free survival (PFS) rates of 87.5% and 77.8%, respectively. In multi-variate Cox analysis of allo-PBSCT post-IM2 and mediastinum giant mass, allo-PBSCT was a favorable prognostic factor for OS.

Conclusion IM2 regimen is an effective and safe salvage treatment option, bringing new hope for the treatment of patients with R/R T-LBL/ALL. We recommend early bridging allo-PBSCT for all patients after achieving CR.

PO-1583

18F-FDG PET/CT 显像在眼眶淋巴瘤中的临床应用

陈涛

湖北文理学院附属医院 襄阳市中心医院

目的 探讨眼眶淋巴瘤的 18 F-2 氟-2-脱氧-D-葡萄糖（18F-FDG）正电子发射断层显像术（PET/CT）影像学表现及临床病理特点，以提高对该病的认识及诊断水平。

方法 回顾性分析 8 例经病理证实的眼眶淋巴瘤患者的影像、临床及病理资料，男 5 例，女 3 例，年龄 18~61 岁，其中 6 例有眼部相关症状，所有患者均进行全身 18F-FDG PET/CT 检查，其中眼眶区行双时相 18F-FDG PET/CT 检查，并对 18 F-FDG 在眼眶病灶内摄取表现及其在全身其他部位的分布特征进行分析。

结果 黏膜相关淋巴组织结外边缘区 B 细胞淋巴瘤 3 例，弥漫大 B 细胞淋巴瘤 2 例、结外 NK/T 细胞淋巴瘤鼻型 2 例，滤泡性淋巴瘤 1 例；眼眶病灶均表现为 18 F-FDG 摄取异常增高，SUVmax >2.5，范围 5.8~25.0；18F-FDG 摄取局限在眼睑、结膜或眶壁区域有 5 例，已超出眼眶但局限在头颈部 2 例，除眼部及头颈部局部高代谢区外并伴有全身其他多部位异常浓聚 1 例。

结论 18F-FDG PET/CT 检查对眼眶淋巴瘤的诊断及鉴别诊断具有重要临床价值，尤其是双时相 18F-FDG PET/CT，并有助于指导临床分期、治疗及疗效评估。

PO-1584

一种以 CD31 为切入点的非血缘脐血干细胞输注对 auto-HSCT 肿瘤杀伤功能的研究

何正昌、贾永前

四川大学华西医院

目的 大剂量化疗联合自体造血干细胞移植（High dose therapy/autologous hematopoietic stem cell transplantation, HDT/auto-HSCT）后复发可能跟以下两个机制密切相关：其一，auto-HSCT 缺乏异基因造血干细胞移植（Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT）的移植物抗肿瘤免疫（Graft-versus-tumor, GVT），HDT 后单纯依靠患者自身造血干细胞重建的 GVT 是低效的；其二，肿瘤细胞和/或肿瘤微环境对常规化学药物的耐药和部分微小残留病（Minimal residual disease, MRD）的肿瘤细胞转移能力较强并像种子一样播散在各组织间，HDT 无法靶向聚集对这部分低于常规检测阈值的肿瘤细胞的有效杀伤浓度。根据上述机制，利用肿瘤细胞转移机制作为靶点进行免疫监视，优化 HDT/auto-HSCT 治疗骨架实现免疫清除，依托循环系统建立持久和安全的免疫自稳，实现三维立体抗肿瘤免疫并帮助患者获得更深缓解以及更长生存。

方法 首先建立小鼠 B 系淋巴瘤转移肿瘤模型并利用单细胞测序分析 CD31 高表达 DLBCL 肿瘤转移小鼠模型瘤体组织周围的免疫细胞，再利用单细胞测序分析输入天然富有 CD31 标记的脐带血干细胞（Umbilical cord blood stem cell, UCBSC）后的 CD31 高表达 DLBCL 肿瘤转移小鼠模型瘤体组织的免疫细胞。比较 3 例新移植模式（HDT/auto-HSCT 后输入 UCBSC）和 3 例传统移植模式（仅作 HDT/auto-HSCT）的外周血临床指标变化。利用 13 色流式方案检测 2 种移植模式患者外周血 T 细胞亚群比例和活化差异。单细胞转录组测序检测在 Day0、Day7、Day21 和 Day28 等 4 个时间点新移植模式患者外周血免疫细胞。

结果 在动物模型中，CD31 高表达 DLBCL 利用 CD31 募集并耗竭 CD31+CD8+T 细胞，UCBSC 可以提供靶向 CD31 高表达肿瘤灶的 GVT 并长久保持抗肿瘤免疫。在患者体内，UCBSC 能够长

期保持微嵌合状态，从免疫监视、免疫清除和免疫自稳等三个角度协同降低疾病复发。

结论 目前关于 UCBSC 是否能够在 HDT/auto-HSCT 患者外周循环重建微嵌合 GVT 的研究还很有限，但是利用 CD31 介导的较复杂的肿瘤-免疫互作模型给新移植模式的抗肿瘤免疫研究提供了一个锚点，成功关联上述两个移植后复发机制并转化为优化治疗和预防复发的双保险，使得 HDT/auto-HSCT 治疗不仅仅只依赖 HDT 导致的一过性细胞量减少和非健全的自体抗肿瘤免疫，为建立一种 1+1>2 的共移植治疗理念提供新的理论依据。总之，HDT/auto-HSCT 联合 UCBSC 输入的新移植模式为患者提供了一种治疗原发疾病和建立抗肿瘤免疫的双重优势。

PO-1585

Pola based Framework Regimen Treating DLBCL in Real World at RenJi Hospital of China

JUN DU¹,JUE WANG²,ZIYU FENG²,JIAN HOU¹

1. Department of Hematology, Renji Hospital, School of Medicine, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai, 200127, China

2. Department of Clinical Medicine, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, 200025, China

Objective Optimizing treatment outcomes with diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) remains our pursuit. Polatumumab vedotin (Pola), an antibody-drug conjugate targeting CD79b, is a newly-developed drug that authentically improve the therapeutic effect of DLBCL. This study explores the efficacy of Pola based framework regimen treating DLBCL at RenJi Hospital of China.

Methods The safety and efficacy of Pola, in combination with given treatments, were evaluated in a real world cohort of DLBCL patients. Between March 25, 2023, and May 1, 2024, a total of 44 patients with diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) were enrolled in the study, of which 42 were newly diagnosed and 2 were relapsed cases. As of May 1, 2024, a total of 29 patients had been evaluated. The primary end point was independent review committee [IRC] assessed complete response (CR) rate. The secondary endpoints were duration of response (DoR), progression-free survival (PFS), and overall survival (OS).

Results Pola demonstrated remarkable efficacy and a tolerable safety profile. In first-line treatment (n=19, 7 with the germinal center B-cell (GCB) subtype), second-line treatment (n=8, 2 with GCB), and third-line or later treatment (n=2, 2 with non-GCB), the CR rates were 57.9%, 62.5%, and 50%, respectively. At a median follow-up of 6.3months (IQR 3.0-9.0), PFS and OS data are not yet reached. Adverse reactions primarily included pulmonary infections and agranulocytosis. The incidence of radiographic abnormalities in the lungs was high, observed in 100%, 62.5%, and 100% of patients in the first-line, second-line, and third-line or later treatment groups, respectively. However, the incidence of severe pneumonia was relatively low, occurring in only 1 out of 29 patients (3.44%). Agranulocytosis was reported in 26.3%, 12.5%, and 0% of patients in these groups, respectively. Peripheral neuropathy was not observed. One death was reported.

Conclusion Jointed immunochemotherapy regimen with Pola as skeleton resulted in significant CR rates in DLBCL, both in newly diagnosed and recurrent patients. However, the adverse effects require meticulous monitoring, immune-compromised pneumonia and agranulocytosis need to be balanced.

PO-1586

弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 BN2 亚型的异质性及预后治疗分析

杜祉珊、许彭鹏

上海交通大学医学院附属瑞金

目的 本研究旨在探究弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) BN2 亚型的肿瘤异质性, 分析该亚型部分患者预后较差的原因, 根据异质性特点提供潜在治疗策略, 进而提高 BN2 亚型患者的生存预后。

方法 通过 RNA-seq 无监督聚类分析, 将 DLBCL BN2 亚型病人 (N = 85) 分为三组 (C1, C2, C3), 对三组之间及与非 BN2 亚型组进行临床病理、生存预后、基因组学和转录组学差异分析。

结果 C1 预期 5 年无进展生存 (PFS) 率为 82%, 高于 C3 组 48% (P = 0.035, 三组 PFS 差异 P = 0.073); C1 组表达 ABC 肿瘤细胞特征, 细胞周期、MYC、PI3K 通路上调, BCL-6 通路下调, 相关转录因子 E2F7、E2F8 上调; C2 组 MYC、NOTCH2 通路上调; C3 组表达 GCB 肿瘤细胞特征, NF-KB、JAK-STAT、NOTCH2 通路上调, 并且 C3 组肿瘤免疫微环境以 CD4+T、CD8+T、单核细胞、巨噬细胞等细胞为主, 其中 CD4+T 细胞以 Treg、Tfh、Th17 细胞为主, 相关转录因子 AP-1 家族上调。根据三组差异基因和通路差异, C1、C2 组使用 R-CHOP 方案, C3 组在 R-CHOP 方案基础上联合 BTK 抑制剂或 JAK 通路抑制剂治疗或可提高肿瘤细胞杀伤率。

结论 将 DLBCL BN2 亚型进一步分为三组, 其中 C3 组 PFS 较 C1C2 组差, 三组在肿瘤细胞和免疫微环境上存在较大的异质性, 对 C3 组使用 R-CHOP 方案联用 BTK 抑制剂或 JAK 通路抑制剂治疗有望提高患者的疗效和生存预后。

PO-1587

老年原发中枢神经系统淋巴瘤预后因素探究与模型建立： 一项基于 SEER 数据库的临床研究

杨润雨、贺鹏程

西安交通大学第一附属医院

目的 背景: 原发中枢神经系统淋巴瘤(PCNSL)是一种极具侵袭性的结外非霍奇金淋巴瘤, 其主要累及大脑、软脑膜、眼睛或脊髓, 目前尚未观察到全身受累的症状。目前临床上的标准治疗是以大剂量甲氨蝶呤为基础, 辅助以放疗, 手术治疗及造血干细胞移植。近 40 年来, 年轻年龄组的中位总生存期从 12.5 个月增加到 26 个月, 但 70 岁以上患者中位生存期仍为 6 个月。因此对于影响老年 PCNSL 患者预后因素的探索显得十分重要。

方法 本研究回顾性地从美国国家癌症研究所监测, 流行病学和最终结果数据库(SEER NCI) 中选择了 1975 至 2016 年间被诊断为 PCNSL 的患者, 利用 Cox 模型确定总生存期 (OS)与疾病特异性生存期(DSS)的风险因素, 并构建列线图。

结果 根据纳入排除标准, 从 SEER 数据库中确定了 3554 名 PCNSL 患者, 根据年龄分为老年患者 (≥ 60 岁)与年轻患者 (< 60 岁), 老年患者共 2146 人, 年轻患者共 1408 人。分析比较两组人群基线资料的区别:相较于年轻患者, 在老年 PCNSL 患者中, 女性所占比例更高, 并具有较低的人类免疫缺陷病毒(HIV)感染率, 更多病人的病理类型以弥漫大 B 淋巴瘤为主。分析了早年确诊(1998-2007 年间确诊)与近年确诊(2008-2016 年确诊)的老年 PCNSL 接受治疗方法的差别, 早年确诊的病人接受化疗的比例(57.2%)显著低于近年确诊的患者(75.1%), 同时早年确诊的病人接受放疗的比例 (46.6%)显著高于近年确诊的患者(24.5%), 但早年确诊的病人与近年确诊的病人接受手术的比例没有区别。对于老年 PCNSL 的患者, 诊断时的年龄, 病理亚型, 是否经过手术治疗, 是否接受过化疗是 DSS 的独立危险因素, 除了 DSS 的危险因素外, 是否感染 HIV 也是 OS 的独立危险因素, 同时我们开发了列线图来估计 1 年、3 年和 5 年的 OS 和 DSS。

结论 老年 PCNSL 患者与普通 PCNSL 患者多项基线资料存在差异，在近 20 年对老年 PCNSL 患者的治疗中，接受化疗患者的比例上升，而接受放疗患者的比例下降。接受手术和化疗与较好的 OS 和 DSS 相关。然而，从长期来看，放疗对老年 PCNSL 患者 OS 和 DSS 没有益处。最后我们开发了新的列线图模型稳定预测 1 年、3 年和 5 年老年 PCNSL 患者的 OS 与 DSS。

PO-1588

利用弥散加权成像和动态对比增强磁共振成像对高灌注的原发性中枢神经系统淋巴瘤和非典型胶质母细胞瘤进行鉴别的研究

余兰、余淑杰
福建医科大学附属第一医院

目的 常规磁共振成像和动态敏感度对比灌注加权成像（DSC-PWI）是鉴别原发性中枢神经系统淋巴瘤（PCNSL）和胶质母细胞瘤（GBM）的重要工具，但对高灌注 PCNSL 和非典型 GBM 的鉴别价值有限。本研究旨在探讨使用动态对比增强磁共振成像（DCE-MRI）和弥散加权成像（DWI）对高灌注 PCNSL 和非典型 GBM 进行鉴别。

方法 这项回顾性研究纳入了 31 例非典型 GBM（均匀一致的增强，无明显可见坏死）和 145 例 PCNSL 患者，其中包括 31 例高灌注 PCNSL 患者（PCNSL 的相对脑血量（rCBV）大于或等于非典型 GBM 的 rCBV 的 25%）。我们评估了高灌注 PCNSL 和非典型 GBM 的 DWI（ADC 值）和 DCE-MRI 参数（Ktrans、Kep、Ve 和 iAUC）。参数比较采用独立样本 t 检验和 Mann-Whitney U 检验。利用曲线下面积（AUC）的接收者操作特征（ROC）评估了各参数及其组合的诊断能力，并与 DeLong 检验进行了比较。

结果 高灌注 PCNSL 的 Ktrans 和 iAUC 显著高于、ADC 值显著低于非典型 GBM（ $P < .001$ ），但 Kep 和 Ve 没有统计学意义（ $P > .05$ ）。同时，Ktrans、iAUC 和 ADC 值的诊断性能良好（AUC 分别为 0.817、0.779 和 0.804）。另外，结合所有 DWI 和 DCE-MRI 参数，可显著提高高灌注 PCNSL 和非典型 GBM 的鉴别性能（AUC = 0.959）。

结论 DCE-MRI 和 DWI 能显著区分高灌注 PCNSL 和非典型 GBM。这两种方法结合使用，能明显可靠地区分这两种疾病。

PO-1589

4 例伴 t(11;14)(q13;q32)/IGH::CCND1 并 MYC 基因重排 B 细胞淋巴瘤病例报告

常雨桐、毛翠
四川金域医学检验中心有限公司

目的 探究 4 例伴 t(11;14)(q13;q32)/IGH::CCND1 并 MYC 基因重排 B 细胞淋巴瘤患者的实验室特点。

方法 回顾性分析 4 例样本骨髓活检、流式细胞术、染色体核型分析及分子生物学检测结果。

结果 病例 1 免疫组化结果考虑为侵袭性套细胞淋巴瘤。4 例样本流式细胞术均检测到单克隆 B 淋巴细胞，其中病例 1 免疫表型为 CD5⁻、CD19⁺、CD20⁺；病例 2、3、4 免疫表型为 CD5⁺、CD19⁺、CD20⁺、CD23 和 CD200 部分阳性或阴性，为套细胞淋巴瘤典型免疫表型。4 例样本染色体核型分析结果均存在 t(11;14)(q13;q32)并 8q24 异常等多条染色体数目及结构的异常。其中 2 例样本 FISH 分别检测 MYC 基因重排及 IGH::CCND1 融合基因，结果均为阳性。

结论 t(11;14)(q13;q32)是套细胞淋巴瘤的遗传学基础，见于 95%以上的套细胞淋巴瘤患者。有报道提示 MYC 基因重排是罕见的继发性异常。根据《套细胞淋巴瘤诊断与治疗中国指南（2022 年版）》中，MYC 基因重排作为套细胞淋巴瘤中的生物学预后指标，影响疾病预后。据最新报道，MYC 基因重排可能成为套细胞淋巴瘤靶向治疗的新靶点。临床应对出现 MYC 基因重排的套细胞淋巴瘤患者多加关注，有助于疾病的预后判断并协助进行有效化疗及精准靶向用药。

PO-1590

自体干细胞移植联合 CAR-T 细胞：治疗复发/难治性弥漫性大 B 细胞淋巴瘤的一种优越治疗方法

张晓颖¹、王珏¹、王娜¹、孟凡凯¹、隗佳¹、肖毅¹、郑邈¹、徐金环¹、朱晓健¹、曹阳^{1,2}、张义成^{1,2,3}

1. 华中科技大学同济医学院附属同济医院
2. 器官移植教育部重点实验室，国家卫生健康委员会器官移植重点实验室，中国医学科学院器官移植重点实验室，武汉 430030
3. 湖北省血液病免疫治疗研究中心，湖北武汉，430030

目的 本文旨在分析 CD19/CD22 CAR-T 细胞鸡尾酒疗法联合 HDT-ASCT 与 CD19/CD22 CAR-T 细胞鸡尾酒疗法单独治疗复发/难治性弥漫大 B 细胞淋巴瘤(r/r DLBCL)的安全性和疗效。

方法 我们回顾性分析 2018 年 1 月至 2020 年 12 月在同济医院血液内科接受 CD19/CD22 CAR-T 细胞“鸡尾酒疗法”(试验 A)的 65 例患者和接受 CD19/CD22 CAR-T 细胞“鸡尾酒疗法”联合 HDT-ASCT(试验 B)的 59 例患者，为了矫正混杂因素，模拟随机入组，采用传统匹配和倾向性评分匹配(PSM)方法进行匹配分析。

结果 两组患者均未出现明显不良反应，均未发生 CAR-T 相关死亡。然而，试验 B 组在第 30 天评估时获得了更高的总缓解率(ORR) (84.5% vs. 54.2%， P=0.0006)。进一步分析结果显示，试验 B 组的 3 年无进展生存(PFS)率和总生存(OS)率均优于试验 a 组(PFS:64.57% vs 20.00%， P<0.0001;OS:82.62% vs 46.72%， P<0.0001)。3 个月达 CR 和 CD19/CD22 CAR-T 细胞鸡尾酒疗法联合 HDT-ASCT 是预测更好的 PFS 和 OS 的独立因素。PSM 后得到相同结果。对于存在巨块、LDH 升高等高危因素的患者，采用 CD19/CD22 CAR-T 细胞鸡尾酒疗法联合 HDT-ASCT 可显著改善预后。

结论 本研究结果为 CAR-T 治疗后易复发的高危患者的治疗提供了宝贵经验。对于 r/r DLBCL 患者，尤其是 CAR-T 细胞治疗前经挽救性治疗未达缓解的患者，联合自体造血干细胞移植是一种更优的治疗方法，可提高患者的缓解率和长期生存为提高 CAR t 细胞疗法的疗效和安全性开辟了新的途径。

PO-1591

非血缘脐血干细胞来源的 CD31+CD8+T 细胞能够弥补 HDT/auto-HSCT 缺乏的肿瘤杀伤功能

何正昌、贾永前
四川大学华西医院

目的 大剂量化疗联合自体造血干细胞移植(High dose therapy/autologous hematopoietic stem cell transplantation, HDT/auto-HSCT)后复发可能跟以下两个机制密切相关：其一，auto-HSCT 缺乏异基因造血干细胞移植(Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT)的移植物抗肿瘤免疫(Graft-versus-tumor, GVT)，HDT 后单纯依靠患者自身造血干细胞重建的 GVT 是低效的；其二，肿瘤细胞和/或肿瘤微环境对常规化学药物的耐药和部分微小残留病

(Minimal residual disease, MRD) 的肿瘤细胞转移能力较强并像种子一样播散在各组织间, HDT 无法靶向聚集对这部分低于常规检测阈值的肿瘤细胞的有效杀伤浓度。根据上述机制, 利用肿瘤细胞转移机制作为靶点进行免疫监视, 优化 HDT/auto-HSCT 治疗骨架实现免疫清除, 依托循环系统建立持久和安全的免疫自稳, 实现三维立体抗肿瘤免疫并帮助患者获得更深缓解以及更长生存。

方法 首先建立小鼠 B 系淋巴瘤转移肿瘤模型并利用单细胞测序分析 CD31 高表达 DLBCL 肿瘤转移小鼠模型瘤体组织周围的免疫细胞, 再利用单细胞测序分析输入天然富有 CD31 标记的脐带血干细胞 (Umbilical cord blood stem cell, UCBSC) 后的 CD31 高表达 DLBCL 肿瘤转移小鼠模型瘤体组织的免疫细胞。比较 3 例新移植模式 (HDT/auto-HSCT 后输入 UCBSC) 和 3 例传统移植模式 (仅作 HDT/auto-HSCT) 的外周血临床指标变化。利用 13 色流式方案检测 2 种移植模式患者外周血 T 细胞亚群比例和活化差异。单细胞转录组测序检测在 Day0、Day7、Day21 和 Day28 等 4 个时间点新移植模式患者外周血免疫细胞。

结果 在动物模型中, CD31 高表达 DLBCL 利用 CD31 募集并耗竭 CD31+CD8+T 细胞, UCBSC 可以提供靶向 CD31 高表达肿瘤灶的 GVT 并长久保持抗肿瘤免疫。在患者体内, UCBSC 能够长期保持微嵌合状态, 从免疫监视、免疫清除和免疫自稳等三个角度协同降低疾病复发。

结论 目前关于 UCBSC 是否能够在 HDT/auto-HSCT 患者外周循环重建微嵌合 GVT 的研究还很有限, 但是利用 CD31 介导的较复杂的肿瘤-免疫互作模型给新移植模式的抗肿瘤免疫研究提供了一个锚点, 成功关联上述两个移植后复发机制并转化为优化治疗和预防复发的双保险, 使得 HDT/auto-HSCT 治疗不仅仅只依赖 HDT 导致的一过性细胞量减少和非健全的自体抗肿瘤免疫, 为建立一种 1+1>2 的共移植治疗理念提供新的理论依据。总之, HDT/auto-HSCT 联合 UCBSC 输入的新移植模式为患者提供了一种治疗原发疾病和建立抗肿瘤免疫的双重优势。

PO-1592

非血缘脐带血干细胞输注后微嵌合状态 对 HDT/auto-HSCT 患者外周血的影响

何正昌、贾永前
四川大学华西医院

目的 大剂量化疗联合自体造血干细胞移植 (High dose therapy/autologous hematopoietic stem cell transplantation, HDT/auto-HSCT) 的本质是 auto-HSCT 支持下的超大剂量化疗, 主要依赖 HDT 降低肿瘤负荷并缺乏预防肿瘤复发手段, 相当一部分高危或复发/难治恶性淋巴瘤病人会在 HDT/auto-HSCT 后复发。脐带血干细胞 (Umbilical cord blood transplant, UCBSC) 相关移植在临床上已经进行了 30 多年, 但是关于在 HDT/auto-HSCT 后通过输入少量非血缘 UCBSC 在患者体内形成微嵌合并提供移植物抗肿瘤效应 (Graft-versus-tumor effect, GVT) 的研究还很有限。通过对比新移植模式 (HDT/auto-HSCT 后少量非血缘 UCBSC 输入) 和传统移植模式 (HDT/auto-HSCT) 的临床数据差异, 我们将进一步揭示利用 UCBSC 优化移植患者预后的新途径。

方法 在获得华西医院伦理批准和给所有患者购买保险的前提下, 对比 5 例新移植模式 (auto-HSCT 联合少量 UCBSC 输注) 和 5 例传统移植模式 (仅做 auto-HSCT) 患者移植后不同时间点 (每隔 2 天) 的临床指标; 利用苋氏染色监测不同时间点 (每隔 7 天); 利用 RQ-PCR 的微嵌合定性和定量检测新移植患者不同时间点 (每隔 30 天) 嵌合率; 以及利用 13 色流式分析不同时间点 2 种移植患者外周血 T 细胞亚群变化。

结果 两种移植模式患者的白细胞计数 (WBC) 均在移植后 8 天 (+8) 左右达到低谷期。2 种移植模式中血小板计数 (PLT) 均成先下降后上升的趋势。中性粒细胞分叶核绝对值 (NUET#) 均在移植后降低, 2 种移植模式升高时间相似 (+10)。新移植模式的淋巴细胞绝对值 (LYMPH#) 在第 10 天 (+10) 有上升趋势, 早于传统移植模式。两种移植模式的单个核细胞绝对值 (MONO#) 趋

势相似。2组患者在移植后 CD8+T 细胞升高速度比 CD4+T 细胞快，出院时均处于 CD8+T 细胞比 CD4+T 细胞多的倒置状态。ELISA 提示 2 组移植模式各个阶段 IL-6、IL-2R、IL-10 和 TNF- γ 等分泌量不同。芮氏染色提示外周血未出现异形或幼稚细胞，新移植模式的 2 种干细胞能顺利归巢并分化造血。UCBSC 分化的细胞能够稳定地在患者体内保持微嵌合状态。

结论 在患者移植后住院期间，我们没有观察新移植模式患者明显的由 GVHD 导致的造血指标异常。2 种移植模式患者的外周血变化差异不大，这可能跟它们均以回输 auto-HSCT 为主有关。少量 UCBSC 似乎对循环非淋系细胞影响体现在更早出现的 CD8+Tscm、更早活化的 CD4+T 和 CD8+T 细胞与少量输入的 UCBSC 有关，UCBSC 从外周循环提供了已经具有建立 GVT 的保证。

PO-1593

Circulating exosomal vWF is an independent prognostic biomarker for survival in patients with newly diagnosed diffuse large B-cell lymphoma

Fen Ye, Ting Wang
仁济医院

Objective Exosomes are crucially related to tumor development and progression. The components of exosomes have been regarded as powerful cancer biomarkers.

Methods The proteomic profiling of serum-derived exosomes in patients with diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) and health controls was detected by LC-MS/MS. After bioinformatics analysis, the expression of von Willebrand factor (vWF) in exosomes was assessed by western blot. Kaplan-Meier survival analysis and Cox regression analysis were performed. The effects of exosomes and vWF protein on angiogenesis were investigated by endothelial cell tube formation assay.

Results Exosomal vWF had a significant increase in high-risk group, and patients with increased exosomal vWF had inferior OS and PFS. In GCB or non-GCB group, the OS and PFS were shorter in those patients with increased levels of exosomal vWF. And increased exosomal vWF are more significant in patients with higher IPI score (3-5) or at later stage (III/IV). Furthermore, vWF was an independent prognostic factor for both OS and PFS suggested by Cox regression analysis and could improve the prognostic stratification of DLBCL patients. Moreover, exosomes and vWF protein could promote angiogenesis in vitro.

Conclusion Our findings suggested that circulating exosomal vWF improved survival prediction and enhanced the stratification of patients with DLBCL. exosomal vWF may emerge as a biomarker for DLBCL prognosis.

PO-1594

鼻腔共生菌调控结外 NKT 淋巴瘤的作用及机制探究

刘蕾¹、马娜丫¹、马世勇²、饶军¹、张曦¹

1. 陆军军医大学第二附属医院

2. 重庆医科大学生命科学研究院

目的 结外自然杀伤/T 细胞淋巴瘤 (extranodal NK/T- cell lymphoma, ENKTCL) 是一种源发与鼻腔或其他结外器官的非霍奇金淋巴瘤，该疾病侵袭性强，预后差以及无国际标准治疗方案。近年来，越来越多的研究发现人体内存在大量共生微生物，它们在调控肿瘤的发生发展以及治疗效果的过程中扮演着重要角色。ENKTCL 的发病也被证实与 EB 病毒 (EBV) 感染密切相关，然而鼻咽部共生菌

是否会影响 ENKTCL 的疾病进程以及具体机制尚不清楚。

方法 采集 EXNKTCL 患者以及健康受试者鼻咽拭子并通过宏基因组测序分析比较鼻咽部共生微生物的变化。

结果 宏基因组测序分析发现 EXNKTCL 患者较健康对照鼻部菌群丰富度显著降低(Chao1 指数), 群落多样性无显著差异(Shannon 指数)以及 PcoA 分析提示菌群组成存在显著差异。随后, 我们通过对鼻腔菌群组成和功能进行差异分析, 结果发现 EXNKTCL 患者鼻腔微生物主要由变形门(Pseudomonadota), 厚壁门(Bacilota), 放线菌门(Actinomycetota), 拟杆菌门(Bacteroidota)等细菌组成, 其中肿瘤患者鼻腔链球菌属(Streptococcus)、消化道链球菌(Peptostreptococcus)和微小单胞菌属(Parvimonas)细菌丰度显著增加, 而慢根生瘤菌属(Bradyrhizobium)和肠杆菌属(Enterobacteriaceae)以及棒状杆菌属(Corynebacterium)细菌丰度显著降低。在种水平上, EXNKTCL 患者鼻腔中造口消化道链球菌(P.stomatis)以及微小单胞菌(P.micra)较健康受试者丰度显著增加。进一步对代谢通路进行差异分析发现, 患者 P.stomatis 丰度增加与多条肿瘤代谢途径改变密切相关。

结论 宏基因组测序结果提示鼻腔微生物可能通过调控肿瘤微环境, 从而影响 EXNKTCL 发生发展, 但其中的具体作用机制仍待进一步探究。

PO-1595

基于 SRM/MRM 技术检测外周 T 细胞淋巴瘤患者血清能量相关代谢产物的临床分析

段一硕、夏菁、饶军

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 观察外周 T 细胞淋巴瘤患者血清能量代谢产物的变化, 从能量代谢角度寻找监测外周 T 细胞淋巴瘤的血清生物标志物。

方法 收集 2020 年 11 月至 2021 年 12 月在陆军军医大学第二附属医院血液病医学中心诊治的 16 例外周 T 细胞淋巴瘤初诊患者, 并招募同期 10 名健康志愿者作为对照。采用选择性反应/多反应监测技术(Selected/Multiple reaction monitoring, SRM/MRM)检测其血清中能量相关代谢产物的差异, 并结合其临床资料, 包括病史、影像学、实验室检查等进行回顾性分析。

结果 与健康对照相比, 外周 T 细胞淋巴瘤患者血清中能量代谢相关产物水平表达谱存在差异, 其中环磷腺苷、琥珀酸、柠檬酸和顺乌头酸含量显著降低($P < 0.05$), 6 磷酸葡萄糖水平升高($P < 0.05$), 且患者血清中的柠檬酸和琥珀酸水平与疾病危险度分级(低危、中危、高危)和临床分期呈负相关($P < 0.05$), 同时, 苹果酸和柠檬酸水平与患者中期疗效评估结果[完全缓解/部分缓解(CR/PR)或疾病稳定(SD)]呈明显负相关($P < 0.05$)。对于结外 NK/T 细胞淋巴瘤患者($n = 10$), 与健康对照相比, 其血清中环磷腺苷、琥珀酸、柠檬酸、异柠檬酸和顺乌头酸含量亦有显著降低($P < 0.05$), 其中柠檬酸与琥珀酸的水平与结外 NK/T 细胞淋巴瘤患者的临床分期呈负相关($P < 0.05$), 与中期疗效评估(CD/PR 或 SD)呈明显相关性($P < 0.05$); 对于血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤患者($n = 6$), 与健康对照相比, 其血清中环磷腺苷、柠檬酸和琥珀酸的含量明显降低, 而 6 磷酸葡萄糖的含量明显升高($P < 0.05$), 其中琥珀酸水平分别与患者临床分期和危险度分级都表现出明显的负相关($P < 0.05$)。

结论 外周 T 细胞淋巴瘤患者与健康对照人群在血清代谢产物水平上共鉴定出 5 个差异代谢产物, 其中琥珀酸、柠檬酸有望成为血清生物标志物。

PO-1596

化痰散结法结合常规西药治疗华氏巨球蛋白血症

刘清池、马兵、张丽红、赵丹、沈扬、王建英
河北医科大学第一医院血液内科

目的 观察化痰散结法结合常规西药治疗华氏巨球蛋白血症的疗效

方法 根据气血津液辨证，2016年3月采用化痰散结法中药（白术 40g、石菖蒲 30g、陈皮 20g、僵蚕 20g、浙贝母 30g、仙鹤草 30g、川芎 20g、半枝莲 60g、茯苓 30g、地龙 25g、山药 25g、黄芪 20g）结合常规西药（利妥昔单抗、地塞米松、中药，RDT）治疗华氏巨球蛋白血症，继续用化痰散结法中药联合利妥昔单抗、地塞米松、沙利度胺巩固治疗，后用化痰散结法中药联合沙利度胺维持治疗 2 年，观察近期与远期疗效及不良反应。

结果 采用化痰散结法中药（白术 40g、石菖蒲 30g、陈皮 20g、僵蚕 20g、浙贝母 30g、仙鹤草 30g、川芎 20g、半枝莲 60g、茯苓 30g、地龙 25g、山药 25g、黄芪 20g）结合常规西药（利妥昔单抗、地塞米松、中药，RDT）治疗华氏巨球蛋白血症，2 个疗程取得完全缓解，继续用化痰散结法中药联合利妥昔单抗、地塞米松、沙利度胺巩固治疗 4 个疗程，达遗传学缓解，后用化痰散结法中药联合沙利度胺维持治疗 2 年，现停药 6 年达到功能治愈。未见明显不良反应。

结论 化痰散结法中药结合常规西药治疗华氏巨球蛋白血症有较好疗效，值得推广应用。

PO-1597

L3 腰大肌指数对弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者营养风险的预测价值

朱玉珍、孙春红、王晓宁、王崇祥
西安交通大学第一附属医院

目的 分析 L3 腰大肌指数（Psoas major index at the third lumbar vertebra, L3PMI）对弥漫大 B 细胞淋巴瘤（Diffuse Large B-cell Lymphoma, DLBCL）患者营养风险发生的预测价值，为临床 DLBCL 患者的诊疗提供参考

方法 回顾分析西安交通大学第一附属医院血液内科 2020 年 1 月 1 日到 2024 年 1 月 1 日以 DLBCL 收治入院的患者 101 例。通过患者腹部影像资料，测量并计算患者 L3PMI。将患者依据营养风险筛查量表(NRS 2002) 进行营养风险评价，分为营养风险组和非营养风险组，比较两组患者间基线资料及 PMI 的差异，DLBCL 患者发生营养风险的影响因素使用多因素二元 Logistic 回归进行分析，采用受试者工作特征曲线（receiver operating characteristic, ROC）分析 PMI 对 DLBCL 患者营养风险的预测价值。

结果 营养风险组和非营养风险组间有无 B 症状、细胞起源、国际预后指数（International Prognostic Index, IPI）评分、乳酸脱氢酶（Lactate Dehydrogenase, LDH）、淋巴细胞计数（Lymphocyte, LY）、身体质量指数(Body mass index,BMI)、PMI 均存在统计学差异（ $P < 0.05$ ），细胞起源、IPI 评分、BMI、PMI 为 DLBCL 患者发生营养风险的独立影响因素，PMI 预测 DLBCL 患者营养风险发生的 AUC 分别为为 0.793。

结论 PMI 为 DLBCL 患者发生营养风险的独立影响因素，PMI 对 DLBCL 患者营养风险评估具有一定价值，可对临床 DLBCL 患者所需营养支持提供参考。

PO-1598

非血缘脐带血干细胞输注促使 auto-HSCT 患者 TCR 多态性恢复

何正昌、贾永前
四川大学华西医院

目的 大剂量化疗联合自体造血干细胞移植 (High dose therapy/autologous hematopoietic stem cell transplantation, HDT/auto-HSCT) 的本质是 auto-HSCT 支持下的超大剂量化疗, 依赖 HDT 降低肿瘤负荷使得相当一部分高危或复发/难治恶性淋巴瘤病人会在 HDT/auto-HSCT 后复发。在 HDT/auto-HSCT 后通过输入少量非血缘脐带血干细胞 (Umbilical cord blood transplant, UCBSC) 能够在 HDT/auto-HSCT 后患者体内形成微嵌合并提供移植物抗肿瘤效应 (Graft-versus-tumor effect, GVT)。虽然住院期间我们没有观察新移植模式患者明显的移植物抗宿主效应 (Graft versus host effect, GVHD) 导致的造血指标异常, 但是少量 UCBSC 似乎对循环非淋系细胞影响体现在更早出现的 CD8+Tscm、更早活化的 CD4+T 和 CD8+T 细胞, UCBSC 从外周循环提供了已经具有建立 GVT 的保证。但是更早活化并出现的记忆性 T 细胞亚群恢复是否能够提高 GVT 质量, 还需要进一步的研究。

方法 免疫组库 (Immune Repertoire, IR) 的多样性具体体现在有 V,D,J,C 基因区段排列组合形成的 B 细胞受体 (BCR) 或 T 细胞受体 (TCR) 的多样性上。通过 V、D、J 三个基因片段的随机重组造成的功能偏好差异, 解释了不同个体对不同肿瘤的发生发展是有差异的现象。利用 TRUST4 和 scRepertoire 完成对 TCR 抗原肽的分析, 具体步骤如下所示: (1) 将 Cell Ranger 处理后的模块输入后利用 TRUST4 脚本比对 reads, 根据国际免疫遗传学数据库文件 IMGT 对合格的 reads 组装的重叠群进行注释, 输出文件利用 trust-Barcoderep-to-10X.pl 进行脚本格式转换。(2) 将上一步得到的结果导入 scRepertoire 后使用 quantContig 和 abundanceContig 函数统计克隆型数量、分布、互补决定区 3 (complementary determining region 3, CDR3), 最后使用 clonalHomeostasi 和 clonalDiversity 函数进行空间稳态、克隆比例以及多样性分析, 根据最终模拟图分析 TCR 抗原肽的多态性。

结果 所有移植组均使用 BEAM 方案预处理, 相比于传统 HDT/auto-HSCT 患者, HDT/auto-HSCT 后输入 UCBSC 的新移植模式可促进患者胸腺的恢复, 即并保证患者外周血 T 细胞的 TCR 多样性的长期存在。

结论 auto-HSCT 移植后 TCR 多样性的减少可能预示移植物存活率降低和 GVT 的丢失, 输入非血缘 UCBSC 能够提供促使患者 TCR 多样性的恢复, 提高 GVT 质量。

PO-1599

To explore a novel research model of clonal evolution in mantle cell lymphoma at single-cell genomic level

Junling Tang¹, yongsheng liu², liang wang³, li wang¹, qian li¹, lvsu ye¹, li zhang¹

1. The Affiliated Hospital of Southwest Medical University

2. Chongqing Medical and Pharmaceutical College

3. Beijing Tongren Hospital, Capital Medical University

Objective This study aimed to combine the advantages of clinical samples and novel cell models based on the atlas of blood cells and ultimately promote more accurate clonal research at the single-cell level.

Methods We first established the cell model of JeKo-1-LZ1 and subsequently selected CD19-/IgM-, CD19-/IgM+, CD19+/IgM+, and CD19+/IgM- subclones of clinical sample for xenotransplantation assay. Finally, we analyzed the characteristics of clinical samples and two

models of JeKo-1-LZ1 and JeKo-1-spheroid at scRNA-seq and scBCR-V(D)J-seq levels based on the atlas of blood cells (ABC).

Results JeKo-1-LZ1 was an ideal model. Furthermore, in the establishment of the scRNA-seq atlas of MCL, which initially confirmed that MCL is a polyclonal tumor involving all stages, the differentiation was mainly arrested at the pre-B stage. MCL -initiating cells may mainly consist of CD19-/IgM- subclones, and tumor-associated immunity highly involved erythroblast, NK cells, and T cells. The differential expression of CD19 and IgM can be used as an entry point for further studies on MCL, CLL, and healthy donors.

Conclusion MCL may be a polyclonal tumor based on the anomalous ecosystem of the whole hematopoietic lineage, particularly the initiating cells, which may mainly consist of CD19-/IgM- subclones and characterized by blocked malignant clonal differentiation of pre-B cells under the tumor immunity evolution tree (TIET).

PO-1600

不同来源的非血缘脐带血干细胞输入后 HDT/auto-HSCT 患者外周血 T 细胞亚群的变化

何正昌、贾永前
四川大学华西医院

目的 脐带血干细胞 (Umbilical cord blood transplant, UCBSC) 相关移植在临床上已经进行了 30 多年, 但是关于在 HDT/auto-HSCT 后通过输入少量非血缘 UCBSC 在患者体内形成微嵌合并提供移植物抗肿瘤效应 (Graft-versus-tumor effect, GVT) 的研究还很有限。通过对比使用不同 UCBSC 的新移植模式 (HDT/auto-HSCT 后少量非血缘 UCBSC 输入) 临床数据差异, 有助于进一步揭示不同非血缘 UCBSC 是否能够在外周循环中形成统一的免疫结局和免疫自稳。

方法 为了精准分析新移植患者外周循环是否具备 GVT 的免疫监视和免疫自稳, 根据标准的单细胞转录组流程图进行单细胞转录组测序下游数据分析。去除线粒体占基因表达 10% 及以上的细胞、表达基因数低于 500 的细胞、周期基因影响较大的细胞和双细胞等。细胞过滤后通过 Scaledata 校正批次效应, 再使用整合算法将所有数据进行整合后进行 PCA 和 UMAP 可视化降维聚类, 得到髓系细胞、增殖 T 系细胞、T 细胞和巨核系细胞等 4 种细胞, 其特征性经典标记基因在各个 cluster 中的表达情况。由于收集了每个新移植模式患者移植后 4 个时期的样本, 使用柱状图展示了 4 种细胞比例变化趋势。

结果 $\gamma\delta$ T 细胞的出现意味着新移植模式患者 UCBSC 的成功植入和非特异性免疫的形成, 作为对入侵微生物作出快速反应患者的第一道防线, 但其有限的抗原识别受体和无法遗传迭代限制了预防肿瘤复发的作用。新移植模式赋予的外周循环 T 细胞亚群跟常见的正常供者外周血样本无太大差异。不同来源的非血缘脐带血干细胞输入后 HDT/auto-HSCT 患者不同时间点外周血 T 细胞亚群变化具有相似性。CD8+T 细胞亚群中 CD8+ T_{eff}、CD8+ T_m、CD8+T proliferative、CD8+T proliferative GZMK、CD8+T proliferative IFNG 等细胞均有上升趋势, 而 CD4+ T 细胞亚群只有 CD4+ T_{em} 细胞有一个上升过程, 这可能解释了新移植模式后 CD4+/CD8+ T 细胞比例倒置的现象, 但是如何解释 CD8+T_{scm} 出现更早还需要更深入的研究。

结论 通过 CD8+T_{eff} 和 CD8+T_m 细胞等细胞的变化趋势证明不同非血缘 UCBSC 联合自体造血干细胞的混合移植能够在患者体内形成较统一的免疫结局, 而且没有发现明显的 GVHD 指标不同的 T 细胞对肿瘤预后的影响是不同的, 参考 CAR-T 的疗效和预后, CD8+T_m 细胞与更好的肿瘤预后相关, 这一点对于移植患者建立 GVT 实现深度治疗和预防复发也同样具有重要意义。

PO-1601

T 细胞淋巴瘤西达本胺维持治疗的临床研究

彭浩洋、高力、张曦
陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨 T 细胞淋巴瘤患者西达本胺维持治疗的疗效和安全性。

方法 本研究为前瞻性、单臂临床研究，纳入 2018 年 5 月~2020 年 7 月陆军军医大学第二附属医院血液病医学中心 53 例经一线诱导化疗达到部分缓解（partial remission, PR）及以上疗效的 T 细胞淋巴瘤患者。其中 28 例诱导化疗后行自体造血干细胞移植巩固治疗，移植后 30~45 d 开始接受西达本胺维持治疗。25 例接受 6~8 疗程一线诱导化疗的患者，在诱导化疗结束后 30 d 左右开始进行西达本胺维持治疗。口服西达本胺 20~30mg/次，2 次/周，间隔不少于 3 d，维持 2 年或至病情进展或不能耐受。主要研究指标为 2 年复发率，次要研究指标为 1 年复发率，1、2 年无进展生存（progression free survival, PFS）率，1、2 年总生存（overall survival, OS）率和维持治疗的安全性。

结果 中位随访 13.5 个月（范围 5-51 个月），西达本胺维持治疗后 1 年复发率为 26.4%，2 年复发率为 39.6%，2 年复发率与患者年龄、性别、临床分期无相关性（ $P>0.05$ ），而骨髓受累、IPI 评分 >2 分及维持前未达到完全缓解（complete response, CR）为预后不良的危险因素（ $P<0.05$ ）。1 年 PFS 率和 OS 率分别为 80.7%和 88.6%，2 年 PFS 率和 OS 率分别为 61.1%和 71.9%。西达本胺维持治疗耐受性良好，无患者因药物不良反应而停药，其中最常见药物不良反应是血液学不良反应，7 例患者因白细胞减少、3 例患者因血小板减少将西达本胺剂量调整为 20mg/次。所有患者维持治疗期间未发生感染、心脏毒副作用。

结论 西达本胺维持治疗安全性良好，可降低 T 细胞淋巴瘤患者复发，延长生存。

PO-1602

淋巴瘤患者出院后的持续护理与感染预防研究

袁海
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 本研究旨在探讨淋巴瘤患者出院后的持续护理与感染预防措施的重要性和有效性。淋巴瘤患者由于疾病本身和治疗过程中的免疫抑制状态，出院后面临着较高的感染风险。了解并优化这些患者的持续护理和感染预防策略，对于提高其生活质量和生存率具有重要意义。

方法 本研究采用混合研究方法，包括定量和定性分析。数据来源包括 2020 年 1 月至 2024 年 6 月在某大型综合医院接受治疗并出院的 200 名淋巴瘤患者的病历数据和随访记录。通过问卷调查和深度访谈，收集患者在出院后的护理经历、感染预防措施的执行情况及其效果。采用统计分析方法对定量数据进行描述性统计和回归分析，对定性数据进行主题分析，识别出关键问题和成功经验。

结果 研究发现，出院后持续护理和感染预防措施的执行情况与患者的感染发生率、再入院率和总体健康状况显著相关。具体来说，接受系统性护理指导和定期随访的患者，其感染发生率显著低于未接受系统护理的患者（ $p<0.05$ ）。此外，研究还发现家庭护理支持和患者自身的健康教育水平在感染预防中起到关键作用。进一步分析表明，个性化护理计划和针对性健康教育显著提升了患者的自我管理能力和感染预防效果。

结论 本研究表明，出院后的持续护理和有效的感染预防措施对淋巴瘤患者的健康至关重要。系统性护理指导、定期随访、个性化护理计划和健康教育是降低感染风险、减少再入院率的重要策略。研究结果为临床护理实践提供了实证依据，建议在淋巴瘤患者出院后实施全面、持续的护理方案。

同时, 未来的研究应进一步探讨不同护理模式的长期效果, 并开发创新的护理干预措施, 以进一步改善淋巴瘤患者的预后和生活质量。

PO-1603

SBAR 模式下的心理护理 在弥漫大 B 细胞淋巴瘤化疗患者中的应用

冯娜、陶俊、张天文、李莎莎、武玉凡
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨“现状-背景-评估-建议”(SBAR)模式下的心理护理在弥漫大 B 细胞淋巴瘤化疗患者中的应用效果。

方法 选取 2023 年 1 月 1 日~2024 年 1 月 1 日收治的 90 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤化疗患者为研究对象, 采用随机数字表法分为对照组和观察组各 45 例, 对照组采用常规护理, 观察组在此基础上给予 SBAR 模式下的心理护理, 两组均从入院护理至出院; 比较两组护理前后不良情绪[采用焦虑自评量表(SAS)、抑郁自评量表(SDS)]、希望水平[采用 Herth 希望量表(HHI)]、自我感受负担[采用自我感受负担量表(SPBS)]、社会支持[采用社会支持评定量表(SSRS)]、生活质量[采用世界卫生组织生存质量测定量表简表(WHOQOL-BREF)], 护理满意度。

结果 护理后, 两组 SDS、SAS、SPBS 评分均低于护理前($P<0.05$), HHI、SSRS、WHOQOL-BREF 评分均高于护理前($P<0.05$), 且观察组优于对照组($P<0.01$); 观察组护理满意度高于对照组($P<0.05$)。

结论 SBAR 模式下的心理护理可改善弥漫大 B 细胞淋巴瘤化疗患者的不良情绪, 提高其心理适应能力、生活质量及护理满意度。

PO-1604

融合基因参与的弥漫性大 B 细胞淋巴瘤分子分型

田爽、赵维莅
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 弥漫性大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL) 是最常见的淋巴瘤病理亚型, 约 1/3 的患者无法通过一线治疗获得长期生存。基于基因突变的分子分型算法已经建立, 为 DLBCL 的个体化精准治疗提供可能, 但仍有 40% 的患者因缺乏特征性基因突变无法准确分型。融合基因在肿瘤发生发展中具有重要作用, 但目前仅 MYC、BCL2 和 BCL6 相关融合基因纳入 DLBCL 临床诊疗体系, 大量有待研究的融合基因可能对完善分子分型、优化靶向治疗起到重要作用。

方法 对肿瘤组织和外周血行转录组测序, 利用 EasyFuse 预测流程探究基因融合在 DLBCL 中的整体分布; 基于融合基因建立 DLBCL 分型算法并筛选出与不良预后相关的融合基因, 在细胞和小鼠层面开展机制研究。

结果 利用 730 例转录组数据和 EasyFuse 融合基因预测流程, 发现 DLBCL 中以 ACTB 和 CXCR4 等为核心的融合基因群, 将既往不能准确分型的患者分为 3 类具有显著预后差异的亚群, 同时筛选出 MOB3A 等与不良预后有关的融合基因, 并初步探索相关患者的基因表达特征。通过计算预测寻找到可能用于 mRNA 疫苗设计的基因突变列表, 结合部分基因融合产生的新抗原肽段, 一款覆盖约 40% DLBCL 患者设计有望。

结论 融合基因在 DLBCL 肿瘤形成和转移具有重要意义, 针对特定融合基因的靶向药物、以及合并基因突变和基因融合所产生的新抗原靶点产生的通用型 mRNA 疫苗, 可能改善 DLBCL 临床预后。

PO-1605

女性淋巴瘤化疗患者自我倡权能力现状及影响因素分析

陈蔓丽、陶俊

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 调查女性淋巴瘤化疗患者自我倡权能力现状，并探讨其影响因素。

方法 采用便利抽样法，于 2023 年 1 月至 12 月，选取重庆市某三级甲等综合医院 324 名女性淋巴瘤化疗患者作为调查对象，采用自制的患者一般资料调查表和女性癌症幸存者自我倡权量表进行调查。

结果 性淋巴瘤化疗患者倡权总分为 (73.64±12.60) 分，处于中等水平。单因素分析结果显示，年龄、婚姻状况、医保支付方式、居住方式、居住地、居住方式、文化程度、患病时长、化疗次数均是影响女性恶性肿瘤化疗患者自我倡权能力的因素 ($p<0.05$)。多因素线性回归分析显示，年龄、文化程度、患病时长、化疗次数是影响女性淋巴瘤化疗患者自我倡权能力的独立因素 ($p<0.05$)。

结论 女性淋巴瘤化疗患者自我倡权处于中等水平，临床护理人员应评估女性淋巴瘤化疗患者的自我倡权能力，对得分较低的患者提供针对性的干预措施，提高其自我倡权能力，提高其生活质量。

PO-1606

KTH 整合护理干预在 CAR-T 治疗复发难治 B 细胞淋巴瘤病人中的应用效果

冯娜、陶俊、张曦、杜欣、李莎莎、杜严兴

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 目的:探索 KTH 整合护理干预在 CAR-T 治疗复发难治 B 细胞淋巴瘤病人中的应用效果。

方法 方法:采取便利抽样法，选择 2023 年 1 月—2024 年 1 月 80 例复发难治 B 细胞淋巴瘤病人作为研究对象。按照时间顺序分配为对照组和试验组，每组 40 例。对照组采用常规护理；试验组在常规护理基础上，加入 KTH 整合护理。比较两组心理状态(焦虑、抑郁、心理弹性)、生活质量及自我效能。

结果 结果:两组病人在干预前均有轻等程度的焦虑抑郁，且心理弹性较低，心理状态评分比较差异均无统计学意义；在干预后，两组病人的心理状态均得到调整，试验组的心理状态优于对照组 ($P<0.05$)。两组病人干预前生活质量各维度评分比较差异无统计学意义；在干预后，各维度得分均有提高，其中躯体功能、心理功能、社会功能的变化试验组优于对照组差异均有统计学意义 ($P<0.05$)。两组病人干预前自我效能感各维度及总分评估结果比较，差异无统计学意义，干预后自我效能的各维度得分均有提高，试验组提高水平较对照组高 ($P<0.05$)。

结论 结论:KTH 整合护理干预在 CAR-T 治疗复发难治 B 细胞淋巴瘤病人中的应用效果较好，可以提高病人的心理功能及自我效能，有利于改善生活质量。

PO-1607

原发结外弥漫大 B 细胞淋巴瘤临床特征及预后分析

易思、贾永前
四川大学华西医院

目的 探讨原发结外弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (En-DLBCL) 的临床特征、基因突变谱特点、疗效及预后因素。

方法 回顾性分析 382 例华西医院确诊的具有完整临床资料的原发结外弥漫大 B 细胞淋巴瘤患者，分析其临床特征、基因突变特点、疗效及预后。

结果 382 例 EN-DLBCL 患者中位年龄为 56 (18-89) 岁。常见原发部位为胃肠道 (31.7%)、韦氏环 (19.1%) 及乳腺 (7.1%)。基因突变共累及 51 种，最常见的基因突变频率为 TP53 (32.5%)、MYD88 (32.5%)、CD79B (30.0%)。中位随访时间为 63 个月，5 年 PFS 率为 74.5%，5 年 OS 率 89.6%。影响患者 PFS 的不良因素有：>1 个结外部位受累 (P<0.001)、P53≥50% (P<0.001)、C-myc >50%/Bcl-2>70% 的高双表达 (hDEL) (P<0.001)；影响患者 OS 的不良因素有：>1 个结外部位受累 (P<0.001)、P53≥50% (P<0.001)、高双表达 (hDEL) (P<0.001)。化疗联合局部放疗有助于改善患者 PFS (P=0.041) 和 OS (P=0.003)；R-CHOP+X 小分子靶向药物治疗未能显示 PFS (P=0.075) 及 OS (P=0.767) 获益。在 40 例中高危行二代测序患者中，MYD88 和/或 CD79B 突变阳性 (MCD 亚型) 患者均联合 BTKi 治疗与 MYD88 及 CD79B 突变均阴性患者 PFS (P=0.849) 与 OS (P=0.500) 无统计学意义。

结论 EN-DLBCL 患者中 TP53、MYD88 及 CD79B 是最常见的基因突变类型。中高危 MCD 亚型阳性的患者采用 BTKi 的疗效不劣于 MCD 阴性的对照组患者。

PO-1608

边缘区淋巴瘤的临床特征及预后分析
——单中心长期真实世界研究

李赫、王婕、刘家卓、唐韞、向兵、赵莎、张文燕、刘卫平、刘志刚、贾永前、牛挺
四川大学华西医院

目的 探讨惰性淋巴瘤之一边缘区淋巴瘤 (MZL) 的真实世界临床特征及长期预后。

方法 回顾性分析 2010 年 1 月至今四川大学华西医院住院诊治的 MZL 患者的临床特征、长期生存。

结果 研究纳入 99 例 MZL 患者，男女比例 1.06:1，中位年龄 69 岁。其中脾 MZL 54 例 (54.5%)，结内 MZL 9 例 (9.1%)，胃肠道黏膜相关淋巴组织淋巴瘤 (MALT) 13 例 (13.1%)。肺 MALT 10 例 (10.1%)。Ann Arbor 分期 I 至 IV 期患者分别占 21.9%、16.4%、5.5%、56.1%。MALT-IPI 评分 0 分至 4 分患者分别占 26.5%、26.5%、31.6%、13.9%和 1.3%。脾 MZL 诊断时 HPLL 评分 A 组患者占 12.7%，B 组 68.1%，C 组 19.1%。可评估患者 POD24 20%。随访期内 38.2% 患者出现进展。转化为侵袭性淋巴瘤患者 6 例 (6.1%)。一线治疗方案 R-COP 为基础的治疗和脾切除术各占 18.2%，BTK 抑制剂单药治疗占 8.0%，BTK 抑制剂联合利妥昔单抗占 10.1%。二线治疗以 BTK 抑制剂为基础的治疗占 39.7%，R-COP 为基础的方案占 17.2%。患者中位随访时间 4.2 年，中位无进展生存 (PFS) 时间 5.6 年 (95% 置信区间: 3.7-7.6)，中位总生存 (OS) 时间未达到。单因素分析显示，POD24 与患者 PFS 相关。使用 BTK 抑制剂患者未出现死亡事件。

结论 MZL 患者中位发病年龄较高，结外受累较多，分期常较高。免疫化学治疗及 BTK 抑制剂为基础的治疗是常选择的方案，BTK 抑制剂在提高患者生存方面具有潜在优势。患者总体生存和无进展生存有待提高。

PO-1609

高截留量血液透析在多发性骨髓瘤伴急性肾损伤患者中的研究进展

邢彦

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 越来越多的研究开始怀疑高截留量透析（HCO-HD）是否能真正为伴有急性肾损伤(AKI)的多发性骨髓瘤（MM）患者提供临床益处。因此，本研究从 MM 伴 AKI 的发病机制出发，并与其他体外清除技术的比较，总结在 MM 患者中行 HCO-HD 的现状。此外，还重点介绍了 HCO-HD 清除血液游离轻链（FLC）效能和副作用的关键临床试验，并提供了相关的 HCO-HD 方案，以帮助临床医生决策实施。

方法 通过检索 Pubmed 建库至 2022 年 6 月间有关 MM 伴 AKI 患者采取 HCO-HD，并报告了详细治疗方案以及临床清除 FLC 效果，临床预后结局的文献做分析。

结果 MM 是一种以浆细胞克隆性增殖为主要特征的难治性血液系统恶性肿瘤，其主要特征是产生大量的单克隆免疫球蛋白和游离轻链。肾损害是多发性骨髓瘤的主要临床表现之一，也是预测有症状 MM 预后的重要指标，尤其是需要透析辅助治疗的患者。FLC 的过度产生是肾脏损伤的触发因素，因为它们可以诱导近端小管炎性和促纤维化细胞因子的转录，并与远端小管中的 Tamm-Horsfall 蛋白结合形成阻塞小管的管型，导致肾损伤甚至肾纤维化。除了传统的抗骨髓瘤治疗外，HCO-HD 在体外能有效清除 FLC，近年来引起了人们的广泛关注。由于其较大的膜孔径，在去除较大分子方面具有显著优势，可用于横纹肌溶解症、脓毒症，甚至骨髓瘤铸型肾病。

对于确诊为需要透析支持的 MM 伴 AKI 患者，需尽快实施 HCO-HD。透析通常持续超过 4 小时。因 FLC500 mg/L 被认为是 MM 患者发生管型肾病的阈值，故大多数研究在血清 FLC 浓度降至 500 mg/L 以下时终止 HCO-HD，如仍需要透析，则继续使用高通量血液透析，直到 eGFR 超过 15ml/min/1.73m²。HCO-HD 中血流量和透析液流量分别设定为 250~350 和 500ml/min，根据临床需要进行超滤。HCO-HD 未发生与透析相关的严重并发症，发生的并发症主要包括低血压、发热、感染、肌肉无力和导管内血栓，但报道的主要不良反应几乎总是由于化疗导致的。使用 HCO1100 进行 HCO-HD 每小时会损失 1.5 克和 5.7 克白蛋白。因此，8 小时的高 HCO-HD 至少需要 12 克和 45 克白蛋白补充。在使用 Theralite®的进行 HCO-HD 后，需补充 20 克白蛋白。HCO-HD 会导致电解质的损失，如钙和镁。

结论 除 HCO-HD 外，还没有理想的体外清除技术来实现过量 FLC 的大幅减少。HCO-HD 联合基于硼替佐米的治疗方案有改善肾脏预后的趋势，但需要更多基于新药的 RCT。也许 HCO-HD 应该用于无法通过类固醇、对症措施和有效的化疗来恢复肾功能的 MM 伴 AKI 患者。对于 κ 链或 λ 链浓度较高的患者，也可使用聚甲基丙烯酸甲酯吸附膜血液透析、树脂吸附超滤液再生血液透析滤过以及中截留量血液透析等新型透析方式。

PO-1610

基于免疫球蛋白及常规实验室指标的多发性骨髓瘤鉴别诊断模型的建立

李曼宁^{1,2}、武晗¹、寿纯宜¹、王莹²、童向民²、陈一瑞¹

1. 浙江省人民医院

2. 杭州市第一人民医院

目的 通过临床中常见血液学指标及免疫学指标构建鉴别诊断模型并探究其最佳截断值，以辅助临

床对免疫球蛋白增高患者中多发性骨髓瘤（MM）患者早期筛查及鉴别诊断，提高诊断效力，减少误诊漏诊风险。

方法 回顾性分析 2008 年 1 月至 2023 年 8 月于浙江省人民医院就诊的 274 例初发初治 MM 患者及 133 例结缔组织病患者，收集各样本血常规、生化、凝血功能等实验室指标及免疫球蛋白指标，随机分组 70%（n = 288）作为训练集，30%（n = 123）作为验证集。在训练集中通过单因素及多因素分析筛选相关变量，之后基于多元 logistics 回归算法开发鉴别诊断模型，再使用验证集检验模型得出受试者操作特征（ROC）曲线和校准曲线，由此来评估鉴别诊断模型的预测准确性及泛化性。模型最终的临床效益根据校准曲线、决策曲线（DCA）及临床影响曲线（CIC）来进行评估。此外，我们还通过逻辑回归算法进一步探究了各诊断相关因素对于鉴别诊断 MM 的最佳截断值。

结果 本文中开发的鉴别诊断模型纳入以下观察指标：免疫球蛋白 M（IgM）、肾小球滤过率（GFR）、高密度脂蛋白（HDL）、红细胞分布宽度（RDW）及凝血酶时间（TT）。模型显示出良好的辨别力和良好的校准度，AUC 值为 0.980（95%CI: 0.967~0.994），此外也获得了良好的灵敏度（0.963）、特异度（0.938）、准确率（95.47%）、阳性预测值（0.968）及阴性预测值（0.928）。验证集进一步验证了模型的泛化性和准确性，验证集中模型 ROC 值为 0.954（95%CI: 0.961-0.992）。DCA 曲线显示，预测 MM 的概率在 10%到 100%之间，证明模型具有较好的临床价值。此外我们还发现当 IgM < 0.67 g/L、GFR < 91.966 mL/min/1.73m²、HDL < 0.9mmol/L、RDW > 13.8%及 TT > 18.6s 时，鉴别诊断为 MM 的概率将增大，为 MM 的早期筛查提供方向。

结论 本文构建的 MM 最佳截断值及鉴别诊断模型可以对 MM 患者及其他免疫球蛋白异常增高的患者进行精准预测及鉴别诊断，该工具以期提高 MM 患者临床诊断决策效率，改善患者预后。

PO-1611

多发性骨髓瘤患者诱导化疗期营养波动及影响因素的纵向研究

周倩、王黎红、何华、户小红、别丹
中国人民解放军空军军医大学第二附属医院

目的 前瞻性纵向观察多发性骨髓瘤患者诱导化疗期营养状况波动情况，分析其变化规律、并探讨营养不良的影响因素。

方法 分别于化疗前、化疗第 1 疗程、第 2 疗程、第 3 疗程及第 4 疗程 5 个时间点对我科新确诊多发性骨髓瘤患者使用 PG-SGA 量表评估营养状况、收集传统营养指标体重指数（BMI）和血清白蛋白（ALB），同时收集年龄、性别、疾病分期、疼痛、焦虑抑郁（HADS 评分）、睡眠质量（PSQI 指数）、营养支持等资料。使用重复测量方差分析多发性骨髓瘤患者诱导化疗期营养状况的波动趋势，采用广义估计方程分析患者营养不良的影响因素。

结果 研究对象中完成 5 次调查的有 136 例，诱导化疗期间患者营养不良发生率波动在 37.50%~56.62%之间。患者的 PG-SGA 得分呈先降后升趋势（P < 0.001），同时 BMI 及 ALB 在诱导化疗期呈先升后降趋势（P < 0.001）。整个诱导化疗期多发性骨髓瘤患者 PG-SGA 标准下的营养不良受年龄、PSQI 指数、HADS 评分、疼痛及是否给予营养支持影响（P < 0.05）；BMI 标准下的营养不良则受年龄、PSQI 指数、HADS 评分、疾病分期及是否给予营养支持影响（P < 0.05）；ALB 标准下的营养不良受年龄、PSQI 指数、疼痛、疾病分期及是否给予营养支持影响（P < 0.05）。

结论 诱导化疗期多发性骨髓瘤患者营养状况呈动态变化趋势且为先好转后恶化，即从化疗前至化疗第 1 疗程营养状况好转，第 1 至第 4 疗程营养状况逐渐恶化。年龄、睡眠、焦虑抑郁、疼痛、疾病分期及是否营养支持是诱导化疗期多发性骨髓瘤患者营养不良的影响因素，III 期、有睡眠障碍、有焦虑抑郁、有疼痛、没有营养支持的老年多发性骨髓瘤患者更易发生营养不良，诱导化疗期应更加关注。

PO-1612

Molecular mechanisms of Mangiferin inhibiting malignant biological characteristics of multiple myeloma and exerting anticancer effect

Yanquan Liu¹, Jian-Zhen SHEN², Xiao-Jun CHEN², Huan-Wen TANG¹

1. Department of Hematology, The First Dongguan Affiliated Hospital of Guangdong Medical University

2. Institute of Hematology, Fujian Medical University Union Hospital

Objective To investigate the effect of pure Chinese herbal extract Mangiferin on the malignant biological behaviors of multiple myeloma (MM) cells, analyze the molecular mechanism of the anti-myeloma effect of Mangiferin, and provide scientific basis and theoretical reference for MM integrated therapy.

Methods U266 and RPMI8226 cells of MM were intervened with different concentrations of Mangiferin. The morphological changes of cells were observed under an inverted microscope. Cell proliferation was detected by CCK-8 method. Annexin V/PI double staining flow cytometry was used to detect cell apoptosis. Western blot was used to detect the expression of apoptosis and related signaling pathway proteins, and real-time quantitative polymerase chain reaction (qRT-PCR) was used to detect the expression changes of matrix metalloproteinase (MMP) and CXC chemokine receptor (CXCR) family.

Results Mangiferin could inhibit the proliferation activity of U266 and RPMI8226 cells and induce their apoptosis. After Mangiferin intervened in MM cells for 48 h, the expression of Bcl-2 family pro-apoptotic protein Bax is up-regulated, while the expression of survivin and Bcl-xL proteins is down-regulated and Caspase-3 is hydrolyzed and activated to promote cell apoptosis, besides, the expression of Bcl-2 protein in U266 cells can also be significantly down-regulated to induce apoptosis ($P < 0.05$). After Mangiferin intervenes in MM cells, it can not only increase the expression level of tumor suppressor p53, but also induce programmed cell death of MM cells by inhibiting the expression of anti-apoptotic molecules and down-regulating the phosphorylation levels of AKT and NF- κ B. In addition, after the intervention of Mangiferin, the expressions of CXCR4, MMP2 and MMP9 in U266 cells could be down-regulated ($P < 0.05$), while there is no effect on the expressions of CXCR2, CXCR7 and MMP13 ($P > 0.05$). However, the expressions of CXCR4, MMP9, and MMP13 in RPMI8226 cells could be down-regulated ($P < 0.01$), the expression of MMP2 was weakly affected, and the expression of CXCR2 and CXCR7 was basically not affected ($P > 0.05$).

Conclusion Mangiferin can inhibit the proliferation and induce apoptosis of MM cells, and its mechanism may be related to inhibiting the activation of NF- κ B signaling pathway, affecting the expression of Bcl-2 family proteins and inhibiting the expression of core members of MMP and CXCR family.

PO-1613

接受 BCMA 特异性 CAR-T 治疗后进展的多发性骨髓瘤患者行挽救治疗的结局分析

杨瑞¹、刘睿¹、许雪珠¹、赵万红^{1,2}、王芳侠^{1,2}、张王刚^{1,2}、雷博^{1,2}、杨若玉¹、王怡雯¹、何爱丽^{1,2}、王剑利^{1,2}

1. 西安交通大学第二附属医院

2. 西安市血液疾病重点实验室

目的 嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 疗法在血液系统恶性肿瘤治疗方面取得了显著进展, 其中靶向 B 细胞成熟抗原 (BCMA) 的 CAR-T 疗法在复发性/难治性多发性骨髓瘤 (RRMM) 的治疗中显

示出良好的疗效和安全性。然而，BCMA-CAR-T 治疗后再次进展的患者采用何种挽救治疗可获得最大临床收益仍是一个未解的问题。

方法 回顾性分析于西安交通大学第二附属医院输注 LCAR-B38M 治疗 RRMM (NCT03090659) 后出现疾病进展且接受挽救治疗的 32 例患者的挽救治疗方案、疗效和预后情况。

结果 32 例接受挽救治疗的患者总缓解率 (ORR) 为 50.0%，其中 15 例接受了以蛋白酶体抑制剂 (PI) 为基础的挽救治疗、10 例接受了第二次的 BCMA-CAR-T 细胞输注、7 例接受了联合化疗，ORR 分别为 80%、30% 和 0%。患者中位无进展生存期 (PFS) 为 16.3 个月，接受 PI 为基础治疗方案的患者中位 PFS (28.2 个月) 显著长于接受二次 BCMA-CAR-T (含 LCAR-B38M; 3.9 个月, $p = 0.0022$) 和联合化疗 (1.67 个月, $p = 0.0001$) 的患者。此外，伴髓外浸润 (EMD) 的所有患者 ($n = 11$) 在 CAR-T 治疗后均发生进展，其挽救治疗 ORR 仅为 25.0%。与无 EMD 患者相比，其中位 PFS (9.7 个月 vs 33.6 个月, $p = 0.0023$) 及 OS (13.9 个月 vs 未达到, $p = 0.0001$) 均显著缩短。

结论 LCAR-B38M 治疗后进展的挽救治疗 ORR 为 50%，中位 PFS 为 16.3 个月。接受以 PI 为基础的挽救治疗方案的患者反应率更高、预后更好。伴髓外浸润的患者挽救治疗反应率较低且预后较差。

PO-1614

多发性骨髓瘤骨痛患者实行护理干预的临床疗效研究

宋丽娟

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 本研究旨在评估护理干预对多发性骨髓瘤骨痛患者的临床效果。

方法

方法: 随机选取了 84 名 2022 年 12 月至 2023 年 12 月在本院就诊的多发性骨髓瘤骨痛患者，将其分为观察组和对照组，通过对比护理干预的效果进行分析。

结果 在护理干预后，观察组患者的 VAS 疼痛评分显著低于对照组 ($P < 0.05$)，同时观察组的睡眠质量明显优于对照组 ($P < 0.05$)

结论 对多发性骨髓瘤骨痛患者进行护理干预能够有效降低患者的疼痛感，提升其睡眠质量，建议在临床实践中予以推广应用。

PO-1615

Impact of Bortezomib on 1q21 gain in multiple myeloma: a meta-analysis of treatment outcomes and prognostic implications

Xiaona Zheng, Siyu Lin, Kejie Lu, Jian Hou, Tingting Liu
Shanghai

Objective The gain of chromosomal region 1q21 is a significant risk factor in multiple myeloma (MM) and contributes to poor prognosis. The advent of bortezomib has significantly improved outcomes in MM patients. However, recent studies have produced conflicting results regarding the efficacy of bortezomib in mitigating the adverse effects of 1q21 aberration in MM patients. To address this, a meta-analysis was conducted based on six studies encompassing 1575 MM

patients.

Methods The prognosis of MM patients with 1q21 gain who underwent treatment with a bortezomib-based regimen was evaluated in terms of complete response (CR), overall survival (OS), and progression-free survival (PFS).

Results The results demonstrated that patients with 1q21 aberration were more likely to achieve CR than those without 1q21 gain under bortezomib-based treatment (OR: 0.64, 95% CI: 0.49-0.83, $P=0.0008$). However, 1q21 gain remained a high-risk factor in MM patients even after bortezomib treatment (PFS: HR 1.81, 95% CI 1.59-2.06, $P<0.00001$; OS: HR 2.06, 95% CI 1.60-2.66, $P<0.00001$).

Conclusion In conclusion, although bortezomib improved the achievement of CR in patients with 1q21 gain, 1q21 gain continues to be considered a high-risk factor in MM patients treated with a bortezomib-based regimen.

PO-1616

多发性骨髓瘤患者自我报告焦虑、抑郁现状分析

李雪雪、兰大华

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 统计多发性骨髓瘤患者出现焦虑、抑郁症状的发生情况，并与一般资料分析其单因素相关性，提出针对性的对策和措施。

方法 本研究采取整群抽样法，选取就诊于该医院血液科 2022 年 1 月至 2022 年 12 月收治的多发性骨髓瘤患者 245 例为研究对象，运用焦虑自评量表（SAS）、抑郁自评量表（SDS），在开始治疗前以及治疗 6 个月和 12 个月时进行焦虑和抑郁症状的评价。

结果 患者焦虑自评量表标准分为 41.73 ± 9.12 ；其中无焦虑 196 例（80%），轻度焦虑 46 例（18.8%），中度焦虑 2 例（0.8%），重度焦虑 1 例（0.4%）。患者抑郁自评量表标准分为 49.49 ± 12.31 ；其中无抑郁 100 例（40.8%），轻度抑郁 88 例（35.9%），中度抑郁 50 例（20.4%），重度抑郁 7 例（2.9%）。

结论 多发性骨髓瘤患者自我报告焦虑、抑郁情况在性别、年龄、职业、居住地、受教育程度、婚姻状况、家庭收入、化疗方式、医保参保、付费方式因素比较差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。而职业因素比较差异具有显著性（ $P<0.05$ ）。

PO-1617

多发性骨髓瘤患者新冠病毒抗体产生的影响因素及抗体水平的纵向随访

谢焕、曾东风

中国人民解放军陆军特色医学中心

目的 监测多发性骨髓瘤（MM）患者对新型冠状病毒（SARS-CoV-2）的免疫应答，探究骨髓瘤患者感染 COVID-19 后产生有效体液免疫反应的影响因素和抗体水平的纵向变化。

方法 本文进行了一项前瞻性研究，共纳入 60 例 MM 患者作为实验组和 50 例健康者作为对照组，检测 COVID-19 感染后 2、4 和 6 月 SARS-CoV-2 特异性 IgG 抗体的水平，并通过收集病例的人口学资料（性别、年龄、疫苗史）和疾病相关临床资料（M 蛋白类型、治疗方案、疗效评价、合并症等）分析抗体水平的影响因素。然后纵向随访了 MM 患者半年内特异性抗体水平的变化，和 SARS-CoV-2 感染后一年的临床结局。

结果 研究发现实验组患者 COVID-19 感染后 2 月的平均抗体水平明显低于健康对照组 (6.28 vs. 9.79 S/CO, $P < 0.001$)。单因素分析发现, 未接种疫苗、COVID-19 感染前接受过自体造血干细胞移植治疗均显著降低患者的 SARS-CoV-2 IgG 水平; 多因素分析发现, 未接种疫苗是抗体水平的独立预测因素。另外, 无论是否发生 COVID-19 再感染, MM 患者在感染后 6 月的抗体水平分别均低于对照组 ($P_s < 0.001$), 且未再感染 MM 组的下降趋势显著大于未再感染的对照组 ($P = 0.002$)。
结论 MM 患者对 COVID-19 感染适应性免疫反应的质量和强度受多种因素影响, 其特异性抗体的产生和维持能力均较差, 这些结果可为骨髓瘤患者在后疫情时代的临床管理提供参考。

PO-1618

IgG 型多发性骨髓瘤患者初诊时 IgG 水平与疗效及预后的相关性分析

吴宁夏、汪梅花
延安大学附属医院

目的 明确 IgG 型多发性骨髓瘤(multiple myeloma,MM)患者初诊时血清 IgG 水平分布状况;分析初诊时 IgG 型 MM 患者血清 IgG 水平与疗效的关系;分析沙利度胺(thalidomide, TM)和硼替佐米(bortezomib, BTZ)两种不同化疗药物对初诊 IgG 型 MM 患者的疗效差异;总结并探讨初诊时血清 IgG 水平和 TM 及 BTZ 对患者生存的影响。

方法 本次研究共收集延安大学附属医院血液内科 2022 年 1 月至 2024 年 1 月收治的 42 例初治 IgG 型 MM 患者的临床资料,根据初诊时血清 IgG 浓度水平分为 2 组, $\leq 64\text{g/L}$ (组 1, $n=18$), $>64\text{g/L}$ (组 2, $n=24$);接受沙利度胺(thalidomide, TM)方案治疗组 1 有 22 例,组 2 有 13 例;接受硼替佐米(bortezomib, BTZ)方案治疗组 1 有 19 例,组 2 有 12 例;2、分别分析组 1 和组 2 间以及 TM 和 BTZ 治疗的临床最大疗效和无进展生存期、总生存期的差异及可能的影响因素;3、本研究数据运用 SPSS 22.0 软件包进行统计学处理,运用单样本 Kolmogorov-Smirnov 检验进行正态分布检验,运用 t 检验进行多组计量资料的比较,运用卡方检验进行多组计数资料的比较,数据的相关性分析运用 Spearman 相关性分析处理;PFS 及 OS 单因素生存分析运用 Kaplan-Meier 法进行处理,多因素生存分析运用 Cox 回归模型进行处理,以 $P \leq 0.05$ 为差异有统计学意义。

结果 多因素生存分析结果显示临床最大疗效 $\geq \text{VGPR}$ 和标危细胞遗传学是影响 IgG 型 MM 患者预后的独立影响因素。

结论 :1、IgG 型 MM 患者血清 IgG 浓度水平分布呈正态分布;2、IgG 型 MM 患者初诊时血清 IgG 浓度水平越高,高危细胞遗传学风险越高,疗效越差;3、IgG 型 MM 患者初诊时 IgG 越高, PFS 和 OS 越差;4、BTZ 对不同 IgG 浓度水平的 IgG 型 MM 患者疗效无显著差异。

PO-1619

全身低剂量 CT 区分发性骨髓瘤患者四肢骨髓腔内病灶良恶性的研究

张科民、赵云晴、李英
中国医学科学院血液病医院

目的 利用全身低剂量 CT (WB-LDCT) 结合临床指标来区分多发性骨髓瘤 (MM) 患者四肢骨髓腔内病灶的良恶性。

方法 回顾性收集 2020-12 至 2023-02 我院符合纳入标准 MM 患者的临床资料和影像学资料。临床

资料包括：姓名、性别、年龄、白细胞计数、血红蛋白、血小板计数、尿酸、尿素、肌酐、血钙、乳酸脱氢酶 LDH、白蛋白、血 β 微球蛋白、血 M 蛋白、尿 M 蛋白、骨髓浆细胞比例、轻链 κ 定量、轻链 λ 定量、游离轻链比 (κ/λ)、免疫分型、D-S 分期、R-ISS 分期。影像学资料包括：病灶的形态、部位、累及范围、面积、CT 值、边界。利用浆细胞瘤病灶的诊断标准（病灶于 DWI 序列呈高信号，且 T1WI 反相位信号下降比 S 下降比 $\leq 20\%$ 、ADC 值 $0.5\sim 1.2\times 10^3\text{mm}^2/\text{s}$ ，并经随访符合（4 个疗程后复查 WB-MRI，病灶的 ADC 值 $\geq 1.2\times 10^3\text{mm}^2/\text{s}$ ，或者病灶的信号变化与其他部位浆细胞瘤一致），将纳入病灶分为浆细胞瘤组和红骨髓组。采用 Mann-Whitney U 检验或卡方检验进行两组间变量比较，然后将有统计学差异 ($P < 0.05$) 的变量代入 ROC 曲线评价其诊断效能。

结果 共计 45 例患者 234 个病灶纳入研究（浆细胞瘤组 $n=154$ 和红骨髓组 $n=80$ ），两组间血小板、血红蛋白、肌酐、LDH、血 $\beta 2$ 微球蛋白、尿 M 蛋白、骨髓浆细胞比例、R-ISS 分期、CT 值、边界的差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)，余参数组间差异无统计学意义 ($P > 0.05$)。ROC 曲线示 CT 值对浆细胞瘤病灶的诊断效能最好， $AUC=1.000$ ，“CT 值 $\geq 41.5\text{Hu}$ ”的灵敏度和特异度均为 100%，诊断符合率为 100%；其次为病灶的边界， $AUC=0.968$ ，“边界清楚”诊断浆细胞瘤病灶的灵敏度为 93.5%、特异度为 100%，诊断符合率为 95.7%。其余变量的 AUC 均 < 0.75 。

结论 “CT 值 $\geq 41.5\text{Hu}$ ”的四肢骨髓腔内病灶可诊断为浆细胞瘤，诊断符合率为 100%；“边界清楚”的病灶诊断为浆细胞瘤病灶诊断符合率为 95.7%。四肢骨髓腔内浆细胞瘤患者的肿瘤负荷和终末器官损害较红骨髓组程度更高。

PO-1620

Clinical Observation of Daratumumab Based Immunochemotherapy in the Treatment of Light Chain Amyloidosis

JUN DU¹, Xiao-Ran Gu², Jia Liu¹, Guang Lu^{3,4}, Lu Zhong¹

1. Department of Hematology, Renji Hospital, School of Medicine, Shanghai Jiao Tong University

2. School of Medicine, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai, 200025, China.

3. Department of Hematology, West China Hospital, Sichuan University, Chengdu, 610041, Sichuan, People's Republic of China.

4. Department of Hematology, Shengli Oilfield Central Hospital, Dongying, Shandong, 257034, People's Republic of China.

Objective Systemic light chain (AL) amyloidosis arises from the aberrant folding of monoclonal immunoglobulin light chains, resulting in the formation of amyloid proteins. These proteins are subsequently deposited in various tissues and organs, instigating structural damage, organ impairment, and relentless disease progression. Daratumumab, a fully human IgG1 κ monoclonal antibody engineered to target CD38, serves as both a depleting agent for plasma cells and an immunomodulator. In 2021, daratumumab in combination with cyclophosphamide, bortezomib, and dexamethasone (D-VCd regimen) became the first formally licensed treatment for AL amyloidosis. Our study, an observational investigation involving five patients diagnosed with AL amyloidosis, aims to demonstrate the efficacy and safety of daratumumab based treatment.

Methods This clinical observation encompasses five patients, with four undergoing renal biopsies and one undergoing a fat biopsy. All patients were diagnosed with confirmed and symptomatic AL amyloidosis and received treatment with the D-VCd regimen at our institution between August 2021 and August 2023. The treatment protocol involved administering daratumumab at a dose of 16 mg/kg, bortezomib 1.3 mg/m², cyclophosphamide 300 mg/m² (500 mg maximum weekly dose), and dexamethasone 20 mg intravenously. Treatment was initially administered once weekly for weeks 1 to 8, followed by every 2 weeks from weeks 9 to 24 (for all patients), and subsequently extended to every 4 weeks for up to 12 months (only for Pt 3 and Pt 4).

Results The case series comprises five male individuals with a median age of 66 years (range, 43-73 years). Among these individuals, four patients achieved a hematologic very good partial

response (VGPR), two of whom achieved a complete response (CR). The mean difference of serum free light chain (dFLC) value changed from 384.2 mg/L (range, 81.1-926.1) to 95.72 mg/L (range, 0.73-447). Conversely, one patient exhibited no discernible improvement following six months of therapy, prompting the discontinuation of daratumumab. Four patients showed cardiac and renal responses after six cycles of treatment. Remarkably, after 6 cycles of treatment, according to common terminology criteria for adverse events, (CTCAE) assessment, no patients experienced adverse reactions of grade 3 or above.

Conclusion This study presents our clinical observation of daratumumab based immunochemotherapy for AL amyloidosis, unveiling its safety and efficacy. Notably, 80% (4/5) of patients exhibited hematologic response following six cycles of treatment, devoid of any discernible side effects. Simultaneously, an equivalent proportion of patients 80% (4/5) showcased cardiac and renal responses, underscoring the treatment's effectiveness in preserving organ function and extending patient survival.

PO-1621

Comparison of tandem and single autologous stem cell transplantation in multiple myeloma: a retrospective propensity score-matching study

Shunquan Wu, Li Xiao-Fan, Qiu Zong-Jian, Zhu Zhi-Juan, Chen Xian-Ling, Chen Ping, Zhan Rong, Li Nai-nong
Fujian Medical University Union Hospital

Objective Comparative data on the efficacy and safety of tandem or single autologous stem cell transplantation (ASCT) for patients with multiple myeloma (MM) in China are currently lacking. This study aimed to compare the clinical outcomes of tandem and single ASCT in real-world MM patients.

Methods By utilizing a propensity score, we retrospectively analyzed the clinical data of 80 newly diagnosed MM patients who underwent ASCT in our center between November 2014 and November 2021, with 40 patients in each group receiving either single or tandem ASCT.

Results The percentage of \geq complete remission (CR) after the 1st and 2nd ASCT was 75% and 85% in the tandem ASCT group, compared to 77.5% in the single group. Since transplant, the median progression-free survival (PFS) was 33.2 months and 71.7 months for the single and tandem cohorts ($p=0.0099$). Median overall survival (OS) for the single and tandem groups was 39.3 months and 75.8 months ($p=0.0515$). The estimated 7-year PFS and OS since ASCT was 29.9% and 43.5% in the single group versus 47.5% and 54.4% in the tandem group. Median PFS in patients with ISS II/III who underwent single ASCT was 29.8 months versus 66.4 months in the tandem group ($p=0.008$). Median OS since transplant was not reached in either group ($p=0.1468$). Among patients with high-risk cytogenetics, the median PFS was 23.2 months and 43.4 months for the single and tandem cohorts ($p=0.0423$), while the median OS was 37.1 months and not reached ($p=0.0767$). Among patients not achieving \geq CR before ASCT, the median PFS was 24.3 months and not reached for the single and tandem cohorts ($p=0.0187$), while the median OS since transplant was not reached in either cohort ($p=0.1631$). No transplant-related mortality occurred in both cohorts. There were no significant differences between these two cohorts regarding both non-hematological and hematological toxicities.

Conclusion Up-front tandem ASCT can deepen the depth of response and prolong the PFS of patients with MM, with a trend toward longer OS, particularly for patients with advanced ISS stages, high-risk cytogenetics, and no CR before transplant. Tandem ASCT may be tolerable for patients with MM.

PO-1622

雷帕霉素联合 2-DG 对多发性骨髓瘤细胞增殖和凋亡的影响

郑焱华

空军军医大学第二附属医院 血液内科

目的 多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 是血液系统第二常见的恶性肿瘤, 新药时代使骨髓瘤患者的生存得到极大改善, 但仍不可治愈, 需要探索新的治疗方法以进一步提高骨髓瘤的治疗效果。本研究旨在探索哺乳动物雷帕霉素靶蛋白抑制剂雷帕霉素 (rapamycin, Rapa) 联合糖酵解抑制剂 2-脱氧-D-葡萄糖 (2-deoxy-D-glucose, 2-DG) 对体外培养人多发性骨髓瘤 RPMI8226 细胞周期和凋亡的影响。

方法 CCK-8 法分析两药单独应用及联用对人多发性骨髓瘤 RPMI8226 细胞增殖和毒性的影响, 并通过 CompuSyn 软件计算合用指数 (combination index, CI); 利用流式细胞术检测 Rapa 和 2-DG 单药及联合作用下对骨髓瘤细胞周期和凋亡的影响; Western blot 检测 Rapa 和 2-DG 单药及联合作用下骨髓瘤细胞周期调控分子 CyclinD1、凋亡相关指标 P53、Bax、Bcl-2 的表达。

结果 CCK-8 法显示多种不同浓度组合下 Rapa 联合 2-DG 作用 48 h 有显著的抗骨髓瘤协同作用, 其 CI 值介于 0.6 ~ 0.8, 其中 Rapa(50 nmol/L) 和 2-DG(0.5 mmol/L) 合用的 CI 值为 0.642, 显示出很好的协同作用; 流式细胞术显示联合应用 Rapa(50 nmol/L) 和 2-DG(0.5 mmol/L) 较空白对照组和单药组使细胞周期阻滞在 G0/G1 期、S 期的比例下降, 凋亡率明显升高 (P 均 < 0.05); Western blot 结果显示 Rapa(50 nmol/L) 和 2-DG(0.5 mmol/L) 联用组促凋亡指标 P53、Bax 等表达增加, 凋亡抑制指标 Bcl-2 表达下降 (P 均 < 0.05)。

结论 Rapa 和 2-DG 联合应用可显著抑制 RPMI8226 细胞增殖, 并显著增加其细胞凋亡, 显示出较好的协同作用, 对于进一步探索 Rapa 和 2-DG 在多发性骨髓瘤中的应用有一定的启示作用。

PO-1623

Liquid extramedullary disease in multiple myeloma strongly predicts a poor prognosis and is associated with bortezomib resistance gene upregulation

Jiamei Ji¹, Rui Guo¹, Jie Ma², Yunqi Cui¹, Yating Li¹, Zhengxu Sun¹, Jianyong Li¹, Lei Fan¹, Xiaoyan Qu¹

1. The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University

2. The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

Objective Background-aim: Patients with multiple myeloma (MM) relapse with extramedullary disease (EMD) exhibits an aggressive disease course and poor prognostic features. Myelomatous effusion (ME) is a rare subtype of EMD.

Methods In this retrospective study, we analyzed the baseline characteristics and therapies of 14 EMD patients relapse with ME and 21 EMD patients relapse without ME.

Results Patients with ME relapse demonstrated higher concentrations of serum lactate dehydrogenase, a higher fraction in the International Staging System stage III, and poorer event-free survival (EFS) (9.3 vs. 36.57 months; P = 0.0013) and overall survival (OS) (12.06 vs. 42.64 months; P < 0.001). The multivariate analysis showed that the presence of ME (hazard ratio [HR] 12.57; P = 0.003) and lack of autologous hematopoietic stem cell transplantation therapy (HR 4.382; P = 0.014) were predictive factors for poor OS. Using single-cell RNA sequencing, we discovered several bortezomib resistance genes were highly expressed in extramedullary malignant plasma cells.

Conclusion The presence of ME strongly predicts a poor prognosis in patients with MM relapse

with EMD, and bortezomib resistance genes are highly expressed in extramedullary malignant plasma cells.

PO-1624

泊马度胺联合方案治疗复发 难治多发性骨髓瘤的临床疗效及安全性

马瑀、冷青、宁道华
鞍山市中心医院

目的 多发性骨髓瘤(MM)是以产生单克隆免疫球蛋白的浆细胞增殖为特征的异质性疾病，在血液系统的恶性肿瘤中占第二位。泊马度胺是第三代免疫抑制剂(IMiDs)，于2020年在国内上市，目前关于其在真实世界RRMM治疗中的报道较少，本研究分析我院应用泊马度胺联合方案治疗复发/难治多发性骨髓瘤(R/RMM)患者，观察其近期疗效及安全性。

方法：收集2020年12月至2023年9月鞍山市中心医院采用泊马度胺为基础的两药及三药联合方案治疗34例复发难治或无法耐受药物毒性骨髓瘤患者的临床资料，所有入组患者均符合国际骨髓瘤工作组(IMWG)及中国MM诊治指南(2020年修订)关于复发难治的诊断标准。

方法 收集2020年12月至2023年9月鞍山市中心医院采用泊马度胺为基础的两药及三药联合方案治疗34例复发难治或无法耐受药物毒性骨髓瘤患者的临床资料，所有入组患者均符合国际骨髓瘤工作组(IMWG)及中国MM诊治指南(2020年修订)关于复发难治的诊断标准。

结果 泊马度胺为基础的三药联合方案治疗既往接受过硼替佐米或来那度胺治疗的R/RMM患者ORR高达66.7%，临床获益率76.5%，中位随访5个月(1~9个月)，中位达PR时间为3个月，总体中位DOR为4个月。在三联药物组合中，KPD及DPD显示出更好的临床效益，ORR高于其他方案。泊马度胺为基础方案疗效不受髓外侵犯因素影响(ORR 60.0%)，对合并肾功能不全RRMM患者亦有较好疗效(ORR 47.6%) (见表1)。主要不良事件是1-3级骨髓抑制，可以通过支持治疗和调整剂量有效管理。

结论 以泊马度胺为基础的化疗方案对既往接受过硼替佐米或来那度胺治疗的R/RMM患者仍有较好效果。对于首次复发的R/RMM，尽早应用泊马度胺联合方案可令患者获得更好的临床获益，KPD与DPD可令多线复发患者尽可能获得最大程度缓解。安全性良好，三药联合方案中KPD方案安全性相对最好。泊马度胺为基础的化疗方案是治疗RRMM的一种新选择，本研究样本量有限，且治疗方案不统一，随访时间短，未来仍需大样本及长期随访的临床研究证实。

PO-1625

The molecular mechanisms of Mangiferin inhibiting malignant biological characteristics of multiple myeloma and exerting anticancer effect

Yanquan Liu¹, Min-Juan ZENG¹, Yue YIN², Huan-Wen TANG¹

1. Department of Hematology, The First School of Clinical Medicine, Guangdong Medical University

2. Fujian Institute of Hematology, Fujian Medical University Union Hospital

Objective To investigate the effect of pure Chinese herbal extract Mangiferin on the malignant biological behaviors of multiple myeloma (MM) cells, analyze the molecular mechanism of the anti-myeloma effect of Mangiferin, and provide scientific basis and theoretical reference for MM integrated therapy.

Methods U266 and RPMI8226 cells of MM were intervened with different concentrations of Mangiferin. The morphological changes of cells were observed under an inverted microscope. Cell proliferation was detected by CCK-8 method. Annexin V/PI double staining flow cytometry was used to detect cell apoptosis. Western blot was used to detect the expression of apoptosis and related signaling pathway proteins, and real-time quantitative polymerase chain reaction (qRT-PCR) was used to detect the expression changes of matrix metalloproteinase (MMP) and CXC chemokine receptor (CXCR) family.

Results Mangiferin could inhibit the proliferation activity of U266 and RPMI8226 cells and induce their apoptosis. After Mangiferin intervened in MM cells for 48 h, the expression of Bcl-2 family pro-apoptotic protein Bax is up-regulated, while the expression of survivin and Bcl-xL proteins is down-regulated and Caspase-3 is hydrolyzed and activated to promote cell apoptosis, besides, the expression of Bcl-2 protein in U266 cells can also be significantly down-regulated to induce apoptosis ($P<0.05$). After Mangiferin intervenes in MM cells, it can not only increase the expression level of tumor suppressor p53, but also induce programmed cell death of MM cells by inhibiting the expression of anti-apoptotic molecules and down-regulating the phosphorylation levels of AKT and NF- κ B. In addition, after the intervention of Mangiferin, the expressions of CXCR4, MMP2 and MMP9 in U266 cells could be down-regulated ($P<0.05$), while there is no effect on the expressions of CXCR2, CXCR7 and MMP13 ($P>0.05$). However, the expressions of CXCR4, MMP9, and MMP13 in RPMI8226 cells could be down-regulated ($P<0.01$), the expression of MMP2 was weakly affected, and the expression of CXCR2 and CXCR7 was basically not affected ($P>0.05$).

Conclusion Mangiferin can inhibit the proliferation and induce apoptosis of MM cells, and its mechanism may be related to inhibiting the activation of NF- κ B signaling pathway, affecting the expression of Bcl-2 family proteins and inhibiting the expression of core members of MMP and CXCR family.

PO-1626

塞利尼索联合螺旋断层放疗（TOMO）预处理方案 对复发性/难治性髓外多发性骨髓瘤的病例研究

王涛、马梁明、隗佳、牛燕燕、程红霞、张晨霞
山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 研究塞利尼索联合螺旋断层放疗（TOMO）预处理方案对复发性/难治性髓外多发性骨髓瘤的疗效研究。

方法 复发性/难治性髓外多发性骨髓瘤的患者，前期已经应用 10 次化疗方案，疾病进展并伴有多部位浸润（包括乳房、锁骨上、纵隔、胸腔积液等），应用塞利尼索联合螺旋断层放疗（TOMO）为主的预处理方案，选择单倍体异基因干细胞移植治疗控制疾病进展。

结果 移植后行 PET-CT 检查提示多部位浸润病灶消失，疾病达到 CR 状态，目前无病存活 6 个月。

结论 塞利尼索联合 TOMO 预处理方案对复发/难治性合并髓外浸润的恶性血液病患者，选择异基因干细胞移植后可有效控制疾病进展。

PO-1627

Whole-genome sequencing for copy number abnormalities in multiple myeloma supersedes karyotype analysis and fluorescent in situ hybridization

Jiali Li¹, Shaobing Gao², Zhenling Li³, Yinyin Chang⁴, Xiangxiang He⁴, Yuexin Cheng⁵, Manqian Li⁴, Chunxiao Yao⁴, Shiyong Li⁶, Dandan Zhu⁴, Shichun Tu⁴, Mao Mao^{6,7}, Xi Zhang¹, Li Gao¹

1. The Xinqiao Hospital of Third Military Medical University
2. The Affiliated Cancer Hospital of Zhengzhou University and Henan Cancer Hospital, Zhengzhou 450003, China
3. China-Japan Friendship Hospital, Beijing 100029, China
4. Clinical Laboratories, Shenyou Bio, Zhengzhou 450000, China
5. Yancheng No. 1 People's Hospital, The Yancheng Clinical College of Xuzhou Medical University, Yancheng
6. Research & Development, SeekIn Inc., Shenzhen 518000, China
7. Yonsei Song-Dang Institute for Cancer Research, Yonsei University, Seoul 03722, Korea

Objective Introduction

Prognosis and management of multiple myeloma (MM) relies on risk stratification based on copy number abnormalities (CNA) detection results. CNA is conventionally evaluated by cytogenetic methods including karyotyping and fluorescence in situ hybridization (FISH), both limited by the invasiveness, low proliferative activity of plasma cell and the low plasma cell count. LeukoPrint is a novel shallow whole-genome sequencing (sWGS) based approach to profile CNA in bone marrow cells and/or circulating cell-free DNA (cfDNA). We compared the CNA detection results by LeukoPrint, karyotyping and FISH using bone marrow or plasma samples from multiple myeloma patients.

Methods A total of 131 patients were enrolled in this study. Karyotyping and FISH were performed by conventional approaches. CNA was detected by sWGS in genomic DNA from bone marrow aspiration samples and CD138+ enriched plasma cells as well as in plasma cfDNA. CNA degree was measured by log R ratio. Significant mutational peak region was identified by GISTIC2. Risk stratification was performed following the Mayo Stratification of Myeloma and Risk-adapted Therapy (mSMART) criteria.

Results In this study, 901 CNAs were identified by sWGS in 99 (75.6%, 99/131) patients, while the positive rate of CNA detected by karyotyping and FISH was 7.8% and 43.7%, respectively. A total of 389 whole chromosome aberration events were identified by sWGS, 64.3% (250/389) of which were trisomy that defined 38.4% (38/99) of patients as hyperdiploidy and the remaining 61.6% (61/99) as non-hyperdiploidy. The most frequently mutational CNA peak region were amp(1q21), del(1p), del(6q), del(8p), del(13q14), del(14q) and del(16q). The concordance rate between sWGS and FISH in detecting the four conventional loci (1q21 gain, 13q14 del, 13q14.3 del, and 17p13 del) was 80.2%. Comparing to the conventional approaches, sWGS provided new CNA information for 75.6% of the patients, and redefined the risk stratification for 19.1% of patients according to mSMART criteria. CNA detection results using paired bone marrow aspiration samples and enriched plasma cell samples from 8 patients were compared. We found that more CNAs (92 vs 60) and higher Log R ratio of CNAs were detected using enriched plasma cells than that using bone marrow aspiration samples. The concordance rate of the CNA detection results by sWGS between paired bone marrow genomic DNA and plasma cfDNA from another 9 patients was 74.2%.

Conclusion LeukoPrint is an automated, convenient and cost-effective approach to depict CNA profile in genomic DNA or cfDNA. This method is superior to conventional approaches when used for CNA testing, and the practice of this method could improve prognostic stratification of MM patients.

PO-1628

多发性骨髓瘤继发头颈部肿瘤 2 例报道

程珍¹、李欣然^{1,2}、严敏¹、陆晔¹

1. 苏州大学附属太仓医院/太仓市第一人民医院

2. 苏州大学苏州医学院

目的 提高对多发性骨髓瘤（MM）继发第二肿瘤（SPM）的认识，对 MM 治疗决策的制定提供帮助。

方法 回顾性分析我院 2021 年 1 月及 2023 年 3 月收治的 2 例 MM 继发头颈部肿瘤患者的临床资料，并进行相关文献复习。

结果 2 例患者均为男性，年龄分别为 72 岁和 58 岁，均为高危型 MM。例 1 从确诊 MM 后约 50 个月发生上颌牙槽骨肿块，淋巴结转移性鳞癌，诊断 SPM 后 4 个月死亡；例 2 从确诊 MM 后约 28 个月发生鼻咽癌，随访至今。主要治疗相关因素为烷化剂与免疫调节剂，其中例 1 接受环磷酰胺治疗 10 个月、沙利度胺 22 个月，例 2 接受来那度胺治疗 19 个月。

结论 MM 继发头颈部肿瘤病例非常少见，影响个体预后。目前 MM 患者的病程长，罹患 SPM 的风险增加，在管理过程中需权衡长程治疗的利弊，加强对 SPM 的监测。

PO-1629

以泊马度胺为基础的方案对高危多发性骨髓瘤早期疗效观察

李丛池、张睿娟

山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 探讨以泊马度胺为基础的方案治疗高危多发性骨髓瘤（MM）的疗效及安全性。

方法 回顾性分析山西白求恩医院 2021 年 1 月-2022 年 12 月收治的 27 例高危 MM 患者临床资料，以上患者均至少连续使用 2 周期以泊马度胺为基础的方案治疗，观察其早期治疗效果及安全性。

结果 2 周期治疗后评估总缓解率（ORR）17/27 例，深度缓解率 6/27 例，4 周期治疗后评估 ORR 19/21 例，深度缓解率 14/21 例，无论 ORR 还是深度缓解率 4 周期比 2 周期明显提高（ $P=0.044$ ， $P=0.003$ ）；新诊断和复发难治 MM 组 2 周期治疗后 ORR 分别为 9/12 例、9/15 例，深度缓解率分别为 3/12 例、3/15 例，4 周期治疗后 ORR 分别为 9/9 例、10/12 例，深度缓解率分别为 7/9 例、7/12 例，两组之间缓解率无明显差异（ $P>0.05$ ）；肌酐 $\geq 177 \mu\text{mol/L}$ 组，患者 2 周期治疗后评估肌酐指标较前明显下降（ $P=0.001$ ）；最常见的不良反应为肺部感染 9 例，血液学不良反应 1-2 级 8 例。

结论 以泊马度胺为基础的治疗方案对新诊断、复发/难治的高危 MM 均有较好的早期疗效，对伴有肾功能损害的 MM 同样受益，且安全性良好，但远期疗效需要进一步观察。

PO-1630

基于机器学习方法的多发性骨髓瘤诊断模型建立

李曼宁^{1,2,3}、武晗¹、王莹²、陈一瑞³、童向民²

1. 锦州医科大学

2. 杭州市第一人民医院

3. 浙江省人民医院

目的 本研究利用机器学习方法对多发性骨髓瘤(Multiple Myeloma, MM)患者的诊断预测进行研究,致力于建立一个简便易行、准确率高、可靠性强的初步诊断模型,辅助临床医生早期筛查。

方法 回顾性分析 2008 年 1 月至 2017 年 12 月浙江省人民医院收治的 179 例初发初诊 MM 患者(观察组)及健康体检者 352 例(对照组)作为模型开发队列, 2018 年 1 月至 2023 年 6 月期间的 100 例初发初诊 MM 患者及 201 例健康体检者作为外部验证队列,收集白蛋白(Alb)、球蛋白(Glo)、血红蛋白(Hb)、血小板计数(Plt)、肌酐(Cr)、乳酸脱氢酶(Ldh)等相关指标统计分析。通过软件 SAS 和 R 语言实现了极端梯度提升(XGB)、随机森林(RF)、决策树(DT)、逻辑回归(LR)、支持向量机(SVM)、K 邻近(KNN)多种机器学习方法,建立多种诊断模型,通过受试者工作特征(Receiver operation characteristic, ROC)曲线以及灵敏度、特异度等指标评估模型诊断效能,通过临床决策曲线(Decision Curve Analysis, DCA)判断模型的临床获益程度,并进一步探究各观察指标在最优模型中的重要性权重。

结果 在开发队列中,DT、RF、LR、SVM、KNN 和 XGBoost 算法均取得了良好的效果,其中 RF 模型的 ROC 曲线下面积(Area under the curve, AUC)为 0.987,在所有模型中最高,并且获得了良好的召回率(0.950)、准确度(0.944)、特异度(0.940)、F1 值(0.919)、阳性预测值(0.89)和阴性预测值(0.974)。在外部验证队列中,RF 模型 AUC 值为 0.980,召回率(0.970)、准确度(0.941)、特异度(0.925)、F1 值(0.919)、阳性预测值(0.874)和阴性预测值(0.983)也表现较佳,最终选择 RF 模型作为 MM 最佳诊断模型。

结论 本研究建立的 RF 初诊模型对 MM 患者的诊断具有较好的准确性和敏感性,可为 MM 初步诊断提供有效指导以及为临床医生提供简便易行的筛查手段。

PO-1631

血红蛋白、白蛋白及血小板分布宽度对多发性骨髓瘤患者的最佳临界值及诊断价值的探讨

李曼宁^{1,2,3}、武晗¹、王莹³、童向民³、陈一瑞²

1. 锦州医科大学

2. 浙江省人民医院

3. 杭州市第一人民医院

目的 利用临床常见实验室指标,基于逻辑回归算法构建多发性骨髓瘤(Multiple Myeloma, MM)患者的诊断模型,并进一步明确对 MM 患者具有诊断价值的实验室指标及其对 MM 诊断的最佳临界值,细化阈值范围以辅助 MM 临床筛查,提高 MM 诊断效率。

方法 回顾性分析 2008 年 1 月至 2018 年 1 月期间 179 例初发初治 MM 患者和 352 例健康体检者作为模型开发队列, 2018 年 2 月至 2023 年 6 月期间的 100 例 MM 患者及 201 例健康体检者作为外部验证队列,收集白蛋白(Alb)、球蛋白(Glo)、白蛋白与球蛋白比值(AGR)、血清钙离子(Ca)、血肌酐(Cr)、乳酸脱氢酶(Ldh)、血红蛋白(Hb)、血小板计数(Plt)、血小板分布宽度(Pdw)等观察指标。通过基于机器学习的逻辑回归算法构建诊断模型,通过受试者工作特征(Receiver operation

characteristic, ROC)曲线以及灵敏度、特异度等指标评估模型诊断效能,并进一步探究对MM具有诊断价值实验室指标及其对于初发MM患者诊断的最佳临界值。

结果 多因素分析结果显示 Hb ($p<0.001$)、Alb ($p<0.001$)、Pdw ($p<0.001$) 是 MM 的显著诊断预测因素,通过开发队列构建的逻辑回归诊断模型 ROC 曲线下面积(Area under the curve, AUC) 值高达 0.960(95%CI: 0.942~0.978),并且获得良好的灵敏度(0.944)、特异度(0.940)、阳性预测值(0.89)及阴性预测值(0.974)。逻辑回归诊断模型在外部验证队列的 AUC 值可达 0.979,提示该模型具有良好的诊断效能和泛化性。逻辑回归算法及 ROC 曲线分析确定了 Hb、Alb、Pdw 对 MM 诊断的最佳截止点,结果表明,当 Alb 低于 39.3g/L 时、Hb 低于 116 g/L、Pdw 低于 14.1fL 时,发生 MM 的风险大大增加。

结论 本研究建立的逻辑回归模型对于 MM 初步诊断具有良好的准确性和灵敏度,并且本研究中明确对于 MM 具有诊断价值的观察指标的最佳截断值,可提高临床初级医生对 MM 患者的筛查效率,可为 MM 临床诊断提供有效手段。

PO-1632

多发性骨髓瘤新预后模型的建立

侯方圆、王珊珊、赵建昊、段衍超
山东第一医科大学第二附属医院(泰山医学院附属医院)

目的 国际骨髓瘤工作组将多发性骨髓瘤定义为外周血涂片中循环浆细胞小于 5%,本研究通过构建 nomogram 预测模型个体化地来预测新诊断多发性骨髓瘤患者的总生存期(OS, overall survival),无进展生存期(PFS, progression-free survival)。

方法 纳入自 2014 年 8 月至 2023 年 3 月符合新诊断标准的 132 例多发性骨髓瘤患者的临床资料,包括实验室检查、治疗方案、OS、PFS 等。采用 Kaplan-Meier 法及 Log-Rank 检验进行生存分析。采用 Cox 回归对进行单变量及多变量分析,基于多因素回归中独立预后因素构建列线图模型,并使用 Bootstrap 法重抽样 1000 次进行内部验证,一致性指数(C-index)、受试者工作特征(ROC)曲线及曲线下面积(AUC)、校准曲线及决策曲线分析(DCA)验证模型的可靠性。

结果 根据多因素分析的结果,基于年龄、乳酸脱氢酶、校正钙绘制患者 2、3、4 年 OS 的 nomogram 预测模型。基于骨髓浆细胞、乳酸脱氢酶、校正钙绘制患者 1、2、3 年 PFS 的 nomogram 预测模型。进行进一步验证得到预测模型的一致性参数、内部验证的 C-index、AUC、DCA 方面均显示较好的个体预测效果,校正曲线与理想曲线较好拟合。

结论 本次研究构建的预测模型可以为新诊断多发性骨髓瘤患者提供 OS、PFS 更为简洁、个体化的模型和风险评估。

PO-1633

依托泊苷+阿糖胞苷方案高效动员干细胞 在多发性骨髓瘤中的应用

王洁、贾海鹏、张晓芬、段衍超
山东第一医科大学第二附属医院

目的 分析依托泊苷联合阿糖胞苷方案用于 MM 患者自体干细胞动员的有效性和安全性。

方法 回顾性分析 2022 年 9 月至 2023 年 5 月接受 EA 方案行干细胞动员的 4 名 MM 患者的临床资料。男 1 例,女 3 例,年龄分别为 47 岁、55 岁、56 岁、72 岁,EA 方案具体为:依托泊苷 30-60

mg/m², qd d1-3; 阿糖胞苷 0.3-0.5 g/m², q12h d1~3) 联合 G-CSF (10 μg/kg/d, 自 d6 直至采干当日, 采集时机为当日外周血 CD34+细胞大于 10 个/ul。

结果 4 名患者均为首次动员, 其中 2 例采集天数为 1 天, 2 例采集天数为 2 天, 4 例患者采集当天的外周血 CD34+细胞数分别为 22 个/ul、31 个/ul、156 个/ul、10 个/ul, CD34+细胞数分别为 7.55×10⁶/kg、23.30×10⁶/kg、20.30×10⁶/kg、8.25×10⁶/kg, 4 例患者均采集到满足串联 ASCT 的 CD34+细胞数。动员期间 4 例患者均出现粒细胞缺乏伴发热, 3 例患者需输注血小板。4 例患者均顺利进行了单次移植, 2 例患者计划行串联 ASCT, 预处理方案均为美法仑 200mg/m², 4 例患者中性粒细胞植入时间分别为 12 天、9 天、9 天、11 天, 血小板植入时间分别为 12 天、10 天、9 天、13 天。

结论 EA 方案动员具有成功率高、干细胞数目多、移植造血重建快、适用于串联移植等优点, 但在骨髓抑制重、易发生感染、需要输注血小板等缺点, 年龄大、耐受性差的患者需进行剂量调整。

PO-1634

单克隆免疫球蛋白血症 (MGUS) 继发获得性血管性血友病(aVWD)伴免疫性血小板减少症(ITP)1 例

胡影

航天中心医院

目的 患者男, 62 岁, 因“血小板减少 7 年, 贫血, 便血 1 月余”入院。

为明确血小板减少, 贫血, 便血的原因。

方法 白细胞 9.91×10⁹/L, 血红蛋白 53g/L, MCV 82.8fl, 血小板 39×10⁹/L。肝肾功能正常, 铁低。感染筛查阴性。免疫筛查阴性。

便潜血: 阳性。

凝血六项: Fbg 3.17g/L, PT 11.7 秒, APTT 40 秒, TT 14.1 秒, D 二聚体 7159ug/L。

(北京协和医院) APTT 46.8s, APTT 2H 64.7s, APTT1: 1 纠正 (即刻) 30.7s, 1: 1 纠正 (2h) 36.5s, VWF 27.7%, O 型 (42-140.8%), 非 O 型 (66.1-176.3%), VIII 因子 2.2% (50-150%), 平行实验提示无抑制物。

血免疫固定电泳: IgMλ+

骨穿增生 III 级, 粒/红=1.27: 1, 粒系占 50.4%, 各阶段细胞可见, 比例大致正常, 可见颗粒减少, 增粗, 嗜酸细胞可见。红系占 39.6%, 各阶段细胞可见, 中, 晚幼红比例略增高, 可见嗜多染, 嗜碱点彩, 核畸形, 成熟红细胞大小不均。淋巴细胞占 8.4%, 巨核细胞 100 个, 幼稚单圆核, 小巨核多见, 产板型少见, 血小板散在少见。含铁粒幼细胞阳性率 36%, 含铁颗粒数 18 个, 环核铁粒幼 0%。

免疫分型: 淋巴细胞比例减低占 7.91%, 粒细胞比例增高占 80.37%, 未见明显异常表型细胞。

FISH (MDS): 阴性

染色体: 46, XY[20]

基因突变: TET2

肠道病理: 肠道弥漫性小溃疡。结肠粘膜慢性炎症伴急性炎症 (回盲部, 大肠, 升结肠)。

结果 病例特点: 血小板减少, 贫血, 网织升高, MCV 正常。骨髓增生活跃, 红系中晚幼比例增高, 巨核成熟障碍, 病态造血。肠道出血, 弥漫小溃疡, 急慢性炎症。APTT 延长, VIII 因子和 VWF 活性减低, 正浆纠正实验部分纠正。激素, 丙球, TPO, 长春新碱, 输血, 止血, 补铁等治疗效果不佳。肠道病理可除外肠结核, 克隆恩病, 肠道淋巴瘤。不排除肠道白塞病。

结论 诊断: 单克隆免疫球蛋白血症 (MGUS), 获得性 VWD (MGUS 继发), ITP or MDS?, 消化道出血, 肠道溃疡

治疗: 环孢素 A 75mg bid, 艾曲泊帕 75mg/d, 沙粒度胺 100mg qd, 甲强龙 16mg

随访复查：凝血正常，血常规正常，肠道出血停止。

PO-1635

全骨髓照射联合减量美法仑预处理造血干细胞移植 治疗多发性骨髓瘤自体 10 例小结

钟清秀、孟凡义
东莞康华医院

目的 探讨全骨髓照射（TMI）联合减量美法仑预处理后自体造血干细胞移植治疗多发性骨髓瘤的疗效及安全性

方法 对东莞康华医院血液病中心近 5 年接受 TMI 联合减量美法仑预处理方案进行自体造血干细胞移植的 10 例 MM 患者的临床资料进行分析：中位年龄 59.5(46-75) 岁，骨髓瘤分型：2 例 IgA-k 型、3 例 IgA-λ 型、3 例 IgG-k 型、1 例 IgG-λ 型、1 例 k 型，移植前原发病状态：3 例 sCR、2 例 CR、1 例 VGPR、2 例 PR、1 例 SD、1 例 PD。10 例患者均接受 TMI 联合减量美法仑的预处理方案，TMI 10-12Gy/5-6f（9 例 12Gy，1 例高龄患者减量至 10Gy），MEL 120-160mg/m²（120mg/m² 1 例，130mg/m² 2 例，140mg/m² 6 例，160 mg/m² 1 例）。回输的 MNC 中位数 6.92(4.16-11.84) X10⁸/kg、CD34+细胞中位数 7.66(2.51-21.98) X10⁶/kg。3 例患者在第一移植后 3-6 月进行二次移植，二次移植后未进行维持治疗；余 7 例患者一次移植后即随访观察、未进行巩固或维持治疗。

结果 粒系重建的中位时间 10.5（7-28）天，巨核系重建的中位时间 14（8-70）天；10 例患者 9 例获 sCR，sCR 率 90%，有效率 100%。非血液学毒性主要是轻度的消化道黏膜炎。中位随访时间 13（1.2-46.5）个月，无复发生存率 100%。

结论 初步结果显示 TMI 联合减量美法仑的预处理方案安全高效，对移植后是否停止维持治疗需要更长时间随访观察。

PO-1636

Nutritional status indicators and monoclonal gammopathy of undetermined significance risk in the elderly population: Findings from NHANES

Linfeng Li¹, Mengri Wu², Zhengyu Yu¹, Ting Niu¹

1. Department of Hematology, West China Hospital, Sichuan University

2. Department of Obstetrics and Gynecology, Key Laboratory of Birth Defects and Related Diseases of Women and Children of MOE and State Key Laboratory of Biotherapy

Objective This study explored the relationship between various clinical indicators of nutritional status and the risk of monoclonal gammopathy of undetermined significance(MGUS) in the population.

Methods This article used cross-sectional studies of NHANES III and NHANES 1999-2004 cycles, and included 9520 participants aged over 50 years. Controlling Nutritional Status score (CONUT), Prognostic Nutritional Index(PNI), Geriatric Nutritional Risk Index (GNRI) and body mass index(BMI) were calculated as indicators of nutritional status for the participants. Univariate and multivariate logistic regression analyses were used to assess the ORs of MGUS incidence for each nutritional status indicator. MEC weights provided by NHANES were used to adjust for the complex survey sampling design, design changes across survey cycles and

oversampling of certain subgroups.

Results Among the 9520 participants included in this study, 266 had MGUS, with a prevalence of 2.79%. This study found that CONUT (higher score indicates worse nutritional status) and PNI (lower score indicates worse nutritional status) identified populations with poor nutritional status and had a significant positive correlation with the risk of MGUS. In multivariate logistic regression, compared with the lower group of CONUT score (<3), the OR for the group with higher scores (≥ 3) was 1.805 (1.271, 2.564). The highest quartile group of PNI score compared with the lowest quartile group had an OR of 0.509 (0.290, 0.896). GNRI score (lower score indicates worse nutritional status) had no significant correlation with the risk of MGUS, with an OR of 0.737 (0.443, 1.227). Compared with the normal weight population ($BMI \leq 25$), the obese population ($BMI > 30$) had an OR of 1.553 (1.023, 2.358). The P for trend for PNI, GNRI and BMI in our analysis were 0.008, 0.337 and 0.036, respectively.

Conclusion This article found that CONUT and PNI scores assessed older adults with poorer nutrition had a higher risk of MGUS. The result of BMI is consistent with previous study which obese population has higher risk of MGUS.

PO-1637

医护一体化护理改善多发性骨髓瘤患者疼痛的影响分析

吕小春

德阳市人民医院

目的 分析对多发性骨髓瘤疼痛患者实施医护一体化护理的价值

方法 以我院收治的多发性骨髓瘤疼痛患者为例，从中抽取 40 例纳入此次研究，研究起止时间：2021-01 至 2022-12，并依据入院时间行分组处理，设置组别名称为对照组、观察组，对照组开展常规护理：监测生命体征；日常健教、监测用药反应等，观察组开展医护一体化护理：（1）完善疼痛入院评估，分析疼痛危险因素；（2）成立疼痛管理小组，医护 0 患共同参与制定疼痛管理计划；（3）提供规范化护理，及时反馈，调整用药，用专业为患者服务；（4）规范用药管理，降低药物不良反应的发生；（5）采用热敷及红外线照射等物理疗法以及饮食指导干预，保证营养供给，减轻疼痛；（6）开展延续性护理，改善患者生活质量。对比两组不同的护理效果。

结果 疼痛程度，观察组疼痛评分低于对照组；生活质量评分，护理前对比（ $p > 0.05$ ），无差异性，而护理后对比（ $p < 0.05$ ），观察组各评分更高；干预总有效率对比，观察组有效率更高。

结论 多发性骨髓瘤疼痛患者开展医护一体化护理价值显著，可降低患者疼痛程度，有效改善生活质量，提高总有效率，值得推广。

PO-1638

Flow Cytometric Analysis of Bone Marrow Particle Cells for Measuring Minimal Residual Disease in Multiple Myeloma

Duanfeng Jiang, Yanan Zhang, Shiming Tan, Jing Liu, Xin Li, Congming Zhang
Second Affiliated Hospital of Hainan Medical College

Objective Minimal residual disease (MRD) is one of the most relevant prognostic factors in patients with multiple myeloma (MM). However, the hemodilution of bone marrow (BM) aspirates, the most common preanalytical problem, is known to affect MRD detection. In the present study, we analyzed a preanalytical method for routine BM aspirates and a bone marrow particle cell (BMPL) enrichment assay and validated it as a reliable preanalytical method for flow cytometric

MRD determination.

Methods A total of 120 BM samples were taken from 103 MM patients consecutively recruited; 77 BM samples had BMPL enrichment analysis and 99 BM samples were routinely analyzed. Then, the two different samples from patients with MM were sent for MRD detection using an eight-color flow cytometry.

Results Our data showed that assessment of the BMPL enrichment samples attenuated the overestimation of MRD-negative assessed in the routine BM samples, which was mainly caused by hemodilution.

Conclusion In conclusion, the BMPL enrichment assay is a functional and practical preanalytical method for flow cytometric MRD analysis.

PO-1639

8 例 BCMA-CART 治疗 R/R MM 后复发 给予 GPRC5D-CART 治疗后再次缓解

齐昆明、李晓倩、祁娜、张焕新、李护君、周典、曹江、李振宇、徐开林
徐州医科大学附属医院

目的 探讨 GPRC5D-CART 对 BCMA-CART 治疗 R/RMM 后再次复发患者的安全性和有效性。

方法 报道 8 例 BCMA-CART 治疗 R/RMM 后复发给予新靶点 GPRC5D-CART 治疗后再次缓解。

结果 8 例患者均为复发难治性多发性骨髓瘤，既往均给予 BCMA-CART 治疗。全部患者中 5 例女性，中位年龄 52 岁，IgD L 轻链 1 例，IgG L 轻链 3 例，L 轻链 1 例；3 例男性，IgA K 轻链 1 例，不分泌型 1 例，IgG L 轻链 1 例。8 例患者中 6 例骨髓中检测到异常表型单克隆浆细胞，5 例存在髓外病变，分别是 IgD L 轻链、IgG L 轻链、L 轻链、IgA K 轻链、不分泌型各 1 例；髓外病变皮下肿块型 3 例，累及椎体、椎旁型 2 例；回输新靶点 GPRC5D-CART 前，均给予 FC 方案清淋预处理后输注自体 CAR-T 细胞，8 例患者在回输细胞后均出现 CRS，其中 1 级 CRS 6 例，2 级 CRS 2 例，发生 CRS 中位时间+7d (+1~+15d)；5 例患者出现 1~2 级血液学毒性，给予细胞因子等积极治疗后在+30d 均恢复正常水平；所有 8 例患者未出现肝脏、心脏毒性，未出现 ICANS、凝血功能障碍等毒副作用。疗效评估：+14d 复查骨髓细胞学，6 例骨髓中 MRD (+) 者有 5 例未检测到异常表型浆细胞，提示 MRD 转阴，另 1 例患者在+28d 骨髓细胞学未检测到浆细胞，MRD 转阴。5 例髓外病变患者在出现 CRS 后肿块开始缩小，+30d 病变基本消失。随访至今，5 例患者仍处于 CR 状态，最长已近 5 月，3 例患者在 CR 后，分别持续 25 天、32 天、60 天后出现疾病进展。

结论 R/RMM 患者在 BCMA-CART 治疗后再次复发，给予新靶点 GPRC5D-CART 治疗仍然有效，并且安全可控，同时对于髓外病变效果显著。

PO-1640

非靶向代谢组学揭示多发性骨髓瘤患者的代谢紊乱 和用于诊断、预后评估和复发预测的新型生物标志物

王涵可¹、王广洲²、张艳艳³、管俊²、周林²

1. 扬州大学附属医院
2. 扬州大学临床医学院
3. 扬州大学测试中心

目的 通过基于 LC-MS 的非靶向代谢组学探究多发性骨髓瘤 (MM) 的代谢状态，并揭示外周血中用于 MM 诊断、预后评估及复发预测的新型生物标志物，为 MM 的发病机制研究及 MM 患者的精

准诊疗提供新的策略。

方法 空腹采集 42 例 MM 患者「包括初诊组 (ND) 21 例和复发组 (RP) 21 例」和 21 例与 MM 患者年龄、性别相匹配的健康对照组 (HC) 的血清, 进行基于液相色谱质谱技术 (LC-MS) 的非靶向代谢组学分析。通过建立 PCA 和 OPLS-DA 模型筛选组间显著差异代谢物 (SDMs), 并应用 HMDB 在线数据库对 SDMs 进行鉴定; 使用 metaboanalyst5.0 在线工具对 SDMs 进行通路和功能富集分析; 结合 MM 患者的临床病例特征, 应用 ROC 曲线绘制、Spearman 相关性分析、简单线性回归等统计学方法筛选对 MM 患者具有诊断、预后评估及复发预测价值的潜在新型生物标志物。

结果 从所有分组样本中共检测出 5309 种代谢物; 在 ND 和 HC、RP 和 HC、RP 和 ND 三个比较队列中, 分别鉴定出 19、24、18 种 SDMs, 其主要富集在甘油磷脂和鞘磷脂代谢途径。通过 ND 与 HC 两组比较队列中筛选出的甘油二酯、甘油三酯、3-磺基半乳糖神经酰胺、PC(18:0/18:0)、PC(O-44:5)、酵母甾醇、N-油酰亮氨酸对 MM 具有较好的诊断效能 (AUC 均>0.90, p 均<0.01), 其中 N-油酰亮氨酸水平与骨髓克隆性细胞比例 (BMPC%) 呈显著正相关($r=0.518$, $p<0.05$)。亮-脯氨酸、异亮-脯氨酸水平与血清 β 2-MG 浓度呈显著正相关($r=0.670$, $r=0.638$, $p<0.05$), 且 R-ISSIII 期患者血清中亮-脯氨酸、异亮-脯氨酸水平显著高于 R-ISSI 期患者 ($p<0.01$)。通过 RP 与 ND 两组比较队列中筛选出的神经酰胺、植物鞘氨醇、二十五烷酰基甘氨酸、硬脂酰精氨酸、月桂酰缬氨酸对 MM 患者复发的发生具有较高的预测效能(AUC 均>0.7, p 均<0.01)。

结论 MM 患者存在甘油磷脂和神经酰胺代谢异常; 甘油二酯、甘油三酯、3-磺基半乳糖神经酰胺、PC(18:0/18:0)、PC(O-44:5)、酵母甾醇、N-油酰亮氨酸可作为 MM 诊断的潜在的新型标志物; 亮-脯氨酸、异亮-脯氨酸可作为 MM 预后评估的潜在的新型生物标志物; 神经酰胺、植物鞘氨醇、二十五烷酰基甘氨酸、N-硬脂酰精氨酸、N-月桂酰缬氨酸可作为 MM 复发预测的潜在的新型生物标志物。

PO-1641

Characterization and application of a lactate and branched chain amino acid metabolism related gene signature in a prognosis risk model for multiple myeloma

Zhengyu Yu¹, Bingquan Qiu², Hui Zhou¹, Ting Niu¹

1. Department of Hematology, Peking University First Hospital, Beijing, China

2. Department of Biochemistry and Biophysics, School of Basic Medical Sciences, Peking University Health Science Center, Beijing, China

Objective About 10% of hematologic malignancies are multiple myeloma (MM), an untreatable cancer. Although lactate and branched-chain amino acids (BCAA) are involved in supporting various tumor growth, it is unknown whether they have any bearing on MM prognosis.

Methods MM-related datasets (GSE4581, GSE136337, and TCGA-MM) were acquired from the Gene Expression Omnibus (GEO) database and the Cancer Genome Atlas (TCGA) database. Lactate and BCAA metabolism-related subtypes were acquired separately via the R package "ConsensusClusterPlus" in the GSE4281 dataset. The R package "limma" and Venn diagram were both employed to identify lactate-BCAA metabolism-related genes. Subsequently, a lactate-BCAA metabolism-related prognostic risk model for MM patients was constructed by univariate Cox, Least Absolute Shrinkage and Selection Operator (LASSO), and multivariate Cox regression analyses. The gene set enrichment analysis (GSEA) and R package "clusterProfiler" were applied to explore the biological variations between two groups. Moreover, single-sample gene set enrichment analysis (ssGSEA), Microenvironment Cell Populations-counter (MCPcount), and xCell techniques were applied to assess tumor microenvironment (TME) scores in MM. Finally, the drug's IC50 for treating MM was calculated using the "oncoPredict" package, and further drug identification was performed by molecular docking.

Results Cluster 1 demonstrated a worse prognosis than cluster 2 in both lactate metabolism-related subtypes and BCAA metabolism-related subtypes. 244 genes were determined to be involved in lactate-BCAA metabolism in MM. The prognostic risk model was constructed by CKS2 and LYZ selected from this group of genes for MM, then the prognostic risk model was also stable in external datasets. For the high-risk group, a total of 13 entries were enriched. 16 entries were enriched to the low-risk group. Immune scores, stromal scores, immune infiltrating cells (except Type 17 T helper cells in ssGSEA algorithm), and 168 drugs'IC50 were statistically different between two groups. Alkylating potentially serves as a new agent for MM treatment.

Conclusion CKS2 and LYZ were identified as lactate-BCAA metabolism-related genes in MM, then a novel prognostic risk model was built by using them. In summary, this research may uncover novel characteristic genes signature for the treatment and prognostic of MM.

PO-1642

基于常规实验室指标的初诊伴髓外病变多发性骨髓瘤预后模型

李雅婷¹、陈洁²、崔云起¹、应婉婷¹、黄红铭²、孙正旭¹、屈晓燕¹

1. 江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

2. 南通大学附属医院

目的 髓外病变是多发性骨髓瘤的一种侵袭性表现，与不良预后相关。然而，目前对于新诊断多发性骨髓瘤伴髓外病变患者的临床分层不足，阻碍了个体化治疗方案的制定。列线图是一种广泛使用的工具，用于预测疾病预后。我们旨在开发和验证一种基于常规实验室指标的列线图预后模型，以评估髓外病变患者的生存预后。

方法 我们回顾性分析了 60 例 2006 年 1 月至 2022 年 12 月在江苏省人民医院接受治疗的新诊断多发性骨髓瘤伴髓外病变患者。运用 Cox 回归分析筛选出独立预后因素，将其结合以建立预后模型，并绘制出列线图。利用 C 指数、ROC 曲线下面积 AUC、时间依赖的 ROC 曲线、校准曲线、决策曲线来评估该列线图预后模型的区分度、校准度及临床实用性。根据列线图预后模型中变量的相关系数计算出患者预后风险评分，利用 X-tile 软件选取最佳截断值，最终将所有患者分为低危组和高危组，并用 Kaplan-Meier 法和 Log-rank 检验进行生存分析。

结果 我们最终将 Ki67、eGFR（肾小球滤过率）和单核细胞计数三个独立预后因素纳入并建立列线图预后模型。该列线图预后模型的 C 指数为 0.78（95%可信区间：0.64-0.91），1 年 PFS、2 年 PFS 的 ROC 曲线下面积分别为 0.75（95%可信区间：0.57-0.94）和 0.84（95%可信区间：0.69-0.99），表明该列线图预后模型具有良好的预后预测能力。时间依赖的 ROC 曲线表明，相较于 ISS、R-ISS、R2-ISS 分期系统，我们的列线图预后模型显示了良好的预后分层能力。校准曲线显示了列线图预后模型预测的生存与实际生存的接近程度，表明该模型对预后预测的准确性。决策曲线表明列线图预后模型具有临床实用性。另外，患者中位 PFS 在高危组和低危组分别为 5.7 个月和 30.8 个月，具有统计学差异（ $p < 0.001$ ）。

结论 我们建立了一个基于常规实验室指标的列线图预后模型来预测新诊断多发性骨髓瘤伴髓外病变患者的生存预后，这一模型可以帮助临床医生对初诊伴髓外病变患者进行预后风险分层，从而制定个体化的治疗方案。

PO-1643

多发性骨髓瘤中的细胞粘附功能与肿瘤预后及药物治疗的生物信息学分析

胡倩、王梦瑶、汪金金、陶雅丽、牛挺
四川大学华西医院

目的 多发性骨髓瘤 (Multiple myeloma, MM) 是骨髓中异常浆细胞克隆导致的恶性肿瘤。极易复发的特点使其仍然难以治愈。细胞粘附介导的耐药是 MM 复发的关键机制之一。多数研究表明, 细胞粘附相关信号通路在 MM 中显著活化。因此, 深入分析细胞粘附在多发性骨髓瘤中的作用和机制, 将为复发难治的 MM 提供新的临床治疗策略。

方法 在 MMRF CoMMpass、GSE136337、GSE2658 和 GSE9782 四个数据集中, 通过 COX 回归分析筛选预后相关的细胞粘附基因。运用 Lasso COX 回归分析, 构建细胞粘附相关的预后模型。通过 ROC 曲线、生存曲线及 COX 回归分析等评估预后模型; 构建列线图用于临床预后判断; 并通过 KEGG 通路富集解析基因功能。通过 oncoPredict 和 cMAP 评估细胞粘附风险 (ARRS) 和肿瘤治疗反应的关系, 并预测潜在治疗药物。

结果 本研究结果显示, 18 个细胞粘附相关基因与 MM 的预后显著相关。其中 12 个基因被用于构建细胞粘附相关风险模型 (MSN、PECAM1、HTR2C、GTPBP4、LGALS1、ALCAM、MERTK、KIF14、TENM1、JUN、FLNA 和 TROAP)。根据细胞粘附相关风险分数 (ARRS) 将 MM 患者分为高、低风险两组, 生存曲线及独立预后分析结果显示, 高风险患者的预后比低风险患者更差, 且 ARRS 可作为独立预后因子。在所有数据集中, ARRS 的 ROC 曲线下面积均大于 0.6, 提示该风险模型可较好的预测患者的预后。通过纳入性别、年龄、临床分期、染色体变异等, 在 MMRF CoMMpass、GSE136337 数据集中构建了列线图, 其中 ARRS 对列线图的分数贡献最大。列线图的校准曲线显示该列线图预测的准确性很高。KEGG 富集分析结果显示, 相对于低 ARRS 组, 高 ARRS 组的细胞周期、DNA 修复反应及 P53 信号通路等显著活化。药物敏感性分析发现, 高 ARRS 风险组对蛋白酶抑制剂、DNA 损伤及 PI3K/Akt/mTOR 信号通路靶向药物更耐受。cMAP 网站预测结果显示, 抗血小板药物 (Tirofiban)、酪氨酸激酶抑制剂 (Erlotinib 和 Bosutinib) 等有望逆转细胞粘附效应介导的药物耐受。

结论 我们的研究首次通过生物信息学分析构建了细胞粘附相关基因的 MM 预后模型, 并发现高细胞粘附风险可能导致 DNA 修复通路的显著活化及 DNA 损伤药物的抵抗。

PO-1644

外周血中血液炎症指标与初诊多发性骨髓瘤患者预后的相关性分析

刘佳悦^{1,2}、廖云^{1,2}、魏梦宇^{1,2}、陈荣荣^{1,2}、赵宇^{1,2}、陈晓敏¹、刘洋¹、黄纯兰^{1,2}

1. 四川省泸州市江阳区西南医科大学附属医院干细胞实验室

2. 四川省泸州市江阳区西南医科大学附属医院血液内科

目的 探讨外周血中性粒细胞与淋巴细胞比值 (NLR) 和淋巴细胞与单核细胞比值 (LMR) 在多发性骨髓瘤 (MM) 患者预后中的价值。

方法 对 168 例于 2013 年 4 月-2022 年 4 月在西南医科大学附属医院确诊为 MM 的患者治疗前的 NLR 和 LMR 及各项临床指标进行回顾性分析, 根据患者的中位 NLR 计数及中位 LMR 计数分组, 利用 χ^2 检验比较组间差异, 采用 Kaplan-Meier 生存曲线和 Log-rank 检验进行生存分析和差异比较, 构建 COX 比例风险模型对影响 MM 患者预后的因素进行分析。检验水准 $\alpha=0.05$ 。

结果 根据中位 NLR 值及 LMR 值将其分为高 NLR 组 (>2.19) 及低 NLR 组 (≤ 2.19)、高 LMR 组 (>3.45) 及低 LMR 组 (≤ 3.45)。高 NLR 组的临床分期、血 $\beta 2$ 微球蛋白及血清肌酐水平高于低水平组, 组间差异具有统计学意义 ($P < 0.05$), 低 LMR 组的临床分期、血 $\beta 2$ 微球蛋白高于高水平组, 组间差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)。Cox 单因素及多因素分析结果显示, 初诊 MM 患者外周血 NLR > 2.19 以及 LMR ≤ 3.45 是影响预后的独立危险因素 ($P < 0.05$)。

结论 初诊时外周血高 NLR 及低 LMR 计数在 MM 患者中提示预后不良, NLR 及 LMR 可能成为 MM 患者的预后判断指标。

PO-1645

传统细胞遗传学异常的复杂程度与多发性骨髓瘤预后的关系研究

李玉龙、马嘉翎、赵梦萍、席方丽、董晓燕、朱尊民
河南省人民医院血液病研究所

目的 探讨传统细胞遗传学异常 (cytogenetic abnormalities, CAs) 在多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 患者的预后评估中的价值。

方法 回顾性分析 316 例初诊 MM 患者的 R 显带核型分析结果与患者其他实验室特征的关系以及对总生存 (overall survival, OS) 的影响。

结果 CAs+组患者显著高于 CAs-组 (53.8% vs 36.8%, $P=0.032$)。CAs+组与 CAs-组患者相比, 前者骨髓原幼浆细胞比例 (17.2% vs 6.0%, $P=0.000$)、总浆细胞比例 (43.2% vs 28.4%, $P=0.000$)、外周血浆细胞比例 (28.1% vs 11.1%, $P=0.001$)、ISS III 期患者比例 (55.7% vs 40.3%, $P=0.033$)、血清 LDH 浓度 (223 IU/L vs 176 IU/L, $P=0.000$)、 $\beta 2$ 微球蛋白浓度 (6.14 mg/L vs 4.67 mg/L, $P=0.035$)。CAs+组 OS 显著长于 CAs-组 (中位 OS 41m vs 52m, $P=0.039$), 而 CAs ≥ 3 种的 MM 患者中位 OS 显著长于 1~2 种 CAs 及 CAs-组患者 (中位 OS 31m vs 63m, $P=0.046$; 31m vs 52m, $P=0.002$)。超二倍体组 MM 与非超二倍体组中位 OS 无明显差异 (41m vs 52m, $P=0.284$)。COX 多因素生存分析显示, 具有 CAs 是 MM 患者 OS 的独立影响因素。

结论 在新药时代, 传统 CAs 阳性依然是 MM 患者不良预后的有效指标, 尤其是 CAs ≥ 3 种的复杂异常。CD38 单抗及 CAR-T 治疗能否改善复杂遗传学异常患者的预后仍有待研究。

PO-1646

血小板闭合时间对复发/难治性多发性骨髓瘤 CAR-T 细胞治疗疗效的预测作用

陈伟、马瑞雪、李振宇、徐开林
徐州医科大学附属医院

目的 探讨 CAR-T 细胞 (Chimeric antigen receptor T cell) 治疗复发难治 (Relapse/refractory, R/R) 多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 对血小板功能闭合时间 (platelet closure time, PCT) 的影响。

方法 收集本院 2019 年 4 月至 2021 年 12 月收治的行 CAR-T 细胞治疗的 44 例 R/R MM 患者临床资料, 检测经 CAR-T 细胞治疗前后患者外周血及 20 例门诊健康对照外周血胶原/二磷酸腺苷 (Collagen/Adenosinediphosphate, CADP) 和胶原/肾上腺素 (Collagen/Epinephrine, CEPI) 诱导的 PCT, 分析其变化规律及与疗效之间关系。

结果 对 CAR-T 细胞治疗有效的患者, 治疗前的 CADP CT、CEPI CT 分别为 (189.70 ± 16.134) s、(200.95 ± 11.091) s, R/R MM 患者治疗前血小板功能闭合时间较健康对照组明显延长 (对照组

CADP CT、CEPI CT 分别为 (115.25±3.187) s、(127.70±4.716) s, $p<0.01$)。经 CAR-T 细胞治疗后患者 CADP CT、CEPI CT 分别为 (126.00±6.215) s、(145.65±10.151) s, PCT 较治疗前显著缩短, 差值分别为 (83.00, 95%CI 64.99-101.01, $P<0.01$)、(101.84, 95%CI 72.49-131.18, $t=6.95$, $P<0.01$), 与健康对照组无统计学意义。治疗前后患者 PLT 变化无统计学意义; CADP CT 与 TT、ISS 分期呈正相关; 与 IgM、L 轻链、IgA 呈负相关。

结论 经 CAR-T 细胞治疗后, R/R MM 患者的 PCT 较治疗前缩短, 提示血小板功能改善, 并可作为 CAR-T 细胞治疗有效的评估指标。

PO-1647

病毒感染后出现异常免疫球蛋白的临床意义探讨

陈瑜、杨敏
浙江大学医学院附属第一医院

目的 探讨感染巨细胞病毒 (CMV) 及 Epstein-Barr 病毒 (EBV) 后出现异常免疫球蛋白的临床意义。

方法 回顾性分析 2020 年 1 月至 2023 年 6 月在本院诊治的 30 例感染 CMV 或 EBV 或合并感染患者的免疫固定电泳 (IFE) 检测结果, 并总结其临床资料。

结果 30 例病例中, 3 例正常 IFE 图谱, 27 例异常 IFE 图谱, 异常率 90%; 其中 7 例为白血病异基因造血干细胞移植 (Allo-HSCT) 后感染, 检出 2 例寡克隆, 为急性髓系白血病 (AML) Allo-HSCT 后, 患者疾病复发; 检出 4 例单克隆, 为急性髓系白血病 (AML) 和急性淋巴细胞白血病 (ALL) Allo-HSCT 后, 患者皆出现 CMV 血症和 EBV 血症及移植物抗宿主病 (GVHD), 严重影响预后; 检出 1 例多克隆性增生背景 IFE, 为 AML 患者 Allo-HSCT 后 548 天, 出现发热症状。Allo-HSCT 后感染出现单克隆或寡克隆的中位时间为 82.23 天。其余 23 例为普通患者感染, 检出 5 例单克隆, 患者皆出现 EB 病毒阳性 T 细胞淋巴增殖性疾病 (EBV-PTLD); 检出 14 例多克隆性增生背景 IFE, 1 例低蛋白背景 IFE, 患者出现发热, 乏力, 腹痛, 淋巴结增大等炎症反应; 检出 3 例正常阴性 IFE。

结论 CMV 及 EBV 感染后, IFE 出现单克隆或寡克隆可能预示 AML 或者 ALL 患者 Allo-HSCT 的预后不良。

PO-1648

BASAL FEATURES AND TREATMENT APPROACH IN MULTIPLE MYELOMA (MM) AND AL AMYLOIDOSIS PATIENTS IN SPAIN: INTERIM ANALYSIS OF DORANT STUDY

Lin Shi¹, Montes-Gaisan C², Buendía B³, Escalante F^{1,4}, Grande M^{5,6}, Naves A⁵, Aparicio J⁵, Gironella M⁷

1. Takeda

2. Hospital Universitario Marqués de Valdecilla, Santander, Spain.

3. Hospital Txagorritxu, Vitoria-Gasteiz, Spain.

4. Hospital de León, Castilla y León, Spain.

5. Medical Department, Takeda Farmacéutica España S.A. Madrid, Spain.

6. Universidad de Alcalá, Alcalá de Henares, Madrid, Spain.

7. Hospital Universitario Vall d'Hebron. Barcelona, Spain.

Objective The introduction of new drugs with lower toxicity profile and the increasing evidence

regarding benefits of continuous over fixed-duration therapy have shifted the therapeutic approach of MM patients from traditional fixed-duration to continuous regimens. Research about the influence of treatment duration on survival has focused mainly on multiple myeloma, less investigated in AL amyloidosis. This study aims to provide insights in this regard.

Methods observational, prospective, non-interventional study, involving 14 hospitals in Spain, which enrolled MM, amyloidosis AL and patients with both gammopathies, to assess the treatment duration (DoT) and response in routine clinical practice. The analysis is based on the 231 patients enrolled once 50% of them have completed the 12 months follow up period.

Results RESULTS:

At study entry, in the 207 MM patients, median age was 73 (9.73) years. 100 (48.3%) patients completed the follow up period, with a median follow up of 11.57 (6.08, 12.19) months. 10/107 (9.3%) patients abandoned the study prematurely. 107 (51.7%) patients were at 1L of treatment, 59 (28.5%) at 2L, 41 (19.8%) at subsequent' s lines and 38 were at maintenance setting. 42 (20.5%) patients received a fixed duration vs 163 (79.5%) continuous treatment strategy.

In the 14 AL amyloidosis patients, median age was 73 (9.72) years. 8 (57.1%) patients were at 1L of treatment and 6 (42.9%) at 2L. 3/7 patients abandoned the study prematurely. 6 (42.9%) patients completed the follow up period, with a median follow up of 9.86 (4.14, 13.38). 2 (14.3%) patients received a fixed duration vs 12 (85.7%) continuous treatment strategy.

6/10 (60.0%) patients with both diseases completed the follow up period, median follow up 9.43 (6.20, 12.03).

Conclusion Based on this preliminary analysis, most patients are under a continuous treatment strategy and in early treatment lines.

PO-1649

IN-CLASS TRANSITION FROM PARENTERAL BORTEZOMIB TO ORAL IXAZOMIB IN NEWLY DIAGNOSED MULTIPLE MYELOMA BY AGE AND FRAILTY STATUS: UPDATED SUBGROUP ANALYSES FROM THE FULLY ACCRUED US MM-6 COHORT

Lin Shi¹, Habte A. Yimer², Sudhir Manda³, Ruemu Birhiray⁴, Saulius Girnius⁵, Joshua Richter⁶, Roger Lyons⁷, Kimberly Bogard⁸, Suman Kambhampati⁹, Jyoti Arora⁸, Steve Noga⁸, Robert Rifkin¹⁰

1. Takeda

2. Texas Oncology/US Oncology Research, Tyler, TX, USA

3. Arizona Oncology/US Oncology Research, Tucson, AZ, USA

4. Hematology Oncology of Indiana/American Oncology Network, Indianapolis, IN, USA

5. Trihealth Cancer Institute, Cincinnati, OH, USA

6. Tisch Cancer Institute, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York, NY, USA

7. Texas Oncology/US Oncology Research, San Antonio, TX, USA

8. Takeda Pharmaceuticals U.S.A., Inc., Lexington, MA, USA

9. Kansas City Veterans Affairs Medical Center, Kansas City, MO, USA

10. Rocky Mountain Cancer Centers/US Oncology Research, Denver, CO, USA

Objective Prolonged therapy with parenteral proteasome inhibitors (PIs) can improve multiple myeloma (MM) outcomes, but is challenging among elderly/frail patients due to treatment-related toxicity/administration burden. US MM-6 investigated in-class transition (iCT) from parenteral bortezomib (V)-based induction to all-oral ixazomib-lenalidomide-dexamethasone (IRd) among community-based patients with newly diagnosed MM (NDMM; NCT03173092).

Methods Transplant-ineligible/delayed-transplant patients with \geq stable disease after 3 cycles of V-based induction were enrolled to receive IRd (\leq 39 cycles). The primary endpoint was 2-year progression-free survival (PFS). Efficacy/safety endpoints were analyzed by age (<75 vs ≥ 75 years) and frailty status (non-frail vs frail).

Results At the time of data abstraction (Oct 2022), 140 patients (42% aged ≥ 75 years, 61% deemed frail) had received IRd. Overall median follow-up was 26.8 months; 12 vs 7% of patients aged < 75 vs ≥ 75 years and 13 vs 8% of non-frail vs frail patients were ongoing on IRd. Following iCT, in subgroups aged < 75 vs ≥ 75 years, overall response rate (ORR) increased from 60 vs 64%, both to 80%; complete response (CR) increased from 7 vs 8% to 41 vs 32%. In non-frail vs frail patients, ORR increased from 70 vs 57% to 81 vs 79%; CR increased from 11 vs 6% to 44 vs 33%. The 2-year PFS rate was 72 vs 67% in patients aged < 75 vs ≥ 75 years and 74 vs 68% in non-frail vs frail patients (not significant). Median PFS and overall survival were not reached among subgroups. Safety outcomes were generally comparable between age subgroups, although certain grade ≥ 3 treatment-emergent adverse events (TEAEs) were more frequently reported in older patients. Incidences of grade ≥ 3 TEAEs, serious TEAEs, TEAEs leading to dose modification, and on-study deaths were lower in non-frail vs frail patients.

Conclusion In non-transplant NDMM patients, iCT from V-based induction to IRd permits long-term PI-based treatment and improves depth of response, with a tolerable safety profile, in elderly/frail subgroups.

PO-1650

基于铁死亡相关 lncRNA 的生物信息学分析构建 多发性骨髓瘤预后模型

智鹏

解放军医学院

目的 利用生物信息学方法分析铁死亡相关 lncRNA 并构建多发性骨髓瘤预后模型。

方法 从多发性骨髓瘤研究基金会 (multiple myeloma research foundation, MMRF) 下载多发性骨髓瘤数据及临床数据资料, 利用 perl 语言区分 lncRNA 和 mRNA 数据类型, 通过 <http://www.zhounan.org/ferrdb> 网站获取铁死亡相关基因并提取铁死亡基因表达量, 利用 R 语言开展共表达分析获得铁死亡相关 lncRNA 及其表达量, 开展差异分析和富集分析。将具有差异的 lncRNA 与临床数据合并, 找出预后相关的 lncRNA 并构建预后模型, 针对预后模型开展生存分析、风险曲线构建、单因素和多因素独立预后分析、ROC 曲线构建、决策曲线构建、列线图构建、共表达输入网络构建及临床相关性热图构建。此外, 针对预后模型开展免疫功能差异分析、免疫检查点差异分析及 m6A 差异分析。

结果 共获得 764 名多发性骨髓瘤患者及 4 名正常人表达数据, 其中 mRNA 有 15631 个, lncRNA 有 144 个; 通过网站获得铁死亡相关 mRNA 有 383 个, 多发性骨髓瘤铁死亡相关 lncRNA 有 74 个; 以 $|\log_{2}FC| \geq 1.0$ 和 $FDR < 0.05$ 为筛选标准, mRNA 获得差异基因 124 个, 其中上调 71 个, 下调 53 个; lncRNA 获得差异基因 48 个, 其中上调 39 个, 下调 9 个; 富集分析显示, GO 富集主要与细胞对氧化应激的反应、活性氧代谢过程、铁离子传输等有关; KEGG 富集主要与铁死亡、自噬、HIF-1 信号通路等有关。与临床数据合并后发现 AC017104.2、LINC01554、LINC01521、BX255923.2 与预后相关, 所构建的预后模型经生存分析、独立预后分析等生物信息学方法验证, 具有统计学意义。对预后模型开展的免疫学相关分析发现 CD160、TIGIT、HAVCR2 等免疫检查点; APC_co_inhibition、CCR、Inflammation-promoting 等免疫功能; FTO、METTL14、RBM15 等 m6A 相关基因具有统计学意义。

结论 基于铁死亡相关 lncRNA 的生物信息学分析构建多发性骨髓瘤预后模型具有统计学意义, AC017104.2、LINC01554、LINC01521、BX255923.2 为预后相关的 lncRNA, 但仍需临床进一步验证。

PO-1651

新诊断多发性骨髓瘤自体造血干细胞移植术后 达雷妥尤单抗维持治疗的临床观察

马艺、肖秀斌、袁顺宗、陈喜林、鲁云、陈俊丽、王玥琦、石广宁、程娜娜、黄文荣
中国人民解放军总医院第五医学中心

目的 探讨新诊断多发性骨髓瘤(NDMM)患者自体造血干细胞移植(ASCT)后达雷妥尤单抗维持治疗的疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2022 年 5 月 1 日至 2023 年 6 月 30 日期间 15 例 NDMM 患者 ASCT 后接受达雷妥尤单抗维持治疗的临床资料、血液学及肾脏疗效、安全性。达雷妥尤单抗初治者前 8 周每周一次(16mg/kg)用药。

结果 15 例患者中男性 11 例, 女性 4 例, 中位年龄 58 (41~72) 岁, 13 例患者未曾使用过达雷妥尤单抗; 6 例伴有肾损害(RI), 2 例遗传学高危(HR)。本组病例达雷妥尤单抗维持治疗的中位次数为 12 (6-17) 次, 15 例患者均可评估疗效, 达雷妥尤单抗维持治疗使缓解深度增加, 血液学严格意义的完全缓解率(sCR)由 40%增加至 60%; 3 例肾损伤患者的肾脏缓解率由 16.67%升高到 33.33%。血液学 3 级以上不良事件(AE)主要为 4 例淋巴细胞减少(26.67%, 4/15), 非血液学 AE 主要为输注相关反应(46.67%, 7/15)及 3 级肺炎(33.33%, 5/15)。5 例肺炎均为达雷妥尤单抗初治者, 发生时间在达雷妥尤单抗输注 8 (6~10) 次, 3 例肺炎为肺间质改变, 甲强龙治疗有效。中位随访 12 个月, 1 例死亡(与达雷妥尤单抗治疗无关), 1 年 OS 率 93.33%。
结论 达雷妥尤单抗用于 NDMM 患者 ASCT 后维持治疗可提高血液学及肾脏缓解率, 且不良反应可控。主要的 AE 是 3 级肺炎, 减少维持治疗前 8 周每周一次给药频次可能使肺炎发生率下降。

PO-1652

大剂量环磷酰胺动员多发性骨髓瘤患者 外周血干细胞失败后的大剂量依托泊苷挽救动员

肖秀斌、王玥琦、陈喜林、袁顺宗、马艺、陈俊丽、赵世华、石广宁、鲁云、程娜娜、黄文荣
解放军总医院第五医学中心血液病医学部

目的 旨在初步分析初治多发性骨髓瘤患者在大剂量环磷酰胺联合重组人粒细胞集落刺激因子(rhG-CSF)动员自体外周血造血干细胞失败后, 应用大剂量依托泊苷联合 rhG-CSF 挽救动员的安全性和有效性。

方法 回顾性分析我科 2021 年 4 月~2023 年 5 月 8 例 MM 患者, 均为首次应用含大剂量环磷酰胺化疗方案联合 rhG-CSF 动员失败后, 采用大剂量单药依托泊苷 1.2g/m² 联合 rhG-CSF 再次动员的效果。

结果 在大剂量环磷酰胺+rhG-CSF 首次进行干细胞动员后, 8 例患者采集 18 例次, 采集 MNC 平均 15.84×10⁸/kg, 采集 CD34+细胞中位量为 1.67 (0.40-2.87) ×10⁶/kg。由于干细胞动员不佳, 两例患者在首次采集一天后给予了普乐沙福以提高动员效果。8 例患者在应用大剂量依托泊苷+rhG-CSF 进行挽救动员后, 8 例患者采集 15 例次, 采集 MNC 平均 14.93×10⁸/kg; 采集 CD34+细胞总计 11.72 (3.82-19.45) ×10⁶/kg, 且无一例患者联合普乐沙福。大剂量环磷酰胺+rhG-CSF 动员后, 3/8 (37%) 例患者获得“达标”动员, 5/8 (63%) 例患者“不良”动员, 无 1 例获得“最佳”动员。而大剂量依托泊苷+rhG-CSF 进行挽救动员, 所有 (8/8, 100%) 患者均获得“达标”动员, 7/8 例患者 (88%) 获得“最佳”动员, 无 1 例“不良”动员。且经历首次动员的患者, 挽救动员后, 不良反应包括骨髓抑制、感染、输血等并未增加。

结论 通过对 8 例初治 MM 患者自身对照分析, 大剂量环磷酰胺联合 rhG-CSF 及普乐沙福首次动员失败后, 应用大剂量依托泊苷联合 rhG-CSF 作为挽救性动员方案, 高效且安全。

PO-1653

ITGB7 下调介导多发性骨髓瘤的抑癌作用

郑东、景红梅
北京大学第三医院

目的 分析下调 ITGB7 表达对多发性骨髓瘤细胞株 H929 细胞生物学功能的影响, 为其作为多发性骨髓瘤临床研究的新靶点提供实验依据。

方法 以多发性骨髓瘤细胞株 H929 细胞为研究对象, 构建 ITGB7 shRNA 慢病毒载体, 采用 qRT-PCR 及 Western blot 技术检测 ITGB7 mRNA 及蛋白的表达, CCK8 法检测 ITGB7 下调对 H929 细胞增殖的影响; Annexin V APC/7-AAD 凋亡试剂双染法检测 ITGB7 下调对细胞凋亡的影响; Transwell 实验检测 ITGB7 下调对细胞迁移和侵袭能力的变化; 流式细胞术检测 ITGB7 下调对细胞周期分布的影响。

结果 ITGB7 shRNA 慢病毒载体有效下调了 H929 细胞中 ITGB7 mRNA 及蛋白的表达; 与未感染组相比, 下调 ITGB7 表达使 H929 细胞的增殖能力下降 ($P < 0.05$), 细胞凋亡率显著升高 ($P < 0.0001$), 迁移和侵袭能力下降 ($P < 0.01$), 细胞周期显著延长在 G0/G1 期 ($P < 0.0001$), 阻滞在 S 期 ($P < 0.01$), 对 G2/M 期无影响。

结论 下调 ITGB7 表达显著抑制 H929 细胞增殖、迁移、侵袭、细胞周期, 促进其凋亡, 介导抑癌作用。ITGB7 可能是多发性骨髓瘤未来临床研究的新靶点。

PO-1654

单细胞测序技术探索多发性骨髓瘤 XPO1 抑制剂耐药机制的研究

崔云起
江苏省人民医院 (南京医科大学第一附属医院)

目的 本研究的目的在于基于单细胞动态转录组测序技术对多发性骨髓瘤 (Multiple myeloma) 的耐药细胞进行分析, 鉴定出其与亲本细胞中不同的细胞亚群, 并对其中的关键基因进行分析。观察差异基因的功能, 验证其能否逆转 XPO1 抑制剂的耐药, 并对其机制及影响因素进行深入探讨, 为血液肿瘤治疗提供潜在的靶点, 同时给个体化治疗提供依据。

方法 1. 于 MM 细胞: NCI-H929, RPMI-8226 中加入 XPO1 抑制剂塞利尼索, 构建耐药细胞株。
2. 应用单细胞转录组测序技术对耐药细胞和亲本细胞进行聚类分析, 并对其中的差异基因和通路进行分析。
3. 使用 UCELL 评分对差异基因进行表达模式聚类, 并观察不同时间点的分化轨迹
4. WB 实验检测差异基因在 NF- κ B 信号通路, 自噬和铁死亡通路中的变化
5. 使用慢病毒感染的方法过表达和敲除该基因, 观察差异基因和耐药之间的关系
6. 将过表达差异基因的 MM 细胞系及其对照组皮下注射到 NCG 小鼠的大腿外侧, 然后给予腹腔注射 PBS 或铁死亡激动剂的不同处理, 观察 MM 细胞在小鼠体内的作用。
7. 收集临床患者的骨髓和胸水样本, 分选出 CD138+ 浆细胞, 进行外显子测序, 研究差异基因在初诊和复发难治性患者中的作用机制。

结果 本研究基于 4 例 MM 细胞样本构建了单细胞转录组图谱, 发现不同耐药程度的 MM 细胞株中存在肿瘤细胞异质性; 分析了对塞利尼索具有耐药性的 MM 细胞中, 新生 RNA 和总体 RNA 的各

亚群类型及其差异基因的功能；发现 FTH1 是不同时间段中耐药的 MM 细胞中与细胞周期、铁死亡相关的基因，并且证实了该基因介导耐药的过程。该研究丰富了我们对 MM 细胞异质性介导耐药分子机理的认识，也为 MM 治疗提供潜在靶点。

结论 我们的研究证明了单细胞转录组测序在阐明多发性骨髓瘤 XPO1 耐药机制中的作用。耐药细胞中 FTH1 的上调表明，铁死亡在介导塞利尼索的耐药性方面发挥了重要作用。对 FTH1 上调的进一步研究可能会为开发新的治疗策略以克服多发性骨髓瘤的 XPO1 耐药性提供有价值的见解。该课题为未来 MM 化疗耐药的机制研究提供了理论基础，确定了复发难治的耐药 MM 患者的特征。但由于本研究尚浅，仍需要完善更多的研究，以期治疗、克服 MM 化疗耐药提供新方向、新靶点。

PO-1655

基质金属蛋白酶及其抑制剂在多发性骨髓瘤中的作用

张娟

四川省医学科学院·四川省人民医院

目的 Matrix metalloproteinases (MMPs) and tissue inhibitor of metalloproteinases (TIMPs) play a vital role in the pathogenesis of multiple myeloma (MM), especially for tumor invasion and osteolytic osteopathy.

方法 By breaking down extracellular matrix (ECM) components and releasing the proteins composing the ECM and growth factors, as well as their receptors, MMPs affect tissue integrity and promote cancer cell invasion and metastasis.

结果 A vital pathophysiological characteristic of MM is the progress of osteolytic lesions, which are brought on by interactions between myeloma cells and the bone marrow microenvironment. MMPs, certainly, are one of the fundamental causes of myeloma bone disease due to their ability to degrade various types of collagens.

结论 This review focuses on the role of MMPs/TIMPs in the invasion of myeloma cells, to offer some novel perspectives on the clinical diagnostics and therapeutics of MM.

PO-1656

1q21+新诊断多发性骨髓瘤患者不同诱导方案的比较

刘佳、钟璐、徐岚、张懿伟、付婉彬

上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 探讨染色体 1q21+对新诊断多发性骨髓瘤 (Newly Diagnosed Multiple Myeloma, NDMM) 预后影响，可能使 1q21+患者获益的治疗策略。

方法 回顾分析 2018 年 1 月至 2022 年 10 月期间 186 例 NDMM 患者，比较 1q21+患者与非 1q21+患者的临床特点及预后。根据接受诱导方案的不同，患者分为 VRd 组，仅含硼替佐米组及含达雷妥单抗联合化疗组，比较 1q21+患者在不同诱导治疗组中的 PFS。

结果 入组共 186 例患者，中位随访 28 月(2-59 月)，1q21+患者 102 例 (55%)，1q21+者 PFS 较非 1q21+组低，(P=0.017)。102 例 1q21+患者，中位随访 20 月，其中接受 VRd 诱导 62 例，仅含硼替佐米诱导 26 例，含达雷妥单抗联合化疗 14 例，中位 PFS 分别为 31 月，22 月和未达。VRd 组与含达雷妥单抗联合化疗组 PFS 显著优于仅含硼替佐米诱导患者 (P<0.05)，VRd 组与含达雷妥单抗联合化疗组之间无统计学差异 (P=0.647)。

结论 染色体 1q21+是 NDMM 患者的不良预后因素。对于伴 1q21+的 NDMM 患者，接受 VRd 及含达雷妥单抗联合化疗，PFS 均优于仅含硼替唑米诱导组。但含达雷妥单抗联合化疗方案相比 VRd 诱导方案，未能显示 PFS 优势。

PO-1657

多发性骨髓瘤预后诺莫图的建立

武晗¹、李曼宁¹、陈一瑞²、童向民³

1. 锦州医科大学

2. 浙江省人民医院

3. 杭州市第一人民医院

目的 多发性骨髓瘤（Multiple myeloma, MM）是一种以浆细胞增殖为特征的血液恶性疾病。虽然造血干细胞移植（HSCT）和基于硼替佐米的治疗方案改善了临床预后，但复发率和死亡率仍然很高。本研究致力于建立并验证新诊断多发性骨髓瘤患者预后的预测诺模图，探讨其危险因素并辅助临床决策。

方法 随机选取 2011-2022 年至浙江省人民医院就诊的 MM 患者 112 例，按 7: 3 分为训练集和验证集；从治疗开始至死亡测量总生存期，随访截断时间为 2023 年 5 月 1 日。用软件 R4.0.3 进行统计学分析，Cox 回归进行单因素及多因素分析（ $P < 0.05$ 认为具有统计学意义），筛选出 MM 患者预后的独立因素；根据最终的 COX 回归模型设计列线图；使用一致性指数、曲线下面积评估诺模图性能。

结果 单因素分析中年龄、淋巴细胞、中性粒细胞、肌酐、血小板、乳酸脱氢酶存在统计学意义；多因素 COX 回归后，最终纳入列线图的指标有：年龄、淋巴细胞、中性粒细胞、血小板、乳酸脱氢酶。该模型 C 指数为 0.729，1、3、5 年生存率 AUC 值分别为 0.74、0.78、0.74；在验证集 C 指数为 0.74，1、3、5 年生存率 AUC 值分别为 0.78、0.74、0.91，证明该模型具有良好的预测性能。ISS 分期系统在训练集中的 AUC 为 0.609（95% CI: 0.487-0.7165），一致性指数为 0.559；在验证集的 AUC 为 0.595（95% CI: 0.4179-0.7726），一致性指数为 0.565；均低于诺莫图。

结论 本研究中，诊断时的年龄与 OS 具有较强的相关性。乳酸脱氢酶是 R-ISS 分期系统中独立于 ISS 分期系统的预后因素，与本研究结果一致；MM 患者外周血小板活化提示与疾病进展相关，血小板通过上调 IL-1 β 诱导 IL-6 促进 MM 细胞增殖。而在本研究可能由于 MM 患者骨髓恶性浆细胞聚集抑制正常血小板生成，较低的血小板计数提示不良预后。炎症指标通过调节肿瘤形成和进展的免疫抑制微环境来促进癌症的发生，其在血液系统中的预后作用也被广泛研究；在本研究中，单核细胞计数、NLR、MLR 和 PLR 无法预测 MM 患者预后。淋巴细胞、中性粒细胞升高与不良预后相关。与 ISS 分期系统相比，列线图展示出更好的预测性能。

PO-1658

多发性骨髓瘤肾功能不全与糖尿病肾病鉴别诊断模型的建立

武晗¹、李曼宁¹、陈一瑞²、童向民³

1. 锦州医科大学

2. 浙江省人民医院

3. 杭州市第一人民医院

目的 多发性骨髓瘤（MM, Multiple myeloma）是一种恶性浆细胞在骨髓中积聚并产生免疫球蛋白的疾病，肾脏是多发性骨髓瘤的主要靶器官，约 40% 患者可出现肾功能损害。MM 肾功能不全患者治疗以化疗为主，而糖尿病肾病（DN, Diabetic nephropathy）患者主要以控制血糖为主。二者发病机制、治疗方案、预后各不同。本研究致力于建立可用于因肾功能不全就诊患者的早期鉴别诊断模型。

方法 随机选取 2013 年-2021 年就诊于浙江省人民医院内分泌科初诊 DN 患者 100 例和血液科 MM 肾功能不全患者 77 例进行回顾性研究，纳入患者均未合并其他影响肾功能疾病；比较两组患者实验室指标，基于独立样本 T 检验、logistic 回归来筛选与鉴别诊断模型有显著相关性的指标

($P < 0.05$)。逐步回归进一步筛选模型预测因子；通过受试者工作特征曲线，计算曲线下面积评估预测模型价值。

结果 经单因素、多因素、逐步回归筛选预测因子，最终纳入鉴别诊断模型的预测因子有肌酐 (OR: 1.09, 95%CI: 1.05-1.19)、尿比重 (OR: 4.06e-121, 95%CI: 3.40e-232-1.64e-39)、尿蛋白 (OR: 1.04e+2, 95%CI: 4.68-1.53e+4)、尿糖 (OR: 3.81e-4, 95%CI: 7.42e-7-1.51e-2)、尿潜血 (OR: 5.79e+2, 95%CI: 2.30e+1-1.11e+5)。该模型的 AUC 为 0.994，具有较好的预测性能。

结论 血肌酐是反应肾脏功能的一项重要指标，MM 组患者血肌酐明显高于 DN 组。MM 患者早期可出现急性肾损伤，高血清肌酐是 MM 预后不良的预测因素。MM 组血尿阳性率高于 DN 组，考虑其可能与异常球蛋白覆盖于血小板表面，聚集各种凝血因子造成凝血功能障碍相关。DN 患者尿常规可表现为尿蛋白阳性，而在本研究中，MM 患者尿蛋白阳性率高于 DN 患者，可能与其产生过多的轻链对肾小管上皮细胞直接发生毒害作用，造成肾小管的损伤引起蛋白尿相关；此外，MM 产生的轻链大部分经肾小管回收，MM 发生时大量轻链蛋白堆积聚合，造成肾小管阻塞。血糖浓度升高可使超滤液中葡萄糖量超过近端小管对糖的最大转运率，造成小管液溶质浓度升高，尿比重升高。因此在本研究中 DN 组的尿糖阳性率及尿比重高于 MM 组患者。总之，对于肌酐明显升高的非肾脏疾病患者，同时合并尿蛋白和尿潜血阳性应警惕 MM 的可能。

PO-1659

二代测序基因检测在新诊断多发性骨髓瘤的预后意义分析

胡雨菡¹、林全德^{1,3}、闫艳²、王杰浩⁴、吕晓东^{1,3}、高雪³、杜建伟³、李玉富³

1. 郑州大学附属肿瘤医院

2. 周口市中心医院

3. 河南省肿瘤医院

4. 郑州第一人民医院

目的 探讨二代测序(next-generation sequencing,NGS)基因检测技术在新诊断多发性骨髓瘤 (MM) 患者的临床预后分析中的价值。

方法 共纳入 2019 年 2 月 1 日至 2022 年 6 月 30 日在郑州大学附属肿瘤医院就诊的 112 例初诊 MM 患者的临床资料，使用基于 NGS 的靶向基因组来评估 DNA 突变谱。应用卡方检验分析基因突变与患者临床分期、缓解情况、微小残留病灶 (MRD) 转阴情况等预后相关因素之间的关系，同时采用 Kaplan-Meier 法探索各种临床因素对患者中位无进展生存期 (mPFS) 和中位总生存期 (mOS) 的影响，并进一步分析存在基因突变，尤其是有 CCND/RAS/FGFR3 这几种基因突变 MM 患者的预后。

结果 在 59 例 (52.67%) 患者中检测到基因突变。最常见的突变基因是 CCND (25.89%)、RAS (16.96%)、FGFR3 (13.39%)、TP53 (4.46%)、MYC (4.46%)，基因突变的患者往往表现为在 ISS 分期 III 期 ($p=0.004$)、R-ISS 分期 III 期 ($p < 0.001$) 中富集的特点，尚不能说明其与不易持续 CR ($p=0.222$)、不易 MRD 持续阴性 ($P=0.525$) 的关系。单因素分析血清白蛋白降低 ($P=0.001$)、肌酐升高 ($P=0.049$)、LDH 升高 ($P=0.003$)、基因突变 ($P=0.009$) 与 MM 患者 mPFS 显著相关， β_2 -微球蛋白升高 ($P=0.031$)、血红蛋白降低 ($P=0.039$)、肌酐升高 ($P=0.001$)、LDH 升高 ($P < 0.001$) 与 MM 患者 mOS 显著相关；多因素分析显示白蛋白降低 ($P=0.001$) 和基因突变 ($P=0.007$) 是 MM 患者 mPFS 的独立预后不良因素，LDH 升高 ($P=0.031$) 影响 mOS 的独立预后不良因素。生存分析显示，基于硼替佐米或沙利度胺/来那度胺为主的治疗方案中，患者中位随访时间为 23.433 个月，基因突变患者较无突变患者 mPFS 显著缩短 (15.633 个月 vs 33.167 个月, $P=0.009$)，尚不能说明两者 mOS 有差异 ($p=0.200$)。基因突变患者较无突变患者 18 个月 mPFS 显著缩短 ($P=0.006$)，尚不能说明两者 18 个月 mOS 有差异 ($p=0.253$)。

结论 二代测序基因检测能够辅助判断 MM 患者预后，携带基因突变的患者预后不佳。

PO-1660

59 例 MM 患者 MYC、IGH 基因重排及 MYC/IGH 易位情况

白晶、张焯、韩薇、韩秀丽、靳凤艳、白鸥、高素君
吉林大学第一医院

目的 分析 MM 患者 FISH 技术检测中 MYC、IGH 基因重排及 MYC/IGH 融合基因易位情况。

方法 首先利用 CD138 磁珠富集浆细胞，然后行 FISH 检测，同时检测 MYC、IGH 基因重排探针，若两者均为阳性进一步行 MYC/IGH/CEP8 三色融合基因探针检测。

结果 收集我院 2022 年 12 月 13 日至 2023 年 8 月 15 日 59 例 MM 患者资料，其中 IGH 基因重排阳性（阈值 7.0%）31 例，阳性率约为 52.5%，IGH 基因发生扩增 1 例，发生率约为 1.7%。MYC 基因重排阳性（阈值 4.8%）10 例，阳性率约为 16.9%，MYC 基因发生扩增 6 例，发生率约为 10.2%。同时发生 MYC、IGH 基因重排患者 4 例，阳性率约为 6.8%。继续检测 MYC/IGH/CEP8 融合基因探针，阳性（阈值 7.9%）2 例，阳性率为 3.4%。

结论 ①IGH 基因重排阳性率高于 MYC 基因，在 MM 患者初筛时应优先检测，以确定其伙伴基因，为临床提供更好的诊疗方向；②MYC 基因重排发生率约为 16.9%，接近于文献报道的 21%，结合 MYC 基因重排的独立预后意义，应当考虑将 MYC 基因重排纳入 MM 诊疗常规筛查中；③MYC 基因的扩增率高于 IGH，且 MYC 基因位于 8q24，所以建议 MYC/IGH 融合基因探针选择三色，即 MYC/IGH/CEP8，排除因 8 号染色体多体引起的 MYC 基因多拷贝，以获取更精准的结果服务于临床。

PO-1661

初治多发性骨髓瘤 1 号染色体异常的预后价值

郭光耀
福建医科大学附属协和医院

目的 探讨 1 号染色体异常对 NDMM 患者的预后意义

方法 回顾性分析在福建医科大学附属协和医院规范治疗的 170 例 NDMM 患者病例资料。

结果 1 号染色体异常的检出率为 49.4%，1q21 获得患者 57 例，1q21 扩增患者 26 例，1p32-患者 1 例。1 号染色体异常患者中血红蛋白 $\leq 100\text{g/L}$ 、 $\beta 2$ 微球蛋白 $\geq 5.5\text{mg/L}$ 、13q-、IgH 易位、高危遗传学异常及 R-ISS 分期 III 期发生率更高（ P 均 < 0.05 ）。1 号染色体异常的患者 ORR 及 $\geq \text{VGPR}$ 率与无 1 号染色体异常的患者相似（ $P=0.104$ 、 $P=0.733$ ），但 PFS、OS 降低（ $P=0.063$ 、 $P=0.076$ ），亚组分析 1q21 扩增 OS 显著降低（ $P=0.026$ ）。1 号染色体异常并发其他高危因素（IgH 易位、17p-/p53 突变、血小板减少、LDH 升高）后 PFS、OS 显著降低（ $P=0.004$ 、 $P=0.011$ 、 $P=0.010$ 、 $P=0.043$ ）。1 号染色体异常且不伴有危险因素的患者与无 1 号染色体异常的患者 PFS、OS 差异无统计学意义（ $P=0.101$ 、 $P=0.158$ ）。

结论 1 号染色体异常是 NDMM 患者中最常见的染色体核型，常伴有贫血、高肿瘤负荷、R-ISS 分期晚，常并发 13q- 及其他高危细胞遗传学异常，与无 1 号染色体异常的患者相比，两者近期疗效相似，但 PFS、OS 降低，1q21 扩增 OS 更差。1 号染色体异常的不良预后作用依赖于其伴随的高危因素及高危染色体核型，单独的 1 号染色体异常不具有独立预后作用。

PO-1662

初诊多发性骨髓瘤伴肾损害患者预后和肾脏反应因素分析

史敏、刘若茹、金媛媛、史青林、沈旭星、张闰、陈丽娟
南京医科大学第一附属医院（江苏省人民医院血液科）

目的 探讨影响初诊多发性骨髓瘤（NDMM）伴肾损害（RI）患者生存期和肾脏反应的因素。

方法 回顾性纳入 2012 年 8 月至 2022 年 4 月江苏省人民医院血液科收治的 375 例初诊 MM 患者。分析不伴肾损害组（No-RI）和 RI 两组 NDMM 患者的临床资料、生存预后和肾功能恢复情况。

结果 与 273 例 No-RI 相比较，102 例 RI 患者初诊时年龄、乳酸脱氢酶和 24h 尿蛋白定量水平明显升高（P 值均 <0.001 ），血红蛋白水平降低（ $P<0.001$ ），M 蛋白为轻链型以及晚期患者比例更高，PFS 期（24 个月 vs. 31 个月， $P=0.003$ ）及 OS 期（46 个月 vs.79 个月， $P=0.002$ ）均缩短。RI 患者肾脏总缓解率为 80.3%，与肾脏反应达 PR 及以上患者相比，肾脏反应未达 PR 患者中位 PFS 时间（19 个月 vs. 28 个月， $P=0.048$ ）和中位 OS 时间（31 个月 vs. 57 个月， $P=0.003$ ）均缩短。血液学反应深度达 VGPR 及以上（OR=4.20，95%CI 1.20~14.68， $P=0.025$ ）为肾脏反应疗效的独立预后因素。

结论 伴肾功能损害 NDMM 患者预后差，血液学疗效达 VGPR 以上为肾脏反应的独立预后因素，经治疗肾脏反应达 PR 及以上可提高患者的 PFS 和 OS。

PO-1663

达雷妥尤单抗治疗复发/难治多发性骨髓瘤的疗效与预后分析

蔡钦云
福建医科大学附属协和医院

目的 探讨达雷妥尤单抗为基础的方案治疗复发/难治多发性骨髓瘤患者的疗效与预后

方法 回顾性分析 2018 年 6 月至 2024 年 2 月在我院接受以达雷妥尤单抗为基础方案治疗的 62 例 RRMM 患者临床资料,分析其疗效、无进展生存期与总生存期,对可能影响生存时间的因素进行单因素分析,将 $P<0.05$ 的因素纳入 COX 分析模型行多因素分析,得出独立危险因素。

结果 中位年龄 62 岁,高危细胞遗传学风险 34 例 (54.8%)。梅奥诊所风险分层高危组 41 例 (66.1%)。12 例 (19.4%) 患者合并肾功能损害;中位随访时间为 14 (1-68) 个月,可评估疗效的 56 例患者中,中位治疗周期为 7.5 (1-72) 疗程,ORR 89.3%,sCR/CR 率为 42.9%。按年龄、梅奥诊所风险分层、细胞遗传学风险、肾功能分组、髓外病变分组,各组之间疗效没有显著差异。62 例患者中位 PFS 26.8 个月,中位 OS 41.8 个月。

结论 应用 DARA 为基础治疗方案治疗 RRMM 取得较好疗效,ORR 率 89.3%,sCR/CR 率 42.9%,并克服年龄、细胞遗传学高危、肾功能损害、髓外病变的影响;对于 RRMM 患者,更长治疗疗程数能达到最佳疗效;达雷妥尤单抗疗程数、ECOG 评分是影响 PFS、OS 独立危险因素;LDH 水平是影响 OS 独立危险因素;总体安全性可控。

PO-1664

基于综合老年评估及临床因素构建老年初诊多发性骨髓瘤患者临床预后模型

金媛媛、刘若茹、陈丽娟
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 验证老年评分系统在老年初诊骨髓瘤患者预后的临床意义，并结合综合性老年评分量表及临床因素构建预后模型来预测老年 NDMM 患者的预后。

方法 回顾性纳入 2017 年 7 月至 2023 年 2 月江苏省人民医院血液科收治的 131 例老年 NDMM 患者。分析 MRP 和 GA 评分系统下不同分组的 NDMM 患者生存预后及化疗后不良反应。采用 Cox 比例风险模型进行单因素和多因素分析，以确定独立的预后因素，并构建列线图模型，使用 Bootstrap 法重抽样进行内部验证。

结果 MRP 低、中、高风险组的中位 PFS 分别为 38.4、33.8、21.2 个月($P=0.003$)；MRP 高危组的中位 OS 为 45.4 个月，而 MRP 低、中危组均未达到中位 OS($P<0.001$)。IMWG-GA 健康组、中等健康组和虚弱组的中位 PFS 分别为 36.7、28.5 和 21.2 个月($P=0.041$)；虚弱组中位 OS 为 45.4 个月，其余两组均未达到($P=0.003$)。PFS 预后模型纳入年龄、CCI、GDS、MMSE、 β 2-MG 和 CRP，预测 1、2、3 年 PFS 时，AUC 分别为 82.7%、74.0%、78.9%；OS 预后模型纳入年龄、CCI、MMSE、 β 2-MG、LDH 和 CRP，预测 1、2、3 年 OS 时，AUC 分别为 80.9%、84.9%、82.2%，根据 AUC 值，列线图模型相较于 MRP 模型和 IMWG-GA 模型具有更好的预测能力。

结论 综合性老年评估对 NDMM 患者化疗后不良反应的预测及预后评估具有一定意义，基于年龄、CCI 量表、MMSE 量表、GDS 量表、 β 2-MG、LDH、CRP 建立的 nomogram 预后风险模型有望应用于临床，指导老年 NDMM 患者的临床评估和预后分析。

PO-1665

II 型铁死亡诱导剂是 t(4;14)阳性多发性骨髓瘤的新型治疗方法

张佳思、刘羽西、赵菲、徐健、张波、胡豫、孙春艳
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 研究 t(4;14)阳性多发性骨髓瘤 (MM) 的铁死亡敏感性及其潜在机制。

方法 首先通过 PharmacoDB 数据库分析染色体 t(4;14)阳性 MM 的铁死亡敏感性，利用 GEO 数据库分析 MMSET 差异基因与铁死亡通路的相关性。基因编辑 MM 细胞的 MMSET 表达水平，采用 CCK-8、RT-qPCR、流式、电镜等方法检测 MMSET 对 MM 细胞铁死亡敏感性的影响。然后通过生物信息学、RT-qPCR、WB、IHC 和 CHIP-qPCR 实验在 MM 细胞及临床样本中研究 MMSET 与长链脂酰辅酶 A 合成酶 4 (ACSL4) 的相关性以及具体调控作用，代谢组学鉴定 MMSET/ACSL4 轴对 MM 细胞内脂肪酸成分的影响，同步在体内外验证 MMSET/ACSL4/脂肪酸调控轴对 MM 细胞铁死亡敏感性的影响。接下来采用 CCK-8、IHC 与流式在体内外检测 II 型铁死亡诱导剂联合硼替佐米治疗 MM 的协同效应并明确具体死亡方式，并通过 WB 与比色法实验分析单药或联合用药对 t(4;14)阳性 MM 细胞内铁死亡相关蛋白以及谷胱甘肽水平的影响。

结果 PharmacoDB 药物敏感性数据库显示 t(4;14)阳性的 MM 对 II 型铁死亡诱导剂更敏感，多个 GEO 数据集结果显示 MMSET 差异基因可富集至铁死亡通路。体外实验与体内动物模型结果表明与 t(4;14)阴性 MM 相比，t(4;14)阳性 MM 或原代细胞对 II 型铁死亡诱导剂更敏感且对正常细胞的损伤极小，拮抗 MMSET 表达可显著促进 t(4;14)阳性 MM 的铁死亡抵抗。机制上 MMSET 通过结合 ACSL4 启动子区域上调其表达进而影响细胞内多不饱和脂肪酸 (PUFAs) 水平，最终促进 t(4;14)阳性 MM 的铁死亡敏感性；补充低浓度 PUFAs 可增强 t(4;14)阴性 MM 的铁死亡敏感性。此

外硼替佐米单药可上调 MM 细胞中铁死亡相关蛋白 xCT 表达, 然而联合 II 型铁死亡诱导剂后 xCT 表达上调被显著抑制, 同时伴随细胞内谷胱甘肽水平的减低。体外实验与体内动物模型结果显示两药联合通过促进 t(4;14)阳性 MM 凋亡与铁死亡水平均增加, 因此发挥协同抗肿瘤活性。

结论 II 型铁死亡诱导剂是治疗 t(4;14)阳性 MM 的新方法, 特别是与硼替佐米联合使用具有协同抗肿瘤效应。

PO-1666

NF- κ B 抑制剂 SN50 增强 BCMA CAR-T 细胞疗效

龙金兰¹、谢树峰^{2,5}、窦伟瑜⁶、刘晗^{2,3,4}、许贞书¹

1. 福建医科大学附属协和医院
2. 上海交通大学医学院附属瑞金医院上海血液学研究所
3. 医学基因组学国家重点实验室
4. 国家转化医学研究中心
5. 上海交通大学生命科学技术学院
6. 南部战区总医院

目的 本研究根据 LCAR-B38M 的结构设计了两种类型的 BCMA CAR-T 细胞, 单价 BCMA CAR-T (命名为 353T 和 917T) 和双价 BCMA CAR-T (命名为 353/917T)。我们旨在通过比较这两种类型 CAR-T 细胞在杀伤效果上的差异, 探索造成这种差异的原因, 从而针对性地制定联合用药策略, 以更大程度地发挥 BCMA CAR-T 治疗多发性骨髓瘤 (MM) 的临床效果。

方法 1. 将 BCMA CAR-T 细胞和 MM 细胞进行共培养实验, 16h 后流式细胞术检测 MM 细胞的凋亡情况, Western Blot 检测 BCMA 下游通路激活或者抑制情况。

2. NF- κ B 通路抑制剂 SN50 与 BCMA CAR-T 联合使用, 与 MM 细胞进行共培养实验, 16h 后流式细胞术检测 MM 细胞的凋亡情况。

3. 构建 ARP-1 小鼠模型, 进行动物体内验证。

结果 1. 流式结果显示, 353/917T 对 MM 细胞株的杀伤效果最强, 917T 次之, 353T 最弱。

2. Western Blot 结果显示 BCMA CAR-T 与 MM 细胞相互作用后, 激活 MM 细胞 NF- κ B 通路, 353T 表现出的激活程度最为显著, 917T 次之, 而 353/917T 则表现得最为弱。NF- κ B 通路的激活进一步导致 Bcl-2 蛋白的表达增加。

3. 流式细胞数结果显示, 联合使用 NF- κ B 通路抑制剂 SN50 后, 提高了 BCMA CAR-T 的杀伤效果, 且 353T 表现出最为明显的疗效提升。

4. 小鼠体内实验显示, NF- κ B 通路抑制剂 SN50 增强 BCMA CAR-T 对 MM 细胞的杀伤效果。

结论 NF- κ B 通路抑制剂 SN50 增强 BCMA CAR-T 对 MM 细胞的杀伤效果。

PO-1667

The clinical significance and prognostic value of Tregs in newly diagnosed multiple myeloma in the era of bortezomib and lenalidomide

qiaolin zhou, Fang Xu, Jingjing Wen, Jing Yue, Ya Zhang, Lijun Du, Kun Kou, Jing Su, Yiping Liu, Xiaogong Liang
Mianyang Central Hospital, School of Medicine. University of Electronic Science and Technology of China

Objective Regulatory T cells (Tregs) are crucial immune modulators and potential prognostic indicators in newly diagnosis multiple myeloma (NDMM). To explore the prognostic impact and immunomodulatory effects of Tregs in NDMM, we compared the variations of Tregs at different

disease stages and investigated the relationship between Tregs and prognosis.

Methods The clinical data of one hundred and ten NDMM patients admitted to our center from 2016 to 2023 were retrospectively analyzed in this study. We examined Tregs at diagnosis and remission post-treatment. Then, we investigated the relationship between Tregs and prognosis; explored the clinical characteristics and efficacy differences among groups based on changes in Tregs after treatment.

Results Univariate analysis showed that increasing age, international staging system (ISS) stage II and III, elevated creatinine, extramedullary disease, decreased Tregs at initial diagnosis, non-autologous transplantation, and < partial response (PR) were adverse factors affecting progression-free survival (PFS) in NDMM. Multivariate analysis showed that only extramedullary lesions ($p = 0.039$, HR 53130935.02, 95% CI 0-7.169E+226) and lower Tregs at initial diagnosis ($p = 0.036$, HR 0.001, 95% CI 0 – 0.634) were significantly associated with adverse PFS. The proportion of Tregs varies significantly at different stages of the disease, it was higher at remission phase than at initial diagnosis ($p = 0.003$). The proportion of Tregs at the initial diagnosis is one of the factors influencing PFS, showing a negative correlation with PFS. Compared with the Tregs rise after treatment group, Tregs decrease after treatment group had a better PFS ($P = 0.006$; $P = 0.046$).

Conclusion In the era of PIs and IMiDs, higher Tregs at diagnosis and decrease in Tregs post-treatment may indicate better PFS. They are important influencing and predictive factor related to PFS in NDMM. Static and changes of Tregs could be potential factors to predict prognosis in multiple myeloma patients. We speculate that the treatment with bortezomib and lenalidomide may alter the quantity and function of Tregs in the immune microenvironment through immune modulation and its synergistic mechanisms, and the changes in Tregs may serve as potential prognostic predictors. But these results could not be applicable in other treatment settings simply, such as CD38 monoclonal antibodies, carfilzomib, and selinexor, and further researches are needed to determine their effects.

PO-1668

免疫检查点受体及其配体 在多发性骨髓瘤患者髓外病变微环境中的表达变化

张鲜¹、王旭¹、杨建柱²、刘晗¹、藏美蓉¹、刘建宁¹、张金巧¹、孙丽霞¹

1. 河北医科大学第三医院

2. 河北医科大学第一医院

目的 多发性骨髓瘤 (MM) 合并髓外病变 (EMD) 患者预后差, 而 MM 患者 EMD 肿瘤微环境的生物学特性尚不清楚, 因此我们通过检测 MM 合并 EMD 患者的 EMD 组织和骨髓中免疫检查点受体及其配体的表达差异, 进一步探讨免疫检查点分子在 MM 合并 EMD 患者发病中的作用。

方法 应用免疫组化方法检测 51 例 MM 患者骨髓组织及 EMD 组织中免疫检查点受体 TIGIT 和 TIM-3 及其配体 CD155 和 Galectin-9 的表达。

结果 1. TIGIT 和 CD155 在 MM 合并 EMD 患者 EMD 组织中骨髓瘤细胞胞膜上均有阳性表达, 而在骨髓组织中骨髓瘤细胞上均未见表达。TIGIT 在 EMD 和骨髓组织中巨噬细胞胞浆上均有表达 ($P=0.942$)。CD155 在 MM 合并 EMD 患者 EMD 组织中血管内皮细胞上的表达显著高于在骨髓组织中血管内皮细胞上的表达 (94.1% vs. 15.0%, $P < 0.001$)。

2. TIM-3 和 Galectin-9 在 MM 合并 EMD 患者 EMD 组织和骨髓组织中骨髓瘤细胞胞膜上的阳性表达率均无统计学差异 (分别为 $P=0.169$ 和 $P = 0.969$)。TIM-3 在 MM 合并 EMD 患者 EMD 组织中巨噬细胞胞浆上的表达显著高于其在骨髓组织中巨噬细胞上的表达 (100% vs. 10.0%, $P < 0.001$)。Galectin-9 在 MM 合并 EMD 患者 EMD 组织中巨噬细胞和血管内皮细胞上的阳性表达率分别为 76.5% 和 94.1%, 但在其骨髓组织中巨噬细胞和血管内皮细胞上均未见阳性表达 (均 P

<0.001)。

结论 MM 合并 EMD 患者的 EMD 组织微环境和其骨髓微环境中免疫检查点受体及其配体的表达存在差异。

PO-1669

单克隆免疫球蛋白分泌状态 与多发性骨髓瘤患者临床特征及预后分析

陈洁、黄红铭
南通大学附属医院

目的 单克隆免疫球蛋白(Monoclonal immunoglobulin, Mclg)又称 M 蛋白,是多发性骨髓瘤(multiple myeloma, MM)的重要标志。临床上,不分泌型多发性骨髓瘤(Non-secretory multiple myeloma, NSMM)患者较为少见,其临床特征及预后意义目前尚不明确。本文通过探讨本中心 M 蛋白分泌状态与 MM 患者各项生物学指标之间的关系,分析 NSMM 的临床特征及预后,为更好地进行 NSMM 患者的诊疗提供帮助。

方法 收集 2013 年至 2022 年南通大学附属医院血液科 20 例确诊为 NSMM 患者,并通过医院系统随机抽取年龄匹配的分泌型 MM 患者 193 例,比较其临床特征及预后。

结果 NSMM 患者的中位年龄为 60 岁,更多的患者归类为 DS I 期($P=0.037$)和 ISS I 期($P<0.001$),并且贫血($P<0.001$)、低白蛋白血症($P<0.001$)、肾功能不全($P=0.004$)较少见, β_2 -微球蛋白升高、胱抑素 C 升高、骨髓浆细胞比例 $\geq 10\%$ 比例较低($P<0.001$),而伴有髓外病变($P=0.033$)、t(11;14)阳性($P=0.024$)患者比例明显高于分泌型 MM 患者。生存分析显示,分泌型 MM 患者的中位 PFS 时间为 43.7 个月,中位 OS 时间为 74.1 个月,不分泌型 MM 患者中位 PFS 和 OS 均未达到,组间比较差异不存在统计学意义($P>0.05$)。

结论 NSMM 患者在初诊时分期更早,较少发生贫血、低白蛋白血症、肾功能不全,但是伴有髓外病变、t(11;14)阳性比例显著增高,而与分泌型患者相比生存期并没有明显优势。我们的研究仍然提供了在新药治疗时代这一罕见亚型的临床表现、结果和细胞遗传学特征等方面的见解。

PO-1670

核糖体蛋白 S3 介导蛋白酶体抑制剂的耐药性 在多发性骨髓瘤治疗中的潜在应用

陈格格、高学洁、贾新颜、蔡海燕、施菊妹
上海市东方医院(同济大学附属东方医院)血液科

目的 药物耐药仍是多发性骨髓瘤(MM)目前无法治愈的重要因素。核糖体蛋白 S3(RPS3)是 NF- κ B 的非 Rel 亚基。本研究旨在探究 RPS3 介导 MM 存活和耐药的详细作用和相关机制。

方法 分别通过慢病毒转染和 CRISPR/Cas9 基因编辑技术在 MM 细胞(ARP-1/OCI-MY5)中构建了 RPS3 过表达和敲除的稳转株。通过点突变技术生成了 RPS3 突变体。通过细胞存活率实验、EdU 细胞增殖实验、克隆形成实验、细胞凋亡、细胞周期分析等系列体外实验和体内小鼠异种移植模型等检测了 RPS3 介导 MM 细胞存活和耐药性的作用。联合液相色谱串联质谱分析和免疫共沉淀技术探索 RPS3 与甲状腺激素受体相互作用蛋白 13(TRIP13)之间的相互作用。通过磷酸化蛋白质谱分析,探寻 RPS3 的潜在磷酸化位点。通过免疫印迹法、双荧光素酶报告基因实验和系列挽救实验确定 TRIP13-PKC δ /RPS3 轴通过激活经典 NF- κ B 信号通路参与调控 MM 耐药和细胞存活的

作用。最后，通过免疫印迹法、免疫荧光、中位剂量效应分析和小鼠异种移植模型等体内外实验探索特异性靶向 TRIP13 的小分子抑制剂 DCZ0415 对耐药细胞的作用是否依赖于 TRIP13-RPS3 轴。**结果** 我们首次揭示了 RPS3 在介导 MM 细胞存活和耐药中发挥着重要作用。RPS3 在 MM 中高度表达，敲除 RPS3 可抑制体外和小鼠体内 MM 细胞的生长并诱导细胞凋亡。过表达 RPS3 可介导 MM 细胞对蛋白酶体抑制剂的耐药性，并缩短了 MM 荷瘤小鼠的生存时间。此外，我们发现 RPS3 与 MM 关键癌基因甲状腺激素受体相互作用分子 13 (TRIP13) 之间存在相互作用。结果证实：TRIP13 通过丝氨酸-苏氨酸蛋白激酶 PKC δ 调控 RPS3 T221 位点的磷酸化，激活经典的 NF- κ B 信号通路，诱导 MM 细胞的存活和耐药。值得注意的是，我们发现特异性靶向 TRIP13 的小分子抑制剂 DCZ0415 通过抑制 NF- κ B 信号通路，与硼替佐米协同发挥抗耐药 MM 的作用。**结论** 该研究揭示了 TRIP13-PKC δ /RPS3 通过持续激活 NF- κ B 信号通路诱导 MM 细胞对蛋白酶体抑制剂发生耐药的新作用。借助小鼠动物体内模型，进一步提出联合靶向 RPS3 和 MM 一线化疗药物硼替佐米在克服 MM 耐药性中具有潜在的应用前景。

PO-1671

ROS 介导 AMPK/SIRT1 信号通路对多发性骨髓瘤肿瘤微环境中充质干细胞双重异质性的功能调控研究

李艳菊、王季石、ROS 介导 AMPK/SIRT1 信号通路对多发性骨髓瘤肿瘤微环境中充质干细胞双重异质性的功能调控研究
贵州医科大学附属医院

目的 This study on the double heterogeneity of MSC in the microenvironment of MM
方法 our study explored the "monistic" theory of biological function changes of mesenchymal stem cells in multiple myeloma tumor microenvironment through in vivo and in vitro experiments, verified that MSC in multiple myeloma microenvironment has the ability to simultaneously present aging and adipose differentiation, and studied the possible molecular mechanism of their co-existence.
结果 The results showed that the contents of ROS and MDA in the supernatant of the co-culture system were the highest, and the expression of AMPK/ SiRT-related proteins was the highest. The addition of SIRT activators or ROS inhibitors in each group could simultaneously reverse the aging and malignant fatty state of MSC in the co-culture system.
结论 In multiple myeloma microenvironment, Ros-mediated activation of AMPK/SIRT signaling axis is the mechanism of dual "inculcation" of MSC in tumor microenvironment.

PO-1672

多学科协作治疗延伸护理服务在多发性骨髓瘤患者中的应用效果体会

刘代梅
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 讨论多学科协作治疗延伸护理服务在多发性骨髓瘤患者中的应用效果。
方法 将我院在 2023 年 3 月-2023 年 7 月收治的 40 例多发性骨髓瘤患者当作观察对象，随机分为对照组和研究组各 20 例，分别施以常规护理、多学科协作治疗延伸护理服务，比较两组的自护能力、正念水平等观察指标。

结果 干预前两组 FFMQ 与自护能力的评分相匹配, $P>0.05$ 。干预后 FFMQ 与自护能力的评分高于干预前, $P<0.05$ 。干预后研究组的 FFMQ 与自护能力的评分高于对照组, $P<0.05$ 。

结论 多学科协作治疗延伸护理服务可提高多发性骨髓瘤患者的自我管理能力和正念水平。

PO-1673

荧光原位杂交技术在多发性骨髓瘤中的应用研究

姜胜华、曹鑫、刘红、李俊宏、陆伟、孙峰
南通大学附属医院

目的 探讨多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 患者分子遗传学特点和临床预后。

方法 收集 2020 年 06 月至 2024 年 3 月就诊于南通大学附属医院 82 例多发性骨髓瘤患者, 男 50 例, 女 32 例。并收集患者相关的临床特征、实验室检查、骨髓涂片结果、免疫分型结果及 FISH 结果等资料。分析 FISH 检测的分子遗传学异常与患者的性别、年龄、临床分期及相关实验室检查, 如血红蛋白、血小板、 β_2 -微球蛋白 (β_2 -MG)、乳酸脱氢酶 (LDH) 水平的相关性。

结果 1) 66 例初诊多发性骨髓瘤患者 FISH 检测至少具有一种分子遗传学异常者为 48 例, 发生率为 72.72%。2) 各种遗传学异常情况与患者性别、年龄无相关性 ($P>0.05$), 与外周血血红蛋白、血小板、 β_2 -微球蛋白 (β_2 -MG)、乳酸脱氢酶 (LDH) 的表达水平无明显相关性 ($P>0.05$)。3) IGH 基因缺失仅在高危组检出, 且此种分布差异具有统计学差异 ($P=0.046$); 低中危组的生存时间明显优于高危组 ($P=0.000$); 单纯 del (13q) 核型异常的 MM 患者生存时间明显长于伴有其他核型异常、复杂核型的患者 ($P=0.017$)。

结论 MM 疾病进展和临床预后具有高度异质性。FISH 检测结果联合疾病临床分期可更好地预测患者的预后。

PO-1674

CART 细胞治疗多发性骨髓瘤发生 CRS 与凝血功能异常的观察性研究

徐宏慧、郭丹
江苏省南通大学附属医院

目的 本研究分析复发/难治多发性骨髓瘤 (Relapsed/refractory multiple myeloma, R/R MM) 患者接受嵌合抗原受体 T 细胞 (Chimeric antigen receptor T cell, CART 细胞) 治疗后相关毒副反应, 尤其以细胞因子释放综合征 (Cytokine release syndrome, CRS) 和凝血功能异常为主, 探讨两者间的关系, 为提升 CART 细胞治疗疗效及安全性提供帮助。

方法 回顾性选取 2018 年 4 月至 2023 年 9 月南通大学附属医院血液内科 33 例接受 CART 细胞治疗的 R/R MM 患者, 其临床资料比较采用 Fisher 精确检验法及 Spearman 分析法。

结果 1. 患者在接受 CART 细胞治疗后发生 1 级 CRS 占 15.2% (5/33), 2 级 CRS 占 54.5% (18/33), 3 级 CRS 和 4 级 CRS 均占 3% (1/33)。2. 高级别 CRS 患者输注前 DS 分期多为 III 期, 且输注前更易出现 PT 延长、INR 升高、低血红蛋白。3. 输注 CART 细胞后患者的 FDP、D-Dimer 升高, PT 及 APTT 延长。与低级别 CRS 患者相比, 高级别 CRS 的患者更易出现 FDP 及 D-Dimer 的升高。血清 IL-6、IL-10 及 IFN- γ 水平与多项凝血指标呈正相关。

结论 CART 细胞治疗在 R/R MM 患者中安全有效, CRS 级别越高的患者更易出现凝血功能异常。早期发现和管理 CRS 对于预防危及患者生命的并发症及提高临床治疗成功率至关重要。

PO-1675

Growth differentiation factor 15 promotes the proliferation and metastasis of multiple myeloma mediated by CXCR4 and MMP9 through PI3K/Akt/NF- κ B pathway

Hongjie Fan¹, Min Li², Kui Song¹

1. the First Affiliated Hospital of Jishou University

2. Department of Pharmacy, The First Affiliated Hospital of Jishou University

Objective Extramedullary disease (EMD) in multiple myeloma (MM) is linked to a poor prognosis and presents treatment challenges, making it a focal point in current research. This study aims to investigate the impact and mechanism of growth and differentiation factor 15 (GDF15) on MM metastasis.

Methods The concentration of GDF15 in the serum of MM patients with and without EMD was measured using enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA), while the effects of GDF15 on MM cell proliferation and apoptosis were assessed through CCK8 and flow cytometry. Subsequently, the influence of GDF15 on MM cell adhesion, migration, and invasion was analyzed using adhesion and transwell assays. Additionally, the study examined the impact of GDF15 on the regulation of PI3K/Akt/NF- κ B, BCL-2/BAX, Caspase9, E-cadherin, MMP9, and CXCR4 in MM cells through western blot analysis. Furthermore, GDNF-family receptor α -like (GFRAL) siRNA was utilized to inhibit the expression of GFRAL, a receptor of GDF15. Co-immunoprecipitation (Co-IP) was performed to investigate whether GDF15 binds with CXCR4 in MM cells.

Results The serum level of GDF15 in MM patients with EMD was significantly higher than that in MM without EMD and controls, which was significantly and positively correlated with MM metastasis. GDF15 not only promoted proliferation, inhibited both natural apoptosis and bortezomib (BTZ)-induced apoptosis in MM cells, but also fostered the initiation of MM metastasis by inhibiting the E-cadherin-mediated adhesion of MM cells to fibronectin (FN). Additionally, GDF15 was found to enhance migration and invasion of MM cells through the up-regulation of PI3K/Akt/NF- κ B, CXCR4, and MMP9 pathways. GFRAL siRNA inhibited the activation of PI3K/Akt/NF- κ B signaling pathway and up-expression of CXCR4 and MMP9 by GDF15. While GDF15 did not directly bind to CXCR4, treatment with Uprosertib also reduced the up-regulation of CXCR4 and MMP9 by GDF15. It suggests that GDF15/GFRAL induced CXCR4 and MMP9 in MM cells by activating the PI3K/Akt/NF- κ B signaling pathway.

Conclusion High expression of GDF15 in the serum of EMD is significantly and positively correlated with EMD. GDF15/GFRAL increases the proliferation, and suppresses apoptosis and adhesion of MM, which also promoted migration and invasion of MM mediated by CXCR4 and MMP9 through PI3K/Akt/NF- κ B signaling pathway. GDF15/GFRAL may be used as a potential target for the treatment of extramedullary metastasis in MM.

PO-1676

XPO1 抑制剂为基础方案治疗 多发性骨髓瘤中枢神经系统浸润 1 例

董毅、翟志敏

安徽医科大学第二附属医院

目的 中枢神经系统 (central nervous system, CNS) 浸润多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 非常罕见, 预后不佳, 生存期常小于 6 个月, 由于没有前瞻性研究推荐最佳治疗策略, CNS-MM

仍然是骨髓瘤严重的并发症。探讨临床特点及有效的治疗策略意义重大。

方法 回顾性分析安徽医科大学第二附属医院血液科收治 1 例 CNS-MM 临床资料及治疗措施。

结果 患者，男性，61 岁，患者疾病诊断时分期较晚且伴高危遗传学，有发生 CNS-MM 的高危特征，既往使用蛋白酶体抑制剂、CD38 单抗及泊马度胺等多线治疗后多次复发，累及 CNS，治疗上选择塞利尼索，苯达莫司汀，地塞米松进行全身化疗，同时加用同时甲氨蝶呤、阿糖胞苷及地塞米松三联腰穿鞘内注射，维持疾病无进展生存近 12 月，总生存已达 58 月。

结论 塞利尼索为基础方案可以有效治疗 CNS-MM，本例患者的成功诊治为临床提供一定借鉴意义。

PO-1677

STAT3 inhibitors inducing DNA damage in multiple myeloma cells and enhancing the anti-tumor effects of NK cells

Zhaoyun Liu,xianghong zhao,rong fu
Department of Hematology, Tianjin Medical University General Hospital

Objective To investigate the anti-tumour cellular effects and mechanisms of DNA damage-induced activation of NK cells by STAT3 inhibitors in MM cells.

Methods Using data of MMRF-CoMMpass studies to identify the prognostic value of STAT3 and PARP1. Using CCK-8 to explore the Half-maximal inhibitory concentration (IC₅₀) of STAT3 inhibitor C188-9 in MM cell lines U266 and RPMI-8266. Using flow cytometry (FCM) to evaluated the apoptosis and the expression of MICA/B in MM cells. Using western-blot to measure the level of STAT3, H2AX and ATM. We co-cultured MM cells with NK cells and measure the activation of NK cells and the level of apoptosis of MM cells by using FCM.

Results By using the data of MMRF-CoMMpass, we found that patients with higher expression was associated worse prognosis. The IC₅₀ of C188-9 in U266 was 23.07 μ M while in RPMI-8226 was 44.16 μ M. The C188-9 can significantly induce the level of apoptosis and expression MICA/B of MM cells. Western blot should that inhibition of STAT3 could elevated the levels of H2AX and ATM. For PARP1 inhibitor BYK204165, it had no effect on the apoptosis and the level of MICA/B. However, when it combined with C188-9, it could induce higher levels of apoptosis and expression of MICA/B of MM cells. Western blot also verified higher level of H2AX and ATM when C188-9 combined with BYK204165. With the cotreatment of C188-9 and BYK204165, we found upregulation of NKG2D, perforin and granzyme B and heightened cytotoxicity in NK cells in Coculture of NK cells with the MM cells.

Conclusion We found STAT3 inhibitor induces apoptosis and DNA damage in MM cells and STAT3 inhibitor combined with PARP1 inhibitor induced apoptosis and DNA damage in MM cells and mediated the high expression of MICA/B in MM cells. What's more, STAT3 inhibitor combined with PARP1 inhibitor induces DNA damage in MM cells, mediates high expression of MICA/B in MM cells, and activates the anti-tumour effect of NK cells.

PO-1678

CAR-Tscm cells as an effective immune treatment to multiple myeloma patients

Zhaoyun Liu,xintong xu,rong fu
Department of Hematology, Tianjin Medical University General Hospital

Objective Since T memory stem cell (TSCM) is a kind of cell with strong self-renewal ability,

long-term persistence, proliferation ability and anti-tumor activity, and is an ideal candidate cell for cancer immunotherapy. We aimed to explore the amount of TSCM cells in multiple myeloma (MM) and established a method to expand TSCM in vitro, and to further explore the effect of CAR-T cells prepared by TSCM on MM cells.

Methods TSCM cells (CD45RA+CCR7+CD62L+CD95+) were detected with Flow cytometry, further induced TSCM cells expansion in vitro by using IL-2+MEKi+IL-15 combination, TSCM cell-based CAR-T cells were constructed in vitro, further the therapeutic effect of CAR-Tscm cells in MM-loaded NSG mouse model were explored.

Results The proportion of TSCM cells is reduced in patients with MM, but their function is stronger than that of CTL cells, and the use of IL-2+MEKi+IL-15 in vitro can induce the expansion of TSCM cells and promote their antitumor capacity; Further, Targeting BCMA CAR-Tscm cells as an effective immune treatment to multiple myeloma patients. CAR-T cells were constructed using TSCM cells in vitro, and in vitro experiments confirmed that they had similar killing effects to conventional CAR-T cells on MM cells in an NSG mouse model of MM tumor burden; CAR-Tscm cells were demonstrated to have similar effects to conventional CAR-T therapy, and demonstrated stronger antitumor effects than conventional CAR-T in contralateral tumorigenic models.

Conclusion CAR-Tscm cells are a potentially effective treatment for multiple myeloma.

PO-1679

Enhancing Immunotherapy through Metabolic Modulation in Humanized Multiple Myeloma Mice

Zhaoyun Liu, hao wang, jingtian zhang, rong fu
Department of Hematology, Tianjin Medical University General Hospital

Objective Multiple myeloma (MM) is characterized by the proliferation of monoclonal plasma cells. Metabolic disorders with high energy metabolism and glycolysis rates in the bone marrow ensure sufficient energy for the rapid proliferation and growth of MM cells. Phosphatase of regenerating liver-3 (PRL3) inhibitor, a potent modulator of energy metabolism, emerges as an effective drug for MM. However, its limited impact on immune system activation compromises therapeutic efficacy.

Methods The study involved synthesizing the target compound TCP and preparing TCP@PRL3 NPs. The effects of TCP@PRL3 NPs on DC activation, T cell function and cell metabolism were verified by flow cytometry, western blot and central carbon metabolism at the cellular and animal levels.

Results This study proposes a therapeutic approach utilizing PRL3 inhibitor to enhance photodynamic therapy (PDT) mediated immunogenic cell death (ICD). Mechanically, the metabolomics study results demonstrated that PRL3 inhibition can reduce the produce of L-lactic acid and ameliorate the acidic tumor micro environment to enhance the immune cell function. In addition to conceptual validation in high-energy metabolism CT26 tumors and lowimmunogenicity 4T1 tumors, we co-administered daratumumab (a CD38 antibody) and validated this strategy in humanized multiple myeloma mice, providing a robust potential solution for the clinical treatment of high-energy metabolism and low-immunogenicity tumors.

Conclusion The study demonstrated the potential of TCP@PRL3 NPs combined with light irradiation to modulate energy metabolism and enhance immune therapy. This approach led to increased anti-tumor immune responses by regulating tumor proliferation rates, inducing immunogenic cell death (ICD), and reshaping the tumor microenvironment (TME) in humanized multiple myeloma mice. However, challenges such as off-target effects and limited penetration depth remain, suggesting the need for further optimization and development of advanced strategies for effective immunotherapy.

PO-1680

自体造血干细胞移植对伴 1q21 扩增的新诊断 多发性骨髓瘤患者的预后影响

饶悦瑄^{1,2}、李振宇^{1,2}

1. 徐州医科大学附属医院
2. 徐州医科大学血液病研究所

目的 探讨自体造血干细胞移植 (autologous hematopoietic stem cell transplantation, ASCT) 对伴 1q21 扩增 (1q21+) 的新诊断多发性骨髓瘤 (newly diagnosed multiple myeloma, NDMM) 患者的预后影响。

方法 回顾性分析 2018 年 8 月至 2023 年 8 月徐州医科大学附属医院收治的 56 例伴 1q21+ 的 NDMM 患者, 均采用 VRD 方案 (硼替佐米+来那度胺+地塞米松) 诱导治疗, 按是否行 ASCT 分为两组, 分析比较两组的疗效及预后。

结果 ①在 56 例 1q21+ NDMM 患者中, 男 31 例 (55.4%)、女 25 例 (44.6%), 中位年龄为 61 (49~77) 岁; 其中, ASCT 组患者 23 例, 非 ASCT 组患者 33 例, 两组患者年龄和白蛋白水平具有统计学差异 ($P=0.003$, $P=0.008$)。②56 例 NDMM 患者均采用 VRD 方案诱导化疗至少 3 个疗程, ASCT 组移植后的 \geq CR 率和 \geq VGPR 率 (78.3%, 91.3%) 均高于移植前 (43.5%, 69.6%) ($P=0.033$, $P=0.039$)。比较 ASCT 组与非 ASCT 组的疗效: ASCT 组的 \geq CR 率和 \geq VGPR 率 (78.3%, 91.3%) 均高于非 ASCT 组 (48.5%, 60.6%) ($P=0.030$, $P=0.014$)。③ASCT 组与非 ASCT 组患者的中位无进展生存 (PFS) 时间分别为 35.6 个月 (95% CI 23.9~47.3)、23.5 (95% CI 12.5~34.5) 个月, 中位总生存 (OS) 时间分别为 46.3 (95% CI 20.3~72.3)、39.8 (95% CI 30.4~49.2) 个月, ASCT 组较非 ASCT 组均显著延长 (P 值分别为 0.042、 $P=0.014$)。
结论 ASCT 可显著提高 1q21+ 患者的疗效, 使患者获得更高的 PFS 和 OS。

PO-1681

骨髓可溶性 B 细胞成熟抗原表达在 多发性骨髓瘤患者中 作为 BCMA CAR-T 细胞疗效预测指标的研究

高舒荃、邓琦
天津市第一中心医院

目的 目的 探索多发性骨髓瘤 (MM) 患者骨髓可溶性 B 细胞成熟抗原 (sBCMA) 表达对靶向 B 细胞成熟抗原 (BCMA) 的嵌合抗原受体修饰 T 细胞 (CAR-T 细胞) 治疗疗效及安全性的影响。

方法 以 2018 年 1 月至 2021 年 12 月接受人源化抗 BCMA CAR-T 细胞临床试验的 29 例复发/难治 MM (RRMM) 患者为研究对象。流式细胞术检测抗 BCMA CAR-T 细胞治疗前后骨髓 sBCMA 的表达并进行差异比较。

结果 结果 ①BCMA CAR-T 细胞治疗 2 个月, 20 例 (68.97%) 患者获得总体反应 (OR), 9 例患者仅为病情稳定 (SD) 或微小缓解 (MR)。②20 例 OR 组患者骨髓 sBCMA 表达治疗前高于治疗后 [26 926 (18 215, 32 488) ng/L 对 9 968 (6 634, 11 459) ng/L, $P<0.001$]; 而 MR+SD 组患者骨髓 sBCMA 表达治疗前后差异无统计学意义 [41 187 (33 816, 47 046) ng/L 对 33 954 (31 569, 36 256) ng/L, $P=0.145$]; CAR-T 细胞治疗前骨髓 sBCMA 表达 OR 组低于 MR+SD 组患者 ($P=0.005$)。③全部 29 例 RRMM 患者 CAR-T 细胞峰值与骨髓 sBCMA 表达无明显线性相关性 ($R^2=0.035$, $P=0.330$)。④sBCMA 表达水平与 CAR-T 细胞治疗不良事件严重程度的相关性: 0~1 级细胞因子释放综合征 (CRS) 组 (13 例) 与 2~4 级 CRS (16 例) 比较骨髓 sBCMA 表达差异无统计学意义 [32 045 (18 742, 40 801) ng/L 对 29 102 (24 679, 38

776) ng/L, $P=0.879$] ; 0 级免疫效应细胞相关神经毒性综合征 (ICANS) 组 (22 例) 与 1~3 级 ICANS 组 (7 例) 比较骨髓 sBCMA 表达差异无统计学意义 [30 073 (19 375, 40 065) ng/L 对 33816 (22 933, 43459) ng/L, $P=0.763$] 。

结论 骨髓 sBCMA 表达与 RRMM 患者接受 BCMA CAR-T 细胞治疗的疗效有关, 但与不良事件严重程度无显著相关性。或可作为 RRMM 患者接受 BCMA CAR-T 细胞治疗的疗效预测标志物。

PO-1682

米托蒽醌脂质体联合方案治疗高危/髓外 多发性骨髓瘤的有效性及安全性

高紫婷、黄红铭、郭丹、洪乐旻、卢金凤
南通大学附属医院

目的 本中心开展临床研究 (Clinical Trail: LCYJ20242008), 汇报目前入组 4 例高危/髓外多发性骨髓瘤患者经盐酸米托蒽醌脂质体 (Lipo-MIT) 联合硼替佐米和地塞米松 (MVD) 方案治疗的疗效及安全性。

方法 回顾在本中心使用 MVD 方案治疗的 4 例高危/髓外 MM 患者的临床数据。高危型依据 Mayo 骨髓瘤分层及风险调整治疗分层系统评价。疗效评价标准参照 2016 年 IMWG 疗效标准, 安全性评价标准参照美国国立癌症研究所不良事件通用术语标准 (NCI-CTCAEV.5.0) 确定研究期间的不良事件及严重程度。

结果 共纳入 4 例高危 MM 患者, 其中 2 例伴髓外浸润, 1 例复发 MM。均接受 MVD 方案治疗, Lipo-MIT 剂量为 10 mg d1、d15, 4 周为一个周期。患者的总体反应率为 100% (4/4), \geq VGPR 率为 100% (4/4), mPFS 和 mOS 均未达到。最常见的不良事件为白细胞减少 50% (2/4)、贫血 50% (2/4), 大部分为 2 级以下, 均在对症治疗后得到缓解。

结论 米托蒽醌脂质体联合方案治疗高危/髓外多发性骨髓瘤疗效显著且相对安全, 但由于病例数有限, 有待扩大样本量和多中心研究进一步证实, 远期疗效也有待进一步观察。

PO-1683

应用单细胞转录组解析多发性骨髓瘤克隆演变和耐药机制

崔健、李晓云、邓书会、邱录贵、高欣、安刚
中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

目的 由于克隆演变导致的微小残留病 (MRD) 不能被清除和免疫抑制性微环境的形成是多发性骨髓瘤不能被治愈的根本原因。我们应用单细胞转录组测序, 解析 VRD 诱导治疗前后的浆细胞克隆演变和转录组变化, 并探究微环境对多发性骨髓瘤耐药机制的影响。

方法 在这项研究中, 我们收集了 19 例接受 VRD 方案诱导治疗前和诱导治疗 2-4 疗程后的 MM 患者的配对骨髓样本; 并收集了 10 例正常对照的骨髓样本 (其中 8 例来自 Human cell atlas 数据库)。在对骨髓单个核细胞进行单细胞转录组建库测序后, 应用 Seurat 等软件进行数据分析。

结果 对比诱导治疗前后的浆细胞遗传学异常和转录差异, 我们发现: (1) MRD 阴性患者在治疗后残留浆细胞表现为克隆清除状态, 而 MRD 阳性患者存在克隆耐药和克隆选择两种状态; (2) 进一步对 MRD 阳性患者克隆选择的模式进行解析, 发现分化演变和分支演变两种克隆演变模式;

(3) 对克隆清除、克隆耐药和克隆选择浆细胞进行转录差异分析, 克隆耐药细胞呈现高增殖状态和未折叠蛋白反应的耐药通路激活, 而克隆选择细胞在未折叠蛋白反应的耐药通路激活同时表现出 NF- κ B 信号通路激活; (4) 对比克隆清除、克隆耐药和克隆选择三群浆细胞与微环境之间的细胞

通讯状态，克隆选择细胞与微环境细胞存在更加显著的细胞通讯。

结论 应用单细胞转录组测序技术可以在诱导治疗后早期观察到克隆演变和耐药的发生。克隆选择细胞表现为肿瘤自设的未折叠蛋白反应激活，同时从微环境种获得支持，能从微环境中持续获得生长信号的支持是克隆选择细胞相对克隆清除/耐药更具选择优势的重要原因。

PO-1684

Genetically detectable minimal residual disease is associated with poor prognosis in multiple myeloma

Jian Cui,Lugui Qiu,Gang An

Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Science & Peking Union Medical College

Objective Gain of negative minimal residual disease (MRD) has been linked to prolonged survival in cancer treatment. However, in multiple myeloma (MM), detection of MRD-negativity (MRD-) using multiparameter flow cytometry (MFC) only reflects the quantitative characteristics of residual plasma cells (PCs), while the biological and genetic features of MRD are neglected. To address this gap, our study has employed interphase fluorescence in situ hybridization (iFISH) to evaluate the clonality of cytogenetic abnormalities (CAs) of the bone marrow residual PCs after induction therapy.

Methods The present study was based on the National Longitudinal Cohort of Hematological Diseases in China (NCT04645199). A total of 396 patients diagnosed with newly diagnosed MM (NDMM) between January 2014 and March 2020 were included in this study. EDTA-anticoagulated BM aspirate samples were collected at diagnosis for all 396 patients included in this study, and clonal PCs were enriched by CD138+ magnetic beads (Miltenyi Biotec, Paris, France). iFISH was then performed with probes specific for CAs as follows: 13q14, 17p13, 1q21, t(4;14), t(11;14), and t(14;16), and a total of 200 interphase nuclei were analyzed.

Results Persistent CAs after induction therapy were detected in about half of the patients (118/269, 43%), and patients with undetectable CAs showed significantly improved survival compared with those without genetically detectable MRD. In addition, different patterns of therapy-induced clonal evolution were observed by comparing the clonal structure of residual PCs with paired baseline samples. And therapy-induced clonal evolution exerted a significant impact on patient outcomes.

Conclusion These findings highlighted the importance of genetic testing of residual tumor cells after induction therapy, which may represent a reliable complementary technique for flow-MRD detection and provide a further understanding of clonal evolution.

PO-1685

Subclonal del(17p) at relapse but not at diagnosis confer inferior outcome in multiple myeloma

Jian Cui,Lugui Qiu,Gang An

Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Science & Peking Union Medical College

Objective The high-risk abnormality del(17p) can be detected by fluorescence in situ hybridization on malignant plasma cells (PCs) and has an adverse prognostic impact in patients with multiple myeloma (MM). Patients with del(17p) have reduced overall survival (OS). However, previous studies have determined that patients with major clones (> 50%) of del(17p) at diagnosis

displayed the most dismal outcome, while the impact of clonal size on the prognostic value of del(17p) has not been fully explored.

Methods The present study was based on the National Longitudinal Cohort of Hematological Diseases in China (NCT04645199). A total of 995 patients in the diagnosis dataset and 293 patients in the relapse dataset have been identified with the required cytogenetic data (tested for chr1q gain, del(17p), del(13q) and IgH rearrangement). We used data from 197 patients who had iFISH results at diagnosis and at first relapse.

Results Survival after relapse was greater influenced by the presence of high-risk aberrations at relapse (HR=1.72) rather than present at diagnosis (HR=1.40). For high-risk CAs, survival curves of OS were superimposable between patients who maintained at high-risk between two time points and those who evolved to high-risk at relapse. Additionally, patients with minor clones of del(17p) experienced significantly inferior survival than those without del(17p) at relapse (HR = 1.86, P < 0.001). We then categorized patients with paired iFISH results into 6 groups according to the change patterns in clonal size of del(17p) between the 2 time points. Our results showed that patients without del(17p) at both time points experienced the best outcomes, and patients who acquired del(17p) had an intermediate effect and those with del(17p) at both time points had the worst outcomes.

Conclusion Our study shows that the greater prognostic relevance of high-risk CAs at relapse, and clonal selection of del(17p) resulted in inferior outcomes in MM.

PO-1686

Fluorescence in situ hybridization reveals the evolutionary biology of minor clone of gain/amp(1q) in multiple myeloma

Jian Cui, Lugui Qiu, Yan Xu, Gang An

Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Science & Peking Union Medical College

Objective Growing evidence suggests that gain or amplification [gain/amp(1q)] accumulates during disease progression of multiple myeloma (MM). Previous investigations have indicated that small gain/amp(1q) subclones present at the time of diagnosis may evolve into dominant clones upon MM relapse. However, the influence of a minor clone of gain/amp(1q) on MM survival, as well as the correlation between different clonal sizes of gain/amp(1q) and the chromosomal instability (CIN) of MM, remains poorly understood.

Methods This study encompassed MM patients diagnosed between January 2014 and June 2021. A total of 998 NDMM patients were identified. Bone marrow (BM) aspirate samples, anticoagulated with EDTA, were collected, and CD138+ plasma cells (PCs) were enriched using CD138+ magnetic beads (Miltenyi Biotec, Paris, France), enabling a post-sorting purity higher than 90% as previously described. CAs were then analyzed on the purified PCs, and a total of 200 interphase nuclei were tested.

Results In this study, we analyzed fluorescence in situ hybridization (FISH) results of 998 newly diagnosed MM (NDMM) patients. 513 patients were detected with gain/amp(1q) at diagnosis. Among these 513 patients, 55 had a minor clone ($\leq 20\%$) of gain/amp(1q). Patients with a minor clone of gain/amp(1q) displayed similar survival outcomes compared to those without gain/amp(1q). Further analysis demonstrated patients with a minor clone of gain/amp(1q) exhibited a clonal architecture similar to those without gain/amp(1q). Lastly, our results showed a significant increase in the clonal size of the minor clone of gain/amp(1q), frequently observed in MM.

Conclusion These findings suggested that a minor clone of gain/amp(1q) might represent an earlier stage in the pathogenesis of gain/amp(1q) and propose a "two-step" process in the clonal size changes of gain/amp(1q) in MM.

PO-1687

复发难治性多发性骨髓瘤伴多病灶髓外浸润合并肺腺癌 1 例报道并文献复习

杜芳、陈海飞
罗湖区人民医院

目的 提高对复发难治性多发性骨髓瘤伴多病灶髓外浸润合并肺腺癌的临床认知和诊治水平。

方法 研究 1 例复发难治性多发性骨髓瘤伴多病灶髓外浸润合并肺腺癌患者的病理机制及其诊治。同时结合文献，重点针对其诊断、临床表现和治疗等方面的相关研究进展进行综述。

结果 结合骨髓形态、免疫固定电泳、血清蛋白电泳、病理活检、胸部 CT 增强等检查结果确诊复发难治性多发性骨髓瘤伴多病灶髓外浸润合并肺腺癌，经化疗有效。

结论 多发性骨髓瘤伴多病灶髓外浸润与肺腺癌的共存在临床上较为罕见，给患者的诊治决策带来了重大挑战，早期诊断尤为重要，以期能够早诊断早治疗，在治疗方面循证证据不足，需根据患者病情进行个体化治疗。

PO-1688

以卡非佐米为基础的化疗方案治疗多发性骨髓瘤的真实世界研究

郑博月、李慧、付积艺
四川省医学科学院·四川省人民医院

目的 探讨卡非佐米治疗 MM 的疗效与安全性。

方法 研究纳入 2022 年 3 月至 2023 年 9 月四川省人民医院至少接受 2 个疗程以卡非佐米治疗的 65 例 MM 患者为研究对象，通过电子病历系统收集患者的基线资料，所有患者均采用以卡非佐米为基础的方案进行治疗，通过门诊、住院复查或使用电话对患者进行随访，每两月随访 1 次，以研究对象首次使用卡非佐米的时间为随访起点，以死亡、疾病复发或随访结束为随访终点。以总缓解率（Total Response Rate, ORR）、 \geq VGPR 率及无进展生存期（Progress Free Survival, PFS）评估患者疗效。并根据患者的治疗线数、细胞遗传学异常、髓外病变、DS 分期、ISS 分期、合并肾功能不全、合并心血管疾病进行亚组分析。使用 GraphPad Prism 8.3.0 软件进行分析，生存分析使用 Kaplan-Meier 曲线，生存曲线的比较采用 Log-rank 检验。

结果 使用以卡非佐米为基础的化疗方案 2 个疗程后评估，ORR 为 75.5% (40/53)，其中 32.1% (17/55) 达到 PR，20.8% (11/53) 达到 VGPR，7.5% (4/53) 达到 CR，15.1% (8/53) 达到 sCR， \geq VGPR 率为 43.4%。对 53 例患者疗效进行整体评估，最佳 ORR 为 84.9% (45/53)，最佳 \geq VGPR 率为 71.7% (38/53)，其中 15.1% (8/53) 达 VGPR，18.9% 达 CR (10/53)，37.7% (20/53) 达 sCR。中位随访时间为 8.0 (7.6, 9.8) 个月，中位 PFS 为 12.0 (10.0, 13.9) 个月。在髓外受累的 17 例患者中，ORR 为 76.4% (13/17)，其中 \geq VGPR 率为 47.1% (8/17)。在 mSMART 分期为高危患者中，ORR 为 73.2% (30/41)，VGPR 为 19.5% (8/41)。不同治疗线数患者 PFS 生存曲线比较，差异均具有统计学意义 (PFS: $\chi^2 = 5.979$, $P = 0.015$)，提示卡非佐米作为一线用药及首次复发用药治疗效果显著优于三线及以上复发用药。感染是最常见的不良反应 (15.1%)，其次为心血管不良事件 (13.2%)。53 例患者均无治疗相关死亡，均未发生输注反应及肿瘤溶解综合征。

结论 以卡非佐米为基础的化疗方案在 MM 患者中疗效好，可作为初诊及复发难治的患者治疗方案，且安全性良好，不良反应可控。

PO-1689

EMM 在多发性骨髓瘤预后评估中的单中心回顾性研究

严婕、陈兵
南京鼓楼医院

目的 多发性骨髓瘤髓外浸润 (Extramedullary Multiple Myeloma, EMM) 是多发性骨髓瘤 (MM) 的一种侵袭性形式, 通常与不良预后相关。目前尚未有临床危险分期纳入 EMM 这一指标, 本文旨在探讨 EMM 纳入 R2-ISS 分期及 MASS 分期的价值。

方法 回顾自 2014 年 3 月-2022 年 8 月在南京医科大学鼓楼临床医学院血液科就诊的 364 例以免疫调节药物和/或蛋白酶体抑制剂为一线治疗方案的新诊断多发性骨髓瘤患者临床资料, 其中 53 例 EMM 患者可根据最新的专家共识分为 38 例 EM-B 和 15 例 EM-S。采用 Kaplan-Meier 法进行生存分析, log-rank 检验比较组间差异, Cox 比例风险回归模型进行多因素分析。

结果 (1) 无 EMM、EM-B 和 EM-S 组的中位 PFS 分别为 25 个月 (95% CI: 22-28)、20 个月 (95% CI: 9-31) 和 18 个月 (95% CI: 11-25) ($P=0.002$)。中位 OS 为 48 个月 (95% CI: 42-54)、40 个月 (95% CI: 15-65) 和 26 个月 (95% CI: 12-40) ($P<0.001$)。

(2) 多因素分析显示, EM-B 组与无 EMM 组相比, OS HR 为 3.983 (95% CI: 2.238 ~ 7.088) ($P<0.001$), EM-S 组与无 EMM 组相比, OS HR 为 3.176 (95% CI: 1.479 ~ 6.818) ($P=0.003$)。而 EM-B 和 EM-S 患者的 OS HR 无统计学差异。

(3) 根据风险比赋值 EMM 为 1.5。将 EMM 纳入 R2-ISS 分期及 MASS 分期, 再分期后的 C-index 分别为 0.732 (95% CI: 0.722~0.742)、0.734 (95% CI: 0.723~0.744) ($P<0.001$), 优于初始值, 提示再分期 R2-ISS 及 MASS 能更好地预测 NDMM 患者的预后。

结论 EMM 是多发性骨髓瘤的独立危险预后因素, 有望纳入 MM 分期进一步指导临床治疗, 从而改善 EMM 患者的预后。

PO-1690

初诊多发性骨髓瘤患者外周血 $\gamma\delta$ T 细胞及淋巴细胞亚群的表达分析

徐子真、濮娉婷、王绪、孙睿歆、冯领元、赵香懿、黄娟
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 分析 $\gamma\delta$ T 细胞和淋巴细胞亚群在多发性骨髓瘤的表达意义。

方法 选取上海交通大学医学院附属瑞金医院和同济大学附属杨浦医院 2022 年 01 月-2023 年 8 月收治的多发性骨髓瘤患者 55 例作为疾病组。并根据多发性骨髓瘤国际分期系统 (ISS) 将其分为 I 期组、II 期组、III 期组。另选取同期体检健康者 30 例作为对照组。比较疾病组与对照组 $\gamma\delta$ T 细胞和淋巴细胞亚群水平, 利用各细胞在 MM 与对照组间的不同表达, 构建多因素线性回归方程, 然后比较不同分期的 MM 患者的临床指标。最后通过绘制受试者工作特征 (ROC) 曲线分析关键数据对 MM 的诊断价值。

结果 疾病组与对照组相比, 疾病组的 $\gamma\delta$ T 细胞百分比、CD8+T 细胞百分比高于对照组, 外周血淋巴细胞总数 (LYMT)、CD19+B 细胞百分比、CD3+T 细胞、CD4+T 细胞、CD19+B 细胞的绝对数均低于对照组 ($p<0.05$)。对 MM 分期有显著影响的因素有 $\gamma\delta$ T 细胞百分比、CD19+B 细胞百分比、CD3+T 细胞、CD8+T 细胞的绝对数。与分期有关的指标有 $\gamma\delta$ T 细胞百分比、中性粒细胞数 (NEUT)、中性粒细胞与淋巴细胞比值 (NLR)、白细胞数 (WBC)。ROC 曲线提示 $\gamma\delta$ T 细胞百分比对 MM 有较高的诊断价值。

结论 初诊 MM 患者的 $\gamma\delta T$ 细胞及淋巴细胞亚群(CD8+T 细胞、CD19+B 细胞、CD3+T 细胞等)可以反映患者机体的免疫功能,是 MM 的影响因素。 $\gamma\delta T$ 细胞影响 MM 患者的分期,具有一定的诊断价值。

PO-1691

单倍体造血干细胞移植治疗原发性浆细胞白血病一例

田文亮、卢润青
郑州大学第一附属医院

目的 分析原发性浆细胞白血病患者临床特征,探讨单倍体造血干细胞移植治疗原发性浆细胞白血病的方案及疗效。

方法 回顾性分析了郑州大学第一附属医院收治的 1 例行单倍体造血干细胞移植的原发性浆细胞白血病患者临床资料,并复习相关文献进行总结。

结果 患者男,43 岁,因“肋骨疼痛 1 月余”起病,查血常规:WBC $278.2 \times 10^9/L$,Hb $103g/L$,PLT $42 \times 10^9/L$,镜检可见大量原始幼稚浆细胞。免疫固定电泳阳性,IgG-k 型,CT:多发骨质破坏。骨髓细胞学:增生明显活跃,原始及幼稚浆细胞占 86%,骨髓活检:异常浆细胞占比约 80%,刚果红染色阴性。免疫表型:异常克隆性浆细胞约占 81.6%。诊断为原发性浆细胞白血病(DS 分期 IIIA 期,ISS 分期 III 期,R-ISS 分期 III 期,del(17p)阳性),行“BCD”方案化疗合并肠梗阻且疗效不佳,行达雷妥尤单抗+泊马度胺+地塞米松方案 4 疗程达 VGPR,行子代单倍体外周造血干细胞移植。预处理方案为马法兰+改良 Bu/Cy+ATG,GVHD 预防为环孢素+吗替麦考酚酯+短程甲氨蝶呤。回输单个核细胞数 $5.31 \times 10^8/kg$,CD34+细胞数 $10.27 \times 10^6/kg$,血小板于移植后+12 天植入,粒细胞于移植后+13 天植入。未发生急性 GVHD 和其他严重并发症。移植后复查血常规基本正常,疗效评价达 CR,嵌合率为 100%供者型。移植后予以达雷妥尤单抗与泊马度胺交替维持治疗,随访 15 月,目前患者仍为 CR。

结论 原发性浆细胞白血病是一种高度侵袭性的恶性浆细胞疾病,新药联合异基因造血干细胞移植或可改善预后。

PO-1692

FADD 通过上调 SOX2/OCT4/NANOG 表达促进多发性骨髓瘤细胞干性的分子机制

孙文瑞、张春燕、田彪、李妙雨、吴若晨、翁艳霞、高广勋
中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 探索 FADD 调控骨髓瘤细胞干性的分子机制,为开发 FADD 抑制剂提供一定的理论基础。

方法 通过 GEO 数据集、临床样本和骨髓瘤细胞系检测 FADD 的差异表达,CCK8 检测抑制 FADD 对细胞增殖活性的影响,球体形成实验检测对干细胞形成的影响,流式细胞术检测侧群细胞、ALDH1+细胞及凋亡细胞比例,western blot 检测抑制 FADD 对干性相关基因 SOX2、OCT4、NANOG 蛋白表达的影响。

结果 FADD 高表达于 MM 细胞和原代样本中,在 MM 中可能是促癌分子;与 shNC 组相比,抑制 FADD 显著降低 MM 细胞增殖及球体形成能力,抑制 FADD 显著降低侧群细胞及 ALDH1+细胞比例,抑制 FADD 显著降低干性基因 SOX2、OCT4、NANOG 蛋白表达。

结论 抑制 FADD 通过降低 SOX2、OCT4、NANOG 表达抑制多发性骨髓瘤干性。FADD 抑制剂可能是作为抑制 MM 的一种途径,为 MM 治疗提供一种新的潜在靶点。

PO-1693

卡非佐米与来那度胺在复发难治性 多发性骨髓瘤维持治疗中的比较研究

邢海洲、桑丽娜、张聪丽
郑州大学第一附属医院

目的 本研究旨在评估卡非佐米与来那度胺在复发难治性多发性骨髓瘤（RRMM）患者维持治疗中的疗效差异，为患者提供更为有效的治疗方案。

方法 本研究为回顾性分析，共纳入了自 2021 年至 2024 年在我院接受治疗的 RRMM 患者 48 例。所有患者均经过至少一线以上的治疗且疾病复发，均经组织学或细胞学确诊为多发性骨髓瘤。患者被分为两组：卡非佐米维持治疗组（16 例）和口服来那度胺维持治疗组（32 例）。卡非佐米组的治疗方案为每 4 周一次，剂量为（27-35）mg/m²，连续治疗直至疾病进展或出现不可接受的毒性。来那度胺组则每日口服 25mg，治疗至疾病进展或不可耐受。我们记录了患者的基线数据，包括年龄、性别、既往治疗史、疾病分期等，并随访记录了患者的 PFS 和 OS。

结果 经过中位随访 35 个月后，卡非佐米组的中位 PFS 为 18.2 个月，显著长于来那度胺组的 14.5 个月（P<0.001）。同时，卡非佐米组的中位预测 OS 为 48.5 个月，也显著优于来那度胺组的 26.9 个月（P<0.001）。在不良反应方面，两组患者均表现出相似的耐受性，但卡非佐米组在严重不良反应（如血液学毒性、感染等）的发生率上略低于来那度胺组。

此外，亚组分析显示，既往接受>2 线治疗、伴有高危细胞遗传学异常（HRCA）的患者，在卡非佐米组中显示出更好的生存结果。这些亚组患者的 PFS 和 OS 均显著长于来那度胺组中的相应亚组患者。

结论 对于 RRMM 患者，使用卡非佐米进行维持治疗相较于口服来那度胺能显著提高患者的 PFS 和 OS，且耐受性良好。尤其是对于那些既往接受较多线治疗、伴有 HRCA 的患者，卡非佐米可能是一种更为有效的维持治疗选择。本研究结果为 RRMM 患者的治疗提供了重要的临床依据，但仍需进一步的前瞻性随机对照研究来验证这一结论。

PO-1694

MajesTEC-1 I/II 期研究：特立妥单抗(TEC)治疗三重暴露 复发/难治性多发性骨髓瘤(RRMM)患者中国队列的研究结果

蔡真¹、夏忠军²、何爱丽³、董玉君⁴、王亚非⁵、廖爱军⁶、宋阳⁷、宋娟娟⁷、Clarissa Uhlar⁷、Katherine Chastain⁷、Latisha Watkins⁷、Xinchao Luo⁷、Lin Huang⁷、Zhuolu Niu⁷、Natalia A. Quijano Cardé⁷、Yue Guo⁷、Hongmei Xu⁷、Raluca I Verona⁷、Longen Zhou⁷、Jingyun Li⁷、傅卫军⁸、牛挺⁹、杜鹃⁸

1. 浙江大学医学院附属第一医院
2. 中山大学肿瘤防治中心
3. 西安交通大学第二附属医院
4. 北京大学第一医院
5. 天津医科大学肿瘤医院
6. 中国医科大学附属盛京医院
7. 强生研发中心
8. 海军军医大学第二附属医院上海长征医院
9. 四川大学华西医院

目的 特立妥单抗(TEC)是首个获批用于既往接受过三种治疗的 RRMM 患者的 BCMA xCD3 双特异性抗体。在 MajesTEC-1 中，TEC 表现出快速、深度和持久的缓解，并且具有可控的安全性特征。

本研究目的为探索 MajesTEC-1 中国队列的疗效和安全性。

方法 入组既往接受过 ≥ 3 线治疗(LOT)的 RRMM 患者,包括一种蛋白酶体抑制剂、一种免疫调节剂和一种抗 CD38 单抗。患者接受 TEC 递增给药后,接受 1.5 mg/kg 皮下给药,每周一次,如果缓解持续,可降低给药频率。

结果 截至 2023 年 9 月 27 日,入组接受 TEC 治疗的患者 26 例,中位年龄:66 岁;57.7%为高危细胞遗传学;34.6%为伴 ≥ 1 个髓外浆细胞瘤;26.9%为 ISS III 期。中位随访 15 个月,ORR、 \geq VGPR 和 \geq CR 分别为 76.9%、76.9%和 57.7%。中位至首次缓解时间为 1.4 个月,中位至 \geq CR 时间为 6.3 个月。18 例(69.2%)患者为 MRD 阴性(10-5;二代流式细胞术)。12 个月持续缓解率为 78.5%,12 个月 PFS 率和 OS 率分别为 68.0%和 83.5%。

最常见 TEAE 为血液学 TEAE 和 CRS,96.2%的患者观察到 CRS(1 级,73.1%;2 级,23.1%;无 ≥ 3 级),中位持续时间为 2 天。没有患者出现 ICANS。25 例(96.2%)患者发生感染,包括 19 例(73.1%)COVID-19 感染,感染发生率(所有等级和 ≥ 3 级)随时间降低。

结论 在既往接受过多线治疗的中国 RRMM 患者中,使用 TEC 治疗的 MajesTEC-1 中国队列研究结果显示深度和持久的缓解率。

PO-1695

H 通过转录因子 E3 引起溶酶体介导的多发性骨髓瘤细胞死亡

杨年会、杜鹃、曾辉
暨南大学附属第一医院

目的 多发性骨髓瘤(Multiple myeloma, MM)是第二大常见的血液系统恶性肿瘤,其特征是浆细胞异常增殖。尽管在过去几十年中 MM 的治疗取得了极大进步,但 MM 仍然无法治愈。新的靶点和靶向治疗可能有助于患者获得更好的预后。质子泵蛋白 NHE1 在肿瘤细胞中高度表达,以维持其胞内 pH 稳态,其抑制 H 已被证明具有抗肿瘤作用。然而, H 是否能抑制 MM 仍然未知。

方法 在数据库中评估 NHE1 表达水平与 MM 预后的相关性。随后使用 MM 细胞系、CDX 小鼠模型和 MM 患者的原代骨髓细胞在体内外评估 H 对 MM 的影响,并探究其作用机制。

结果 我们首先证明了 NHE1 表达水平的升高与 MM 的不良预后有关 H 在 MM 细胞系和原代骨髓细胞中都能有效抑制生长并诱导细胞凋亡。机制上,抑制作用部分通过 TFE3 介导的溶酶体产生来实现。通过 MM 小鼠模型,我们验证了 H 在体内具有显著的抗 MM 作用。此外,HA 诱导了卡菲佐米耐药 MM 细胞的凋亡,并增强了卡菲佐米在 MM 中的作用。

结论 在这项研究中,我们证明了 H 在体外和体内能有效抑制 MM 的生长,为改善新发和耐药 MM 的疗效提供了一种新的治疗策略。

PO-1696

盐酸表柔比星对多发性骨髓瘤细胞的作用及机制研究

南祯²、房佰俊¹
1. 河南省肿瘤医院
2. 濮阳油田总医院

目的 1. 探索多发性骨髓瘤细胞对特定化疗药物的敏感基因。

2. 探究敏感基因对多发性骨髓瘤细胞增殖及分化的分子机制,为多发性骨髓瘤的治疗提供新的理论依据和实验室基础。

方法 1. 将四种化疗药物(硼替佐米、环磷酰胺、盐酸表柔比星、依托泊苷)作用于 MM.1R 并计算相应的 IC50 值,确定后续实验所用药物及药物的浓度。用筛选出来的化疗药物处理 MM.1R 细胞,

应用 Affymetrix 基因表达谱芯片筛选出本研究的候选基因。结合 RT-qPCR、Western-blot、CCK8 结果，筛选出本课题后续研究的靶基因 PLK1。

2.采用 MM.1R 细胞系和 RPMI8226 细胞系，利用 shRNA 慢病毒转染构建稳定敲减 PLK1(PLK1-KD)的 MM.1R、RPMI8226 稳转细胞株及相应的对照组细胞株 (PLK1-Control)；应用 CCK8、Western blot、流式细胞术等方法检测在两种细胞系中敲减靶基因 PLK1 对肿瘤细胞增殖和凋亡影响。

3.在 MM.1R 和 RPMI8226 细胞系中敲减、减及过表达 PLK1，通过检测 ATP 含量、葡萄糖含量、乳酸含量、细胞耗氧率、细胞外酸化率验证 PLK1 对细胞糖酵解水平的影响。

4.将 shCtrl (PLK1-Control) 组和 shPLK1 (PLK1-KD)组 MM.1R 稳转细胞株皮下注射入裸鼠体内，构建裸鼠异种移植瘤模型，探究敲减靶基因 PLK1 对多发性骨髓瘤细胞裸鼠体内成瘤性能的影响。

结果 1.在 MM.1R 细胞系中，盐酸表柔比星的各个时间点的 IC50 均较小，选择盐酸表柔比星为后续实验的用药，浓度选择为 0.01908 μ g/ml。

2.盐酸表柔比星加药组与对照组比较，Affymetrix 表达谱芯片共筛选出差异表达基因 1816 个，在下调基因中，显著差异表达基因结合 KEGG 分析；筛选出 CDC20、PLK1、CCNB1 这三个候选基因。PLK1 基因在 PCR、WB、CCK8 实验中表现均较其他两种基因突出。

3.EdU、CCK8 及 Western-blot 等方法检测细胞增殖及凋亡发现，敲减 PLK1 促进多发性骨髓瘤细胞的增殖，抑制多发性骨髓瘤细胞的凋亡。

4.结合课题组前期研究结果并通过文献查询，发现 PLK1 可影响细胞糖酵解过程，较对照组，敲减 PLK1 可以引起多发性骨髓瘤细胞 ATP 含量、葡萄糖含量、乳酸含量、细胞耗氧率及细胞外酸化率明显减少，过表达 PLK1 结果相反。

5.体内裸鼠成瘤实验结果显示：shCtrl (PLK1-Control) 组小鼠移植瘤模型中肿瘤的重量和体积明显大于 shPLK1 (PLK1-KD) 组。

结论 1.盐酸表柔比星处理多发性骨髓瘤细胞后，下调基因中 PLK1 表现突出。

2.PLK1 可以促进多发性骨髓瘤细胞增殖，抑制多发性骨髓瘤细胞凋亡。

3.PLK1 可能通过影响多发性骨髓瘤细胞糖酵解从而影响细胞的增殖。

4.动物实验证实 PLK1 在体内也促进多发性骨髓瘤细胞增殖。

PO-1697

尽管同时存在染色体异常，Del(1p32)仍然 是一个重要的预后因素

王环、李菲

南昌大学第一附属医院

目的 Del(1p32)是多发性骨髓瘤(Multiple myeloma, MM)中一种罕见的染色体片段缺失，其临床病理特征及其对生存的影响尚未达成共识。我们研究的目标是为 del(1p32)患者提供有价值的见解，有助于对这一特定人群进行准确的分层和个性化治疗。

方法 本研究纳入的患者来自国家血液病纵向队列(NICHE, NCT04645199)的 MM 数据库。我们回顾性分析了 1090 例新诊断的多发性骨髓瘤(Newly diagnosed multiple myeloma, NDMM)患者，其中包括 84 例 del(1p32)患者。

结果 本研究排除了国际骨髓瘤工作组(International Myeloma Working Group, IMWG)定义的高危细胞学遗传异常(High-risk cytogenetic abnormalities, HRCAs)的患者后，1p32 缺失的患者仍表现出明显的不良预后($p < 0.001$)。随后，我们观察到早期复发(Early relapse, ER) ≤ 12 个月对于 1p32 缺失患者的意义值得关注。我们发现在修订后的国际分期系统(R-ISS)和第二版国际分期系统(R2-ISS)中加入 del(1p32)可以更精确地进行风险分层。同时，我们揭示了实现最小残留病(minimal residual disease, MRD)阴性可以改善 del(1p32)患者的预后($p < 0.001$)。治疗上，我们发现无论是基于蛋白

酶体抑制剂(Proteasome inhibitors, PIs) 诱导治疗还是免疫调节药物(Immunomodulatory drugs, IMiDs) 治疗方法都不能改善 del(1p32)患者的预后($p=0.001$, $p=0.013$)。然而, 自体干细胞移植(Autologous stem cell transplantation, ASCT)可以延长 1p32 缺失患者的生存时间。最后, 我们开发了专门针对 1p32 缺失患者的生存结果的 nomogram 预测模型。

结论 综上所述, 我们的研究表明, del(1p32)是 MM 患者的独立不良预后因素, 不受其他 HRCAs 的影响。所提出的 nomogram 可以为 1p32 缺失患者提供个体化和精确的生存预测, 提供风险分层。

PO-1698

赣南地区多发性骨髓瘤诊断和治疗模式的变化及预后分析

黄走方、肖琪
赣南医科大学第一附属医院

目的 分析赣南地区的一个省级医疗中心多发性骨髓瘤 (MM) 诊断和治疗模式的变化及预后因素, 动态展示赣南地区在完善 MM 的诊断和治疗范式方面所做的逐步改进。

方法 回顾性收集 2013 年 01 月 01 日至 2022 年 12 月 31 日于赣南医科大学第一附属医院初诊多发性骨髓瘤患者的临床资料, 分析赣南地区 10 年来多发性骨髓瘤患者的人口特征、临床特征、一线治疗方案、一线治疗有效率、生存期及预后因素。

结果 439 例患者中位年龄为 64 (33~91) 岁, 17.08% 的患者 ≥ 75 岁, 男: 女约为 1.26:1。其中 56.95% 的患者为 ISS 分期 III 期。DS 分期 III 期 A 组 (49.89%) 及 III 期 B 组 (33.03%) 多见。168 例 (38.27%) 患者完善 FISH 检测, 阳性率为 68.45%。诱导治疗方案选择逐渐多选择蛋白酶体抑制剂+免疫调节剂为主的联合治疗方案。最佳确诊 ORR 为 72.73%, 其中 CR 为 20.35%。随着新药应用的增加, 短期和长期 OS 率持续逐年上升, 总体 mOS 为 1273 天, 总体 3 年 OS 为 55.50%、5 年 OS 为 35.70%。多因素 COX 分析: 年龄 ≥ 64 岁、未行 ASCT、进展为复发难治性多发性骨髓瘤、乳酸脱氢酶升高、 $\beta 2$ -MG 升高、尿酸升高、是影响 OS 的独立不良预后因素。

结论 过去 10 年里, 赣南地区 MM 诊断及治疗模式方面在逐步改进。随着新技术的普及以及含新药的标准化治疗方案的广泛使用, 赣南地区 MM 患者近期及远期生存显著改善。

PO-1699

初诊多发性骨髓瘤患者伴额外轻链条带的生物学特征及预后意义探讨

黄洲风、程薇、李玉龙、杨世伟、于润红、李翌博、商保军、张琳、朱尊民
河南省人民医院

目的 探讨初诊多发性骨髓瘤 (MM) 伴额外轻链条带 (additional light chain band, ALCB, 免疫固定电泳结果出现第二条单独轻链条带) 患者的生物学特征及预后。

方法 收集 2018 年 8 月至 2023 年 3 月河南省人民医院收治的 142 例初诊 MM 患者的临床资料及实验室检查结果并进行回顾性分析。比较初诊时免疫固定电泳结果出现 ALCB 与未出现额外轻链条带 (no additional light chain band, NALCB) MM 患者的临床特征、疗效并探讨其预后。

结果 142 例初诊 MM 患者中, 26 例 ALCB, 116 例 NALCB。ALCB 组与 NALCB 组相比: (1) ALCB 组血红蛋白低于正常值 (76.9%vs41.4%, $P=0.001$)、血肌酐升高 (69.2%vs42.2%, $P=0.013$)、 $\beta 2$ 微球蛋白 ≥ 5.5 mg/L (57.7%vs31.0%, $P=0.010$)、 λ 轻链型患者较多 (73.1%vs42.2%, $P=0.004$)。 (2) ALCB 组 R-ISS 分期 3 期患者 (51.7%vs22.0%, $P=0.006$)

占比更多。(3) ALCB 组 17p-患者较多 (26.1%vs8.5%, $P=0.024$)。(4) ALCB 组客观缓解率 (ORR) 更低 (50.0%vs80.0%, $P=0.002$)。(5) 生存分析结果显示, ALCB 组中位 OS 为 40.00 (95%CI 28.385~51.615) 个月与中位 PFS 为 25.000 (95%CI 1.371~48.629) 个月均较差。(6) 多因素 Cox 风险回归模型分析显示出现 ALCB($P=0.003$)是初诊 MM 患者独立的预后不良因素。

结论 初诊 MM 患者出现 ALCB 常伴高危因素, 出现 ALCB 是其独立的不良预后因素。

PO-1700

多发性骨髓瘤贫血患者的预后因素

黄昊
河南省肿瘤医院

目的 将与贫血和非贫血 NDMM 患者病情相关的肿瘤负荷指标进行对比, 以明确对 NDMM 贫血患者生存有显著影响的相关因素, 以此建立预测 NDMM 贫血患者 PFS 和 OS 的 Nomogram 模型。

方法 研究对象为 2013.01-2020.08 期间就诊于郑州大学附属肿瘤医院的 203 例 NDMM 患者。用 Kaplan-Meier 法评估贫血对生存的影响。用 Cox 比例风险回归模型计算确定预测生存结局的特定参数。根据风险因素或保护因素建立预测 PFS 和 OS 的 Nomogram 模型。用 C 指数和校正曲线对 Nomogram 模型进行验证。通过 ROC 曲线确定有预后因素的临界值。

结果 与 NDMM 贫血患者 PFS 相关的三个因素: 年龄、血小板和疾病缓解速度。与 OS 相关的三个因素: 年龄、LDH 和疾病缓解速度。经校准图验证, PFS 和 OS 的 Nomogram 模型在预测 NDMM 贫血患者的存活率方面具有一定的准确性和可靠性。结合 ROC 曲线分析的结果, 发现年龄 ≥ 60 岁、血小板 ≥ 215 109/L、乳酸脱氢酶 ≥ 204 U/L 是影响 NDMM 贫血患者生存的独立危险因素, 疾病缓解速度 (≥ 2.8 月) 是其独立保护因素。

结论 通过 Cox 比例回归模型结果所建立的 MM 贫血患者的 Nomogram 预后模型, 可得出较为准确和个体化的生存预测结果。

PO-1701

髓外病变和调节性 T 细胞对嵌合抗原受体 T 细胞治疗多发性骨髓瘤有效性的影响

董毅、翟志敏
安徽医科大学第二附属医院

目的 To investigate the factors affecting of B cell mature antigens (BCMA) chimeric antigen receptor T cells (CAR T) treatment for relapsed/refractory multiple myeloma (RRMM).

方法 Retrospective analysis of 30 patients with RRMM were admitted to three treatment centers in Anhui Province from June 2020 to December 2023.

结果 Overall remission rate (ORR) of RRMM patients was 87.5%, without EMD was better than EMD (94.7% vs 60.0%, $p=0.018$) and regulated T cell levels did not affect the ORR (80.0% vs 88.9%, $p=0.580$). The OS of patients with or without EMD was 60.0% versus 84.2%, $P=0.036$; the RFS of patients was 40.0% versus 57.9%, $P=0.019$. The OS of patients higher and normal or lower tregs was 73.3% versus 88.9%, $P=0.089$; the RFS of patients was 40.0% versus 77.8%, $P=0.017$.

结论 EMD affect the efficacy and survival of BCMA-CAR-T cells in RRMM patients, and abnormal

regulation of T cells may be the source of their recurrence.

PO-1702

新型多发性骨髓瘤患者衰弱评估模型的构建与验证

田彪、唐海龙、高广勋
西京医院

目的 开发与验证一种新型多发性骨髓瘤衰弱模型

方法 我们回顾性分析了 2006 年 5 月至 2022 年 8 月在西京医院新诊断的 606 例 MM 患者，将总数据集随机分为开发集 (N=404) 和验证集 (N=182)。通过 LASSO 回归、随机生存森林、单因素及多因素 COX 回归分析，最终建立了由年龄、HCT-CI、ECOG-PS、ISS 和 PNI 等五个变量构成的新型多发性骨髓瘤衰弱模型 (Fmodel)。我们对新型衰弱模型进行了内部及外部验证，并与既往的衰弱模型(Smodel)及 RISS 分期进行了对比。

结果 Fmodel 较 Smodel 与 RISS 分期在校准度、区分度、临床适用性及预测能力的提高方面表现良好，新模型将患者分为健康组 (0-2 分)，一般健康组 (3-5 分) 和衰弱组 (≥ 6 分)，进一步精确了衰弱组患者的筛选，衰弱组患者在训练集和验证集的占比分别为 23.8% 与 25.7%，衰弱组患者接受常规剂量治疗易于发生药物不良反应 ($p < 0.05$)，相较于 Smodel 与 RISS 分期，Fmodel 在训练集与验证集中预测患者 OS 及 PFS 方面区分度与稳定性良好，在验证集中，Smodel 预测患者的 OS 及 PFS 生存曲线无统计学意义，此外，Fmodel 可以较好地预测 MM 患者的早亡情况且能够进一步区分出预后较差的 RISS 二期患者。

结论 我们基于年龄、HCT-CI、ECOG-PS、ISS 和 PNI 构建了新型多发性骨髓瘤衰弱模型，该模型能够较好地筛选出衰弱状态的多发性骨髓瘤患者。

PO-1703

BCMA-targeted CAR-T Therapy Associated Adverse Events in Multiple Myeloma: A Systematic Review and Meta-analysis

Xuehang Fu¹, Jingwen Yang², Dandan Yu^{3,4}, Shikai Jin², Liwen Zhang², Zhenwei Chen², Du Jun¹, Jian Hou¹

1. Renji Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

2. Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

3. State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Tianjin Key Laboratory of Gene Therapy for Blood Diseases, CAMS Key Laboratory of Gene Therapy for Blood Diseases

4. Tianjin Institutes of Health Science

Objective B cell maturation antigen (BCMA)-targeted chimeric antigen receptor modified (CAR)-T therapy, an emerging treatment option for multiple myeloma (MM), has shown impressive efficacy in various clinical trials. However, there still exists some tricky adverse effects (AEs) in the actual course of treatment, causing safety concerns of this promising therapy. The aim of this systematic review and meta-analysis is to evaluate the efficacy and safety of BCMA-targeted CAR-T therapy in the treatment of MM, of which the more significant thing is to analyze its safety.

Methods In this systematic review and meta-analysis, databases (PubMed, Embase, Web of Science and Cochrane Library) were searched using the terms "CAR-T", "BCMA" and "multiple myeloma" for reports published from inception of the study to December 1, 2022. After excluding duplicates and irrelevant literature, we screened for studies that had been registered in

Clinicaltrials.gov (NCT number) or Chinese Clinical Trial Registry (ChiCTR number) and included studies involving more than 7 patients that concentrated on BCMA-targeted CAR-T therapy for MM and reported data on therapy-related AEs. And among these studies, multi-target trials combining CAR-T cells with different targets were excluded from the analysis. Data were extracted and then evaluated by R-4.1.2 to assess the efficacy and safety of BCMA-targeted CAR-T therapy in patients with MM. More detailed methodology was further explained in PROSPERO (CRD42022295858).

Results This systematic review and meta-analysis included 45 reports from 32 different studies involving a total of 927 patients with MM. Complete responses (CR) and stringent complete responses (sCR) were achieved in 48% (95% CI, 39%-59%) patients, and partial responses and very good partial responses (VGPR) were achieved in 36% (95% CI, 30%-43%) patients. Of the patients who had MM evaluable for minimal residual disease (MRD), 71% (95% CI: 56%-89%) achieved a negative status for bone marrow MRD. Regarding safety, the AE with the highest incidence was cytokine release syndrome (CRS), which occurred in 76% (95% CI, 65%-86%) patients, while severe CRS was observed in 10% (95% CI, 5%-14%) patients. The second most common AE was neurotoxicity reported in 9% (95% CI, 5%-14%) patients, with the proportion of severe neurotoxicity being 2% (95% CI, 1%-4%). Notably, hematological toxicities, often manifested as cytopenia, were a prominent severe AE, but its incidence has not been analysed in detail due to the lack of unified criteria and specific data. Furthermore, of the 927 included patients, 96 died from various causes, giving a proportion of 10.36%.

Conclusion Despite the promising results of BCMA-targeted CAR-T therapy for MM patients, considerable toxicities were frequently observed during the treatment, including CRS, neurotoxicity, hematological toxicities and so on. There has been an urgent need to lay more emphasis on these AEs and their solutions, rather than just be confined to the preclinical efficacy. Both ends of the scale are required be balanced by the clinicians in practical situations.

PO-1704

高骨髓浆细胞百分比 (BMPC%) 可改善新诊断多发性骨髓瘤 患者的 R-ISS 风险分层

孙晓嫻^{1,2}、王鹏宇^{2,3}、宋敏^{2,3}、朱尊民^{2,3}、时杰^{2,3}

1. 河南大学人民医院

2. 河南省人民医院

3. 郑州大学人民医院

目的 本研究旨在评估骨髓浆细胞比例 (Bone Marrow Plasma Cell Percentage, BMPC%) 在新诊断多发性骨髓瘤 (NDMM) 中的预后价值, 并探讨其对修订国际分期系统 (R-ISS) 预后预测能力的补充作用。

方法 我们回顾性分析了 2018 年 1 月至 2023 年 5 月在郑州大学人民医院接受治疗的 208 例 NDMM 患者的临床资料。通过骨髓细胞形态学评估确定 BMPC%, 并利用 SPSS 22.0 和 R/Bioconductor 软件包进行统计分析。

结果 研究人群的中位年龄为 59.3 岁, 根据 BMPC% 将患者分为三组: 低 (<15%, 21.2%)、中 (≤15%且<50%, 51.4%)、高 (≥50%, 27.4%)。IGD 型 MM 患者中, 70.6% BMPC%≥50%。BMPC%≥50%的患者中, R-ISS III 期占 43.8%, 显著高于 R-ISS I 期的 6.2% (P<0.001)。整体中位总生存期 (OS) 为 45.9 个月, BMPC%≥50%组的中位 OS 显著缩短 (未达到, 50.1 个月 vs. 24 个月, P < 0.001)。在 R-ISS II 期患者中, BMPC%≥50%与 OS 缩短相关 (P=0.01)。R-ISS III 期的中位 OS 为 26.73 个月, 与 R-ISS II + BMPC%≥50%组的 OS 无统计学差异 (P=0.95)。COX 比例风险模型分析显示, BMPC%≥50% [HR=4.13(1.68,10.13), P=0.002] 是 OS 的独立不良预后因素。

结论 本研究证实 BMPC% \geq 50%是 NDMM 患者的独立不良预后因素，能够增强 R-ISS 分期系统的预后预测准确性，尤其对于 R-ISS II 期患者提供了额外的预后信息，具有重要的临床意义。进一步仍需开展更大样本量和多中心前瞻性研究来验证这些发现。

PO-1705

High-dose intravenous melphalan combined with autologous peripheral blood hematopoietic stem cell transplantation on the treatment of multiple myeloma: a single-center clinical analysis on PFS

Mengyuan Chen, Hailong Yuan
新疆医科大学第一附属医院

Objective We assessed the efficacy of high-dose intravenous melphalan with autologous peripheral blood hematopoietic stem cell transplantation (HDM-ASCT) in treating patients with multiple myeloma (MM).

Methods A retrospective study was conducted on 50 consecutive MM patients who underwent HDM-ASCT. The progression-free survival (PFS) was the primary outcome, while the treatment efficacy and minimal residual disease (MRD) status after ASCT served as the secondary outcomes.

Results All 50 patients with MM achieved hematopoietic reconstruction, with no transplant-related deaths. The effective remission rate of the 50 MM patients (\geq very good partial response (VGPR)) increased from 54% before HDM-ASCT to 82% after HDM-ASCT, with the complete response (CR) rate increasing from 30% before HDM-ASCT to 62% after HDM-ASCT. The MRD negativity rate after HDM-ASCT was 64.4%, a significant improvement from 44.4% before HDM-ASCT. As of October 31, 2023, the median follow-up time was 25 months (7.5-49.5 months), with 12 patients experiencing relapse, 5 deaths, and an expected 3-year PFS and overall survival rate of 70.5% and 88.4%, respectively. Patients with CR and VGPR after HDM-ASCT had a significantly longer expected 3-year PFS compared to patients with PR ($p=0.039$, $p=0.047$). The expected 3-year PFS of MRD-negative patients before (84.7% vs 62.8%) and after HDM-ASCT (80.5% vs 57.6%) was longer than MRD-positive patients ($p=0.34$, $p=0.15$). Among 18 patients who never achieved MRD negativity or sustained negativity for more than 1 year, 12 experienced relapse, with an expected 3-year PFS of only 32.6%. In contrast, among 26 patients with sustained MRD negativity for 1 year or longer, no relapse cases occurred. The 3-year PFS rates of patients with standard-risk and high-risk cytogenetic abnormalities were 71.9% and 66.0%, respectively ($P=0.402$).

Conclusion HDM-ASCT can significantly improve the CR and MRD negativity rates in MM patients. Patients need to strive for CR and MRD negativity before undergoing HDM-ASCT to optimize PFS benefits post-transplantation. Patients who remain in PR after ASCT have a poor prognosis. Regular monitoring of MRD is needed after ASCT, and sustained MRD negativity for one year is crucial for the long-term PFS of MM.

PO-1706

单核细胞 THP-1 摄取 H929 外泌体后形成有利于 MM 细胞转移的肿瘤微环境

孙玉莹、张娟、程宇、刘建勇、沈万青、陈学生、陈忠
北京海思特医学检验实验室有限公司

目的 明晰多发性骨髓瘤 (MM) 病程发展中骨髓瘤细胞外泌体及对骨髓单核细胞产生的影响。

方法 收集 MM 细胞外囊泡 (EV) 的相关文献, 并进行概括整理。

结果 在多发性骨髓瘤发展过程中, 恶性浆细胞与骨髓微环境细胞相互作用, 建立有利于其生长和生存的肿瘤生态位, 导致肿瘤微环境(TME)的发展。白细胞介素 6 (IL-6)表达于 TME, 是 MM 细胞存活和进展的关键调节因子。

MM 细胞依赖于肿瘤微环境的促炎特性来释放参与其生长、存活、迁移和增殖的关键信号, 而细胞外囊泡参与细胞通讯。Rebecca Sheridan 研究发现 EV 以剂量依赖和能量依赖的方式被单核细胞 THP-1 摄取, 且 THP-1 细胞对不同来源细胞系的 EV 的摄取效率具有显著差异。骨髓瘤细胞 H929 衍生的 EV 刺激 IL-6 增加 300 倍, 在 THP-1 细胞摄取 H929 EV 后, 形成类似 TME 的条件培养基, 该培养基中含有升高的 IL-6。将 H929 细胞分别于条件培养基、对照培养基中培养, 发现 H929 向条件培养基的迁移明显增加。

结论 THP-1 细胞可以被 MM EV 诱导分泌 IL-6, 形成富含 IL-6 的肿瘤微环境, 这种变化可能促进了疾病传播之前发生的转移前生态位形成, 帮助 MM 细胞的迁移和增殖, 从而改变单核细胞的功能。

PO-1707

sBCMA 作为多发性骨髓瘤的监测指标

舒思敏¹、胡东²、陶文庭¹、周围¹

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司
2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 B 细胞成熟抗原 (BCMA) 是晚期或成熟正常 B 淋巴细胞和正常及恶性浆细胞表面的一种受体, 在多发性骨髓瘤(MM)细胞上过表达; 可溶性 B 细胞成熟抗原(sBCMA)由 MM 细胞膜结合的 BCMA 经 γ -分泌酶切割脱落产生。本研究目的是研究和评估 sBCMA 在 MM 疾病状态的监测和预后中的作用。

方法 使用 Luminex 液相芯片法对 MM 患者及对照受试者血浆的 sBCMA 水平进行定量检测。对 sBCMA 水平在健康受试者、初诊及复发 MM 患者中行 Mann-Whitney U 检验分析, 对 sBCMA 水平与骨髓浆细胞百分比 (PC%) 及血清游离轻链 (sFLC) 水平行相关性分析。

结果 共检测 73 例受试者样本, 包括 38 例 MM 患者和 35 例对照 (16 例健康人和 19 例非 MM 其他血液病患者)。对照组 (健康和非 MM) sBCMA 均值为 28.9 (5.2~62.2) ng/ml; 在初诊和复发的 MM 患者中 sBCMA 均值为 317.8 (66.6~662.9) ng/mL; sBCMA 水平在初诊或复发的 MM 患者中显著高于对照组 ($p<0.01$)。在对治疗有反应的患者中 sBCMA 均值为 22.7 (3.1~43.8) ng/ml。sBCMA 水平在治疗未缓解或复发的患者中均值为 353.9 (168.0~662.9) ng/ml, 显著高于对治疗有反应的患者 ($p<0.01$)。MM 患者 sBCMA 水平与 PC% 之间存在显著相关性 ($r=0.792;p<0.01$)。MM 患者 sBCMA 水平与 sFLC 水平存在显著相关性 ($r=0.867;p=0.002$)。

结论 sBCMA 水平升高与 MM 复发、耐药及瘤负荷相关指标正相关, 提示 sBCMA 可能作为一种 MM 疾病进展的监测标记物应用于临床。

PO-1708

1 例多发性骨髓瘤患者输注达雷尤妥单抗以意识障碍为首发症状的护理

周盼、杜欣、曾荔、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 总结 1 例多发性骨髓瘤患者输注达雷尤妥单抗以意识障碍为首发症状的护理。

方法 成立专职化护理小组，对小组成员进行相关知识的培训与学习；建立突发性意识障碍应急包，包括：压舌板，舌钳，约束带，开口器，纱布；设计意识评估量表病情观察表、建立意识障碍应急处理 SOP；建立达雷尤妥单抗递增式输注标准流程及不良反应的应急处理流程；密切观察患者的意识、生命体征变化及各项相关的实验指标，准确记录患者的出入量；采用 SBAR 交班模式，全面的了解患者的病情变化，针对性的制定护理措施；采用集束化护理方法对患者进行中心静脉管道的护理；每日对患者进行疼痛动态评估，根据疼痛分值按照癌性疼痛三阶梯治疗原则给药。

结果 经采取上述全面、标准化、个性化的护理，患者均病情好转，意识恢复，各项相关的实验指标正常，未发生跌倒坠床及自身意外伤害。

结论 精细化、标准化及个性化的个案管理有效地保证了患者各项治疗的顺利进行，对于改善患者的预后，促进患者康复至关重要。

PO-1709

多发性骨髓瘤新预后模型的构建与验证

侯方圆、段衍超、赵建昊、王珊珊
山东第一医科大学第二附属医院

目的 国际骨髓瘤工作组将多发性骨髓瘤定义为外周血涂片中循环浆细胞小于 5%，当前国际上尚未有针对 <5% 这部分患者的精准预测模型，本研究通过构建列线图模型个体化地来预测新诊断多发性骨髓瘤患者的总生存期（OS，overall survival），无进展生存期（PFS，progression-free survival）。

方法 纳入符合新诊断标准的 132 例多发性骨髓瘤患者的临床资料，包括实验室检查、治疗方案、OS、PFS 等。采用 Cox 回归对进行单变量及多变量分析，基于多因素回归中独立预后因素构建列线图模型，并使用 Bootstrap 法重抽样 1000 次进行内部验证，一致性指数（C-index）、受试者工作特征（ROC）曲线及曲线下面积（AUC）、校准曲线及决策曲线分析（DCA）验证模型的可靠性。

结果 根据多因素分析的结果，构建 OS、PFS 的列线图预测模型，进一步验证得到预测模型的一致性参数、内部验证的 C-index、AUC、DCA 方面均显示较好的个体预测效果，校正曲线与理想曲线较好拟合。根据模型分值对每位患者进行赋分，根据 ROC 曲线取最大约登指数确认最佳临界值，依此将患者划分为高危组、低危组，两组生存分析具有统计学差异。

结论 本次研究构建的预测模型可以为新诊断多发性骨髓瘤患者预测 OS、PFS 提供更为简洁、个体化的模型和风险评估。

PO-1710

基于疼痛自评表的个性化护理干预 对多发性骨髓瘤疼痛护理中的应用

杜金叶

山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 探讨多发性骨髓瘤疼痛基于疼痛自评表的个性化护理干预下在医院临床科室疼痛护理实践中的应用效果

方法 选取 36 例多发性骨髓瘤骨痛患者作为研究对象随机分为对照组和观察组各 18 例。两组患者入院后均实施常规药物镇痛治疗，对照组实施常规护理，观察组在常规护理基础上实施基于疼痛自评表的个性化护理干预。评估护理干预对患者疼痛评分、心理状态评分及睡眠质量的影响

结果 基于疼痛自评表的个体化护理干预后，观察组的疼痛评分、心理状态评分及睡眠质量明显高于对照组（ P 均 <0.05 ）。

结论 基于疼痛自评表的个性化护理干预可以明显改善多发性骨髓瘤患者的癌性疼痛、睡眠障碍及焦虑抑郁问题

PO-1711

来那度胺治疗多发性骨髓瘤中耐药机制的研究

董照

邢台市第一医院

目的 多发性骨髓瘤（multiple myeloma, MM）是一种浆细胞恶性克隆性疾病，随着对其发病机制的认识不断深入，治疗方法越来越多，效果也越来越好。免疫调节剂的加入提高了治疗效果。来那度胺是目前最常用的免疫调节剂（immunosuppressors, IMiDs），在 MM 诱导治疗、巩固治疗、维持治疗阶段均发挥重要作用，但是随着用药时间延长，会有一些患者出现耐药。目前国内关于来那度胺治疗耐药机制的研究相对较少，本文结合国内外相关文献对来那度胺治疗过程中出现耐药的情况作一综述。

方法 学习目前相关文献，总结来那度胺的耐药机制，多发性骨髓瘤的治疗中出现耐药可能的原因，对耐药机制的应对措施的研究，来解决来那度胺在 MM 治疗中的耐药问题。

结果 (1) CRBN 的低表达是 MM 对 IMiDs 耐药的最常见的机制。

(2) CRBN 突变和 MAPK 突变可能与 IMiD 治疗的耐药性有关。

(3) WNT/ β -catenin 信号通路与 MM 细胞中 IMiD 耐药性的增加有关。

(4) 粘蛋白 1（MUC1）C 端跨膜亚基（MUC1-C）是来那度胺耐药多发性骨髓瘤的靶点。

(5) CCL20 在来那度胺耐药 U266 细胞的表达降低，提示 CCL20 低表达可能参与来那度胺的耐药形成。

那度胺的耐药形成。

(6) SORT1/LAMP2 介导的细胞外囊泡（Extracellular vesicle, EV）分泌和细胞粘附与 MM 的来那度胺耐药性可能有关。

结论 免疫紊乱是多发性骨髓瘤发生、发展的关键因素，重塑免疫微环境稳态是免疫治疗的基本策略和目的。随着对肿瘤免疫微环境的研究不断深入，将有利于优化免疫治疗策略，提高免疫治疗的有效性和安全性，也可以为肿瘤免疫治疗揭示新的治疗靶点。到目前为止，来那度胺的耐药性还没有很好地被描述，通过了解导致耐药性出现的机制，就有可能设计出新的治疗方案，可以克服耐药性，或者可以完全防止耐药性的出现。

PO-1712

多发性骨髓瘤患者 NLR 水平 与 T 淋巴细胞亚群的相关性及对肾功能的影响

凌逸鹏、陈兵、曾慧、周东明
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 探讨多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 患者外周血中性粒细胞与淋巴细胞比值 (neutrophil to lymphocyte ratio, NLR) 与 T 淋巴细胞亚群的相关性及对肾功能的影响。

方法 选择 2016 年 6 月-2022 年 5 月在南京鼓楼医院接受诊治的 202 例多发性骨髓瘤患者, 设为 MM 组; 选择同期在南京鼓楼医院就诊的健康供者 50 例, 设为健康对照组。比较 2 组研究对象 NLR 水平、外周血 T 细胞亚群及 NK 细胞水平, Pearson 法分析 MM 组中 NLR 与 T 细胞亚群水平的相关性。另将 MM 组分为高 NLR 水平组 (NLR \geq 2.69, 74 例) 和低 NLR 水平组 (NLR $<$ 2.69, 128 例), 进行 2 组肌酐清除率、肾小球滤过率的比较。

结果 MM 组中 NLR、CD8+ 水平明显高于健康对照组 [2.81 \pm 0.64 vs 1.54 \pm 0.44, (48.25 \pm 4.32) % vs (21.36 \pm 3.21) %, $P<0.05$], CD3+、CD4+、CD4+/CD8+ 水平明显低于健康对照组 (均 $P<0.05$), NK 细胞水平比较差异无统计学意义 ($P>0.05$)。MM 患者 NLR 水平与 CD3+、CD4+、CD4+/CD8+ 呈负相关 ($r=-0.52$ 、 -0.41 、 -0.57 , 均 $P<0.05$), 与 CD8+ 呈正相关 ($r=0.36$, $P<0.05$)。高 NLR 组肌酐清除率、肾小球滤过率明显低于低 NLR 组 (均 $P<0.05$)。

结论 MM 患者 CD3+、CD4+、CD4+/CD8+ 水平明显低于健康人群, NLR、CD8+ 水平明显高于健康人群, 机体 NLR 水平与患者肾功能密切相关, 高 NLR 水平提示 MM 患者的肾功能差。

PO-1713

适合移植 NDMM 患者的治疗模式演变---单中心 17 年随访结果

李晓哲、李娟
中山大学附属第一医院

目的 本中心自 2007 年开始应用含新药方案诱导序贯 ASCT、维持治疗的整体策略治疗 MM 患者, 随着新药可及性、精准分层及治疗管理模式演变, 近十几年 MM 患者的疗效和生存期有了很大进步, 现将本中心 17 年的诊疗动态进行总结。

方法 回顾性分析了本中心 2007-2023 年行移植的 MM 患者, 并划分三个时间阶段 (2007-2012, 2013-2018, 2019-2023)。

结果 本研究共入组 427 例次 ASCT 患者, 中位随访时间 49.1 (5.6-194.5) 个月。MM 患者行 ASCT 的数量逐年增加, 其中 tandem 移植、挽救移植及 \geq 65 岁患者移植数量逐渐升高; 诱导化疗方案逐渐从两药方案变为三药或四药方案, 并根据危险分层进行精准治疗, 动员方案中 HDCTX 联合长效 G-CSF 以及按需使用普乐沙福数量增加, 动员 1 次成功率逐渐增加 (2007-2012: 83.60%; 2019-2023: 96.40%); 维持治疗方案从以反应停和/或干扰素为主逐渐过渡到以 R/V/D/Dara/KP 为主; 患者诱导后及移植后 \geq VGPR 率从 65.6%, 81.2% (2007-2012) 升至 81.0%, 90.8% (2019-2023), 总体中位 OS 为 111.5 个月, 5 年 OS 从 57.3% (2007-2014 年) 增加至 70.4% (2019-2023 年)。在多变量分析中, ISS 分期晚期、伴 HRCA、继发淀粉样变性、EMD、M 蛋白下降模式、PLT $<100\times 10^9/L$ 以及移植后 MRD 阳是 PFS 较差的因素。

结论 通过总结本中心 17 年来行 ASCT 的 MM 患者的临床特点、转归及诊疗模式演变, 阐明多发性骨髓瘤的管理变化, 也是中国多发性骨髓瘤中心的诊疗动态一个缩影。

PO-1714

新诊断多发性骨髓瘤不同高危细胞遗传学及其组合对预后的差异影响

卢晓微、李娟
中山大学附属第一医院

目的 多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 是一种遗传多样性的恶性肿瘤, 不同的遗传学背景对预后有较大影响。目前关于高危骨髓瘤的定义不统一, 不同双打击/三打击 MM 组合患者预后是否有差别的研究相对较少。本研究通过生存分析, 分析 MM 不同高危细胞遗传学及其组合的预后意义。

方法 回顾性地分析了 2012 年 6 月至 2022 年 6 月十年期间, 本中心确诊的 642 例多发性骨髓瘤患者的临床资料。

结果 1. 研究发现伴随单个高危细胞遗传学异常时, del(1p)患者预后较好, 而 t(14;16)患者预后最差。伴随 1q21+和 t(4;14)患者与其他类型的双打击/三打击 MM 相比, 具有更好的生存。在以蛋白酶体抑制剂为主的诱导治疗队列中, 两者的中位无进展生存期为 35.3 个月 vs. 16.7 个月 ($p=0.026$), 中位总生存期为 70.7 个月 vs. 26.9 个月 ($p=0.021$)。2. 同样地, 在接受移植治疗的双打击/三打击 MM 患者中, 伴随有 1q21+和 t(4;14)的患者显示出更长的生存趋势, 但无显著统计学差异。双次移植中, 伴随 1q21+和 t(4;14)患者的获益较其他类型的双打击/三打击 MM 明显, mPFS 为 52.8 个月 vs. 20.2 个月 ($P=0.018$), mOS 为均未达到 (NR) ($P=0.106$)。3. 此外, 与其它类型双打击/三打击 MM 相比, 伴随 1q21+和 t(4;14)的患者中有 58%的非常好的部分缓解 (very good partial response, VGPR), 而其它类型双打击/三打击 MM 为 34% ($p=0.031$)。

结论 本研究结果表明, 伴随单个高危细胞遗传学因素时, del(1p)患者预后较好, 而 t(14;16)患者预后最差。与其它类型双打击/三打击 MM 相比, 同时存在 1q21+和 t(4;14)易位的患者展现出相对较好的生存。

PO-1715

口服与静脉美法仑预处理在多发性骨髓瘤移植中的比较

何智彬、刘俊茹、李娟
中山大学附属第一医院

目的 比较多发性骨髓瘤患者应用口服和静脉美法仑预处理的有效性、安全性及经济学效益。

方法 回顾性分析 2020 年 1 月至 2023 年 10 月接受美法仑片口服 (230 mg/m²) 23 例患者, 并匹配基线资料大致相同的静脉美法仑 (200 mg/m²) 预处理的患者 35 例患者。

结果 ①两组预处理出现粒缺中位时间相同, 但存在差异。口服组发热持续时间较静脉组明显缩短, 口服组粒细胞缺乏持续时间短于静脉组。粒系、巨核系重建时间口服组均早于静脉组。两组血小板减少的天数、血小板输注次数、抗生素使用种类及住院时间无差异。多因素分析显示口服组预处理促进 PLT 重建, 回输 CD34+细胞数越多, 越促进 ANC 和 PLT 的重建。②口服组患者对比静脉组发生腹泻、黏膜炎、上呼吸道感染患者更少。③口服组预处理平均费用是静脉组的 16.3%, 住院总费用为静脉组的 51.37%。④两组移植后疗效进步率、MRD 转阴率无差异, 两组患者移植前至移植后 2 年的疗效及 MRD 阴性率均无差异。⑤两组患者中位 OS 和 PFS 均未达到, 两组患者 1 年、2 年的 OS 和 PFS 均无差异。

结论 美法仑口服组造血重建早于静脉组, 口服组的移植后非血液学不良事件少, 经济效益大于静脉组, 口服美法仑可获得与静脉组类似的疗效及长期生存受益。

PO-1716

雷公藤内酯醇调控 miR-381/HMGB1 对多发性骨髓瘤细胞增殖的影响

徐成波、胡敏、杨恩爱、齐彦、廖斌
福建省人民医院

目的 探讨雷公藤内酯醇调控 miR-381/HMGB1 对多发性骨髓瘤细胞增殖的影响及机制。

方法 采用 MTT 法检测不同对照组，分别为空白对照组、TPL 组、miR-381 mimic 组、miR-381 mimic NC 组、miR-381 inhibitor 组、miR-381 inhibitor NC 组和 miR-381 mimic+TPL 组，对 RPMI8226 细胞增殖的影响，MTT 法检测细胞的增殖活性，重亚硫酸盐测序法（BSP）检测 miR-381 的甲基化水平，实时荧光定量 RT-PCR 检测 miR-381 的表达水平，使用生物信息学在线软件 Target Scan (<http://www.targetscan.org>) 进行靶基因预测 miR-381 与 HMGB1 靶向关系，Western blot 检测 CREB1 的蛋白表达水平。

结果 TPL 作用 RPMI 8226 细胞 48 小时后，MTT 结果显示 TPL 组细胞增殖活性下降，与 Control 组细胞 OD 值比较 (0.36 ± 0.06 比 0.83 ± 0.05 , $t=11.29$, $P<0.05$)，差异有统计学意义，TPL 组细胞增殖抑制率为 56.6%。实时荧光定量 RT-PCR 结果显示 TPL 组 miR-381 表达水平升高，Western blot 结果显示 TPL 组 HMGB1 表达水平明显下降。miR-381 inhibitor 转染细胞后，MTT 结果显示 miR-381 inhibitor 组细胞增殖活性进一步升高，Western blot 结果显示 miR-381 inhibitor 组 HMGB1 表达水平显著上调。miR-381 mimic 转染细胞后，MTT 结果显示 miR-381 mimic 组细胞增殖活性降低，Western blot 结果显示 miR-381 mimic 组 HMGB1 表达水平降低。经 Target Scan (<http://www.targetscan.org>) 在线软件进行靶基因预测分析 HMGB1 是 miR-381 潜在的靶基因，荧光素酶活性实验显示 miR-381 mimic 转染组的荧光素酶活性明显降低。Si-HMGB1 转染细胞后，MTT 结果显示 Si-HMGB1 组细胞增殖活性降低，Western blot 结果显示 Si-HMGB1 组 HMGB1 表达水平显著降低。

结论 RPMI8226 细胞中 miR-381 甲基化沉默是促进细胞增殖的重要原因，TPL 通过逆转 miR-381 甲基化修饰状态，诱导恢复表达，并靶向调控 HMGB1 基因从而抑制 RPMI8226 细胞的增殖，该研究为探索 TPL 的抗 MM 作用机制奠定了理论基础。

PO-1717

嵌合抗原受体 T 细胞和双特异性 T 细胞接合器治疗复发/难治性 多发性骨髓瘤的疗效及安全性比较：系统回顾和荟萃分析

安慧华、李娟
中山大学附属第一医院

目的 在真实世界中，靶向 BCMA 的免疫疗法对 R/RMM 显示出良好的疗效。本研究对目前靶向 BCMA 的 CAR-TT 细胞治疗与 BiTEs 的临床研究进行了系统回顾及荟萃分析，旨在为临床上的 R/RMM 患者选择靶向 BCMA 的免疫疗法时能有所参考。

方法 系统检索 PubMed (MEDLINE)、EmBase 和 Cochrane 数据库，以及其他来源检索到会议报告。纳入随机对照试验和单臂试验，这些试验必须报告中位随访期和完整范围，以及至少一项以下疗效结局：总体缓解、完全缓解或更好、非常好的部分缓解或更好或微小残留病灶阴性。

结果 共确定了 819 篇发表刊物，12 篇描述 12 项研究的出版物符合纳入标准。在各疗效评估效应量对比结果中，两组 OR 率及 MRD-率无显著统计学差异 ($P>0.05$)，两组 \geq CR 率及 \geq VGPR 率有显著统计学差异 ($P<0.05$)。在安全性评估部分，两组发生各级 CRS 概率对比无显著统计学

差异 ($P>0.05$)，两组发生 ≥ 3 级 CRS 概率、各级神经毒性概率及 ≥ 3 级神经毒性概率对比有明显统计学差异 ($P<0.05$)；两组发生各级贫血的概率无显著统计学差异 ($P>0.05$)，两组发生各级粒细胞缺乏、血小板减少及淋巴细胞减少的概率有明显统计学差异 ($P<0.05$)。

结论 靶向 BCMA 的 CAR-T 细胞疗法能显著加深 R/RMM 患者的缓解深度；对于有发生高级别不良反应的风险的 R/RMM 患者，选择 BiTEs 更可能获益。

PO-1718

多发性骨髓瘤患者运动干预的范围综述

李佳遥、于姗姗、彭映、战迪
吉林大学第一医院

目的 系统分析运动干预在多发性骨髓瘤患者康复中应用的相关研究，识别运动干预的具体内容、结局指标和应用效果，以期为医护人员开展相关干预提供参考。

方法 根据范围综述的研究方法，计算机检索中国知网、万方数据库、中国生物医学文献数据库、Cochrane Library、PubMed、Embase 等国内外数据库，检索时限为 2013 年 1 月 1 日至 2023 年 10 月 20 日。对纳入文献进行筛选、汇总和分析。

结果 共纳入 14 项研究，其中 8 篇随机对照试验，4 篇单臂试验，1 篇回顾性队列研究，1 篇类实验研究。运动类型包括有氧运动、抗阻力运动和北欧步行训练；运动强度多为轻中度，频率多为 3~5 次/周，30~60 min/次。运动干预对多发性骨髓瘤患者的疲乏状态、活动能力、生活质量、心理状态具有积极意义。

结论 运动干预具有整体性、动态性和综合性，长期坚持运动对多发性骨髓瘤患者有积极的应用效果。未来研究应注重探究最佳的运动干预策略、制订规范统一的评价标准，依据多发性骨髓瘤患者的病情和身体功能状态，制订科学、适用、易学、规范和可持续进行的多发性骨髓瘤患者运动干预方案。

PO-1719

CD56 表达在新诊断多发性骨髓瘤患者中的预后意义分析

马梦姣、房佰俊、王耀美
河南省肿瘤医院

目的 探讨 CD56 表达差异对于多发性骨髓瘤患者预后的影响，进一步分析自体造血干细胞移植对其影响。

方法 收集近 7 年于我院初诊的多发性骨髓瘤患者，根据其 CD56 表达将其分为 CD56 阳性组及阴性组，对比两组之间的临床特征及生存时间，同时分析自体造血干细胞移植对患者预后的意义。

结果 1. 收集多发性骨髓瘤患者 230 例，CD56 阴性组的具有更高的 IgD 分型、 $\beta 2$ -MG、ISS 分期，且更容易合并髓外侵犯。两组在性别、年龄、白蛋白、血红蛋白、血钙、乳酸脱氢酶、肌酐、DS 及 R-ISS 分期之间无统计学差异。

2. 对两组患者进行生存分析，结果显示 CD56 阳性组及阴性组的 PFS 分别为 34 个月及 26 个月，中位 OS 分别为未达到及 50 个月，PFS ($P=0.007$) 和 OS ($P=0.014$) 均具有统计学差异。进一步行单因素及多因素分析，CD56 是影响多发性骨髓瘤患者 PFS 的独立因素，与 OS 无关。

3. 根据是否进行自体造血干细胞移植对患者进行分组，CD56 阳性组中，ASCT 组的 PFS 及 OS 更长。CD56 阴性组中，是否行 ASCT 对其生存影响不大。

结论 1. CD56 阴性多发性骨髓瘤患者预后更差。

2.自体造血干细胞移植可以改善 CD56 阳性患者生存,对 CD56 阴性患者生存影响不大。

PO-1720

多发性骨髓瘤伴髓外病变单中心回顾性分析

李伟、王耀美、房佰俊
河南省肿瘤医院

目的 多发性骨髓瘤伴髓外病变 (extramedullary disease,EMD) 患者治疗效果不佳,预后相对较差,目前尚无标准治疗方案。通过对 EMD 患者进行回顾性分析,了解其临床特征以及生存差异等,为临床提高这类患者的疗效提供帮助。

方法 纳入于郑州大学附属肿瘤医院血液科就诊的 196 例 EMD 患者,根据髓外病变发病时间不同,分为原发性 EMD 和继发性 EMD,分析两组间的临床特征和生存差异。根据治疗方案的不同进行分组,采用倾向性评分匹配法进行配对,分析对 EMD 患者预后的改善情况。

结果 1、原发性 EMD 组患者的中位 OS 为 72 个月,继发性 EMD 组的中位 OS 为 45 个月,预计 3 年 OS 率分别为 82.1%和 54.7%,差异具有统计学意义。

2、原发性 EMD 患者的治疗上:含泊马度胺和不含泊马度胺两组的中位 OS 均未达到,含泊马度胺组预计 2 年 OS 率为 94.9%,不含泊马度胺组预计 2 年 OS 率为 87.3%,差异有统计学意义 ($P=0.026$);含卡非佐米和不含卡非佐米两组的中位 OS 均未达到,含卡非佐米组预计 2 年 OS 率为 100%,不含卡非佐米组预计 2 年 OS 率为 85.4%,差异有统计学意义 ($P=0.028$)。进行 ASCT 和未进行 ASCT 两组的中位 OS 均未达到,进行 ASCT 组预计 2 年 OS 率为 96.6%,未进行 ASCT 的 2 年 OS 率为 87.0%,差异有统计学意义 ($P=0.015$);含多柔比星脂质体组的中位 OS 为 72 个月,不含多柔比星脂质体组的中位 OS 为 65 个月,含多柔比星脂质体组预计 2 年 OS 率为 91.2%,不含多柔比星脂质体组的预计 2 年 OS 率为 92.9%,差异无统计学意义 ($P=0.608$);

3、继发性 EMD 组的治疗上,含泊马度胺组的中位 OS 为 45 个月,不含泊马度胺组的中位 OS 为 49 个月,含泊马度胺组预计 2 年 OS 率为 80.3%,不含泊马度胺组预计 2 年 OS 率为 59.8%,差异无统计学意义 ($P=0.373$);含卡非佐米组的中位 OS 为 58 个月,不含卡非佐米组的中位 OS 为 50 个月,含卡非佐米组预计 2 年 OS 率为 90.0%,不含卡非佐米组预计 2 年 OS 率为 72.7%,差异有统计学意义 ($P=0.046$);进行 ASCT 的中位 OS 为 50 个月,未进行 ASCT 组的中位 OS 为 49 个月,进行 ASCT 组预计 2 年 OS 率为 65.9%,未进行 ASCT 的预计 2 年 OS 率为 66.3%,差异无统计学意义 ($P=0.755$);含多柔比星脂质体组的中位 OS 为 52 个月,不含多柔比星脂质体组的中位 OS 为 45 个月,含多柔比星脂质体组预计 2 年 OS 率为 83.1%,不含多柔比星脂质体组的预计 2 年 OS 率为 51.6%,差异有统计学意义 ($P=0.010$)。

结论 1、继发性 EMD 患者的预后显著差于原发性 EMD 患者。

2、泊马度胺、卡非佐米、ASCT 可改善原发性 EMD 患者的生存期。

3、卡非佐米、多柔比星脂质体可改善继发性 EMD 患者的生存期。

PO-1721

靶向泛素 C 端水解酶 L1 杀伤 MM 的机制研究

刘月、顾伟英、曹阳
常州市第一人民医院

目的 异常的蛋白质分泌和折叠是多发性骨髓瘤 (MM) 的特征。尽管蛋白酶体抑制剂在治疗中起关键作用,但耐药问题日益突出,因此需要发现新的治疗靶点。

方法 使用 Oncomine 数据库检测了 MM 患者中泛素 C 端水解酶 L1 (UCHL1) 的表达情况, 并进行了 UCHL1 的敲除实验。转录组测序分析了 UCHL1 敲除对细胞基因表达的影响, 并研究了 UCHL1 抑制剂在 MM 细胞中的作用机制和抗肿瘤效应。

结果 我们的研究表明, UCHL1 在 MM 中发挥着重要作用。Oncomine 数据库分析显示 UCHL1 在 MM 细胞中高水平表达与较短的总生存期相关。敲除 UCHL1 后, MM 细胞的增殖受到显著抑制, 细胞凋亡显著增加, 并且出现了 G2/M 期阻滞。此外, 我们发现 UCHL1 敲除触发了内质网应激, 并导致 ER 应激相关蛋白的上调。进一步的转录组测序分析确定了多个富集的信号通路, 尤其是 ER 应激。另外, UCHL1 抑制剂 LDN-5744 显示出对 MM 细胞系的选择性抑制效果, 并且能够通过激活 ER 应激诱导细胞凋亡, 显示出抗 MM 的效应。最后, 我们发现 LDN-5744 能够克服硼替佐米 (BTZ) 耐药, 并且与 BTZ 表现出协同作用, 提示 UCHL1 抑制剂可能具有一种与传统蛋白酶抑制剂不同的诱导 ER 应激的机制。

结论 发现 UCHL1 作为 MM 治疗的潜在靶点为治疗提供了新的方向。未来的研究应进一步阐明 UCHL1 的分子机制及在临床中的潜在价值。

PO-1722

全基因拷贝数变异在新诊断多发性骨髓瘤的预后意义分析

颜可泰^{1,2}、胡雨菡^{1,2}、纪旭^{1,2}、高雪^{1,2}、杜建伟^{1,2}、董丽华^{1,2}、刘玉章^{1,2}、房佰俊^{1,2}、李玉富^{1,2}、林全德^{1,2}

1. 郑州大学附属肿瘤医院

2. 河南省肿瘤医院

目的 探讨全基因拷贝数变异(CNV)分析技术在新诊断多发性骨髓瘤 (MM) 患者临床预后分析中的价值。

方法 共纳入 2016 年 6 月 8 日至 2023 年 3 月 30 日在郑州大学附属肿瘤医院就诊的 81 例初诊 MM 患者的临床资料, 通过分析患者骨髓血细胞全基因组低深度测序 (sWGS) 来评估基因拷贝数变异情况。

结果 1. 在 55 例 (69.6%) 患者中检测到拷贝数变异。突变频次最多的是 1q 异常 (27 例, 49.1%), 其余依次是 13 号染色体异常: 26 例, 47.3%; 6 号染色体异常: 22 例, 40.0%; 11 号染色体异常: 19 例, 34.5%; 8 号染色体异常: 18 例, 32.7%; 14 号染色体异常: 14 例, 25.5%; 17 号染色体异常: 11 例, 20.0%。2. CNV 异常组 CR 率为 14/55(25.45%), 低于未检出 CNV 异常组 CR 率 11/24(45.83%)。CNV 异常组 MRD 转阴率 12/55(21.82%), 低于未检出 CNV 异常组 MRD 转阴率 14/24(58.33%)。3. 在 79 例患者中, FISH 检测异常患者 17 人, FISH 检测异常率为 17/79 (21.52%); CNV 检出异常患者 55 人, CNV 检出异常率为 55/79 (69.62%), CNV 检出异常率高于 FISH 检测异常率。4. 与未检出拷贝数变异组相比, 拷贝数变异组的 PFS 更短 ($p=0.010$, 95%CI 6.073-67.387) 但拷贝数变异组的 OS 与未检出拷贝数变异组相比差异无统计学意义 ($p=0.175$); 在 FISH 阴性的患者中, 与未检出 CNV 异常组患者相比, CNV 异常组患者的 PFS 更短 ($p=0.015$), 但两组的 OS 相比差异无统计学意义 ($p=0.245$)。

结论 1. 全基因拷贝数变异分析能够辅助判断 MM 患者预后, 相比于 FISH 等检测方法, 敏感度更高。2. 1q、17、8、11、13 号染色体位点拷贝数变异的患者 PFS 更短。

PO-1723

二代测序基因检测在新诊断多发性骨髓瘤中的预后意义分析

胡雨菡^{1,2}、颜可泰^{1,2}、纪旭^{1,2}、侯降雪^{1,2}、高雪^{1,2}、杜建伟^{1,2}、刘玉章^{1,2}、房佰俊^{1,2}、李玉富^{1,2}、林全德^{1,2}

1. 郑州大学附属肿瘤医院

2. 河南省肿瘤医院

目的 探讨二代测序基因检测在新诊断多发性骨髓瘤患者的临床预后意义。

方法 统计 2019 年 2 月至 2023 年 3 月在郑州大学附属肿瘤医院进行 NGS 检测的 112 名 NDMM 就诊患者的临床资料，分析不同突变类型患者的无进展生存期（PFS）和总生存时间（OS）。

结果 1. 接受统计学分析的 112 例患者中，检测出基因异常患者 59 例（52.68%），未检出基因异常患者 53 例（47.32%）。具体基因异常情况包括 CCND1 拷贝增多（17.86%）、KRAS 突变（15.18%）、FGFR3 拷贝增多（11.61%）、CCND2 拷贝增多（4.46%）、MYC 拷贝增多（4.46%），TP53 突变（4.46%）等。2. 基因异常组患者的 PFS，较未检出基因异常组患者显著更短（两组的 mPFS 均未达到， $P=0.006$ ），OS 也更短（两组 mOS 均未达到， $P=0.021$ ）。3. NGS 相比 FISH，基因异常结果检出率更高（52.7% vs 24.1%， $P<0.001$ ），灵敏度更高。在 FISH 定义为标危的患者中，NGS 异常组的 PFS 较 NGS 未检出异常组显著更短（两组 mPFS 均未达到， $P=0.002$ ）；两组之间 OS 差异无统计学意义（两组 mOS 均未达到， $P=0.160$ ）。

结论 1. NGS 检出基因异常患者预后不良。2. NGS 相较 FISH 检测，敏感度更高，拥有更高的预后预测价值。

PO-1724

多发性骨髓瘤与前列腺癌的孟德尔随机化研究

王晶、吕成兰、周东明、周敏

南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 基于 SEER 数据库的研究发现，前列腺癌是多发性骨髓瘤继发二次肿瘤的主要类型，约占 15%。我们将通过孟德尔随机化探讨多发性骨髓瘤与前列腺癌之间的因果关系。

方法 孟德尔随机化是一种基于遗传变异的因果推断方法，其基本原理是利用自然界中的随机分配的基因型对表型的影响来推断生物学因素对疾病的影响。多发性骨髓瘤（ieu-b-4957）和前列腺癌（ukb-b-13348）患者数据来源于 IEU 的 GWAS 数据库。利用逆方差加权法进行两样本孟德尔随机化研究，以 OR 值及 95%CI 代表多发性骨髓瘤与前列腺癌的关联。

结果 我们的孟德尔随机化分析发现，基因测定的多发性骨髓瘤与前列腺癌因果关系比值比（OR）=0.97，95%置信区间（CI）=（0.51，1.88）， $P=0.932$ 。反向孟德尔随机化分析发现，前列腺癌与多发性骨髓瘤的因果关系比值比（OR）=1.02，95%置信区间（CI）=（0.99，1.05）， $P=0.186$ 。

结论 研究结果表明，在孟德尔随机化假设下，多发性骨髓瘤与前列腺癌之间不存在因果关系。

PO-1725

G3BP1 是多发性骨髓瘤患者预后不良的独立预测因素

王晶、吕成兰、周东明、周敏
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 G3BP1 (Ras-GTPase-activating protein SH3 domain-binding protein 1) 是 Ras 活性的负反馈调节因子-RasGTP 酶活化蛋白 SH3 结构域的特异结合蛋白, 是 Ras 信号传导通路中重要的调控分子和下游靶分子。研究发现, G3BP1 在多种肿瘤组织和细胞中高表达, 并且能够通过多种信号传导途径参与调节肿瘤的增殖、侵袭。本研究探讨其在多发性骨髓瘤中的表达、生物学作用及预后意义。

方法 运用生物信息学方法, 使用 MMRF 数据集和 Kmlplot 数据库预测 G3BP1 在骨髓瘤中的表达、生物学作用及预后意义。

结果 ①G3BP1 在高危骨髓瘤患者中高表达; G3BP1 高表达患者的预后(总生存和无进展生存) 差于低表达患者($P < 0.05$); ②多因素 Cox 风险比例回归模型分析结果显示, G3BP1 是骨髓瘤患者独立的预后因素($P < 0.05$); ③G3BP1 高表达患者存在 Ras 和 p53 信号通路激活。

结论 G3BP1 表达水平是骨髓瘤患者预后不良的独立预测因素, 可作为评估预后的肿瘤标志物, 而靶向 G3BP1 的药物开发可能为骨髓瘤的治疗开辟新的治疗策略。

PO-1726

基于奥马哈系统的延续护理在老年多发性骨髓瘤患者中的应用

毛瑞
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨基于奥马哈系统的延续护理在老年多发性骨髓瘤患者中的应用效果。

方法 选取 2023 年 1 月至 2024 年 1 月期间我院接收的老年多发性骨髓瘤患者 102 例作为研究对象, 根据抽签法分为对照组和观察组各 51 例。对照组给予常规护理, 观察组在对照组护理基础上给予基于奥马哈系统的延续护理干预, 两组均干预 1 个月, 比较两组行为、现状、认知评分及生活质量评分。

结果 两组干预 1 个月后的行为、现状、认知及生活质量评分均较干预前增高, 且观察组干预 1 个月后的上述评分均优于对照组, 差异有统计学意义($P < 0.05$); 两组干预 1 个月后的生活质量评分均较干预前增高, 且观察组干预 1 个月后的生命质量评分优于对照组, 差异有统计学意义($P < 0.05$)。

结论 基于奥马哈系统的延续护理应用于老年多发性骨髓瘤患者中, 可有效改善患者心理及认知状态, 增强病人战胜疾病的信心, 提高了病人生活质量及满意度。

PO-1727

流式细胞术检测多发性骨髓瘤微小残留病

周敏、刘锦雯、徐勇、邵晓雁、陈兵
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 探讨流式细胞术检测多发性骨髓瘤 (Multiple Myeloma, MM) 患者骨髓微小残留病 (Minimal Residual Disease, MRD) 的作用和意义。

方法 采用贝克曼库尔特公司的十色流式细胞仪检测 MRD, 检测方案为 Kappa-FITC, Lambda-PE, CD19-ECD, CD117-PC5.5, CD56-PC7, CD138-APC, CD81-APC-A700, CD38-APC-A750, CD27-

PB, CD45-KRO, 抗体均来自贝克曼库尔特公司, 收集至少 1000000 万个 WBC, 阳性判断: 1000000 个 WBC 中检测到>20 个克隆性异常浆细胞。从 2018 年 5 月至 2021 年 12 月, 我们共检测了 526 例次 MM 患者的 MRD。

结果 (1) 随访至 2022 年 5 月, MRD 阳性组和阴性组的生存曲线如图 2.所示, MRD 阳性组患者三年的 OS 和 PFS 均显著低于 MRD 阴性组 ($P<0.001$), MRD 阳性组的中位生存期为 856 天, MRD 阴性组未达到, 提示 MRD 结果对 MM 患者的预后具有重要作用。(2) 比例风险回归模型统计的结果显示: 四个临床参数中, MRD 和 ISS 分期是影响 OS 的危险因素, MRD 的 HR=8.6, 95%CI: 3.65~20.3, $P<0.001$, ISS 分期的 HR=2.4, 95%CI: 1.06~5.3, $P=0.037$ 。只有 MRD 是影响 PFS 的危险因素 (HR=2.5, 95%CI: 1.44~4.4, $P=0.001$)。

结论 MRD 是判断 MM 患者的治疗效果及预后的重要指标

PO-1728

COMMD3 通过调控细胞铜代谢 促进多发性骨髓瘤转移的机制研究

王亚君、孙春艳、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 多发性骨髓瘤 (Multiple myeloma, MM) 是一种以浆细胞克隆增殖为特征的血液恶性肿瘤。其中, 恶性浆细胞逃离骨髓微环境浸润到骨髓以外的组织, 称为髓外骨髓瘤 (Extramedullary multiple myeloma, EMM), 骨髓瘤伴髓外病变与不良预后相关。本研究深入探讨了 MM 细胞髓外转移的分子机制, 特别关注了 COMMD3/ATOX1-ATP7A-LOX 调控轴在 MM 细胞迁移和铜代谢中的作用。

方法 首先利用生物信息学方法分析了骨髓 (Bone marrow, BM) 和髓外 (Extramedulla, EM) 样本中 COMMD3 的表达, 并通过体外和体内实验验证了该基因的功能。同时, 借助 MMRF-CoMMpass 公共数据库的数据进行了相关基因的生存分析。为了深入研究 COMMD3 的作用机制, 构建了过表达和 RNA 干扰的慢病毒载体, 并成功转染 RPMI8226 和 NCL-H929 细胞系。对 COMMD3 敲低的 MM 细胞进行了 RNA 测序, 以分析 COMMD3 调控的差异表达基因和通路。此外, 利用 CCK-8 法、Transwell 细胞侵袭实验、流式细胞术凋亡实验、Western blot、免疫组织化学染色和 NSG 小鼠异种移植模型等手段, 对 COMMD3 在 MM 中的功能进行了全面验证。

结果 研究结果显示, COMMD3 的高表达与骨髓瘤转移和 MM 患者的不良预后显著相关。通过慢病毒介导的 COMMD3 过表达和敲低实验, 我们发现 COMMD3 过表达显著促进了 MM 细胞的增殖和迁移, 而对凋亡无显著影响; 而 COMMD3 敲低则抑制了这些功能。此外, 我们还发现 COMMD3 调控了细胞内铜离子水平, 并在 COMMD3 高表达的细胞亚群中观察到高水平的 ATOX1 (一种关键的铜转运蛋白) 表达。进一步的研究表明, 敲低 COMMD3 显著降低了 ATOX1 的表达, 利用靶向 ATOX1 的小分子抑制剂可以显著消除 COMMD3 过表达的促肿瘤效应, 提示 COMMD3 对铜代谢调控轴 ATOX1-ATP7A-LOX 具有调控作用。生存分析进一步证实了高水平的 COMMD3、ATOX1、ATP7A 和 LOX 与 MM 患者的不良预后相关。

结论 本研究揭示了 COMMD3 通过激活 ATOX1-ATP7A-LOX 通路促进 MM 转移的分子机制。同时, 我们还揭示了 COMMD3 与铜代谢之间的复杂相互作用, 形成了促进肿瘤进展的正反馈回路。这些发现不仅为理解 EMM 的分子机制提供了新的见解, 还为早期诊断和靶向治疗提供了潜在的生物标志物。

PO-1729

Development and validation of a simple, scoreable model to predict the risk of secondary extramedullary disease in patients with multiple myeloma

Shengke Tu¹, Min Li², Kui Song¹

1. The First Affiliated Hospital of Jishou University

2. Department of Pharmacy, The First Affiliated Hospital of Jishou University

Objective This study retrospectively analyzed the clinical data of multiple myeloma patients with or without EMM in five tertiary general hospitals in Hunan Province, in order to explore the risk factors of secondary EMM in patients with multiple myeloma, and establish the corresponding prediction scoring model, so as to provide a more reasonable guidance strategy for the prevention and treatment of EMM.

Methods 1. The clinical case data of 150 patients with multiple myeloma, including 50 with extramedullary multiple myeloma, were collected from 5 tertiary-level general hospitals in Hunan Province between September 2021 and December 2023. To investigate the risk factors of secondary extramedullary disease in patients with multiple myeloma.

2. The study utilized a cohort of 150 patients with multiple myeloma for modeling purposes. Single-factor and multi-factor analyses were conducted on this cohort to identify risk factors associated with the development of extramedullary multiple myeloma (EMM). The identified risk factors were then assigned values based on the β coefficient to construct a predictive scoring model for the progression of multiple myeloma to EMM. The receiver operating characteristic curve was used to evaluate the prediction accuracy of the model.

Results 1. Multiple linear regression analysis revealed that patients with age <65 years, serum M protein of IgA type, lactate dehydrogenase levels ≥ 245 (U/L), presence of t(4;14) translocation, and bone destruction at ≥ 2 sites were identified as independent risk factors associated with extramedullary disease in patients with multiple myeloma ($P < 0.05$).

2. The ROC curve was constructed for the prediction score, and the AUC value was 0.981 (95%CI: 95.20%-101.10%), the best cut-off value was 0.920 (sensitivity was 0.960, specificity was 0.960), and the prediction model had a high diagnostic value for EMM.

3. Based on the established risk score model, 150 patients with multiple myeloma (MM) were assessed and categorized into three risk levels based on their scores. Patients with scores ranging from 0 to 3 were classified as low-risk, those with scores between 4 and 5 were classified as intermediate-risk, and those with scores between 6 and 8 were classified as high-risk. The distribution of extramedullary myeloma (EMM) cases among the three risk levels were 14%, 42%, and 44% respectively.

Conclusion 1. age < 65 years old, immunoglobulin IgA type, lactate dehydrogenase level ≥ 245 (U/L), t(4;14), bone destruction ≥ 2 were independent risk factors for extramedullary disease in patients with multiple myeloma ($P < 0.05$).

2. This study develops a predictive scoring model for the progression of multiple myeloma to extramedullary multiple myeloma. The model aims to identify high-risk groups for secondary EMM in MM patients, optimize chemotherapy intensity at an early stage, decrease patient mortality, and enhance patient survival rates.

PO-1730

基于真实世界数据探讨中国多发性骨髓瘤相关静脉血栓栓塞症的预防现状及相关风险评分系统的预测价值

王萌、张波、李群、赵菲、胡豫、孙春艳
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 本研究通过统计真实世界中多发性骨髓瘤（multiple myeloma, MM）患者静脉血栓栓塞症（venous thromboembolism, VTE）的预防措施和发生情况，探讨目前中国 MM 相关 VTE 预防存在的问题，并初步检验《多发性骨髓瘤相关静脉血栓栓塞症防治中国专家共识（2022 年版）》提出的 VTE 风险评分系统（简称为中国共识风险评分系统）对中国新诊断多发性骨髓瘤患者（newly diagnosed multiple myeloma, NDMM）发生 VTE 的预测效能。

方法：收集并分析 2018 年 1 月至 2023 年 8 月在我院诊断的 NDMM 患者的临床资料，包括患者基本特征、VTE 预防用药以及 VTE 事件，根据中国共识风险评分系统对患者进行风险评估，并统计 VTE 发生率，根据受试者工作特征曲线（ROC）的曲线下面积（AUC）与 IMPEDE 模型的预测效能进行对比。

方法 收集并分析 2018 年 1 月至 2023 年 8 月在我院诊断的 NDMM 患者的临床资料，包括患者基本特征、VTE 预防用药以及 VTE 事件，根据中国共识风险评分系统对患者进行风险评估，并统计 VTE 发生率，根据受试者工作特征曲线（ROC）的曲线下面积（AUC）与 IMPEDE 模型的预测效能进行对比。

结果 共 428 例 NDMM 患者，VTE 发生率为 9.5%，低危组、高危组和极高危组的 VTE 发生率分别为 3.35%、26.60%和 40.00%，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；低危组中 141 例患者给与血栓预防，135 例使用阿司匹林，6 例使用抗凝剂，高危组中 60 例患者给予血栓预防，57 例使用阿司匹林，3 例使用抗凝剂；中国共识风险评分系统和 IMPEDE 模型预测 NDMM 患者 VTE 的的受试者工作特征曲线下面积分别为 0.760（0.670~0.850）和 0.685（0.591~0.780），敏感度分别为 70.70%和 73.2%，特异度分别为 80.60%和 59.4%。

结论 中国共识风险评分系统可以明显区分低危、高危及极高危患者，预测效能优于 IMPEDE 模型；中国血液科医师对于 MM 相关 VTE 分层预防的认识有待进一步提高，合理的预防用药需要更多临床数据进行探索。

PO-1731

多参数流式细胞术检测多发性骨髓瘤外周血循环肿瘤浆细胞

刘锦雯、周敏、徐勇、邵晓雁、陈兵
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 探讨流式细胞术检测多发性骨髓瘤（Multiple Myeloma, MM）患者外周血循环肿瘤浆细胞（Circle Plasma Cell, CPC）的作用和意义。

方法 采用贝克曼库尔特公司的十色流式细胞仪检测 CPC，检测方案为 Kappa-FITC, Lambda-PE, CD19-ECD, CD117-PC5.5, CD56-PC7, CD138-APC, CD81-APC-A700, CD38-APC-A750, CD27-PB, CD45-KRO，抗体均来自贝克曼库尔特公司，收集至少 1000000 个 WBC，阳性判断：1000000 个 WBC 中检测到 >20 个克隆性异常浆细胞。

结果 我们共检测了 193 名 MM 患者的 254 例次的 CPC。（1）应用随机生存森林（RSF）统计模型的分析显示：当 CPC 值 >0.17%，CPC 值与 MM 患者的预后存在相关性。VIMP 法和最小深度法统计结果显示：髓外病变、CPC 阳性可以预测 MM 患者的总生存，而年龄和性别变量不具有预测作用。（2）随访至 2022 年 12 月，CPC 阳性组和阴性组的生存曲线分析结果：两组患者的中位总

生存期(OS)均未达到, CPC 阳性组患者 15 个月的 OS 明显低于 CPC 阴性组 (87% VS 100%, $P=0.02$), 提示 CPC 对 MM 患者的预后分层有重要作用。

结论 CPC 是指从原发骨髓或转移肿瘤部位释放到循环中的细胞, 是 MM 远处转移和预后的关键环节。CPC 在患者血液中出现与否及其数量多少, 一方面代表了原发肿瘤浸润进入血管的能力, 另一方面代表了肿瘤细胞在骨髓外的部位形成转移灶的可能性。FCM 具有可分析细胞数量大、速度快, 高敏感性、价格低廉、适用范围广和不需要初诊标本等突出的优点。近来的研究发现, CPC 是一种新的 MM 独立预后标志物, 易于更频繁地监测, 无论骨髓微小残留病和血游离轻链的状态如何, 它都是提示疾病即将发生进展的早期标识。我们的研究表明: CPC 是判断 MM 患者的预后及病情进展的重要指标, 为临床医生提供新的判断患者预后和疗效的指标。

PO-1732

多发性骨髓瘤患者化疗期间感染宣教的意义

钟佳

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探究多发性骨髓瘤患者化疗期间感染宣教的意义。

方法 随机选取 2022 年 9 月~2023 年 9 月入住医院血液科的 180 例多发性骨髓瘤患者作为研究对象, 随机分为对照组和观察组, 每组为 90 例患者。对照组患者采用血液科的常规护理干预模式, 观察组在常规护理干预模式的基础上, 对患者进行化疗期间感染知识的健康宣教。比较两组患者住院期间对健康宣教知识的掌握情况、感染的发生率及机体免疫功能状态。

结果 对照组患者的健康宣教知识得分, 显著低于观察组($P < 0.05$)。对照组患者感染的发生率, 显著高于观察组患者($P < 0.05$)。对照组患者的机体免疫功能状态, 显著低于观察组($P < 0.05$)。

结论 加强对多发性骨髓瘤患者及其家属进行感染知识的宣教, 有利于提高患者对自身疾病的认识, 及时采取护理措施, 增加患者生存率和机体免疫功能状态。

PO-1733

多发性骨髓瘤免疫治疗新靶点 LILRB4 的发现及临床转化研究

龚莉欣¹、马静远¹、孙浩¹、孙洗月¹、王艺洁¹、林欣²、邱录贵¹、郝牧¹

1. 中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

2. 清华大学医学院

目的 免疫靶向治疗仍然难以阻止多发性骨髓瘤 (MM) 患者持续进展复发, 本研究旨在解析 MM 患者疾病进展的原因、早期发现预后差的超高危患者并寻找新的治疗靶点具有重要意义。

方法 本研究共纳入 12 名初诊 MM 患者, 其中 4 名患者总生存时间不足 24 个月 (EM24), 结合单细胞转录组测序和生物学功能实验对 EM24 组患者肿瘤细胞生物学特征进行解析。

结果 EM24 患者骨髓富集有一群 LILRB4⁺具有高侵袭特征的肿瘤细胞亚群, 具有未成熟浆细胞的分化发育特征, 可能是骨髓瘤的起始肿瘤细胞亚群, 该肿瘤细胞亚群比例更高的 MM 患者生存预后显著更差。LILRB4 是该肿瘤细胞亚群最为特异性高表达的基因。LILRB4 在恶性浆细胞的表达水平显著高于正常浆细胞, 并且接受治疗后的残留浆细胞上 LILRB4 的表达水平较治疗前显著升高。此外, LILRB4 也高表达于单核来源髓源性抑制细胞 (M-MDSCs)。LILRB4 可直接促进 MM 细胞的增殖、克隆形成、肿瘤侵袭能力, 降低 MM 细胞对蛋白酶体抑制剂的敏感性。另一方面, LILRB4 不仅能够抑制 T 细胞的功能, 还能够诱导 MM 微环境中 MDSC 的生成, 促进免疫抑制微环境的形成, 并且免疫细胞与 MM 细胞的共培养又可进一步上调 MM 细胞中 LILRB4 的表达, 加剧了微环境

的免疫抑制程度。我们成功构建成针对 LILRB4 为靶点的 LILRB4 STAR-T 细胞。LILRB4 STAR-T 在体内外均表现出对 MM 细胞和 M-MDSC 细胞很好的特异性杀伤效果，进一步证实了 LILRB4 作为 MM 免疫靶向治疗的有效性和安全性。

结论 本研究表明 LILRB4 既表达于肿瘤细胞，也表达于 MDSC 细胞，并且可以通过直接促进肿瘤细胞的生长，以及促进免疫抑制性微环境的形成等途径介导 MM 的发生发展，本研究创新性地提出靶向 LILRB4 可以实现同时靶向肿瘤细胞和免疫抑制微环境，是理想的 MM 治疗策略。

PO-1734

PCD 与 PDD 方案治疗新诊断多发性骨髓瘤合并肾功能不全患者的临床分析

崔静、王巍
哈尔滨医科大学附属第二医院

目的 通过单中心回顾性分析 PCD 方案(硼替佐米+环磷酰胺+地塞米松)与 PDD 方案(硼替佐米+脂质体阿霉素+地塞米松)对新诊断多发性骨髓瘤(newly diagnosed multiple myeloma,NDMM)合并肾功能不全(renal impairment,RI)患者的 RI 和 MM 本病的临床疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2018 年 7 月 1 日-2023 年 2 月 20 日由哈尔滨医科大学附属第二医院血液科收治的 36 例 NDMM 合并 RI 患者的临床资料，其中 PCD 组 16 例，PDD 组 20 例，比较两组患者肾脏反应、骨髓瘤治疗效果及不良反应。

结果 PCD 与 PDD 组患者治疗 3、4 个疗程后肾脏总反应率(\geq MR)、肾脏主要反应率(\geq PR)差异无统计学意义($P>0.05$)。两组患者治疗 4 个疗程后骨髓瘤的总缓解率(\geq PR)、高质量缓解率(\geq VGPR)差异无统计学意义($P>0.05$)。两组患者治疗后反应肾脏功能的临床指标肌酐、尿素等呈下降趋势，反应肿瘤负荷的指标血轻链、 β_2 微球蛋白等显著下降，血红蛋白水平显著上升，两组间差异无统计学意义(P 均 >0.05)。ISSIII 期患者治疗后，两组间肾脏总反应率、骨髓瘤总缓解率差异无统计学差异($P>0.05$)。贫血是两组患者最常见的不良反应，PCD 组肺部感染发生率显著高于 PDD 组，差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 PDD 组治疗效果不劣于 PCD 组，可为 NDMM 合并 RI 患者的首选治疗。PCD 组肺部感染发生率显著高于 PDD 组，因此更倾向于选择 PDD 方案。

PO-1735

Exploring the Effects of Multiple Myeloma-Derived Exosomes on Macrophage Polarization and Potential Treatment Strategies

Qi Li, Bingzong Li
the Second Affiliated Hospital of Soochow University

Objective This study aims to investigate the effect of exosomes released from multiple myeloma (MM) on the polarization of macrophages within the immune microenvironment and the molecular mechanisms underlying this process.

Methods 1. To explore the effect of multiple myeloma-derived exosomes on macrophage, monocytes were differentiated to macrophages by PMA stimulation, and CD68, a marker of macrophages, was detected by quantitative fluorescence PCR. Exosomes were isolated and purified from the culture supernatant of multiple myeloma cells by differential centrifugation. The morphology and size distribution of multiple myeloma-derived exosome were detected by

transmission electron microscopy and nanoparticle tracking analysis, and the markers of exosome were detected by Western blot.

2. To assess the uptake of multiple myeloma-derived exosomes by macrophage, PKH67-labeled multiple myeloma-derived exosomes were co-cultured with macrophages, and the uptake was assessed by immunofluorescence and flow cytometry. Macrophages were co-cultured with multiple myeloma-derived exosomes for 24 hours. Quantitative fluorescent PCR and flow cytometry were used to detect the expression of M1 and M2 markers in macrophages, and the level of IL-10 in macrophage culture supernatant was detected to evaluate the polarization of macrophages.

3. To assess the impact of simvastatin on the proliferation and exosome secretion of multiple myeloma cells, the cells were treated with simvastatin for 48 hours. The inhibitory effect of simvastatin on multiple myeloma cell proliferation was measured using CCK-8 assay, while its effect on cell cycle progression and apoptosis was evaluated. The cell culture supernatant of multiple myeloma cells was collected after simvastatin treatment, and exosomes were isolated and purified. The total protein concentration of exosomes in the simvastatin treated and untreated groups was detected by BCA, and exosome markers were detected by Western blot. Immunocompetent C57BL/KaLwRij mice were selected to construct an orthotopic multiple myeloma model, and the mice were randomly divided into three groups: control group, simvastatin group, and 5TGM1 cell-derived exosomes group. The tumor size was detected by in vivo imaging system, and the proportion of M2 macrophages in mice bone marrow was assessed by flow cytometry.

4. Qualitative proteomics was used to detect the proteins in multiple myeloma-derived exosomes, and underlying mechanisms for the induction of macrophage polarization by multiple myeloma-derived exosomes was verified by Western blot.

Results 1. After PMA stimulation for 48 hours, monocytes differentiated into macrophages, which changed from suspension state to adherent cells, and quantitative fluorescence PCR detected an increase in CD68 expression level. Multiple myeloma cell-derived exosomes have a double-layered membrane structure, presenting a "round" or "disc-shaped" morphology with a diameter ranging from 30-120nm, mainly concentrated below 100nm. Western blot detected that CD63 and CD81 were expressed in the exosomes.

2. Flow cytometry analysis revealed an elevated fluorescence intensity in macrophages following co-incubation with PKH67-labeled multiple myeloma cell-derived exosomes. Immunofluorescence imaging further confirmed the uptake of multiple myeloma cell-derived exosomes by macrophages, showing a substantial enrichment of PKH67-labeled exosomes within the macrophages. After co-incubation of macrophages and multiple myeloma cell-derived exosomes for 24 hours, qPCR and flow cytometry analyses revealed an upregulation in the levels of M2 macrophage markers, while the levels of M1 macrophage markers decreased. Additionally, there was an increase in the secretion of IL-10 by macrophages following co-incubation with multiple myeloma cell-derived exosomes, confirming the polarization of macrophages towards the M2 phenotype.

3. Simvastatin inhibited the proliferation of multiple myeloma cells, induced cell apoptosis, and caused cell cycle arrest at G1 phase. Additionally, simvastatin suppressed the secretion of exosomes by multiple myeloma cells, as evidenced by a decrease in the total protein content of exosomes and reduced levels of CD63 and CD81. In vivo studies showed that the tumor burden in mice treated with simvastatin was lower than that in the control group, and the tumor burden in mice injected with 5TGM1 cell-derived exosomes was higher than that in the control group. Flow cytometry results showed that the proportion of M2 macrophages in the bone marrow of mice injected with 5TGM1 cell-derived exosomes was significantly higher than that in the control group, and the proportion of M2 macrophages in bone marrow of mice treated with simvastatin was the lowest.

4. The analysis of the protein mass spectrometry results showed that multiple myeloma cell-derived exosomes may induce M2 polarization of macrophages through the ERK1/2 pathway. Western blot results showed that after co-incubating with multiple myeloma cell-derived exosomes, the level of p-ERK1/2 in macrophages increased, confirming the activation of ERK1/2 pathway.

Conclusion Multiple myeloma cell-derived exosomes enhance the expression of CD206, ARG-1, and CD163 in macrophages, indicating M2 polarization. These exosomes induce M2 polarization of macrophages via ERK1/2 pathway activation. Simvastatin exerts notable inhibitory effects on proliferation of multiple myeloma both in vivo and in vitro, and reducing the proportion of M2 macrophages in bone marrow by suppressing exosome secretion. Our study elucidates the impact of multiple myeloma cell-derived exosomes on macrophage polarization and its underlying mechanism, offering a theoretical foundation for the development of novel strategies for treating multiple myeloma.

PO-1736

总生存期 ≥ 3 年的高危 MM 患者的临床特点及预后模型的建立

陈少欣、李娟
中山大学附属第一医院

目的 分析总生存期 ≥ 3 年的具有高危细胞遗传学的 MM 患者的临床特点，并建立初治时高危 MM 患者的预后模型。

方法 利用 Logistic 及 COX 回归分析 2012 年 1 月至 2021 年 2 月于中山大学附属第一医院血液科就诊的 160 例高危 MM 患者的临床资料。

结果 1. 本研究中影响高危 MM 患者总生存期 ≥ 3 年的因素：多因素 Logistic 回归分析结果示，年龄 < 65 岁、 $PLT \geq 100 \times 10^9/L$ 及维持治疗的高危 MM 患者总生存期易 ≥ 3 年。

2. 初治高危 MM 患者的预后模型：根据 HR 值，分别赋值为：年龄 < 65 岁为 1 分， $PLT \geq 100 \times 10^9/L$ 为 2 分， $LDH \leq 240U/L$ 为 1 分。再进行预后分期，I 期：4 分；II 期：3 分；III 期：1-2 分；IV 期：0 分。

结论 1. 高危 MM 患者总生存期 ≥ 3 年的临床特点：生存期 ≥ 3 年的高危 MM 患者年龄小、贫血程度轻、 PLT 、 LDH 、 $\beta 2MG$ 、骨髓浆细胞比例、髓外浸润比例、ISS III 期、R-ISS III 期比例低，行移植、维持治疗、诱导后、移植后、维持后疗效 $\geq VGPR$ 的比例更高。

2. 对于本研究中的高危 MM 患者，年龄 < 65 岁、 $PLT \geq 100 \times 10^9/L$ 、诱导后疗效 $\geq VGPR$ 、进行维持治疗的高危 MM 患者的总生存期易 ≥ 3 年。

3. 初治高危 MM 患者的预后模型：年龄 < 65 岁（1 分）， $PLT \geq 100 \times 10^9/L$ （2 分）， $LDH \leq 240U/L$ （1 分）。分为四个风险组：I 期（4 分），II 期（3 分），III 期（1-2 分），IV 期（0 分）。

PO-1737

移植的功能性高危多发性骨髓瘤患者的临床特征分析及预测模型建立

余彤泳、李娟
中山大学附属第一医院

目的 本研究通过分析功能性高危多发性骨髓瘤（FHRMM）和标危多发性骨髓瘤（SRMM）患者的临床特征，探索 FHRMM 的影响因素，构建 FHRMM 的预测模型。

方法 回顾性分析本中心 2007 年 1 月 1 日至 2024 年 3 月 22 日新诊断并行移植且移植后随访 24 个月以上的多发性骨髓瘤患者的临床资料。将纳入的病例随机分为训练集（151 例，70%）及验证集（65 例，30%）。基于单因素与多因素分析筛选出 FHRMM 的影响因素，通过 logistic 回归分析构建预测模型，并对该模型进行内部验证。

结果 本中心共纳入 357 例多发性骨髓瘤患者，其中 49 例（13.73%）为 FHRMM，167 例（46.78%）为 SRMM，141 例（39.50%）为高危多发性骨髓瘤（HRMM）。通过单因素及多因素分析发现，LDH \geq 190U/L (OR=2.70, P=0.015)、起病 PET-CT SUVmax \geq 7.5 (OR=3.13, P=0.035)、PET-CT 诱导治疗后下降比例 \geq 80% (OR=4.79, P=0.044)、起病时 PLT $<$ 80 \times 10⁹/L (OR=10.55, P=0.013)、Fer \geq 650ug/L (OR=4.76, P=0.031)、M 蛋白下降模式为 B 模式 (OR=0.39, P=0.012)、移植后达到 CR (OR=0.37, P=0.009)均为 FHRMM 的独立影响因素。基于以上因素建立预测模型，该模型在训练集及验证集的 ROC 曲线下面积分别为 0.753 和 0.857。校准曲线、DCA 曲线及 Hosmer-Lemeshow 检验结果提示该模型具有良好的预测能力。

结论 本研究构建了用于识别 FHRMM 的预测模型，且有良好的预测能力，有利于指导临床早期识别 FHRMM 患者。

PO-1738

非移植功能性高危多发性骨髓瘤患者的临床特点

李延娟、李娟

中山大学附属第一医院

目的 2019 年一项西班牙回顾性研究报道，在不考虑细胞遗传学等情况下，诱导治疗反应不佳或早期复发的多发性骨髓瘤患者定义为功能性高危（FHR），但 FHR 的定义目前尚存在争议。既往文献报道，男性患者、髓外浆细胞瘤、CPC \geq 0.05%，P53 单基因的失活、肾损伤和 AST 水平 $>$ 40U/L 提示 FHR，目前仍不知是否存在其他提示 FHR 的临床特征。

方法 回顾性分析我们中心自 2006 年 1 月至 2024 年 3 月期间规律治疗大于 1 年、初诊时行 FISH 检测且未行移植的 215 例 MM 患者的资料，根据 OS 及 PFS 分为标危（SR）组、FHR 组、高危（HR）组三组，并分析 FHR 组与 SR 组的临床特点。

结果 纳入分析的 215 例 MM 患者中，按诱导治疗后 12 月，根据 PFS 及 OS 结果，将 215 例患者分为三组，其中 FHR 组 29 例，SR 组 99 例，HR 组 87 例。各组间的 PFS 及 OS 如下：PFS 方面，FHR 组为 5.2 月，HR 组为 15.3 月，SR 组为 47.7 月，三组间 OS 均存在显著差异（ $p < 0.001$ ）；OS 方面，FHR 组为 11.3 月，HR 组为 24.9 月，SR 组为未达到，三组间 OS 均存在显著差异（ $p < 0.001$ ）。分析 SR 与 FHR 的临床特点：与 SR 组相比，FHR 组起病中位年龄较小，ECOG 评分多 \geq 3 分，PLT $<$ 140 \times 10⁹/L，LDH 水平 \geq 220U/L、病理 Ki67 比例、病理 P53 阳性比例、CRP 水平及铁蛋白水平较高，M 蛋白下降模式多为 A+C 模式，诱导治疗疗效 \geq VGPR 患者比例及进行维持治疗的患者比例较低（ p 均 $<$ 0.05），而在性别、M 蛋白分型、血红蛋白水平、肌酐水平、血钙水平、白蛋白水平、 β 2 微球蛋白水平、起病浆细胞水平、是否继发淀粉样变、是否存在骨旁病变、是否长期透析、维生素 B12 水平、叶酸水平、起病 M 蛋白水平、诱导治疗方案方面未见明显差异。多因素结果显示：与 SR 组相比，FHR 组起病年龄小、LDH \geq 220U/L 及 M 蛋白下降为 A+C 模式患者比例高、诱导治疗疗效 \geq VGPR 患者比例及进行维持治疗的患者比例较低，且为独立危险因素（ p 均 $<$ 0.05）。

结论 起病年龄较小，LDH \geq 220U/L，M 蛋白以 A+C 模式下降，诱导后疗效未达 VGPR 更倾向于为 FHR MM 患者。未进行维持治疗的患者容易早期进展或复发。

PO-1739

BCMA 靶向免疫治疗多发性骨髓瘤的疗效和安全性分析

张丹凤、周奕炜、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 多发性骨髓瘤是第二常见的血液系统恶性疾病，一直以来缺乏有效的治愈方法，复发率高，随着免疫疗法的进步，为复发/难治性多发性骨髓瘤患者提供了希望。BCMA 凭借其高表达于骨髓瘤细胞且在正常组织细胞中表达低，成为常见的多发性骨髓瘤免疫靶标。本文统计了近三年抗 BCMA 的 CAR-T 疗法治疗多发性骨髓瘤的临床试验，综合这些临床实验，评估其治疗效果和安全性。

方法 检索“Embase”，“PubMed”，和“Web of Science”数据库，检索公式设定为（‘BCMA’ or ‘B-cell maturation antigen’ AND ‘CAR’ or ‘Chimeric antigen receptor’ AND ‘multiple myeloma’）发表时间限制在 2021 年 1 月 1 日到 2024 年 2 月 1 日。

结果 共检索到文献 1927 篇，去除重复发表后及其他不符合纳入标准的研究，最终共 21 篇研究被纳入。共 899 名患者都曾接受三种以上药物的抗骨髓瘤治疗，其中 4% 的患者经历过五线以上的治疗。经 BCMA 免疫疗法治疗后，总缓解率达到 84.1%，完全缓解率达到 45.8%，中位无进展生存时间为 12.5 个月。其中慢病毒转染得到的 CAR-T 效果比逆转录病毒更好。79.3% 出现了 CRS，其中 3 级以上的 CRS 占患者总数 7.5%。神经系统毒性出现比例为 8.56%，有 94.3% 出现血液系统相关副作用，如贫血，粒缺，血小板减少。

结论 目前抗 BCMA 的 CAR-T 疗法在多发性骨髓瘤患者中展现出良好的效果和安全性，延长了难治性骨髓瘤患者的生存时间。

PO-1740

生存期超过 10 年的多发性骨髓瘤患者的特点

章洪宁、李娟
中山大学附属第一医院

目的 探讨在以新药及 ASCT 为主要治疗的背景下生存期超过 10 年（长期生存）的多发性骨髓瘤（MM）患者的特点。

方法 对 2004 年 1 月至 2014 年 1 月期间于我院诊治的 168 例 MM 患者进行回顾性分析。

结果 生存期超过 10 年的患者共有 44 例，多因素分析发现起病年龄小于 57 岁（OR 3.364，95%CI 1.214-9.320）、中性粒细胞计数（ANC）高于 $3.66 \times 10^9/L$ （OR 3.122，95%CI 1.093-8.918）、无高危遗传学改变（OR 6.480，95%CI 1.013-41.454）及接受一线 ASCT（OR 4.564，95%CI 1.127-18.486）与 MM 患者生存期超过 10 年独立相关。高危遗传学改变亚组中有 4 例（17.4%）患者实现长期生存，中位起病年龄为 47 岁，均接受新药诱导序贯 ASCT 及维持治疗，其中 1 例未实现 MRD 转阴，在生化复发时即启动二线治疗，再治疗疗效达完全缓解。实现 MRD 阴性持续超过 24 个月可改善患者预后（PFS 124.6 月 vs 29.4 月， $p < 0.001$ ；OS 185.2 月 vs 39.7 月， $p < 0.001$ ），且无论是否有高危遗传学改变，实现 MRD 阴性持续超过 24 个月都与长期生存相关。

结论 起病时年轻、ANC 高于 $3.66 \times 10^9/L$ 、无高危遗传学改变、接受一线 ASCT 是适合移植 MM 患者生存期超过 10 年的独立保护因素。无论是否有高危遗传学改变，实现 MRD 阴性持续超过 24 个月是长期生存的关键因素。

PO-1741

新药诱导序贯自体外周血造血干细胞移植可以改善新诊断多发性骨髓瘤患者 1p32 缺失在的不良预后

侯丽琼、李娟
中山大学附属第一医院

目的 本研究旨在探讨 1p32 缺失在新诊断 MM 患者中的预后影响及对治疗的反应。

方法 对 298 例新诊断的 MM 患者进行回顾性分析。其中，172 人接受自体外周血造血干细胞移植（autologous stem cell transplantation, ASCT）治疗，126 人接受非 ASCT 治疗。比较 1p32 缺失组与未缺失组患者的临床特征、生存结果。

结果 本研究 298 例患者中，FISH 检测出 24 例（8.05%）患者伴 1p32 缺失。1p32 缺失患者和非 1p32 缺失患者的中位无进展生存（progression-free survival, PFS）时间分别是 49 月和 57 个月（ $p=0.019$ ），中位总生存（overall survival, OS）时间分别是 59 月和未达到（ $p=0.001$ ），1p32 缺失阳性患者的生存期明显短于非 1p32 缺失患者，多因素分析显示 1p32 缺失独立于其它预后因素与疾病进展（ $HR=1.290$, $P=0.041$ ）或死亡（ $HR=2.347$, $P=0.022$ ）风险的增加密切相关。非移植治疗患者中，1p32 缺失患者中位 PFS（ $P=0.019$ ）为和中位 OS（ $P=0.014$ ）均短于非 1p32 缺失患者。ASCT 治疗患者中 1p32 缺失 vs 非 1p32 缺失患者中位 PFS（ $p=0.991$ ）、OS（ $p=0.102$ ）两组差异均没有统计学意义。ASCT 治疗可显著改善 1p32 缺失患者预后，1p32 缺失患者中位 PFS 从非移植患者的 24 个月升高到 ASCT 患者的 71 个月。中位 OS 从非移植患者的 54 个月升高到 ASCT 患者的 86 个月。

结论 1p32 缺失是新药时代影响新诊断 MM 的独立不良预后因素。对于 1p32 缺失的患者，新药诱导序贯 ASCT 加维持治疗能改善其预后，延长患者 PFS 和 OS，改善 1p32 缺失的不良预后。

PO-1742

新药时代下快速治疗反应对新诊断多发性骨髓瘤患者不良预后的预测价值

王鹏宇^{1,2}、孙晓嫒^{2,3}、宋敏^{1,2}、朱尊民²、时杰²

1. 郑州大学人民医院
2. 河南省人民医院
3. 河南大学人民医院

目的 本研究旨在评估新诊断多发性骨髓瘤（NDMM）患者快缓解与慢缓解的预后差异，并探讨达雷妥尤单抗（DARA）早期应用对预后的影响。

方法 回顾性分析 2018 年 1 月至 2023 年 5 月在郑州大学人民医院接受系统治疗的 201 例 NDMM 患者。初始治疗方案包括蛋白酶体抑制剂（PI）、免疫调节剂（IMiD）和/或 DARA。统计分析采用 SPSS 软件（22.0 版）和 R/Bioconductor（3.6.1 版）。

结果 快缓解定义为 ≤ 4 个治疗周期内达到 CR，而慢缓解定义为 > 4 个周期内达到 CR 或在观察期间未达到 CR。38.1% 的患者实现了快缓解，与 IgG 型 MM（31.2% vs 62.1%， $P<0.001$ ）、白蛋白升高（ 35.4 ± 7.1 vs 30.5 ± 6.8 ， $P<0.001$ ）及肿瘤负荷增加（高肌酐 26% vs 13.7%， $P=0.029$ ；高血清钙 28.9% vs 12.4%， $P=0.004$ ）相关。总中位生存时间（OS）为 33.9 个月（95%CI: 28.667-39.467），快缓解组的中位 OS 为 25.8 个月，慢缓解组为 37.1 个月（ $P<0.001$ ）。多因素 COX 回归分析显示，快缓解是 OS 的独立危险因素 [$HR=1.89(1.32-2.7)$, $P<0.001$]。而特别需要指出的是 34 例接受 DARA 作为一线治疗的患者中位 OS 为 14.8 个月，快缓解组和慢缓解组的 OS 无

显著差异（11.2 个月 vs 15.2 个月， $P=0.85$ ）。

结论 快缓解与 NDMM 患者的较差预后相关。NDMM 患者的预后评估需考虑缓解速度，且 DARA 的早期应用可能对特定患者群体有益。DARA 作为一线治疗对快缓解患者的预后改善效果尚需在更大样本中进一步验证。

PO-1743

Compound13 调控 Pim1/2 介导的线粒体稳态增强 硼替佐米杀伤骨髓瘤细胞的机制研究

方志鸿、林艺芹、钟怡婷、邹焯、杨柳珍、周勇、冯娟
厦门大学附属第一医院

目的 硼替佐米（BTZ）为基础的联合方案是多发性骨髓瘤（MM）的标准治疗方案，但复发/难治不可避免，需要探索新的治疗方法。Compound13 是一种高效巨泡式死亡诱导剂，不仅触发 MM 细胞发生巨泡式死亡，而且增强 BTZ 的凋亡诱导效应，具有双重抗 MM 作用。本研究旨在探索 Compound13 与 BTZ 协同抗骨髓瘤的分子机制。

方法 首选应用 CCK8 试验、流式细胞仪分析两种药物对 MM 细胞生长的抑制效应。其次构建小鼠模型评价两药的协同抗 MM 效应。然后利用 RNA 测序寻找关键靶点，采用基因过表达和干扰验证关键基因对 BTZ 敏感性的影响。最后免疫印迹研究两药对关键靶基因和线粒体分裂蛋白的调控作用，流式细胞术和共聚焦荧光显微镜分析线粒体活性。

结果 Compound 13 通过诱导巨泡式死亡来抑制 MM 细胞生长，不依赖传统的凋亡、坏死和自噬途径，但对正常造血干细胞活性无显著影响。虽然 Compound 13 不促发凋亡，但能增强 BTZ 的诱导凋亡效应，两药联合在体内外发挥协同抗 MM 效应。在机制上，Compound 13 通过抑制 PIKfyve/ STAT5 信号下调 Pim1/2 表达，而 BTZ 通过增强 STAT3 和抑制蛋白降解的方式上调 Pim1/2 表达。过表达 Pim1/2 显著降低 BTZ 的敏感性，相反干扰 Pim1/2 表达则增强 BTZ 的敏感性。Pim1/2 通过调节线粒体分裂核心蛋白 DRP1 位点 S637 磷酸化参与维持线粒体稳态和功能。BTZ 增强 DRP1 磷酸化，对线粒体数量和功能无显著影响。相反，Compound 13 降低 DRP1 磷酸化，导致线粒体过度分裂和 ROS 的大量产生。最后，通过对 MMRF CoMMpass 临床试验的数据库进行分析，我们发现 MM 患者 STAT5 与 Pim1/2 表达存在正相关，Pim1/2 的表达与患者的生存显著相关。

结论 Pim1/2 激酶通过调控 DRP1 维持线粒体稳态和功能，降低 BZT 的敏感性。Compound 13 靶向抑制 PIKfyve/STAT5 信号通路，下调 Pim1/2 表达，破坏线粒体稳态和功能，进而增强 BTZ 的抗 MM 效应。

PO-1744

Deubiquitinase USP7 attenuates selinexor-induced myeloma suppression by impeding ubiquitination dependent-XPO1 degradation

Junying Wang, Mengping Chen, JingXing Jiang, YiKe Wan, Xin Li, Hua Zhong, Jian Hou
上海交通大学医学院附属仁济医院

Objective Selinexor is a potent inhibitor of the nuclear export protein Exportin1 (XPO1) and has been approved for the treatment of relapsed and refractory multiple myeloma. Apart from

interfering with the docking of cargo molecules to XPO1, Selinexor (SEL) has also been observed to induce XPO1 degradation in tumor cells. However, the mechanisms underlying SEL-induced degradation of XPO1 and its role in the anti-myeloma effects of SEL remain incompletely understood.

Methods The degradation pathway of XPO1 was determined by cycloheximide (CHX) assay, ubiquitination experiments, and degradation blockage assay. Subsequently, we employed immunoprecipitation-mass spectrometry (IP-MS) and bioinformatics predictions to pinpoint the potential triggers of XPO1 ubiquitination following SEL administration. Through a comparative analysis of alterations in XPO1-binding E3 ligase and deubiquitinase upon SEL exposure, USP7 was identified as the target protein associated with SEL-induced XPO1 degradation. The relationship between USP7 and XPO1 were investigated through shRNA mediated USP7 knockdown followed by co-immunoprecipitation, CHX assay and other experiments. By using small molecule USP7 inhibitors, the impacts of USP7 on SEL sensitivity in MM cell lines and primary MM cells were further investigated and discussed.

Results Selinexor facilitates the ubiquitin-proteasomal degradation of XPO1 in myeloma cells. The deubiquitinase USP7 could interact with XPO1 and SEL disrupted their interaction. Knocking down USP7 promoted XPO1 ubiquitination and accelerated the degradation of XPO1. USP7 expression exhibits a negative correlation with SEL sensitivity in myeloma cell lines. Inhibition of USP7 by P5091 enhances the anti-myeloma efficacy of SEL in myeloma cell lines and patient-derived primary myeloma cells.

Conclusion Collectively, we elucidated the mechanism behind SEL-induced degradation of XPO1 and identified USP7 as a viable therapeutic target in SEL-resistant myeloma cells. Our findings could enhance the understanding of potential resistance mechanisms to SEL and contribute to the development of novel drug combinations for better treatment of myeloma.

PO-1745

Selinexor inhibits SREBPs-dependent lipogenesis in myeloma cells by nuclear accumulation of transcription cofactor Lipin1

Junying Wang, MengPing Chen, YiKe Wan, Xin Li, Mingyue Zhang, YiWei Zhang, Jian Hou
上海交通大学医学院附属仁济医院

Objective Exportin1(XPO1) is a nuclear export mediator responsible for transporting of hundreds of cargo proteins and some RNA molecules. Selinexor (SEL) is a first-in-class inhibitor of XPO1 that has potent anti-myeloma activity. In myeloma cells, cargo molecules that undergo subcellular localization changes upon SEL treatment has not been fully characterized yet.

Methods We employed catTFRE proteomics approach to profile upregulated transcription factors/cofactors (TFs/TCs) in MM nucleus following SEL treatment. Differential analysis, enrichment analysis and protein-protein interaction analysis were used to identify the crucial molecular target and their associated biological processes alterations upon SEL treatment. The effects of SEL in inducing nuclear localization of the target molecule was detected by nuclear-plasma fractionation and immunofluorescence assays. RT-qPCR were used to analyze the transcriptional activity of the TF target. Short hairpin RNA (shRNA) was used to knockdown the target in MM cells, then cell proliferation was detected by CCK8, cell cycle and apoptosis were detected by flow cytometry.

Results A total of 752 and 771 TF/TCs are quantitatively identified in the control group and SEL-treatment group respectively by catTFRE detection. Differential analysis showed that 6 TFs and 18 TCs were significantly enriched in the nucleus after SEL treatment, among which LPIN1 was ranked at the top 9 and has not been reported yet. Enrichment analysis showed that lipogenesis transcriptional activity was downregulated after SEL treatment. Protein-protein interaction

analysis revealed that LPIN1 interacts with SREBPs, the main regulators of lipid synthesis. The effects of SEL in inducing nuclear localization of LPIN1 and inhibiting SREBPs transcriptional has also been validated in MM cell lines through nuclear-plasma fractionation, immunofluorescence and RT-qPCR assays. Short hairpin RNA (shRNA)-mediated knockdown of LPIN1 in MM cells attenuated the inhibitory effects of SEL in lipogenesis and lead to SEL resistance.

Conclusion In summary, we identified LPIN1 as a novel cargo molecule that is retained in the nucleus following SEL treatment, which subsequently inhibiting SREBPs transcriptional activity and lipogenesis in myeloma cells. LPIN1 emerges as a crucial factor potentially affecting the response to SEL and may contribute to the development of biomarkers to predict therapeutic responses to SEL.

PO-1746

18F-FDG PET/CT 图像分型对多发性骨髓瘤患者 预后判断的价值

倪蓓文、陈虞梅、侯健
上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 对多发性骨髓瘤 (MM) 初发患者 ^{18}F -FDG PET/CT 图像表现形式进行归纳总结, 并分析 PET/CT 图像分型在患者预后评估中的价值。

方法 回顾性分析 2014 年 1 月至 2019 年 12 月病理确诊的 91 例 MM 患者初诊 ^{18}F -FDG PET/CT 影像资料及临床资料。分别依据 PET 图像中 FDG 摄取及 CT 图像中骨质破坏情况进行图像分析及分类。对 PET/CT 图像不同分型组的临床资料进行组间比较。采用单因素及多因素 Cox 回归分析计算各项临床参数及 PET/CT 图像类型的风险比 (HR), 用 Kaplan-Meier 法对图像类型行单因素生存分析。

结果 91 例患者的中位随访期为 19.4 月(2.7-47.7 月), 随访期内 30 例患者出现病情进展, 11 例患者出现死亡。依据 PET/CT 图像表现可分为五类典型图像。单因素 Cox 回归分析提示血清 $\beta 2$ 微球蛋白 ($\beta 2$ -MG)、病灶 SUVmax、PET/CT 图像类型都与患者 PFS 呈相关 ($\text{HR} > 1, P < 0.05$), $\beta 2$ -MG、骨髓浆细胞比例、PET/CT 图像类型与患者 OS 呈相关 ($\text{HR} > 1, P < 0.05$)。多因素 Cox 回归模型显示 SUVmax ($\text{HR} = 1.137, P = 0.020$)、PET/CT 图像类型 ($\text{HR} = 1.545, P = 0.026$) 是 PFS 的预后不良因子, $\beta 2$ -MG ($\text{HR} = 1.006, P = 0.047$)、骨髓浆细胞比例 ($\text{HR} = 1.037, P = 0.016$)、PET/CT 图像类型 ($\text{HR} = 2.228, P = 0.012$) 是 OS 的预后不良因子。Kaplan-Meier 法显示不同图像分型之间的 PFS、OS 存在统计学差异 ($p < 0.001, p = 0.038$)

结论 ^{18}F -FDG PET/CT 不同图像表现是初发 MM 患者 PFS 和 OS 的独立预后因子, 能预测患者生存情况。

PO-1747

罗沙司他在伴有肾功能不全的多发性骨髓瘤贫血治疗中的应用： 一项真实世界的研究

李姝婵、韩晓雁、何静松、杨杨、吴文俊、赵毅、郑高锋、何冬花、蔡真
浙江大学医学院附属第一医院

目的 探索缺氧诱导因子-脯氨酰羟化酶抑制剂罗沙司他 (Roxadustat) 在合并肾功能不全的新诊断 MM (NDMM) 患者的贫血治疗中的应用。

方法 分析了 84 例在浙江大学医学院附属第一医院接受治疗的 $\text{Hb} < 80 \text{ g/L}$ 且血清肌酐 $\geq 177 \mu\text{mol/L}$

的 NDMM 患者的临床资料，其中有 30 例患者接受了罗沙司他作为抗贫血治疗。

结果 相比未接受罗沙司他治疗组，罗沙司他组的基线 Hb 水平更低、血清肌酐水平更高、有更多患者接受透析治疗和选择包含抗 CD38 单抗的抗骨髓瘤方案。罗沙司他组的平均 Hb 水平在接受治疗 24 周后相比基线提升 45.76 g/L，未接受罗沙司他治疗患者的平均 Hb 水平相比基线提升 33.15 g/L，平均疗效差异为 12.61 g/L ($P = 0.002$)。罗沙司他组实现 Hb 水平较基线增加 ≥ 10 g/L 的中位时间为 23.5 天，显著短于未接受罗沙司他组的 35.5 天 ($P = 0.008$)。第 24 周，罗沙司他组有 90.00% 的患者实现 Hb 水平较基线增加 ≥ 30 g/L，未接受罗沙司他治疗的患者中有 42.59% 达到这一目标，组间相差 47.41% ($P < 0.001$)。混合效应模型显示，罗沙司他和时间 (/周) 对 Hb 水平的交互作用预测值为 0.46 ($P < 0.001$)。铁代谢分析显示，两组第 24 周的血清铁和血清铁蛋白较基线的平均变化量之间均无显著差异。脂代谢分析显示，罗沙司他组第 24 周的血清总胆固醇的增加量、低密度脂蛋白的增加量和高密度脂蛋白的增加量显著低于未接受罗沙司他组。安全性方面，罗沙司他组和未接受罗沙司他组的患者对抗骨髓瘤治疗的疗效评价和各不良事件的发生率之间均无显著性差异。

结论 对于大部分合并肾功能不全的贫血 NDMM 患者，罗沙司他可以有效提升其血红蛋白水平、缩短血红蛋白水平提升所需的时间，并保持其体内铁代谢的稳定、改善体内胆固醇代谢情况，且具有较好的安全性。

PO-1748

Enhanced expression of TAGLN2 predicts negative prognosis in multiple myeloma

Mengping Chen, Jian Hou
Renji hospital

Objective Transgelin-2 (TAGLN2), a cytoskeletal actin-binding protein involved in promoting tumorigenesis of human cancers. The association of TAGLN2 with multiple myeloma (MM) prognosis is unclear. Here, the clinical significance and potential function of TAGLN2 in MM were investigated.

Methods RNA-Seq data were downloaded from MMRF CoMMpass dataset. Microarray and single cell RNA-seq datasets were downloaded from the Gene Expression Omnibus (GEO) database. We analyzed the differences in TAGLN2 expression between healthy donors and MM patients and between samples with different clinical information. The association of TAGLN2 with MM prognosis and immune infiltration were also analyzed.

Results The expression of TAGLN2 showed an increasing trend with the progression of myeloma, and particularly showed higher levels in aggressive form of MM including plasma cell leukemia (PCL) and extramedullary MM. In addition, increased TAGLN2 expression was observed in the tumor cells from relapse MM compared to newly diagnosed MM (NDMM) or those without relapse. Survival analysis showed that high TAGLN2 expression level contributed to poor prognosis of MM patients. Functional enrichment analysis indicated that TAGLN2 may associated with cell cycle progression, cell adhesion and immune response in myeloma. Finally, we observed that TAGLN2 was distinctly correlated with tumor immunity in MM, evident by both increased immune cell infiltration and expressions of immune suppressive genes in myeloma cells, T cells, NK cells and monocytes.

Conclusion TAGLN2 might be used as reliable diagnostic and prognostic biomarker in MM patients.

PO-1749

TRPV1/NCX1 抑制骨髓瘤细胞 HIF-1 α 泛素化降解 促进破骨分化的机制研究

李婷婷、李启英、刘俊、梁喜平、胡人之、周亦星、刘耀
重庆大学附属肿瘤医院

目的 多发性骨髓瘤（MM）是一种尚不可治愈的浆细胞恶性肿瘤，其发病率高居血液肿瘤的第二位。约 80%-90% 的 MM 患者会出现骨髓瘤骨病（MBD），严重影响患者的预后。目前认为 MBD 发生与破骨细胞（OC）分化密切相关。MM 细胞响应骨髓高钙微环境促进 OC 分化是 MBD 发生的重要因素，但具体机制不明。本研究旨在深入解析瞬态电压感受器阳离子通道 1（TRPV1）协同钠钙交换器 1（NCX1）介导外钙内流，促进 MM 破骨分化的分子机制。

方法 收集 MM 临床样本分析 TRPV1/NCX1 蛋白在 MM 中的表达情况及其与血钙水平等临床特征的联系；通过钙离子成像系统检测 TRPV1/NCX1 调控细胞内钙离子的能力，并通过细胞分子生物学实验验证 TRPV1/NCX1 介导钙内流抑制缺氧诱导因子 HIF-1 α 泛素化降解进而促进 MM 破骨分化。构建小鼠尾静脉移植模型验证 TRPV1/NCX1 对 MM 破骨分化的作用。

结果 TRPV1 和 NCX1 在 MM 骨髓组织中高表达，其表达与血清钙呈正相关；在 MM 缺氧微环境中，TRPV1/NCX1 联合介导外钙内流，通过钙依赖的 CaMKII 活化促进去泛素化酶 USP39 与 HIF-1 α 的结合进而抑制其泛素化降解，使得入核形成的 HIF-1 α /1 β 异二聚体增多，最终促进 MM 细胞分泌 RANKL 诱导的破骨分化。

结论 TRPV1/NCX1 是 MBD 的潜在治疗靶点，通过揭示 TRPV1/NCX1 调控钙内流抑制 HIF-1 α 泛素化降解促进 MM 破骨分化的相关机制，从而为将来治疗 MBD 提供新的靶点和治疗策略。

PO-1750

In Multiple Myeloma PRUNE1-IGF2BP3 forms a positive feedback loop by stabilizing SOX4 mRNA in an m6A-dependent manner and enhances the HIF-1 signaling pathway

yawen wang^{1,2}, Jiadai Xu², Panpan Li², Hongwei Xue¹, Peng Liu²
1. the affiliated hospital of Qingdao University
2. Zhongshan Hospital Fundan University

Objective Patients with multiple myeloma (MM) with chromosome 1q21 Gain are clinically and biologically heterogeneous. The findings we have made previously indicated that PRUNE1 (located on chromosome 1q21.3) promotes MM by enhancing the links between purine and mitochondrion. N6-methyladenosine (m6A) modification has been reported to participate in tumor malignancy. As a crucial reader of m6A, IGF2BP3 mediates the stabilization of mRNA via m6A-dependent manner. But the underlying mechanism of IGF2BP3 in the tumorigenesis of MM is unclear.

Methods Bioinformatic mining was used to identify the m6A regulator IGF2BP3 involved in MM progression. Transcriptome sequencing was used to explore the downstream factors. In vitro assays were used to determine the significance of SOX4 in MM progression. Chromatin immunoprecipitation (ChIP)-qPCR analyses, RNA immunoprecipitation (RIP) qPCR analyses, methylated RNA immunoprecipitation (MeRIP)-qPCR analyses and Actinomycin D inhibitor experiment (co-immunoprecipitation analyses) were used to determine the role of IGF2BP3 in SOX4 mRNA m6A modification and the feedback loop between SOX4/PRUNE1/IGF2BP3. The

regulatory effect of IGF2BP3 on SLC2A1 and ENO2 was evaluated by RT-qPCR, Western blot and data mining. Measurements of lactate production, glucose consumption, the ECAR and the OCR were used to detect the regulation of the SOX4/PRUNE1/IGF2BP3 feedback loop on glucose metabolism.

Results We identified IGF2BP2, an m6A reader, is the downstream of PRUNE1 and is overexpressed in MM. Furthermore, we found that IGF2BP3 enhances the stability of SOX4 in an m6A dependent manner. SOX4 is the transcription factor of PRUNE1, thereby forms a positive feedback loop. This positive feedback loop promoted MM cell proliferation and invasion through enhanced glycolysis.

Conclusion Collectively, our study revealed that the m6A “reader” IGF2BP3 promotes MM by forming a positive feedback loop with SOX4/PRUNE1, suggesting that IGF2BP3 may be a potential therapeutic target to control MM progression.

PO-1751

血清脂质水平对于新诊多发性骨髓瘤患者预后价值

李林峰、唐文娇、刘香、张丽、郑宇欢、牛挺
四川大学华西医院

目的 脂质水平目前已被发现与血液肿瘤发病风险相关。既往有研究发现较低高密度脂蛋白胆固醇与 MM 更差的预后相关。但是对于其他脂质代谢指标如低密度脂蛋白胆固醇以及总胆固醇与 MM 预后的相关性仍未可知。同时尚未有研究基于脂质水平建立对于 NDMM 患者的预后评估体系。本文探索了脂质水平在 NDMM 患者中的预后价值，同时建立相应的预测模型。

方法 本研究利用了华西医院血液内科多发性骨髓瘤数据库，其中包括了 2010 年至 2023 年于华西医院治疗的病人回顾性临床数据，通过建立多因素 Cox 风险比例回归模型计算了各血清脂质水平与 NDMM 患者总生存之间的关系。建立了结合血清脂质指标的预测模型并绘制了 K-M 生存曲线。

结果 研究最终纳入了 1380 名 NDMM 患者。脂质水平与 ISS 分期有显著关联性，发现 ISS 分期越高脂质水平越低。多因素 Cox 风险比例回归模型中，总胆固醇、LDL-C、HDL-C 中最高四分位数的组别与最低四分位数的组别相比，患者预后风险分别下降 42%、31%、27%。最终根据脂质水平建立针对 ISS 分期 III 期患者的预后评分，将 III 期患者分为三个组别，A 组中位 OS 为 85 月，而 B 组和 C 组的中位生存时间分别为 54 月和 40 月。

结论 在 NDMM 患者中更低水平的总胆固醇、LDL-C 或 HDL-C 都与 MM 不良预后风险增高正相关，是 MM 预后的危险因素。

PO-1752

CD27 和 CD56 表达在多发性骨髓瘤中的预后意义

黑肖飞、卢绪章
常州市第二人民医院

目的 探讨 CD27 及 CD56 表达差异与多发性骨髓瘤 (MM) 患者临床指标、细胞遗传学和预后的相关性，建立一种简易的预后危险分层系统。

方法 回顾性分析常州市第二人民医院血液科 2016 年 1 月至 2022 年 12 月收治的 128 例初诊 MM 患者的临床特征、免疫表型和细胞遗传学特点，CD27 和 CD56 的表达依据流式细胞检测技术，细胞遗传学结果通过荧光原位杂交 (FISH) 获得，运用统计学方法进一步分析 CD27、CD56 对临床特征、细胞遗传学及生存期的影响。

结果 临床特征比较结果显示, CD27-组的 BMPC 比例高于 CD27+组 ($P=0.002$), CD56-组的 LDH 水平 ($P=0.013$) 和 R-ISSIII期患者比例 ($P=0.018$) 较 CD56+组更高; 经过 4 个周期的化疗, CD56+组的总有效率 (88.5%比 72.3%, $P=0.022$) 和深度缓解率 (51.3%比 31.9%, $P=0.035$) 均高于 CD56-组; CD27+和 CD27-组在这两方面均无统计学差异 ($P>0.05$)。生存分析显示, 128 例 MM 患者的中位无进展生存期 (PFS) 为 24 个月, 中位总生存期 (OS) 为 40 个月; CD27+组和 CD27-组的中位 PFS 分别为 29 个月和 20 个月 ($P=0.001$), 中位 OS 分别为 42 个月和 30 个月 ($P=0.030$), CD56+组和 CD56-组的中位 PFS 分别为 26 个月和 18 个月 ($P=0.007$), 中位 OS 分别为 42 个月和 32 个月 ($P=0.021$); CD27-CD56-组的中位 PFS 和 OS 均短于非 CD27-CD56-组, ($P=0.043$, $P=0.202$)。COX 回归风险分析显示: CD27- ($HR1.877$, 95%CI1.096-3.217, $P=0.022$), CD56- ($HR1.792$, 95%CI1.038-3.094, $P=0.036$), FISH ≥ 2 个高危遗传学 ($HR0.468$, 95%CI0.262-0.837, $P=0.010$) 是 MM 的独立预后危险因素。

结论 (1) 临床基线特征分析提示: CD27-与患者骨髓克隆性浆细胞比例增加成正相关; CD56-与 R-ISSIII期及 LDH 升高呈正相关。CD56+与染色体 t(11,14) 易位的发生相关。(2) 疗效评估分析提示: CD56+患者的治疗总有效率和深度缓解率均高于 CD56-患者。(3) Kaplan-Meier 生存分析显示: CD27-/CD56-患者的中位 PFS 和 OS 更短, CD27-和 CD56-是 MM 的预后标志物; 亚组分析发现早期未实现 CR 的患者相较于达到 CR 的患者可能更易发生疾病的进展; FISH ≥ 2 个高危遗传学的患者预后较差, 其中位 PFS 和 OS 均更短。(4) 影响 MM 患者生存的危险因素的 COX 回归多因素分析: CD27-、CD56-及 FISH ≥ 2 个高危遗传学特征为患者 PFS 和 OS 的独立危险因素

PO-1753

血清炎症标志物在新诊断多发性骨髓瘤患者预后中的研究

杨丽萍、卢馨怡、王鑫炜、姚琼、李林宇、杨慧、赵洁、田卫伟
山西白求恩医院 (山西医学科学院)

目的 评估炎症指标 NPAR、NLR、MLR、PLR 与 NDMM 患者预后是否具有相关性, 比较预后性能并分析预后独立危险因素。

方法 采用 ROC 曲线确定各炎症标志物的最佳截断值并分为高低比值组。分别在年龄、性别、M 蛋白类型、分期、浆细胞比例、白蛋白、 $\beta 2$ -微球蛋白、ECOG 评分、血钙、血肌酐、细胞遗传学水平上分析两组差异, K-M 生存分析确定组间差异及预后相关性。COX 比例风险模型评估预后危险因素。

结果 152 例 NDMM 患者中 40.10%年龄 ≥ 65 岁, 男性占 57.80%。各炎症指标的最佳截断值分别为 2.40、2.19、0.48、158.62, 高低比值组间临床特征分析显示, ISS 分期越高, NPAR、NLR、MLR 值越大; 在 M 蛋白类型上, NPAR 及 MLR 组间差异显著; 在 $\beta 2$ -MG 及 Cr 上, NLR 及 MLR 组间差异明显; 在 ALB 及 ECOG 上 NPAR 组间差异显著。生存分析显示 NPAR、NLR、MLR 低值组 OS 和 PFS 均优于高值组, PLR 两组预后差异不明显。ROC 曲线分析显示 NLR 预后诊断性能最高。单因素分析显示分期、白蛋白、 $\beta 2$ -微球蛋白、NPAR、NLR、MLR 是影响 OS 的危险因素, LDH 及 Cr 是 PFS 的危险因素。多因素分析后, 仅 NPAR 可以独立预测 OS 及 PFS。

结论 NPAR、NLR、MLR 值越高, NDMM 患者的预后越差, NLR 诊断性能最高。ISS 分期、ALB、 $\beta 2$ -MG、NPAR、NLR、MLR 是影响 NDMM 患者 OS 和 PFS 的危险因素。NPAR 是预后的独立危险预测因素。

PO-1754

Metformin Augments GPRC5D in Multiple Myeloma and Enhances the Efficacy of GPRC5D-CAR T Cells

Xiaoli Hu¹, Xinyi Zhou¹, Qian Zhao², Ying Yang¹, Robert Peter Gale³, Yang Liang⁴, Chao Zhang⁵, Juan Du¹

1. Department of Hematology, Myeloma & Lymphoma Center, Shanghai Changzheng Hospital, Shanghai, China.

2. Department of molecular biology, University of Washington, USA.

3. Haematology Research Centre, Department of Immunology and Inflammation, Imperial College of Science, Technology and Medicine, London, UK

4. Department of Hematologic Oncology, State Key Laboratory of Oncology in South China, Collaborative Innovation Center for Cancer Medicine, Sun Yat-sen University Cancer Center, Guangzhou, China

5. Department of Plastic and Reconstructive Surgery, Shanghai Ninth People's Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China

Objective The orphan G protein-coupled receptor, Group 5 member D of class C (GPRC5D) represents a potential critical CAR-T cell target for multiple myeloma (MM). However, a challenge in GPRC5D CAR-T therapy lies in the reduced or missing GPRC5D protein expression, which compromises treatment efficacy. Metformin have shown significant anti-cancer activity and a synergistic effect with immunotherapy recently. We aim to assess its potential synergistic immune effects with GPRC5D CAR-T cells.

Methods CCK8, apoptosis and cell cycle assay were taken to detect the effects of metformin on the proliferation of myeloma cells or GPRC5D CAR-T cells; Luciferase-based killing assay was used to identify changes in lysis of myeloma cells pretreatment with metformin when co-cultured with GPRC5D CAR-T cells; Flow cytometry was to test the cytotoxicity of GPRC5D CAR-T cells when co-cultured with myeloma cells pretreated with metformin. In terms of mechanism exploration, flow cytometry and qPCR were used to detect the effects of metformin on the surface GPRC5D protein and mRNA of myeloma cells.

Results Metformin at a concentration of 1mM had no effect on the viability of GPRC5D-positive L363-luci cells, GPRC5D-negative KMS11-luci cells, even the GPRC5D CAR-T cells. We assessed pretreatment of GPRC5D-positive L363-luci cells with 1mM metformin resulted in lysis increase from 48.71% to 58.70%, while for GPRC5D-negative KMS11-luci cells increased from 13.07% to 26.21%. In CAR-T activity assessment including CD107a, interferon (IFN)- γ , and tumor necrosis factor (TNF)- α production, we observed the cytotoxicity of GPRC5D CAR-T cells against myeloma cells pretreated with metformin is significantly augmented. Subsequently, we assessed the surface GPRC5D expression on L363 and KMS11 cells increased 1.60-fold and 2.58-fold, respectively. In addition, the increased GPRC5D RNA expression consistent with the protein expression on the cell surface was observed after myeloma cells pretreated with metformin.

Conclusion Our work showed that metformin pretreatment augmented GPRC5D expression on MM, making myeloma cells susceptible to GPRC5D CAR-T cells, which provides a compelling rationale for testing combinations of metformin and GPRC5D CAR-T cells to deepen the response.

PO-1755

全身低剂量 CT 在多发性骨髓瘤患者中的疗效分析及意义

陈星宇、王巍

哈尔滨医科大学附属第二医院

目的 应用全身低剂量 CT (WBLDCT) 评估多发性骨髓瘤 (MM) 患者溶骨情况, 并对多发性骨髓瘤骨病的治疗进行疗效分析拟发现其潜在意义。

方法 前瞻性选取自 2024 年 5 月哈尔滨医科大学附属第二医院血液科收治的多发性骨髓瘤患者，分别于初诊时、6 个化疗周期完成时、12 个化疗周期完成时，连续进行 WBLDCT 扫描检测患者的溶骨情况。将全身骨骼分为不同区域，每个区域均采用二分法进行评估（是或否），并记录病变的部位、数量、大小、CT 值、病变总数及占比。随访检查时，分别记录病变为：尺寸稳定、尺寸增加、尺寸减少，占比（%表示），结合临床指标，连续监测并与初诊基线时的影像学资料做比较，以评估 MM 骨病患者对治疗的反应。

结果 （1）WBLDCT 显示治疗前后，患者平均整体溶骨性病变大小较基线时减少（占比%）。（2）半数以上患者（占比%）出现骨再矿化，其平均大小为（cm）。（3）再矿化组对治疗的反应比非矿化组更好。（4）记录的大多数病变在一段时间内都表现出尺寸稳定性，较大的溶骨性病变更易发生骨折，应增加随访次数。

结论 WBLDCT 可早期发现骨皮质破坏及新发的溶骨性病变，在 MM 的诊断及疗效评估中有良好的应用价值及意义。

PO-1756

USP28 通过 KIF20B 调控骨髓瘤发生发展的作用及机制研究

陈梦、李菲

南昌大学第一附属医院

目的 多发性骨髓瘤是一种浆细胞恶性肿瘤，迄今，其病因尚未完全阐明。近年来，泛素改变在骨髓瘤发生发展和疾病复发中的作用研究日益增加。本文旨在探索一种去泛素化蛋白 USP28 在骨髓瘤发生发展中的作用机制及其小分子抑制剂是否增加硼替佐米对骨髓瘤细胞的敏感性。

方法 本文主要采用实时荧光定量 PCR 和 Western Blotting 检测 USP28 在健康供者和骨髓瘤 CD138 阳性细胞中的差异表达；采用流式细胞仪凋亡和周期实验等揭示 USP28 在骨髓瘤中的体外作用，裸鼠成瘤证实其体内作用。采用 CoIP 蛋白质谱、CoIP、免疫荧光和 Western Blotting 等实验探索 USP28 作用骨髓瘤的机制。采用 RNA-seq、CoIP 和 Western Blotting 等技术阐明 USP28 通过 KIF20B 调控骨髓瘤发生发展的共同信号通路。

结果 1.USP28 促进骨髓瘤增殖和生存；2.USP28 增加驱动蛋白 KIF20B 蛋白稳定性；3.KIF20B 促进骨髓瘤细胞增殖和生存；4.USP28 小分子抑制剂增加硼替佐米对骨髓瘤细胞敏感性。

结论 USP28 通过 KIF20B 诱导 IRF4 和 MYC 上调促进骨髓瘤发生发展

PO-1757

从两项 III 期研究 LEPUS 和 OCTANS 中探究达雷妥尤单抗静脉给药转换皮下给药的可行性和安全性

傅卫军¹、李薇²、黄洪晖³、金洁⁴、陈文明⁵、安刚⁶、傅琤琤⁷、刘卫平⁸、赵曼⁹、盖雪⁸、陈熙⁸、蔡浩彦⁸、路瑾¹⁰、侯建³、王建祥⁶

1. 上海长征医院；2. 吉林大学第一医院；3. 上海交通大学医学院附属仁济医院

4. 浙江大学医学院附属第一医院；5. 北京朝阳医院

6. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

7. 苏州大学附属第一医院；8. 西安杨森制药有限公司；9. 艾昆纬医药科技（上海）有限公司

10. 北京大学人民医院

目的 Dara IV 临床安全有效，但其输注相关反应和给药时间值得关注。Dara SC 具有快速、舒适及更少的输注相关反应等优势，在增加患者的依从性的同时减轻医护临床负担。1 期 MMY1010 试验

中, Dara SC 单药治疗 RRMM 患者临床获益显著, 未观察到新的安全性事件。已知 III 期 ANDROMEDA 研究中, Dara SC+VCd 对 AL 型轻链型淀粉样变性患者中可耐受。我们将对两项 III 期研究(LEPUS & OCTANS)的 MM 患者, 进行 Dara IV 转换成 SC 的安全性分析。

方法 在这两项研究中, LEPUS (RRMM: Dara IV ±Vd) 和 OCTANS (TIE NDMM: DARA IV±VMP) 中接受 Dara IV 的患者被允许在任何周期的第 1 天转换到 Dara SC 的给药方式。此次报告了患者偏好和 Dara SC 输注时间以及安全性。

结果 分别有 31/141 和 76/146 例接受 D-Vd 和 D-VMP 的患者从 Dara IV 转为 Dara SC, 在 D-Vd 和 D-VMP 患者中, Dara SC 中位注射次数分别为 13 次 (2-16) 和 18 次 (1-26); 中位给药时间为 4 分钟。大多数患者偏好 IV 转换 SC (D-Vd, 77.4%; D-VMP, 84.2%)。首选转换 SC 的原因包括减少给药时间、更舒适给药过程、更少输注相关反应以及更少护理人员负担。在 D-Vd 患者中, 90.8% 患者发生不良事件 (TEAE, 3/4 级: 19.7%, 严重 TEAE: 14.5%)。在 D-VMP 患者中, 90.8% 患者发生 TEAE (3/4 级: 19.7%, 严重 TEAE: 14.5%)。Dara IV 转换 SC 的给药方式中未观察到新的安全事件。

结论 这些结果进一步支持了中国及亚洲 MM 人群中从 Dara IV 转换成 SC 的给药方式总体耐受性良好, 安全可控。

PO-1758

靶向 BCMA 的 CAR $\gamma\delta$ T 与传统 CAR T 抗 多发性骨髓瘤的体外功能对比研究

洪阳¹、吴孙桂¹、张翠玲¹、杨永坤²、谭涛超²、董晓庆¹、陈兵¹

1. 南京大学医学院附属鼓楼医院

2. 南京驯鹿医疗股份有限公司

目的 近些年, 靶向 BCMA 的嵌合抗原受体 T 细胞 (BCMA.CAR T) 疗法被证明是治疗难治/复发多发性骨髓瘤 (MM) 的突破性新疗法。传统 CAR-T 细胞组成以 $\alpha\beta$ T 细胞为主。 $\gamma\delta$ T 细胞能够通过识别肿瘤表面的磷抗原发挥天然抗肿瘤作用和异体疗法潜力。本研究旨在通过体外研究对比 BCMA.CAR $\gamma\delta$ T 相较于传统 BCMA.CAR T 在抗多发性骨髓瘤中的功能, 为后续探索体内研究和开发 BCMA.CAR $\gamma\delta$ T 的新型细胞免疫疗法奠定基础。

方法 用逆转录病毒包装分泌型 IL-15 修饰的靶向 BCMA 的全人源 CAR 逆转录病毒, 使用唑来膦酸+IL-2 的激活转染 $\gamma\delta$ T 细胞。同步制备具有相同 CAR 结构的慢病毒, CD3/CD28 刺激磁珠激活从 PBMC 中分选的 CD3+T 细胞后 24 小时, 按 MOI 1-2 转染制备传统 CAR T。通过基于 luciferase 的荧光检测法对比两种 CAR T 以及 mock $\gamma\delta$ T 和 $\alpha\beta$ T 对不同 MM 细胞的杀伤能力以及 CD107a 染色法确定两种 CAR-T 的脱颗粒能力, 用微量样本多重蛋白定量技术 (CBA) 法检测细胞在靶细胞刺激下的细胞因子分泌能力。

结果 肿瘤 BTN3A1 的表达对 $\gamma\delta$ T 对肿瘤表面磷抗原的识别起到关键作用, 我们发现 BTN3A1 在 MM 细胞系和患者中呈差异性表达, 并显著高于其他血液系统肿瘤 ($p < 0.001$), 对 GSE3912 的 MM 患者队列按 BTN3A1 表达的中位值分成高、低两组后进行 K-M 生存分析, 结果提示 BTN3A1 高表达是 MM 预后的保护性因素 ($p = 0.026$, HR = 0.062)。通过体外杀伤实验, 我们发现 $\gamma\delta$ T 细胞相较于 $\alpha\beta$ T 细胞对 BTN3A1 高表达的 MM 细胞有显著的杀伤作用, 而在对 BTN3A1 低表达细胞的杀伤作用差异不显著。构建的 BCMA.CAR $\gamma\delta$ T 表现出与传统 BCMA.CAR T 相当的对 BTN3A1 高表达和低表达 MM 细胞相当的杀伤作用, BCMA.CAR $\gamma\delta$ T 在靶细胞刺激下的脱颗粒能力略强于传统 BCMA.CAR T。在细胞因子检测实验中, 我们发现 BCMA.CAR $\gamma\delta$ T 在不同 MM 靶细胞刺激下的 IFN- γ 、TNF、IL-2 的释放能力均显著弱于传统 BCMA.CAR T, 这可能影响 BCMA.CAR $\gamma\delta$ T 体内抗肿瘤作用的维持。

结论 $\gamma\delta$ T 能够天然杀伤 BTN3A1 高表达的 MM 细胞, BCMA.CAR $\gamma\delta$ T 相较于传统 BCMA.CAR T

表现出体外对 MM 细胞较强的杀伤能力,这可能与 $\gamma\delta$ TCR 与 CAR 信号的双重激活作用有关,但 BCMA.CAR $\gamma\delta$ T 的细胞因子释放能力要弱于传统 BCMA.CAR T,可能会对 BCMA.CAR $\gamma\delta$ T 体内持久抗肿瘤作用产生不利影响。总之,本研究初步探讨了 BCMA.CAR $\gamma\delta$ T 与传统 BCMA.CAR T 的体外功能差异,为后续开发治疗多发性骨髓瘤异体 CAR-T 疗法提供了基础。

PO-1759

中药熏洗联合针灸对多发性骨髓瘤患者化疗 相关周围神经病变的干预效果

王璇、郭树霞
郑州人民医院

目的 观察中药熏洗联合针灸对化疗相关周围神经病变的多发性骨髓瘤患者的治疗效果。

方法 选取 2022 年 1 月至 2024 年 1 月在郑州人民医院血液内科确诊多发性骨髓瘤病人 42 例,西医符合多发性骨髓瘤伴发周围神经病变诊断标准,中医符合痹证范畴。随机分为对照组 22 例,观察组 20 例。两组患者均按原方案(以含硼替佐米的化疗方案为主)治疗并常规给予牛痘疫苗接种家兔炎症皮肤提取物注射液 7.2u/日治疗。观察组在此基础上给予中药熏洗联合针灸治疗。两组在治疗前后均分别采用 FACT/GOG-Ntx 神经毒性及生活质量量表、总神经病变评分表临床版(TNSc)、中医症候分级及疗效量化评价标准以问卷调查的形式对患者进行评估,检测病人神经传导速度,比较两组患者治疗前后神经传导、生活质量及中医症候改善的差异。

结果 两组患者治疗前神经传导速度无差别,治疗后观察组患者正中神经和腓肠神经的感觉神经传导及运动神经传导速度均高于对照组;观察组周围神经病变指标改善效果及中医症候改善效果均优于对照组。

结论 中药熏洗联合针灸对多发性骨髓瘤患者化疗相关周围神经病变具有显著的治疗效果,可明显改善患者的肢体神经传导功能,提高患者生活质量。

PO-1760

多参数流式细胞术检测循环骨髓瘤细胞 用于多发性骨髓瘤病情评估的可行性探索

何琛
郑州大学第一附属医院

目的 采用多参数流式细胞术检测多发性骨髓瘤(MM)患者的循环骨髓瘤细胞(CMCs)数量,探讨其与髓内瘤细胞(MMCs)数量的相关性以及与 MM 临床相关指标的关系,评价流式细胞术监测 CMCs 用于反映髓内瘤细胞负荷及病情评估的可行性。

方法 方法:回顾性研究。选取 2021 年 1 月至 2023 年 12 月于郑州大学第一附属医院确诊的 MM 患者 125 例,其中男 69 例,女 56 例,中位年龄 63(47, 85)岁。依据诊疗标准分为初发及复发组 83 例、部分缓解(PR)组 30 例和完全缓解(CR)组 12 例。依据 CMCs 阳性标准分为 CMCs 阳性组 92 例和阴性组 33 例。筛选本院同期 30 例非浆细胞相关疾病的贫血患者为对照组,男 16 例,女 14 例,中位年龄 52(31, 78)岁。应用多参数流式细胞术检测各组骨髓和外周血中骨髓瘤细胞的比例,同时分析 CMCs 与 LDH、 β_2 -MG、HGB、肌酐、血钙、骨质破坏、血 M 蛋白、尿 M 蛋白各临床指标之间的联系。采用独立样本 t 检验、 χ^2 检验、Kruskal-Wallis H 检验、Spearman 秩相关、Logistic 回归进行统计学分析。

结果 结果:(1)初发及复发组、PR组中CMCs阳性检出率分别为93.98%、46.67%,两组间MMCs和CMCs比例呈正相关($P<0.05$);CR组和对照组未检测出MMCs和CMCs。(2)流式法初发及复发组、PR组CMCs检出率均高于外周血涂片异常浆细胞检出率(50.60%、20.00%),方法学优于细胞形态学($P<0.05$);(3)MMCs和CMCs比例在CR组和对照组、PR组、初发及复发组依次增高($P<0.05$)。(4)与阴性组相比,CMCs阳性组LDH增高、 β 2-MG增高、血钙升高、HGB $<100\text{g/L}$ 、肾功能异常及骨质破坏的发生率明显升高、血尿M蛋白检出率更高,呈现出较高的R-ISS和Durie-Salmon分期($P<0.05$),且 β 2-MG升高、HGB $<100\text{g/L}$ 是CMCs阳性的独立危险因素($P<0.05$)。

结论 结论:MM患者诊疗过程中采用流式细胞术监测CMCs是一种较敏感的检测手段,在一定程度上可反映患者体内的肿瘤负荷并提示病情进展、预测复发。 β 2-MG升高、HGB $<100\text{g/L}$ 是CMCs存在的独立风险因子。

PO-1761

达雷妥尤单抗为基础方案治疗复发 难治多发性骨髓瘤疗效和安全性研究

艾尚怡、田卫伟

山西医科大学第三医院,山西白求恩医院(山西医学科学院),同济山西医院,太原,030032

目的 探讨达雷妥尤单抗为基础方案在真实世界中治疗复发/难治多发性骨髓瘤(RRMM)的安全性及有效性。

方法 回顾性分析山西白求恩医院自2017年1月至2023年11月间,以达雷妥尤单抗为基础治疗方案治疗的RRMM患者的临床数据,评估其疗效及不良反应。

结果 37例RRMM纳入研究,中位年龄62岁,既往中位治疗线数2(1-5)线,12例(32.4%)伴髓外病变,12例(32.4%)患者乳酸脱氢酶 $\geq 245\text{U/L}$,11例(29.7%)既往接受了三线及以上治疗,完成FISH检测的27例患者中8例(29.6%)患者伴高危遗传学改变。从诊断到使用达雷妥尤单抗中位时间为23.1(0.7-144.9)个月。总体反应率(ORR)为75.7%。无髓外病变者和有髓外病变ORR分别为88.0%和50.0%($P=0.036$)。中位随访时间12.1个月,中位无进展生存期(PFS)为7.8个月,中位总生存期(OS)为22.4个月。无髓外病变者中位PFS和中位OS分别为11.8个月和23.5个月,有髓外病变者中位PFS和中位OS分别为4.2个月和8.3个月,差异均有统计学意义($P<0.05$);LDH $\geq 245\text{U/L}$ 组与 $<245\text{U/L}$ 组中位PFS分别为6.5个月和11.9个月($P=0.004$),中位OS分别为30.2个月和12.1个月($P=0.002$)。输注时非血液学不良反应发生率为32.4%,最常见的为输注相关不良反应(29.7%),均为1-2级。 ≥ 3 级血液学不良事件发生率13.5%,血小板减少最为常见(8.1%)。

结论 达雷妥尤单抗为基础方案治疗RRMM的总体有效率高,不良反应可耐受。

PO-1762

CAR-T治疗后血小板活化因子促进 多发性骨髓瘤复发的作用研究

郭丹、苏文峰、卢金凤、洪乐旻、黄红铭
南通大学附属医院

目的 探讨CAR-T治疗后炎性微环境中血小板活化因子(PAF)促进多发性骨髓瘤复发的作用。

方法 分析我科 CAR-T 治疗 MM 患者的血浆代谢组学特征，利用 ELISA 检测患者血浆中 PAF 的水平，免疫组化检测骨髓组织中 PAF 受体 (PAFR) 表达情况。QPCR 检测 MM 细胞系中 PAFR mRNA 相对表达水平。构建荧光素酶过表达稳定株 OPM2-luc，用于 MM 细胞增殖和 CAR-T 细胞杀伤功能检测。

结果 血浆代谢组学结果分析显示相对 CAR-T 治疗后缓解组，复发组体内棕榈卡尼汀酯、溶血磷脂酰胆碱 (LPC) 等磷脂分子水平显著降低 ($P < 0.05$)。通路分析发现这些差异代谢小分子可富集到 PAF 代谢通路。ELISA 检测发现 CAR-T 治疗后复发组血浆中 PAF 水平明显高于缓解组，且复发患者骨髓组织中 PAFR 蛋白也显著表达。QPCR 结果显示 MM 细胞系中 PAFR mRNA 表达水平明显升高，其中 OPM2 细胞最显著 ($P < 0.05$)。在 OPM2-luc 细胞中加入 PAF，96 小时后 PAF 各组浓度均体现出有显著差异的增殖作用。将 BCMA CAR-T 细胞与 PAF 共培养，结果表明 PAF 对 CAR-T 细胞增殖无明显毒性，且对其杀伤功能无明显影响。

结论 CAR-T 治疗 MM 后 PAF 合成增加促进 MM 细胞增殖，这种效应可能通过 PAF/PAFR 作用通路激活。靶向 PAF 途径可能是一种增强 MM CAR-T 疗法的有效策略。

PO-1763

改良培养方法对多发性骨髓瘤染色体核型检出率的影响

袁翠英、陈兵、董海波 蒋如如 周敏
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 探讨改良多发性骨髓瘤 (MM) 患者的染色体核型分析的培养方法，进一步提高 MM 患者的细胞遗传学异常检出率，为 MM 患者的临床诊断、预后分层和个体化治疗提供更准确的参考依据。

方法 将 62 例初治的 MM 患者，同时抽取骨髓分别接种两组 1640 培养基中，相同条件下分别进行 1 天及 2 天培养，培养后制片再行染色体 R 显带分析，比较两组的异常核型检出率以及检出的细胞遗传学异常的特点。

结果 62 例 MM 患者 1 天培养组中有 13 例检出异常核型，2 天培养组中有 22 例检出异常核型，2 天培养组较 1 天培养组 MM 的核型异常检出率有了很大的提高，两组总体异常检出率分别 20.97% 和 35.48%，比较差异有显著统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 培养 2 天的改良培养法可有效地提高 MM 患者染色体异常核型检出率，延长培养时间有助于提高多发性骨髓瘤异常核型的检出率，多发性骨髓瘤的细胞遗传学改变均为复杂异常。

PO-1764

探索意义未明的单克隆免疫球蛋白血症 (MGUS) 向多发性骨髓瘤 (MM) 转化的分子机制

傅源菁、刘琰、顾伟英、郑卓君、曹阳、林艳
苏州大学附属第三医院

目的 意义未明的单克隆丙球蛋白血症 (MGUS) 是多发性骨髓瘤 (MM) 的前驱状态，每年有一定比例的 MGUS 病例进展为 MM。然而，这种转化的机制仍不清楚。

方法 基于基因表达数据库 (GEO) 的转录组数据，分析 MGUS 和 MM 的差异表达基因 (DEGs)。采用加权基因共表达网络分析 (WGCNA) 研究与 MGUS 和 MM 相关的共表达网络。通过单因素 Cox 分析和 LASSO 回归分析筛选与 MM 预后相关的基因，并构建 MGUS 相关的基因特征风险评分 (MGUSscore)。使用 GO、KEGG 和 GSEA 分析探讨核心基因的分子功能机制，并分析它们

与 MM 免疫微环境的关系。此外，构建竞争性内源 RNA (ceRNA) 网络，研究这些基因在 miRNA/lncRNA 调控机制中的作用。

结果 识别出 961 个与 MM 相关的 DEGs 和 355 个与 MGUS 相关的 DEGs。通过与 WGCNA 模块的交叉分析，发现 12 个交叉基因。进一步分析表明，单因素 Cox 分析和 LASSO 回归分析筛选的 4 个核心基因 (DAP3、HIST1H1C、MRPL4 和 UBE2S) 组成的 MGUSscore 可将 MM 患者分为高风险组和低风险组，高风险组的总生存期 (OS) 较短 ($P<0.05$)。此外，这 4 个核心基因与免疫细胞浸润相关，可能在免疫微环境中发挥作用。预测了 68 个与核心基因相关的 miRNA，通过这些 miRNA 找到 10 个相关的 lncRNA，构建了 ceRNA 网络。

结论 DAP3、HIST1H1C、MRPL4 和 UBE2S 是 MM 潜在的治疗靶点，MGUSscore 可作为预测 MM 患者预后的新型生物标志物。

PO-1765

R2-ISS 分期、BARD1 突变对多发性骨髓瘤的预后分析及 nomogram 模型构建

徐欣¹、林玲²、杨彤²、陈为民²、林芸²

1. 福建医科大学

2. 福建省立医院

目的 评估多发性骨髓瘤 (MM) 的第二次修订的国际分期系统 (R2-ISS) 的预后价值，并构建基于 R2-ISS 的全新的 nomogram 模型。

方法 将 74 例初诊多发性骨髓瘤 (NDMM) 患者的包含 R2-ISS 分期、细胞遗传学异常、基因突变在内的基线信息纳入 Cox 回归分析中，验证 R2-ISS 对 MM 的预后价值，筛选 MM 独立预后因素并构建 nomogram 模型。通过时间依赖性受试者工作特征 (time-ROC) 曲线、校准曲线、一致性指数 (C-index) 等验证模型效能。最后利用 X-tile 软件取得评分最佳截断值并分层，绘制 Kaplan-Meier 曲线评估模型分层价值。

结果 1.R2-ISS 分期、BARD1 突变是 MM 独立预后因素 ($P<0.05$)。2.验证模型效能：OS 对应的 C-index 为 0.687 (95%CI: 0.639-0.734)，PFS 对应的 C-index 为 0.697 (95%CI: 0.651-0.743)。1 年、3 年、5 年 OS 对应的 ROC 曲线下面积 (AUC) 分别为 0.713 (95%CI: 0.592-0.833)、0.845 (95%CI: 0.731-0.960)、0.961 (95%CI: 0.904-1.017)，PFS 对应的 AUC 分别为 0.749 (95%CI: 0.634-0.863)、0.829 (95%CI: 0.703-0.956)、0.956 (95%CI: 0.893-1.019)。校准曲线均接近 45° 对角线。3.nomogram 评分最佳截断值为 100、112.5，以此分层并生存分析发现：高危组生存率显著低于低、中危组 (OS: 7% vs.80.6% vs.53.3%, $P<0.001$; PFS: 7% vs.73.4% vs.53.3%, $P<0.001$)。

结论 本研究验证了 R2-ISS 对 MM 预后价值，发现 R2-ISS 分期、BARD1 突变是 MM 独立预后因素，基于二者构建的 nomogram 模型为 NDMM 危险分层体系提供了新的可能。

PO-1766

Causal associations between the gut microbiota and multiple myeloma: A two-sample Mendelian Randomization study

Chunyan Zhang, Shan Gao, Wenrui Sun, Lihong Hu, Wuyue Hu, Xuxin Cui, Qilong Liu, Wanting Xiao, Guangxun Gao
The First Affiliated Hospital of Air Force Military Medical University

Objective Previous observational studies have indicated a potential association between the gut microbiota and multiple myeloma (MM). However, the relationship between the gut microbiota and MM remains unclear. The aim of this study was to ascertain the existence of a causal link between the gut microbiota and MM.

Methods To investigate the potential causal relationship between gut microbiota and MM, a two-sample Mendelian randomization (MR) analysis was conducted. Exposure data was obtained from the MiBioGen consortium, which provided genetic variants associated with 211 bacterial traits. MM outcome data was obtained from the FinnGen consortium. The selection of Single nucleotide polymorphisms estimates was performed through meta-analysis using inverse-variance weighting, and sensitivity analyses were conducted using weighted median, MR Egger, Simple mode, and MR-PRESSO.

Results The results of the study demonstrated a significant positive correlation between the Genus *Eubacterium ruminantium* group and the risk of MM (OR 1.71, 95%CI 1.21 to 2.39). Conversely, the Genus *Dorea* (OR 0.46, 95%CI 0.24 to 0.86), *Coprococcus1* (OR 0.47, 95%CI 0.22 to 1.00), *RuminococcaceaeUCG014* (OR 0.57, 95%CI 0.33 to 0.99), *Eubacterium rectale* group (OR 0.37, 95%CI 0.18 to 0.77), and Order *Victivallales* (OR 0.62, 95%CI 0.41 - 0.94), Class *Lentisphaeria* (OR 0.62, 95%CI 0.41 to 0.94), exhibited a negative association with MM. The inverse variance weighting analysis provided additional support for these findings.

Conclusion This study is the first to employ MR to investigate the potential influence of gut microbiota on the risk of MM. By utilizing the largest available GWAS datasets, our MR analysis revealed a significant association between the increased abundance of a specific genus *Eubacterium ruminantium* group and a higher likelihood of developing MM. Furthermore, we identified six other gut microbiota that may potentially exert a beneficial impact on MM. This underscores the considerable contribution of gut microbiota in the progression of MM and offers valuable perspectives for future inquiries. The escalating mortality rate of MM in recent times can be attributed to its propensity to evolve into renal failure as the disease advances. Consequently, comprehending the etiology of MM and implementing proactive interventions to avert its onset assume paramount significance. Subsequent mechanistic and clinical investigations into the influence of microbiota on MM could derive valuable insights from this study.

PO-1767

基于 CO 呼气试验检测多发性骨髓瘤患者 红细胞寿命缩短与预后相关性研究

肖婉婷¹、张春燕²、高广勋²

1. 延安大学

2. 中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 多发性骨髓瘤 (MM) 是一种恶性浆细胞疾病, 贫血是最常见的并发症, 常预后差。其贫血机制可能涉及骨髓侵犯、肾脏损害及炎症因子等方面, 红细胞寿命 (RBCs) 缩短可能是 MM 患者贫

血的主要原因之一，MM 贫血可因 RBCs 缩短而加重，但目前 RBCs 缩短和 MM 患者的贫血是否直接相关，尚不明确。本研究拟在探索 MM 患者 RBCs 缩短与 MM 患者贫血及其预后的关系

方法 回顾性纳入 2019 年 10 月至 2023 年 7 月初诊 MM 患者 112 例，收集初诊时的基线资料信息，内源性 CO 呼气试验方法检测 RBCs，行 Pearson 相关性分析评估影响因素。生存曲线使用 Kaplan-Meier 法绘制，差异用 log-rank 法检验，P 值为<0.05 认为差异有统计学意义。

结果 1.MM 组 RBCs 值[(58±25.98) d]较健康对照组[(122±9.50) d]减少 (P<0.05)，MM 贫血组的 RBCs 值[(52±22.05) d]和无贫血组 RBCs 值[(82±27.48) d]较健康对照组[(122±9.05) d]均减少(P<0.01)，有贫血组 RBCs 缩短的更为明显，且贫血程度越重，MM 患者的 RBCs 也越缩短。

2 .相关性分析显示，MM 患者 RBCs 与血 β_2 微球蛋白、球蛋白、骨髓浆细胞比例呈显著负相关 (r<0, p<0.05)，与白蛋白、血小板计数、网织红细胞计数呈显著正相关 (r>0, p<0.05)。

3.随访 1 年时，RBCs \geq 50d 与 RBCs<50d 的患者的中位 PFS 为 (9.13 个月 vs 22.14 个月，p<0.05)。

结论 因此推测，MM 患者贫血机制可能涉及 RBCs 缩短，RBCs 长短可能和 MM 预后显著相关。

PO-1768

三重/四重耐药复发难治性多发性骨髓瘤患者的临床特征及生存期分析：山西多中心回顾性研究

安静¹、赵洁²、马爻芳³、李志华⁴、郎筠渊⁵、高国荣⁶、刘文华⁷、魏俊妮¹、田卫伟^{1,2}

1. 山西医科大学

2. 山西医科大学第三医院，山西白求恩医院(山西医学科学院)，同济山西医院

3. 运城市人民医院

4. 国药同煤总医院

5. 晋城市人民医院

6. 临汾市人民医院

7. 山西省人民医院

目的 本研究旨在探究复发性或难治性多发性骨髓瘤(relapsed or refractory multiple myeloma, RRMM)患者在接受蛋白酶体抑制剂、免疫调节剂、CD38 单抗及 BCMA 靶向 (三重/四重) 治疗后出现耐药性的临床特征与生存预后。

方法 采用回顾性研究的方法，分析了 2017 至 2023 年间山西六家中心的三重/四重耐药 RRMM 患者的临床数据，并通过 Kaplan-Meier 生存曲线法对总生存期 (overall survival, OS) 和无进展生存期 (progression-free survival, PFS) 进行了统计分析。

结果 研究纳入 51 例三重耐药患者，其中 12 例后续接受 BCMA CAR-T 细胞治疗，8 例治疗后复发，被界定为四重耐药。其余的 43 例患者被界定为三重耐药患者。三重耐药患者中，高风险细胞遗传学异常及髓外病变的检出率分别为 55.8%和 48.8%，而四重耐药患者中该检出率分别上升至 87.5%和 75.0%。三重耐药患者的中位 PFS 与 OS 分别为 4.9 个月(95% CI: 3.6-6.2)和 16.7 个月(95% CI: 7.2-26.2)；四重耐药患者的相应指标分别为 4.6 个月(95% CI: 1.3-7.9)和 9.1 个月(95% CI: 7.2-11.1)。BCMA CAR-T 治疗组与标准治疗组的中位 PFS 分别为 9.4 个月(95% CI: 2.4-16.4)和 4.9 个月(95% CI: 2.1-7.7) (P=0.1191)，中位 OS 分别为 25.2 个月(95% CI: 15.6-34.8)和 19.2 个月(95% CI: 12.5-25.9) (P=0.005)，表明 BCMA CAR-T 治疗在提升三重耐药 RRMM 患者的生存期方面具有显著优势。

结论 三重/四重耐药 RRMM 患者预后整体较差。BCMA CAR-T 细胞治疗能显著改善三重耐药 RRMM 患者的生存期。

PO-1769

Lipid Levels and Multiple Myeloma Risk: Insights from Meta-analysis and Mendelian Randomization

Linhui Hu², Weiwei Zhu¹, Zhimin Zhai¹

1. Department of Hematology/Hematological Lab, The Second Hospital of Anhui Medical University, Hefei 230601, Anhui Province, People's Republic of China

2. Department of Hematology, The Second Hospital of Nanchang University, Nanchang, Jiangxi Province, People's Republic of China

Objective Lipid levels have been suggested to be correlated with multiple myeloma (MM) risk, though causality remains unconfirmed. To explore this further, a detailed study combining meta-analysis and Mendelian randomization (MR) was conducted.

Methods Literature searches were performed on PubMed and Embase; summary data for plasma lipid traits were extracted from the IEU and MM data from the FinnGen database. Meta-analysis and MR were utilized to analyze the link of lipids with MM risk, including mediator MR to identify potential mediators.

Results Observational studies analyzed through meta-analysis showed that elevated levels of LDL, HDL, total cholesterol (TC), and triglycerides correlate with a lower risk of MM, with HRs of 0.73, 0.59, 0.60, and 0.84, respectively. MR analysis confirmed a causal link of triglyceride with a reduced MM risk (OR: 0.67, 95% CI: 0.46-0.98), independent of BMI. Mediation analysis pointed to X-11423-O-sulfo-L-tyrosine and neuropilin-2 as potential mediators.

Conclusion The findings suggest that higher lipid levels (LDL, HDL, TC, and triglycerides) are correlated with a reduced MM risk, and higher triglyceride levels are causally correlated with a reduced MM risk. This suggests new avenues for therapeutic interventions targeting MM.

PO-1770

血清游离轻链和尿轻链检测在多发性骨髓瘤患者疗效监测和预后评估中的意义

姚梦苏

苏州大学附属第二医院

目的 分析比较血清游离轻链 (sFLC) 与尿轻链 (ULC) 在初诊多发性骨髓瘤 (MM) 患者治疗中疗效监测和预后评估的价值, 探讨用 sFLC 替代尿轻链在不同亚型 MM 患者疗效评估中的价值。

方法 回顾性分析接受≥2 周期治疗的 154 例新诊断的多发性骨髓瘤 (NDMM) 患者的基线和治疗随访, 根据分型 (轻链型和完整免疫球蛋白型) 和肾功能 (血肌酐≤133μmol/L 和 >133μmol/L) 对患者进行分组, 分析基线、2 周期和 4 周期治疗结束时各指标 [受累的尿轻链 (iULC) 水平、sFLC 比值 (sFLCR) 以及受累的 sFLC (iFLC) 水平] 的变化。分析 2 周期治疗结束时, 各亚组中指标正常和异常患者的生存差异。分析用 sFLC 替代 24h 尿轻链的修改后疗效评估方法和 IMWG 疗效标准之间的一致性和差异。

结果 1. IIMM 组和肾功能正常组中, 基线、2 周期和 4 周期治疗结束时 sFLCR 异常和 iFLC 升高的患者明显多于尿轻链升高的患者。2 周期治疗结束时, 各亚组尿轻链升高、sFLCR 异常、iFLC 升高的患者比例均较基线时明显下降 (所有 $P < 0.001$), 而 4 周期治疗结束时各指标异常的患者比例较 2 周期时未进一步下降 (所有 $P > 0.05$), 所以本研究选择 2 周期治疗结束为研究时间点。

2. 2 周期治疗结束时, 肾功能正常组中, sFLCR 正常患者较异常患者的预后更好, iFLC 正常患者较升高患者的预后更好, mPFS 差异具有统计学意义 (46.5 个月 vs. 18 个月, $P = 0.0144$; 48.5 个月 vs. 21 个月, $P = 0.0410$), 而尿轻链水平正常与异常患者的 PFS 差异无统计学意义; 肾功能异

常组中，尿轻链水平正常患者较异常患者的预后更好，mPFS 差异具有统计学意义（63 个月 vs.22 个月， $P=0.0219$ ），而 sFLCR 正常与异常患者、iFLC 水平正常与升高患者的 PFS 差异均无统计学意义。

3. 2 周期治疗结束时，在 IIMM 组中 sFLCR 正常患者的 mPFS 是 sFLCR 异常患者的 2.6 倍（46.5 个月 vs.18 个月， $P=0.0201$ ），尿轻链水平正常患者的 mPFS 是尿轻链水平异常患者的 2.2 倍（39 个月 vs.18 个月， $P=0.0003$ ），iFLC 正常与升高患者的 PFS 差异无统计学意义；LCMM 组无论根据血清或尿液检测区分正常/异常患者的 PFS 差异均无统计学意义。

4. 对各亚组 MM 在初诊时达到的最佳疗效进行评估，加权 Kappa 分析表明，在 IIMM 组和肾功能正常组中，修改后疗效评估方法与 IMWG 疗效标准之间的一致性均较高（Kappa 值分别为 0.750、0.785），而在 LCMM 组和肾功能异常组的一致性中等（Kappa 值分别为 0.509、0.508）。

结论 1.在肾功能正常的初诊 MM 患者中，更适合以 sFLC 替代尿轻链进行疗效评估。

2.在肾功能异常、IIMM、LCMM 组中，并未发现有利证据支持以 sFLC 替代尿轻链用于疗效评估。

PO-1771

全反式维甲酸增效 BCMA-CS1 双靶点 CAR-T 治疗多发性骨髓瘤

吴卓琳

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探究不同浓度的全反式维甲酸（all-trans retinoic acid, ATRA）预处理对多发性骨髓瘤（multiple myeloma, MM）细胞表面靶点表达及 BCMA-CS1 双靶点 CAR-T 杀伤的影响。构建体内 MM 模型，进一步明确 ATRA 对 BCMA-CS1 双靶点 CAR-T 在 MM 治疗中的作用。

方法 使用不同浓度的 ATRA 预处理 BCMA-CS1 双靶点 CAR-T 及 MM 细胞系，采用 CCK-8 法检测细胞活力，流式细胞术及实时荧光定量检测 MM 细胞靶点表达水平的变化；将 BCMA-CS1 双靶点 CAR-T 与经过 ATRA 预处理的 MM 细胞系共培养检测 CAR-T 细胞毒性；构建小鼠体内 MM 模型，通过尾静脉注射 BCMA-CS1 双靶点 CAR-T，腹腔注射 ATRA，采用流式细胞术检测小鼠外周血中肿瘤细胞表面靶点变化，基于活体成像系统检测治疗效果。

结果 CCK-8 活性检测结果显示 1000nM 及以下的 ATRA 不会对 BCMA-CS1 双靶点 CAR-T 及 MM 细胞活性造成显著影响。ATRA 预处理 MM 细胞 24 小时，其 BCMA 表达水平上调（1000nM vs. DMSO, $P<0.01$; 100nM vs. DMSO, $P<0.05$ ），且具有剂量依赖性；撤去药物后随着时间推移，细胞 BCMA 表达水平呈下降趋势。体外杀伤实验结果显示，与对照组相比，ATRA 预处理组的杀伤效果明显增强（MM.1S: 1000nM vs. DMSO, $P<0.01$; RPMI-8226: 1000nM vs. DMSO, $P<0.05$; 100nM vs. DMSO, $P<0.001$ ）。动物实验表明 ATRA 能够上调小鼠体内肿瘤细胞 BCMA 表达（ $P=0.057$ ），联合治疗组与 CAR-T 单药组及对照组相比，降低了小鼠的肿瘤负荷，延长了总生存时间。

结论 体内外模型实验结果显示 ATRA 能够上调 MM 细胞 BCMA 表达水平，增效 BCMA-CS1 双靶点 CAR-T 杀伤。

PO-1772

全反式维甲酸逆转 CAR-T 治疗中 肿瘤相关成纤维细胞的免疫抑制

吴卓琳

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 构建肿瘤相关成纤维细胞 (cancer associated fibroblast, CAF) 体外模型, 验证其在多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 中对 CAR-T 治疗的抑制作用, 探究全反式维甲酸 (all-trans retinoic acid, ATRA) 对其免疫抑制的逆转作用。通过转录组学测序揭示相关机制。

方法 使用 Transwell 系统共培养 MM 细胞系及人骨髓间充质干细胞 (bone marrow derived mesenchymal stem cells, BMSC), 诱导构建 CAF 体外模型, 免疫荧光检测成纤维细胞相关蛋白 FSP-1、 α -SMA 的变化。将诱导成功的 CAF 与 MM 细胞系共培养, 使用不同浓度 ATRA 预处理后检测 CAR-T 细胞对其杀伤效果, 流式细胞术检测评估 CAF 对 CAR-T 杀伤的抑制作用及 ATRA 对 CAF 免疫抑制的逆转作用。转录组学测序分析相关机制。

结果 免疫荧光检测结果显示与 MM 细胞系共培养后 BMSC 的 FSP-1、 α -SMA 表达均明显增多, 提示 BMSC 向 CAF 转化, 成功诱导构建 CAF 体外模型。流式细胞术检测结果显示, 与 CAF 共培养时, CAR-T 对 MM 的杀伤作用显著减小 ($P < 0.05$); 使用 ATRA 预处理后 CAR-T 杀伤作用明显增强 (100nM vs. DMSO, $P < 0.05$), 提示 CAF 的免疫抑制作用被逆转。转录组学测序分析显示 ATRA 预处理 MM 细胞, TGF- β 通路下调。TGF- β 是肿瘤诱导 BMSC 向 CAF 转化的关键因子, 推测 ATRA 逆转 CAF 的免疫抑制作用与 TGF- β 通路下调相关。

结论 ATRA 能够逆转 CAF 的免疫抑制作用, 从而增效 CAR-T 治疗多发性骨髓瘤。该过程可能与 TGF- β 通路下调相关。

PO-1773

与多发性骨髓瘤相关的铜死亡相关 LncRNA 评分

时璐瑶、王树娟、王冲

郑州大学医学部

目的 铜死亡是一种程序性细胞死亡, 涉及多种生理和病理过程, 我们构建了与多发性骨髓瘤 (MM) 的预后相关的铜死亡相关的长非编码 RNA (lncRNA) 评分, 以期对临床上多发性骨髓瘤的预后提供新的见解和思路。

方法 从 MMRF-COMMPASS 数据库中获得 MM 患者的 RNA-seq 和临床数据。通过共表达和单变量 COX 回归分析鉴定铜死亡相关预后 lncRNA。采用 LASSO 回归构建铜死亡相关 lncRNA 评分, 根据风险模型将 MM 患者分为两个风险组。采用 Kaplan-Meier、ROC、单变量和多变量 COX 回归、列线图和校准曲线分析来评估模型的预后价值。然后, 通过定量多聚合酶链反应 (qPCR) 在 MM 样品中探究模型中 lncRNA 的表达水平。采用 KEGG 功能分析、单样本 GSEA 和 ESTIMATE 算法分析不同风险组之间的机制和免疫状态。

结果 从 MMRF-COMMPASS 数据库中获得了 859 个 MM 中的 RNA-seq 和临床数据信息, 19 个 CRG 相关的 123 个 lncRNA, 并且基于 MM 患者的 2 年总生存 (OS) 结果鉴定了 21 个差异表达的 lncRNA。通过 LASSO 回归构建用于存活的 7 个铜死亡相关 lncRNA 评分。高风险 MM 患者表现出更差的结果。单因素和多因素 COX 回归分析表明该模型具有独立的预后价值。ROC、列线图和校准曲线分析揭示了此模型的预测能力。

结论 建立了一个铜死亡相关的 lncRNA 评分, 以预测预后, 并为 MM 患者提供潜在的治疗策略。

PO-1774

初诊多发性骨髓瘤患者细胞遗传学特征分析及 1q21 异常患者预后模型建立

白珅茵、王华

中山大学肿瘤防治中心（中山大学附属肿瘤医院、中山大学肿瘤研究所）

目的 针对初诊多发性骨髓瘤患者(NDMM)中与疾病发生和预后相关的各项细胞遗传学变异(CAs)进行分析,明确 CAs 对 NDMM 患者总生存期的影响。基于 1q21 拷贝数,纳入反应肿瘤负荷等情况的生物标志,在 1q21 超二倍体患者队列中构建并验证全新的 NDMM 预后模型。

方法 回顾性分析单中心 364 名具有细胞遗传学数据的 NDMM 患者的临床数据, Kaplan -Meier 生存曲线分析预后影响,单因素及多因素 Cox 回归分析明确独立预后不良因素。

在 102 名 1q21 超二倍体 NDMM 患者队列中, Cox 回归分析筛选独立预后因素并纳入构建 1q21 超二倍体 NDMM 患者 OS 的 nomogram 预测模型。使用校准曲线、受试者工作特征(receiver operating characteristic, ROC)曲线、ROC 曲线下面积、决策分析曲线对新建立模型效能进行评估验证。根据模型得分将患者分为低危、高危组,分析其预后差异。

结果 在单中心 364 名 NDMM 患者中,发生 1q21 超二倍体和 del 13q14 的患者比例分别为 102 例(28%)和 62 例(17%)。总队列的中位 OS 为 86.2 个月。Kaplan -Meier 生存分析显示发生 1q21 超二倍体、del 17p 和 del 13q14 的患者预后较差。多因素 Cox 回归分析结果表明,β₂ 微球蛋白 >2.5 mg/L、LDH>250U/L 和 del 17p 是 NDMM 患者 OS 的独立预后不良因素。在 VCD/VTD/PAD/RD 和 VRD 治疗队列中,高危 CAs 可区分患者的预后。

1q21 超二倍体患者中,1q21 拷贝数≥4 的患者预后更差。多因素 Cox 分析识别出 1q21 amp、PLT>185 *10⁹/L、eGFR<40.0 mL/min/1.73m² 和 del 17p 为独立不良预后因素(P<0.05),被用于构建预测 OS 的 nomogram 模型。Nomogram 模型的 1 年、3 年和 5 年的 ROC 曲线的 AUC 值分别为 0.7、0.7 和 0.67,同时校准曲线和 DCA 曲线也展示了其预测效能。运用 nomogram 模型得分将患者分为低危组(≤90 分)和高危组(>90 分),高危组患者生存期更短。

结论 在本中心 364 名 MM 患者中,1q21 超二倍体和 del 13q14 发生率最高。del 17p 是 NDMM 患者的独立预后不良因素。在 1q21 超二倍体的患者中,1q21 amp、del 17p、eGFR<40min/1.73m²、PLT<185*10⁹/L 是独立预后不良因素。根据上述指标构建的 nomogram 可以良好地预测初诊 1q21 多倍体的 MM 患者预后并区分患者预后风险。

PO-1775

IgA 型多发性骨髓瘤临床特征及预后分析

高帆、李菲

南昌大学第一附属医院

目的 单中心回顾性分析初治 IgA 型多发性骨髓瘤 (MM) 患者的临床特征、治疗反应以及预后分析。

方法 收集 2014 年 3 月至 2021 年 12 月南昌大学第一附属医院血液科收治的 182 例 IgA 型和 473 例非 IgA 型 MM 患者的临床资料,通过分析确定 IgA 型患者的临床特征、治疗反应及总生存期。

结果 与非 IgA 型患者相比,IgA 型 MM 患者更年轻 (63.7% vs. 54.3%, P=0.018),更易出现髓外病变 (19.8% vs. 12.7%, P=0.016)、严重贫血 (63.2% vs. 52.9%, P=0.011) 和低蛋白血症 (37.9% vs. 30.2%, P = 0.038),更多患者合并 amp(1q21) (47.9 % vs. 38.9 %, P = 0.044)。

IgA 型患者的中位无进展生存期 (progression-free survival, PFS) 和总生存期 (overall survival, OS) 分别为 20.9 和 40.7 月,短于非 IgA 型的 36.0 和 68.5 月 (P=0.010, P=0.004)。硼替佐米可以显著提高 IgA 型患者的总反应率 (91.2% vs. 94.6%, P=0.131)。Cox 回归分析显示,髓外

病变和 $\text{amp}(1q\ 21)$ 是 IgA 型患者的独立危险因素，而采用硼替佐米为基础的治疗方案和一线桥接自体造血干细胞移植是其保护因素。硼替佐米能够改善由肾功能损害和肿瘤负荷高造成的不良预后，但对于合并髓外病变（PFS: $P=0.001$; OS: $P=0.032$ ）或 $\text{amp}(1q21)$ （PFS: $P=0.001$; OS: $P=0.024$ ）的患者，其不良预后并未得到显著改善。

结论 IgA 型 MM 患者具有年轻化、易合并贫血和低蛋白血症，更多患者出现髓外病变和 $\text{amp}(1q21)$ 。与非 IgA 型患者相比，生存期更短。以硼替佐米为基础的治疗方案可以提高 IgA 型患者的总反应率和生存期。

PO-1776

以 CRAB 症状为表现的成人起病免疫缺陷症一例并文献回顾

安然、陈玉宝、刘之茵、王莹、严泽莹、孙海敏、田洁、陈钰、张苏江
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 提高对以高钙血症、肾功能损害、贫血、骨病（CRAB）症状为临床表现的抗 INF- γ 自身抗体（AIGA）介导的成人起病免疫缺陷症（AOID）的认识，减少误诊和漏诊。

方法 回顾性分析我科收治的 1 例以 CRAB 症状为首发临床表现的成人起病免疫缺陷症（AOID）患者的临床资料，并进行文献复习。

结果 患者为 52 岁男性，因“右颈部淋巴结肿大伴骨痛 1 月余”入院，实验室检查示贫血、高钙血症、肾功能异常、血清免疫固定电泳阳性，骨扫描提示全身多处骨破坏，颈部淋巴结穿刺病理结果示肉芽组织伴血管急慢性炎。结合骨髓象、免疫分型、骨髓活检等第一阶段诊断为多发性骨髓瘤、淋巴结炎，予以抗浆细胞治疗 1 周期后患者骨痛症状及贫血改善，但出现发热及淋巴结化脓性改变，后通过坏死淋巴结脓液 mNGS 及分枝杆菌培养明确为鸟-胞内分枝杆菌复合群（MAC）感染。进一步检测抗 INF- γ 自身抗体，最终确诊了 AOID。

结论 单克隆免疫球蛋白血症伴 AIGA 阳性临床上可表现为 CRAB 症状，极易误诊为症状性多发性骨髓瘤。临床医生需要提高对 AOID 的认知，其发病机制和治疗手段仍在探索中。

PO-1777

含达雷妥尤单抗的联合方案治疗 多发性骨髓瘤的疗效和安全性分析

高帆、李菲
南昌大学第一附属医院

目的 总结含达雷妥尤单抗（Daratumumab, Dara）的联合方案治疗初治和复发性难治多发性骨髓瘤（MM）患者的疗效与安全性。

方法 回顾性分析南昌大学第一附属医院血液科 2020 年 11 月至 2023 年 3 月接受含 Dara 的联合方案治疗 14 例初治和 58 例复发难治 MM 患者的临床资料，分析其疗效及安全性。

结果 72 例患者中位年龄 62 (38-78) 岁，男 35 例，女 37 例。一、二、三线及以上各组患者 ORR 分别为 92.9% (13/14 例)，68.2% (30/44 例) 和 42.9% (6/14 例)；3 组患者中位 PFS 分别为未达到，15.4 月和 9.7 月 ($P[A1]=0.047$)，中位 OS 均未达到。复发难治患者中，DVd、DPd 和 DRd 组患者 ORR 分别为 50% (12/24 例)，40.0% (4/10 例) 和 100.0% (10/10 例)，3 组患者中位 PFS 分别为 2.8，10.3 个月和未达到；中位 OS 分别为 15.4 个月，未达到和未达到，其中 DRd 组 PFS 和 OS 均优于其余两组 ($P<0.05$)。LDH ≥ 250 U/L ($P=0.027$) 和髓外病变 ($P=0.004$) 是影响 PFS 的独立预后因素，LDH ≥ 250 U/L ($P=0.010$) 是影响 OS 的独立预后因素。血液学不良反

应主要为淋巴细胞减少（87.5%）和血小板减少（52.8%），非血液学不良反应主要为输液相关不良反应（16.7%）和感染（11.1%）。

结论 含 Dara 的联合方案适合作为初治 MM 患者的一线治疗选择；复发难治 MM 患者尽早线数使用含 Dara 的方案可提高治疗反应和延长 PFS；Dara 联合 Rd 具有较好治疗反应和生存优势；LDH \geq 250U/L 是影响本组患者 PFS 及 OS 的独立不良预后因素。

PO-1778

染色体 1q21+对新诊断多发性骨髓瘤患者的影响

刘佳、付婉彬、张懿伟、钟华、徐岚、钟璐

上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 探讨染色体 1q21+对新诊断多发性骨髓瘤（NDMM）疗效及预后的影响，并探索可能使 1q21+患者获益的治疗策略。

方法 回顾分析 2018 年 1 月—2022 年 10 月上海交通大学医学院附属仁济医院血液科收治的 193 例 NDMM 患者的临床资料及特点，并对 1q21+患者与非 1q21+者进行疗效比较及预后分析。

结果 1q21+与高危分期（R-ISS III 期患者所占比例高）、贫血及受累免疫球蛋白 IgA 型相关（ $P < 0.05$ ）。1q21+组患者的 PFS 显著低于非 1q21+组（30 个月 vs 43 个月， $P = 0.014$ ）。接受 VRD 方案治疗者 3 个疗程后进行疗效评估，1q21+组和非 1q21+组达到 VGPR 及以上者所占比例分别为 82.1%和 87.5%， $P = 0.289$ ，无统计学差异；但相较于非 1q21+组，1q21+组 MRD 阴性（达深度缓解）比率较低（24.4% vs 9.0%， $P = 0.048$ ）；接受 VRD 诱导序贯 ASCT 的患者中，1q21+组较非 1q21+组的 PFS 时间仍较短（38 月 vs 未达到， $P = 0.047$ ）。亚组分析中，仅伴 1q21+患者的 PFS 时间与标危组患者间差异无统计学意义（38 个月 vs 未达到， $P = 0.257$ ），而 1q21+合并其他高危遗传学异常者的 PFS 时间显著低于标危组（24 个月 vs 未达到， $P = 0.019$ ），即 VRD 序贯 ASCT 无法克服 1q21 合并其他高危遗传学的不良预后。

结论 染色体 1q21+是影响 NDMM 患者 PFS 的独立危险因素。VRD 方案可以改善 1q21+NDMM 诱导治疗疗效，但是无法得到生存获益；VRD 序贯 ASCT 可以克服仅含 1q21+的不良预后，但无法改善 1q21+合并高危遗传学异常的不良预后。

PO-1779

R2-ISS 新分期系统下多发性骨髓瘤在真实世界中的预后分析

高帆、李菲

南昌大学第一附属医院

目的 探讨第二次修订的国际分期系统（Second Revision of the International Staging System, R2-ISS）在多发性骨髓瘤（multiple myeloma, MM）患者中的预后效力。

方法 纳入 2014 年 3 月至 2022 年 12 月期间在南昌大学第一附属医院就诊的新诊断多发性骨髓瘤（NDMM）患者 401 例和复发/难治性多发性骨髓瘤（RRMM）患者 197 例，在两组患者中分别验证 R2-ISS 分期。

结果 在 NDMM 中，与欧洲骨髓瘤网络项目的患者相比，中国患者的 ISS III、t（4；14）和 LDH 水平的发生率更高。根据 R2-ISS 分期，患者被分为 R2-ISS I（6%）、II（22%）、III（53%）和 IV（19%）。中位无进展生存期（PFS）未达到（NR）、31.7 个月、26.6 个月和 14.0 个月（ $P < 0.001$ ）。中位总生存期（OS）为 NR、NR、51.1 个月和 26.8 个月（ $P < 0.001$ ）。此外，在 263 名 R-ISS II 患者中，他们可以进一步分为三个亚组。三组之间的 PFS 和 OS 存在统计学上的显

著差异 (PFS: $P=0.049$; OS: $P=0.033$)。在队列 2 中, 患者同样可以分为四组。PFS 之间的差异不如 OS 明显 (PFS: $P=0.371$; OS: $P=0.011$)。然而, 当根据 R2-ISS 对 R-ISS II 患者进行重新分类时, PFS 和 OS 的差异不如 NDMM 患者明显 (PFS: $P=0.479$; OS: $P=0.142$)。

结论 R2-ISS 分期系统在预后分层方面相较于 ISS 和 R-ISS 分期表现出更为优越的性能, 特别是对于 R-ISS II 期患者。然而, 对 RRMM 的预后分层判别能力略显不足。

PO-1780

复发多发性骨髓瘤患者对运动恐惧的看法：一项定性研究

蒙娜

四川大学华西医院上锦分院/成都上锦南府医院

目的 本研究旨在深入探讨住院期间复发多发性骨髓瘤 (MM) 患者对运动恐惧的看法

方法 采用扎根理论方法的定性研究。2023 年 12 月至 2024 年 3 月在四川某三甲医院血液内科病房对在过去 2-12 个月诊断为复发性多发性骨髓瘤的患者进行半结构式访谈, 访谈采用内容分析法进行分析, 直接从文本数据中得出编码类别。

结果 本研究共完成 15 次访谈, 其中女性患者 10 名 (67%), 男性患者 5 名 (33%)。在接受访谈的患者中, 有 6 名 (40%) 曾接受过自体干细胞移植 (ASCT)。所有患者均能在一定程度上进行轻度至中等强度的身体活动, 其中散步是最常见的活动形式。患者对于运动的恐惧主要源于疾病症状、治疗副作用以及对运动益处的知识缺乏。包括疼痛、疲劳、对感染的担忧以及自我效能低等因素被患者普遍提及为运动恐惧的成因。进一步分析发现, 接受化疗或放疗治疗的患者更倾向于将疼痛视为运动的主要障碍, 而接受自体造血干细胞治疗的患者则更常将参与身体活动和缓解疲劳视为运动的益处。

结论 本研究为理解复发多发性骨髓瘤患者的运动恐惧提供了新的视角, 并为医护人员制定针对性的干预措施提供了依据。未来研究可进一步探讨如何通过健康教育、心理干预等手段降低患者的运动恐惧, 提高患者的生活质量。

PO-1781

“干沙方案”维持治疗多发性骨髓瘤自体造血干细胞移植后长生存一例

郭树霞¹、王璇¹、张景²

1. 郑州人民医院

2. 郑州市第十五人民医院

目的 本文回顾性分析一例多发性骨髓瘤用干扰素联合沙利度胺进行维持治疗 10 年, 目前已无病生存 20 年。

方法 患者, 男, 66 岁。2004 年 2 月因贫血、肾功能不全就诊中国长城铝业公司总医院, 确诊“多发性骨髓瘤 IgG κ 型”。给予“VAD (长春新碱+阿霉素+地塞米松)”方案治疗 3 疗程, 肾功能恢复正常, 贫血纠正, 骨穿检查正常。2004 年 6 月行自体外周血干细胞移植。预处理方案: 马法兰片剂共 280mg, 卡氮芥 625mg, 一次。输注 MNC 6.0×10^8 /kg。+12 天血小板植入, +13 天粒细胞植入。移植后 2 月开始口服沙利度胺和 α -干扰素针维持治疗。坚持应用至 2014 年停药。期间复查血常规、肾功能及骨髓细胞学涂片均正常。

结果 2024 年 02 月对患者进行全面复查, 血常规、血生化、血清蛋白电泳、血尿免疫固定电泳、血清游离轻链均、骨髓细胞学检查均正常。患者无病生存 20 年。

结论 该患者长期生存，考虑与以下因素有关：（1）患者发病时 46 岁，年轻且无伴发病。（2）条件限制，未进行预后相关的检查，推算可能是低危。（3）化疗效果好，3 个疗程后各项指标恢复正常。（4）进行了自体造血干细胞移植，加深缓解深度。（5）应用干扰素和沙利度胺片维持治疗，调节免疫功能。

PO-1782

BCMA CAR-T 一线治疗高龄高危 虚弱双克隆型多发性骨髓瘤一例

方怡、沈莉菁、倪蓓文、周易、侯健
上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 高危或难治多发性骨髓瘤（MM）患者疗效和生存差，其中老年虚弱患者更不耐受长期化疗。本文介绍一例伴多种基础疾病的双克隆型高危老年 MM 患者，一线使用伊基奥仑赛治疗达到 sCR、MRD 阴性的诊治经过，为临床提供借鉴。

方法 患者，女性，75 岁，ECOG 4 分，GA 3 分。以腰痛起病，CT 示多发骨质破坏，2023 年 9 月至血液科就诊。既往有脑出血、继发性癫痫、下肢静脉血栓等多种基础疾病。入院后完善辅检，明确诊断为多发性骨髓瘤（IgG-λ、IgA-λ 型，双克隆；DS IIIA 期，ISS III 期）。予 VCD 一疗程降肿瘤负荷达 VGPR，病程中患者反复发热、咳嗽咳痰，病原体检查示有巨细胞病毒、肺炎克雷伯菌、琼氏不动杆菌、嗜麦芽窄食单胞菌、不动杆菌 pitti、光滑念珠菌感染，予积极抗感染等对症支持治疗后热平、肺部感染好转。予淋巴细胞单采，后予氟达拉滨+环磷酰胺（FC）方案预处理，顺利回输 BCMA CAR-T 细胞。回输后 D14 患者出现发热，甲流阳性，予奥司他韦抗病毒后热平；D15 出现快房颤、低血压，予以复律、升压等治疗后缓解。未发生 CRS、ICANS 反应。BCMA CAR-T 回输后未再进行抗 MM 治疗。

结果 流式测定 CAR-T 细胞/CD3+T 细胞比例自回输日起逐渐升高，至 D14 达最高值 54.97%，随后逐渐下降，至第 153 天仍有 0.03%，且 CAR-T 细胞表现出更高的 CD4/CD8 比，提示 CAR-T 细胞活性和长期记忆 T 细胞持续存在。该患者 BCMA CAR-T 回输后 D21 MM 评估达 sCR、MRD 阴性，至今 DFS 达 5 个月。

结论 伊基奥仑赛一线治疗老年虚弱不耐受化疗和移植的 MM 患者安全有效。该病例为不耐受化疗和移植的老年虚弱 MM 患者进行早线 CAR-T 细胞治疗提供借鉴。

PO-1783

BCMA 靶向的嵌合抗原受体 T 细胞治疗 初诊多发性骨髓瘤的有效性及安全性研究

韦卫萍、费小明、王丽霞、余先球、雷芳、陆雯萍、严琦、张硕、季艳萍、杨元林、卢玲
江苏大学附属医院

目的 探讨 BCMA 靶向的嵌合抗原受体 T 细胞治疗初诊多发性骨髓瘤的有效性及安全性。

方法 回顾性分析 2021 年 3 月至 2023 年 4 月江苏大学附属医院 BCMA 靶向的嵌合抗原受体 T 细胞治疗的 8 例初诊多发性骨髓瘤（MM）患者的临床特征、有效性及安全性。

结果 1. 临床特征 8 例初诊 MM 患者均经过诱导化疗后进入 CAR-T 细胞巩固治疗，细胞回输前 2 例患者疗效达 CR，其中 1 例 MRD 阴性，1 例 MRD 阳性，3 例疗效为 VGPR，2 例疗效为 PR，1 例疗效为 MR。IgG-κ 型 3 例，IgA-λ 型 3 例，IgA-κ 型 2 例；DS 分期均为 III 期，A 组 6 例，B 组

2 例；ISS 分期 II 期 5 例，III 期 3 例；R-ISS 分期 II 期 6 例，III 期 1 例，1 例未进行分期。mSMART 分层高危组 4 例，标危组 2 例，2 例未进行分组。3 例合并髓外病灶。中位年龄 62(58, 69)岁，CAR 结构均为 BCMA+，输注 CAR-T 细胞距离疾病初次确诊的中位时间为 278.5(111, 808)天，细胞单采至输注的中位时间为 43.5(35, 377)天，中位输注细胞总量为 2.15(1.30, 2.50) 10^6 /kg。

2.疗效 8 例初诊 MM 患者中 6 例已行疗效评估均达 PR 以上，ORR 为 100%，4 例（4/6，66.7%）患者疗效达 sCR，获得更深层次的缓解。输注 CAR-T 细胞后中位随访时间为 776(371, 1143)天，随访截至 2024 年 04 月 24 日。目前无患者在随访期死亡，2 例患者分别在+63 天、+141 天出现病情进展。

3.相关毒性

3.1CRS 反应 8 例初诊 MM 患者中有 5 例（5/8，62.5%）出现低级别的 CRS 反应，均表现为 $>38^{\circ}\text{C}$ 的发热伴或不伴低氧血症，出现发热中位时间 7（6，10）天，发热维持中位时间 4（2，6）天，4 例（4/5，80%）患者使用托珠单抗及 1 例患者在托珠单抗基础上加用糖皮质激素控制 CRS 反应，所有患者经积极治疗后，均得到很好的控制，没有不可逆转的不良后果。

3.2 non-CRS 反应 8 例初诊 MM 患者中 5 例（5/8，62.5%）出现感染。case5 出现 2 级凝血功能异常，主要表现纤维蛋白原低下，以及出现 3 级肝功能损伤，主要表现为肝脏转氨酶的升高。case6 出现 3 级凝血功能异常，主要表现纤维蛋白原低下，以及出现 4 级肝功能损伤，主要表现为总胆红素、直接胆红素、间接胆红素、肝脏转氨酶的升高。1 例患者出现尿酸升高，4 例患者出现乳酸脱氢酶的升高，7 例患者出现 IL6 升高，6 例患者出现铁蛋白升高。

结论 BCMA 靶向的嵌合抗原受体 T 细胞治疗可作为初诊 MM 患者的一线巩固治疗选择之一，且具有一定的有效性及安全性。

PO-1784

A Prospective, non-interventional Study of the Efficacy and Safety Overview of Ixazomib in Chinese Relapsed and refractory multiple myeloma Patients - INFINITE Study

Chengcheng Fu^{1,2}, Song Jin^{1,2,3}, Junling Zhuang⁴, Xin Zhou⁵, Fan Zhou⁶, Yuhua Li⁷, Kaiyang Ding⁸, Ting Niu⁹, Chen Wenming¹⁰, Baijun Fang¹¹, Lili Chen¹², Rong Fu¹³, Hao Zhang¹⁴, Jiaping Fu¹⁵, Xiuju Wang¹⁶, Sha Liu¹⁷, Lin Li¹⁷, Depei Wu^{1,2}

1. National Clinical Research Center for Hematologic Diseases, Jiangsu Institute of Hematology, The First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, China
2. Collaborative Innovation Center of Hematology, Soochow University, Suzhou, China
3. Soochow Hopes Hematology Hospital, Suzhou, China
4. Department of Hematology, Peking Union Medical College Hospital, Beijing, China
5. Department of Hematology, Wuxi People's Hospital Affiliated with Nanjing Medical University, Wuxi, China
6. Department of Hematology, Shanghai Jing'an District Zhabei Central Hospital, Shanghai, China
7. Department of Hematology, Zhujiang Hospital of Southern Medical University, Guangzhou, China
8. Department of Hematology, Anhui Cancer Hospital, Hefei, China
9. Department of Hematology, West China Hospital, Sichuan University, Chengdu, China
10. Department of Hematology, Beijing Chao-Yang Hospital, Capital Medical University, Beijing, China
11. Department of Hematology, Henan Cancer Hospital, Zhengzhou, China
12. Department of Hematology, Taizhou First People's Hospital, Taizhou, China
13. Department of Hematology, Tianjin Medical University General Hospital, Tianjin, China
14. Affiliated Hospital of Jining Medical College, Jining, China
15. Department of Hematology, Shaoxing People's Hospital, Shaoxing, China
16. Department of Hematology, Sun Yat-sen Memorial Hospital, Sun Yat-sen University, Guangzhou, China
17. Takeda (China) International Trading Co., Ltd, Shanghai, China

Objective Ixazomib (IXA) in combination with lenalidomide and dexamethasone has been approved in China since 2018 for the treatment of patients with multiple myeloma (MM) who have

received at least one prior therapy. Several randomized controlled trials (RCT) and real-world studies (RWS) have confirmed that ixazomib-based (IXA-based) regimens for treating relapsed and refractory multiple myeloma (RRMM) can prolong patient survival, and RWSs and RCTs have shown similar PFS. The current study sought to investigate the effectiveness and safety of ixazomib in the real-world clinical setting in China.

Methods INFINITE (NCT04328662) is a prospective, non-interventional study conducted across 28 centers within China. RRMM participants who have received at least one dose of an IXA-based regimen within three months from their initial treatment or scheduled to be prescribed were included in the study. All the participants were evaluated for effectiveness (ORR [overall rate of response], DOT [duration of therapy], PFS [progression-free survival], OS [overall survival]) and safety.

Results As of 30 June 2023, 59 patients (pts) were enrolled, of whom 25 received the IXA-lenalidomide-dexamethasone (IRD) regimen, 34 received IXAbased regimens with non-IRD regimen, such as IPD/IPCD/IMP/DID/D-IRD*. At baseline, the median age was 66 years (range 49-83), 59% of pts received stem cell transplantation. A total of 57.5% pts were considered high-risk by Stratification of Mayo Smart. Durie-Salmon (DS) stage III, International staging system (ISS) stage III, and revised-ISS (R-ISS) III were seen in 78.5%, 42.5%, and 37.5% of pts, respectively. Common concomitant diseases included hypertension (50%), renal (29.4%), cardiac (26.5%), lung disorders (17.6%), Peripheral Neuropathy (23.5%), and Diabetes mellitus (17.6%). A total of 43 pts had 1 prior therapy, with a median of 2 prior lines of treatment. Prior treatments included Bortezomib (73%); Lenalidomide (61%); Thalidomide (21%); Cyclophosphamide (30%); Daratumumab (4%).

After a median follow-up of 16.4 months, median PFS was 20.5 months (95% CI: 5.5, NR). The median PFS was 20.5 months (95% CI: 5.5, NR) in pts with 1 prior therapy as compared with 8.9 months (95% CI: NR, NR) in pts with ≥ 2 prior therapies. OS was not reached. In the overall pts, ORR was 69% and it was higher among pts with 1 prior therapy than those with ≥ 2 prior therapies (95% vs 67%, respectively).

Overall, TEAEs related to IXA were 55.9%. The most common hematologic TEAEs were platelet count decreased (all grades 16.9%, $\geq G3$ 8.5%) and anemia (all grades 5.1%, $\geq G3$ 1.6%). Most common non-hematologic TEAEs were diarrhea (all grades 15.2%, $\geq G3$ 1.7%), constipation (all grades 6.7%, $\geq G3$ 0.0%), vomiting (all grades 5.1%, $\geq G3$ 0.0%), and nausea (all grades 3.3%, $\geq G3$ 0.0%). Additionally, the incidence rate of infections was 5.1% (≥ 3 grades 1.7%), with no occurrences of peripheral neuropathy or heart failure.

Conclusion The current findings suggest that the IXA-based regimen has similar PFS in real-world settings and RCTs (TOURMALINE-MM1, Median PFS 20.6 months), and is well-tolerated in patients with multiple comorbidities. IXA provides greater benefits for patients with first relapse compared to later lines of treatment.

*IPD: Ixazomib+pomalidomide+Dexamethasone; IPCD: Ixazomib+pomalidomide+cyclophosphamide+Dexamethasone; IMP: Ixazomib+ melphalan+ prednisone; DID: Daratumumab +ixazomib+dexamethasone; D-IRD: Daratumumab+ixazomib+lenalidomide+dexamethasone

PO-1785

巴弗洛霉素 A1 抑制自噬通量并通过激活 I 型干扰素通路 与伊沙佐米发挥协同抗骨髓瘤效应

徐莉、翁艳霞、孙文瑞、唐海龙、田彪、李妙雨、高广勋
中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 多发性骨髓瘤 (MM) 是一种无法治愈的浆细胞恶性肿瘤。I 型干扰素是连接先天性和适应性

免疫反应的细胞因子，在抗癌和病原体感染的免疫反应等过程中发挥重要作用。然而 I 型干扰素反应和 MM 细胞死亡之间的关系仍未阐明。本研究旨在通过探索 I 型干扰素与自噬之间的关系，阐明自噬抑制剂巴弗洛霉素 A1 (BAF) 与蛋白酶体抑制剂伊沙佐米协同抗 MM 效应的机制。

方法 用 CCK 法检测 BAF 联合伊沙佐米对 MM 细胞活力的影响。软琼脂克隆形成实验检测两药联合对细胞增殖的影响。用透射电子显微镜术研究自噬囊泡。通过线粒体膜电位、活性氧和 ATP 水平评估线粒体功能。PCR、Western blot、ELISA 方法检测自噬相关基因及干扰素刺激相关基因的表达。在 BALB/c 裸鼠中进行异种移植肿瘤模型，以分析 BAF 与伊沙佐米的体内抗 MM 效应。

结果 伊沙佐米抑制 MM 细胞增殖，从机制上讲，伊沙佐米通过上调 STING 的表达激活 MM 细胞的 I 型干扰素反应，上调自噬相关基因 LC3B 和 SQSTM1 的表达并导致自噬泡的积累。我们的结果还发现，自噬抑制剂 BAF 与伊沙佐米联合治疗通过放大 I 型干扰素反应和抑制 MM 细胞自噬通量而发挥协同抗 MM 效应。

结论 我们的研究表明，STING 是伊沙佐米抑制 MM 细胞自噬通量和激活 I 型干扰素通路的关键分子，自噬抑制剂 BAF 和伊沙佐米联合有望成为治疗复发难治多发性骨髓瘤的有效策略。

PO-1786

硼替佐米对多发性骨髓瘤患者免疫功能、肾功能等的影响

武金日

新乡医学院第三附属医院

目的 探讨硼替佐米对多发性骨髓瘤患者免疫功能、肾功能等的影响。

方法 选取我院收治的 70 例多发性骨髓瘤患者的病例资料进行回顾性分析（2021 年 5 月至 2024 年 1 月），根据治疗方式分为长春新碱组（n=34）和硼替佐米组（n=36）。其中，长春新碱组给予长春新碱联合地塞米松与沙利度胺治疗，硼替佐米组给予硼替佐米联合地塞米松与沙利度胺治疗。比较两组患者疗效、免疫功能、肾功能、异常细胞及异常免疫蛋白情况。

结果 硼替佐米组临床有效率为 94.44%，高于长春新碱组患者的 73.53%（ $P<0.05$ ）；治疗后，两组患者 CD3+、CD4+、CD4+/CD8+ 水平高于治疗前，硼替佐米组高于长春新碱组；CD8+ 水平低于治疗前，硼替佐米组低于长春新碱组（ $P<0.05$ ）；治疗后，两组血清 Scr、BUN 水平均升高，两组相比，硼替佐米组较低（ $P<0.05$ ）；治疗后，两组 M 蛋白、骨髓瘤细胞水平均降低，两组相比，硼替佐米组降低幅度更大（ $P<0.05$ ）。

结论 硼替佐米联合地塞米松与沙利度胺可改善多发性骨髓瘤患者免疫功能，提高患者临床疗效，保护患者肾功能。

PO-1787

达雷妥尤单抗治疗复发/难治性多发性骨髓瘤 疗效及安全性分析

周芮、吴涛

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 探究达雷妥尤单抗 (Dara) 在治疗复发/难治性多发性骨髓瘤 (R/RMM) 的疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2020 年 1 月-2022 年 6 月由中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院收治的 14 例应用达雷妥尤单抗治疗的 R/RMM 患者的临床疗效、无进展生存期 (PFS)、总体缓解率 (ORR) 及治疗期间安全性。

结果 共纳入 14 例患者，男性 8 例、女性 6 例，中位年龄 56.5(33~72) 岁，中位病程为 32(10~92) 月。其中，诊断分型 IgA- κ 型 2 例(14.3%)，IgA- λ 型 1 例(7.1%)，IgG- κ 型 7 例(50%)，IgG- λ 型 2

例(14.3%)，未分泌型 2 例(14.3%)。4 例患者(28.6%)既往接受 2 线治疗，7 例患者(50%)既往接受 3 线治疗，3 例患者(21.4%)既往接受 4 线治疗。14 例患者至少完成第 1 疗程 Dara 治疗可进行疗效评估，其中，5 例(35.7%)实现完全缓解 (CR)，4 例(28.6%)达到非常好的部分缓解 (VGPR)，2 例(14.2%)达到部分缓解 (PR)，3 例(21.4%)达到疾病稳定 (SD)。13 例患者(92.9%)存活，1 例患者(7.1%)非治疗期间因肺部感染死亡，患者中位病程为 29.5(10~96)个月，中位随访时间 6(2~14)个月，中位 PFS 时间 5(2~12)个月，ORR 为 78.6%。14 例患者用药期间均未出现 IV 级不良反应，1 例发生血压升高，1 例发生频发室性早搏，不良反应均为 I 级，积极治疗后不良反应均得到有效控制和改善。

结论 R/RMM 在常规治疗的基础上联合 Dara 可提高 ORR 及缓解深度，延长 PFS，安全性较高并可增加患者临床获益，长期疗效仍有待进一步观察。

PO-1788

TMI 靶向照射骨髓 AHSCT 治疗多发性骨髓瘤及其随访

孟凡义¹、钟清秀¹、陈虹羽¹、李鑫²、王晓果¹、黄顺桦¹、
吴鸣艳¹、余建华¹、薛莹²、吴意红³、姚达娜¹、贺小红¹

1. 东莞康华医院血液科
2. 东莞康华医院肿瘤中心
3. 东莞市中医院血液肿瘤科

目的 目的 探讨全骨髓照射 (TMI) 联合减量美法仑 (Mel) 预处理自体造血干细胞移植 (A-HSCT) 治疗多发性骨髓瘤(MM)的疗效及安全性。

方法 11 例 MM 患者中位年龄 57(46-75) 岁，mSMART 分层为标危 5 例、高危 6 例。移植前原发病 3 例 sCR、2 例 CR、2 例 VGPR、2 例 PR、1 例 SD、1 例 PD。11 例患者中有 10 例接受 TMI 12Gy/6f，马法兰 100-140mg/m²，1 例 75 岁患者 TMI 10Gy/5f，Mel 100mg/m²，输入的中位数细胞：MNC8.13(4.16-11.84) X10⁸/kg、CD34+细胞 4.74(2.51-21.98) X10⁶/kg。移植中 10 例 MRD 阴性，1 例 MRD 阳性 (0.0499%) 及 FISH 检测到 16%的 P53 基因缺失。有 4 例于首次移植后 3-6 月进行了二次移植。11 例在移植后停止治疗并随访观察。

结果 造血重建的中位时间：粒系 11 (7-28) 天、巨核系 14 (8-70) 天；移植前未达 sCR 的 8 例患者移植后有 7 例转为 sCR、1 例转为 VGPR，有效率 100%。非血液学毒性主要是轻度的消化道黏膜炎。中位随访 24 (10.2-57.7) 个月，无进展生存率 90.9% (1/11 例)。

结论 TMI 联合减量 Mel 的预处理方案安全高效，2 年 PFS 高。

PO-1789

骨髓瘤细胞诱导单核细胞表型改变，具有免疫抑制特性

左依凡
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 多发性骨髓瘤(Multiple myeloma, MM)仍是无法治愈的血液系统恶性肿瘤。髓源性抑制细胞(Myeloid-derived suppressor cells, MDSCs)在 MM 患者中的存在和活化已经得到了充分的解释。来自 MM 患者的 MDSCs 和 MM 细胞具有双向作用。探究恶性浆细胞与其他免疫细胞的相互作用以及骨髓微环境中的因素对 MM 的治疗具有重要意义。

方法 本研究纳入 18 例新诊断的 MM 患者并在治疗前收集骨髓液，一组 CR 患者和健康供者作为正常对照。从 ATCC 获得 RPMI-8226、U266 和 NCI-H929 细胞株分离出外周血单个核细胞。使用磁

标法分离来自 PBMC 的 CD3+ T 细胞和来自与 MM 共培养的 PBMC 的 MDSCs 细胞。将健康供体的 PBMC 与 MM 细胞分别共培养。使用流式细胞仪进行测定,最后采用非参数 t 检验进行统计分析。

结果 本研究中,我们发现来自 MM 患者的单核细胞、与 MM 细胞系共培养的健康供体细胞以及来自 CR 患者的单核细胞可以分化为 CD14+HLA-DR^{low}-CD33+CD11b⁺ MDSCs。诱导的 MM-MDSCs 具有免疫抑制特性,可以抑制 T 细胞的活化和增殖,从而促进 MM 细胞生长和肿瘤进展。MM-MDSCs 可诱导高水平 ROS 和 p-STAT3。同时,MM 细胞可以诱导有缺陷的树突状细胞并改变其表型。

结论 MM 细胞在体内和体外诱导单核细胞表型改变;MM 细胞可诱导单核细胞来源的 DC 表型转化;MM-MDSCs 是一种有效的 T 细胞增殖和免疫抑制因子;MM-MDSCs 参与 STAT3 激活和 ROS 释放。

PO-1790

248 例 MM 患者 MYC、IGH 基因重排及 MYC/IGH 易位情况

白晶、张焯、韩薇、韩秀丽、靳凤艳、白鸥、高素君
吉林大学第一医院

目的 分析 MM 患者 FISH 技术检测中 MYC、IGH 基因重排及 MYC/IGH 融合基因易位情况。

方法 首先利用 CD138 磁珠富集浆细胞,然后行 FISH 检测,同时检测 MYC、IGH 基因重排探针,若两者均为阳性进一步行 MYC/IGH/CEP8 三色融合基因探针检测。

结果 收集我院 2022 年 12 月 13 日至 2024 年 5 月 28 日 248 例 MM 患者资料,其中 IGH 基因重排阳性(阈值 7.0%)116 例,阳性率约为 46.8%,IGH 基因发生扩增 4 例,发生率约为 1.6%。MYC 基因重排阳性(阈值 4.8%)68 例,阳性率约为 27.4%,MYC 基因发生扩增 39 例,发生率约为 15.7%。同时发生 MYC、IGH 基因重排患者 28 例,阳性率约为 11.3%,其中继续检测 MYC/IGH/CEP8 融合基因探针 13 例,阳性(阈值 7.9%)5 例,阳性率为 38.5%。

结论 ①IGH 基因重排阳性率高于 MYC 基因,在 MM 患者初筛时应优先检测,以确定其伙伴基因,为临床诊疗提供更好的方向;②MYC 基因重排发生率约为 27.4%,接近于文献报道的 21%,结合 MYC 基因重排的独立预后意义,应当考虑将 MYC 基因重排纳入 MM 诊疗常规筛查中;③MYC 基因的扩增率高于 IGH,且 MYC 基因位于 8q24,所以建议 MYC/IGH 融合基因探针选择三色,即 MYC/IGH/CEP8,排除因 8 号染色体多体引起的 MYC 基因多拷贝,以获取更精准的结果服务于临床。

PO-1791

Ho-1 通过抑制 IL-12 分泌来抑制多发性骨髓瘤中 NK 细胞的活性

黄傲霜
贵州医科大学附属医院

目的 根据目前的研究,免疫治疗被认为是血液系统恶性肿瘤最有希望的治疗方法。多发性骨髓瘤是一种不可治愈的血液系统恶性肿瘤,只有通过多种治疗手段才能提高患者的总生存率。自然杀伤(NK)细胞被认为是 ILC 中清除肿瘤最活跃的亚群,可通过增强 NK 细胞活性来增强其对恶性 MM 细胞的细胞毒性,从而杀伤恶性 MM 细胞。一些证据表明,血液系统恶性肿瘤表现出氧化还原平衡稳态的改变,可导致各种生存途径的激活,进而导致疾病进展和化疗耐药。其中,血红素加氧酶-1(HO-1)通路可能起主要作用。HO 催化血红素的酶解,同时释放一氧化碳(CO),亚铁(Fe²⁺)和胆绿素。Ho-1 可产生一氧化碳抑制 IL-2 产生。是否可以通过一氧化碳生成或其他途径抑制 IL-12 的产生,需要进一步研究。IL-12 作为一种自然杀伤细胞刺激物,可增强 NK 细胞活性,对研究 HO-1 过

表达介导的 NK 细胞活性降低引起的多发性骨髓瘤免疫逃逸具有重要意义。利用 NK 细胞的固有能
力，通过招募 NK 细胞并增强其对恶性 MM 细胞的杀伤作用，是改善 MM 患者临床预后的新趋势。
NK 细胞比 T 细胞和 B 细胞反应快。因此，研究自然杀伤细胞刺激因子具有重要意义。

方法 为了研究 Ho-1 通过抑制 IL-12 分泌来抑制多发性骨髓瘤中 NK 细胞活性的机制，使用 MM 细
胞系和人类 NK 细胞系。Ho-1 诱导或抑制：通过药物或基因操作诱导或抑制 Ho-1 的表达。建立共
培养体系：将 MM 细胞与 NK 细胞共培养，以模拟体内微环境。在共培养体系中，分别处理 Ho-1
高表达、低表达或抑制组，并设置对照组。使用 ELISA 试剂盒检测 IL-12 的分泌水平。qRT-PCR
使用特异性引物检测 IL-12 基因的表达水平。使用 LDH 释放法或⁵¹Cr 释放法评估 NK 细胞对 MM
细胞的杀伤活性。流式细胞术：标记 NK 细胞表面激活标志物和细胞内颗粒酶 B、穿孔素等，检测
NK 细胞的活化状态和杀伤能力。Western Blot：检测 Ho-1、IL-12、以及与 NK 细胞活性相关的信
号通路蛋白的表达和磷酸化水平。免疫共沉淀：分析 Ho-1 与 IL-12 相关信号分子之间的相互作用。
结果 在 Ho-1 高表达的 MM 细胞中，IL-12 的分泌和基因表达显著降低。相反，在 Ho-1 抑制组中，
IL-12 的分泌和基因表达显著增加。Ho-1 对 NK 细胞活性的影响：细胞毒性试验：在 Ho-1 高表达的
共培养体系中，NK 细胞对 MM 细胞的杀伤活性显著降低。相反，在 Ho-1 抑制组中，NK 细胞的杀
伤活性显著增强。流式细胞术结果：Ho-1 高表达组中 NK 细胞表面激活标志物的表达水平降低，
而在 Ho-1 抑制组中，这些激活标志物的表达水平显著升高。

结论 Ho-1 作为一个潜在的治疗靶点，通过调控 Ho-1 或其相关信号通路，可以开发新的免疫治疗
策略，增强 NK 细胞的抗肿瘤活性，从而改善 MM 患者的治疗效果和预后。

PO-1792

NLR、MLR、PLR 对多发性骨髓瘤患者的预后影响因素分析

卢英豪^{1,2}、王季石^{1,2}、张燕^{1,2}、李艳菊^{1,2}、詹云^{1,2}

1. 贵州医科大学附属医院
2. 贵州省血液病研究所

目的 探讨新发现的影响多发性骨髓瘤患者治疗疗效、预后及生存的危险因素，以及各因素对患者
预后的参考价值。

方法 回顾性分析 2019 年 1 月至 2023 年 5 月就诊于贵州医科大学附属医院 159 例初诊多发性骨髓
瘤患者的临床资料，回顾性分析患者年龄、性别、骨髓浆细胞比例、尿蛋白、血红蛋白、血钙、肌
酐、DS 分期、ISS 分期、RISS 分期、乳酸脱氢酶、 β_2 微球蛋白、外周血中性粒细胞与淋巴细胞
比值(NLR)血小板与淋巴细胞比值(PLR)以及单核细胞与淋巴细胞比值(MLR)等因素与多发性骨髓瘤
患者预后的关系。以上因素中将计算出 NLR、MLR、PLR 相应临界值，通过绘制受试者工作特征
(ROC)曲线确定，并根据该值将患者分为高 NLR/低 NLR、高 MLR/低 MLR、高 PLR/低 PLR 组；
分析高低分组之间与多发性骨髓瘤患者预后及临床其他预后因素的关系。

结果 低 NLR 组在血钙值 <2.5 以及肌酐值 <177 水平所占比例均明显升高，且差异均有统计学意义
($P<0.05$)；低 MLR 组和高 MLR 组患者在血钙值 <2.5 、肌酐值 <177 以及 DS 分期 I 期-II 期的水平方
面对比，差异有统计学意义($P<0.05$)；低 PLR 组和高 PLR 组患者仅在血钙值 <2.5 方面存在差异，
且两组差异有统计学意义($P<0.05$)。低 NLR 组与高 NLR 组患者一疗程及三疗程达到 VGPR 以上差
异有统计学意义($P<0.001$, $P<0.001$)；低 MLR 与高 MLR 组三疗程达到 VGPR 以上差异有统计学
意义($P=0.001$)。低 PLR 与高 PLR 组一疗程及三疗程达到 VGPR 以上差异有统计学意义($P=0.003$,
 $P<0.001$)。血红蛋白、PLR 是影响多发性骨髓瘤患者 PFS 预后的危险因素，差异具有统计学意义
($P<0.05$)，DS 分期、ISS 分期、血红蛋白、 β_2 -MG、年龄、NLR、MLR 是影响多发性骨髓瘤患者
OS 预后不良的危险因素，差异具有统计学意义($P<0.05$)；多因素分析结果示，血红蛋白、PLR 是
影响 MM 患者 PFS 预后的独立危险因素，差异具有统计学意义($P<0.05$)，年龄、NLR 这两方面因
素是影响多发性骨髓瘤患者 OS 的独立危险因素，差异具有统计学意义($P<0.05$)。

结论 与高 NLR 组比较, 低 NLR 组在低钙水平组以及低肌酐水平组所占比例更高($P<0.05$), 治疗后 VGPR(%)和 CR(%)更高, 且 3 年内死亡风险越低。多因素分析提示血红蛋白以及 PLR 值是影响多发性骨髓瘤患者 3 年 PFS 的独立危险因素, 且 PLR 预测价值较血红蛋白更优越; 而年龄及 NLR 是多发性骨髓瘤患者 3 年 OS 的独立危险因素, NLR 对比年龄其预测价值更为优越。

PO-1793

中国复发/难治性多发性骨髓瘤患者接受 GPRC5D×CD3 双特异性抗体 Talquetamab 治疗的疗效和安全性—I/II 期 MonumenTAL-1 研究数据

安刚、邱录贵、盖雪
中国医学科学院血液病医院

目的 Talquetamab 是首个靶向 GPRC5D 的双特异性抗体。MonumenTAL-1 研究初步数据证实 Tal 单药治疗 RRMM 患者的 ORR 较高且安全性可控, 但未包含中国患者数据。本研究旨在报告中国队列中 Tal 的首次疗效和安全性分析结果。

方法 MonumenTAL-1 是探索 Tal 单药治疗 RRMM 的首次人体、I/II 期、多中心研究。I 期确定 2 个 RP2D, 0.4mg/kg QW 和 0.8mg/kg Q2W 给药, II 期研究进一步评估。入组既往接受 ≥ 3 线治疗, 包括 ≥ 1 种 PI, ≥ 1 种 IMiDs 和 ≥ 1 种抗 CD38 单抗, 且未接受过 T 细胞重定向治疗的患者。主要终点为 ORR。

结果 截至 2024-01-24, 29 例中国患者接受 0.4mg/kg QW 给药。中位治疗线数为 4 线, 51.7%三重难治, 10.3%五药难治, 20.7%骨髓外浸润, 37.0%细胞遗传学高危。中位随访 13.4 个月时, ORR 为 69.0%, \geq VGPR 率为 58.6%, \geq CR 率为 37.9%。至首次缓解中位时间为 1.3 个月。中位 DOR 16.6 个月。中位 PFS 8.3 个月; PFS, OS 数据均未成熟。所有患者均报告了 AE。血液学 AE 是最常见的 3/4 级 AE。CRS 最常见的非血液学 AE(89.7%), 大多为 1 级(62.1%)或 2 级(20.7%), 且局限于递增剂量和首次给药期间, 无患者因 CRS 终止治疗。分别有 41.4%, 48.3%, 37.9%和 13.8% 患者发生味觉, 非皮疹皮肤, 皮疹和指甲相关 AE, 事件主要是 1/2 级, 均未导致停药。感染发生率为 75.9%, 最常见为 COVID-19(55.2%); 3/4 级感染 48.3%, 最常见为肺炎(34.5%)。0.8mg 队列将于数据成熟后分析并于大会上公布。

结论 Tal 在中国 RRMM 患者中表现出快速、深度缓解, 与全球数据一致。

PO-1794

MM 患者中 CAR-T 细胞输注前预防性使用 PEG-rhG-CSF 的疗效及安全性分析

许锦涛、郭丹、黄红铭
南通大学附属医院

目的 在 CAR-T 细胞治疗中 CSF 的应用并未有统一的共识。预防性使用 PEG-rhG-CSF 是否减轻粒缺, 是否加重 CRS 及 ICANS 的风险, 并不明确。我们探究在 CAR-T 细胞回输前预防性使用 PEG-rhG-CSF 对 MM 的疗效及安全性影响, 旨在为 PEG-rhG-CSF 在 CAR-T 细胞治疗中的应用提供一定的数据支撑。

方法 我们对 30 例接受了抗 BCMA CAR-T 或抗 BCMA/ CD19 CAR-T 细胞治疗的 MM 患者进行了

研究 (ChiCTR2000033567)。其中 11 例在 d0 天使用 PEG-rhG-CSF, 19 例未接受 PEG-rhG-CSF。分析两组患者的缓解情况、CRS 和 ICANS 的发生率、中性粒细胞减少和粒缺的发生率和持续时间, 以及抗生素使用情况。

结果 PEG 组与 non-PEG 组在回输后 3 个月内 VGPR 以上缓解率无明显差异 (72.73% vs.78.95%, $p=1.000$)。CRS 发生分别为 PEG 组 I 1 例、II 1 例、III 1 例、IV 1 例, non-PEG 组 II 2 例、IV 1 例, 两组发生 ICANS 各 1 例。中性粒细胞减少的发生率无明显差别 (90.91% vs.100%, $p=0.367$), PEG 组粒缺发生率明显减少 (27.27% vs.73.68%, $p=0.023$), 粒缺持续时间明显缩短 (1.36 vs.5.89, $p=0.013$)。抗生素使用率 (63.64% vs.73.68%, $p=0.687$) 不存在显著性差异, 其中包含 SMZ-CO、阿昔洛韦等预防用药。

结论 本研究表明, 在 CAR-T 治疗前对 MM 患者使用 PEG-rhG-CSF, 在未加重 CRS 发生的同时, 能够减少粒缺的发生率和持续时间, 并对疗效无明显影响。这为指导 PEG-rhG-CSF 在 CAR-T 治疗 MM 中的应用提供一定的数据支撑, 但未来仍需大量研究来支持。

PO-1795

基于效能理论的护理方案联合营养干预对多发性骨髓瘤合并肾衰竭患者的影响研究

刘婷婷、刘耀, 蒋翠婷, 吕静, 徐禄香, 邓于宏
重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨基于效能理论的护理方案联合营养干预用于多发性骨髓瘤 (MM) 合并肾衰竭患者的效果。

方法 前瞻性选取 2022.04~2024.04 我院收治的 MM 合并肾衰竭患者 N 例, 随机分为对照组 (n/2 例, 采用常规护理) 与观察组 (n/2 例, 采用基于效能理论的护理方案联合营养干预)。比较两组自我效能 CDSSES 评分、心理弹性 CD-RISC 评分、癌因性疲乏、生活质量 FLIC 评分水平变化, 记录两组护理满意度情况。

结果 两组 CDSSES 评分各项、CD-RISC 评分各项及 FLIC 评分各项治疗前水平比较, 差异均无统计学意义 ($P>0.05$)。观察组治疗后 CDSSES 评分各项、CD-RISC 评分各项及 FLIC 评分各项水平均高于对照组 ($P<0.05$)。两组治疗前癌因性疲乏程度比较无差异 ($P>0.05$), 治疗后, 观察组癌因性疲乏程度整体轻于对照组 ($P<0.05$)。观察组护理总满意度高于对照组。

结论 基于效能理论的护理方案联合营养干预对 MM 合并肾衰竭患者效果显著, 可明显提高自我效能、心理弹性水平, 改善其生活质量, 同时减轻癌因性疲乏, 有较高满意度。

PO-1796

TFAM 通过调控 mtDNA 触发的自噬抑制多发性骨髓瘤细胞铁死亡

惠娟、高广勋
中国人民解放军空军军医大学第一附属医院 (西京医院)

目的 据报道 Mitochondrial transcription factor A (TFAM) 表达升高与多种肿瘤恶性进展及不良预后相关。然而, 其在多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 中的作用尚不清楚。

方法 通过特异性 shRNA 敲低检测 TFAM 对 MM 细胞生存的影响。功能实验检测 TFAM 抑制对线粒体自噬及铁死亡诱导的影响。CCK8 实验检测扎西他滨对 MM 细胞活性的影响及铁死亡诱导剂 Erastin 增强 MM 细胞对扎西他滨敏感性的作用。生存分析探讨 TFAM 表达与 MM 患者不良预后的

相关性。

结果 TFAM 在 MM 细胞中表达明显上调，使用特异性 shRNA 敲低 TFAM 可显著减弱 MM 细胞的活性。我们发现 TFAM 抑制并不能明显诱导 MM 细胞发生凋亡，而是促进 MM 细胞发生自噬和铁死亡。机制上，TFAM 抑制可诱导 mtDNA 应激进而触发 MM 细胞发生自噬和铁死亡。此外，我们发现用于治疗人类免疫缺陷病毒感染的抗病毒药物扎西他滨可通过靶向 TFAM 促进 MM 细胞死亡，并且 Erastin 可以增强 MM 细胞对扎西他滨的药物敏感性。临床标本验证表明 TFAM 在 MM 中表达升高。生存分析提示 TFAM 高表达与 MM 患者较短的总生存期相关。

结论 我们的结果提示 TFAM 具有作为 MM 患者不良预后预测因子的潜力，并且扎西他滨联合 Erastin 可能代表了一种新的 MM 治疗方案，值得进一步的临床评估。

PO-1797

澳洲茄边碱靶向 HDAC2(Ser394)诱导自噬抑制 多发性骨髓瘤细胞增殖

李飞雨、张苏文、韩巧燕、陈兵、董晓庆
南京中医药大学鼓楼临床医学院

目的 探究中药单体澳洲茄边碱 (Solamargine, SM) 对多发性骨髓瘤 (Multiple myeloma, MM) 生长增殖的抑制作用，并明确其直接作用靶点和作用机制。

方法 CCK-8 实验确证 SM 对 MM 细胞增殖的影响，流式细胞术评价 SM 诱导的 MM 细胞凋亡水平。使用自噬抑制剂 3-MA 联合 SM 处理 MM 细胞后，Western Blot 检测自噬和凋亡相关蛋白水平；同时进行 CCK-8 实验，以评价 SM 对 MM 细胞自噬的影响及其与细胞凋亡和增殖的关系。构建 MM 异种移植瘤小鼠模型，进一步验证细胞实验的结果。抗体芯片技术探索 SM 作用下，MM 细胞信号分子的表达及磷酸化水平。基于抗体芯片的实验结果，选取特定蛋白分子，Western Blot 验证 SM 对该蛋白表达及活性的影响；SM 联合该蛋白的特异性抑制剂明确其是否参与 SM 对 MM 细胞自噬及凋亡的作用；通过检测细胞核/质蛋白水平，观察 SM 对目标蛋白在 MM 细胞核和细胞质的分布；分子对接技术描绘 SM 与该蛋白的结合模式。

结果 SM 抑制 MM 细胞增殖和肿瘤进展；SM 诱导 MM 细胞发生过度自噬，抑制自噬有效减轻 SM 导致的 MM 细胞增殖抑制和凋亡；SM 升高 MM 细胞 HDAC2 水平，但同时显著抑制其 Ser394 位点的磷酸化；抑制 HDAC2(Ser394)磷酸化明显诱导 MM 细胞自噬水平升高；SM 促进 HDAC2 入核；SM 能够直接与 HDAC2 的 Ser394 位点结合。

结论 SM 通过直接靶向 HDAC2(Ser394)位点并阻滞其磷酸化，促进 HDAC2 入核，诱导自噬相关基因表达导致 MM 细胞凋亡并抑制增殖。

PO-1798

验证 IMWG、IMPEDE、SAVED 血栓风险评估模型对中国 MM 患者血栓的预测能力及提出 IMWG 和 IMPEDE 评分 对中国患者的血栓风险分层系统

黄越、傅琤琤、金松、商京晶、姚卫芹、尤红英、严治、吴星玥、陆娇、沈红苗
苏州大学附属第一医院

目的 MM 患者发生静脉血栓栓塞 (VTE) 的风险比一般人群高约 9 倍。MM 患者接受免疫调节剂、大剂量类固醇会加剧 VTE 风险。合并 VTE 的 MM 患者的死亡率高出 3 倍。IMWG 2008 年提出了

MM 患者 VTE 风险评估模型，2022 年 NCCN 指南推荐 IMPEDE 和 SAVED 评分作为新的风险评估模型。本研究验证了这三种模型对中国 MM 患者的预测能力。

方法 回顾性分析 2020 年 6 月 1 日至 2023 年 06 月 30 日苏州大学附属第一医院首次就诊的 181 例接受 VRD 治疗的 MM 患者，其中 10 例发生血栓事件，均发生于治疗开始后 6 个月内。

结果 181 例患者血栓事件累积发生率为 5.52%，IMWG 评分和 IMPEDE 评分每增加 1 分就与血栓事件发生有关（HR 3.141，95% CI 1.801-5.475， $p=0.000$ ）、（HR 1.925，95% CI 1.223-3.029， $p=0.005$ ）。而 SAVED 评分对血栓预测无意义（ $P=0.504$ ）。根据 IMWG 评分，180 例（99.4%）患者被分为高危，这种分层方法不适合中国患者，重新将 ≤ 2 分，3-4 分， ≥ 5 分患者分为低、中、高危组，三组分别有 66 例（36.5%）（其中 0 例血栓事件）、94 例（51.9%）（5 例血栓事件）、21 例（11.6%）（5 例血栓事件），三组血栓事件累积发生率分别为 0.00%、4.30%和 27.27%（ $P<0.001$ ，log-rank），HR=8.36（95%CI: 2.69%-25.96%）。而 IMPEDE 评分中，低危（ ≤ 3 分）、中危（4-7 分）分别为 108 例（59.7%）（3 例血栓事件）、73 例（40.3%）（7 例血栓事件），无患者被分为高危组，这与 IMPEDE 评分中亚洲人群减 3 分有关。低、中风险组中 6 个月血栓事件累积发生率为 1.87%、10.81%（ $P=0.001$ ，log-rank），HR=5.97（95% CI: 1.27-28.14）。在中国 MM 患者中，IMPEDE 评分归为中危的患者实为血栓的高风险人群。

结论 IMWG 评分与 IMPEDE 评分对于血栓事件有预测作用，但需重新进行分组，而 SAVED 评分不适用于中国 MM 患者。

PO-1799

靶向 DNA 聚合酶 θ 协同美法仑抗 多发性骨髓瘤的作用及机制研究

李群、马驰、孙春艳

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 抑制肿瘤细胞内 DNA 损伤修复通路以增加其对 DNA 损伤性药物的敏感性已成为一种新型合成致死策略。本研究旨在探讨靶向 DNA 聚合酶 θ （polymerase θ , POLQ）介导的选择性非同源末端连接（alternative non-homologous end joining, alt-NHEJ）DNA 损伤修复通路协同美法仑抗多发性骨髓瘤（multiple myeloma, MM）的作用及机制。

方法 采用 Western Blotting 和 EJ2-GFP 质粒报告实验，检测美法仑作用于 MM 细胞系所诱导的 DNA 损伤对 alt-NHEJ 途径核心分子 POLQ 的表达及 alt-NHEJ 途径激活的影响；构建 POLQ 敲低的 MM 细胞稳转株，CCK-8 法检测抑制 POLQ 介导的 alt-NHEJ 途径是否可以增强美法仑对 MM 细胞的杀伤效应；使用 POLQ 抑制剂 novobiocin 与美法仑联合处理 MM 细胞系，采用 CCK-8 法、流式细胞凋亡检测、药物协同软件分析研究两药联用的体外协同抗 MM 效应，采用碱性彗星实验检测细胞内 DNA 损伤情况，采用 Western Blotting 及细胞免疫荧光检测有丝分裂灾难相关蛋白的表达及相关表型的出现情况，以研究协同效应产生的机制；构建 NSG 小鼠 MM 皮下荷瘤给药模型，通过监测小鼠皮下瘤的生长情况进一步验证 novobiocin 与美法仑的体内协同抗 MM 效应。

结果 美法仑诱导的 DNA 损伤显著促进了 MM 细胞中 alt-NHEJ 修复途径的核心分子 POLQ 的表达上调、引起了 alt-NHEJ 途径的活化；敲低 POLQ 可显著增强美法仑对 MM 细胞系的杀伤作用；体外实验表明联合使用 POLQ 抑制剂 novobiocin 与美法仑相较于单药能够显著抑制 MM 细胞的增殖、促进细胞的凋亡、具有较强的协同效应；在机制上，联合用药相较于单药进一步加重了细胞内 DNA 损伤的累积，促进了有丝分裂标志物 pH3 的表达上调，导致微核和葡萄状核的数量显著增加，表明通过触发严重的有丝分裂灾难，加速细胞走向死亡；体内实验进一步证实 novobiocin 与美法仑联用可协同抑制小鼠皮下瘤的生长。

结论 靶向 POLQ 可与美法仑产生协同抗 MM 效应，通过诱导 DNA 损伤累积、触发有丝分裂灾难，促进细胞的死亡，POLQ 抑制剂 novobiocin 与美法仑联用或可为 MM 的治疗提供新思路。

PO-1800

探讨多发性骨髓瘤（MM）患者中的细胞遗传学异常光 与国际分期系统（ISS）的关系

董海波、袁翠英、蒋如如
南京大学医学院附属南京鼓楼医院

目的 探讨多发性骨髓瘤（MM）患者中的细胞遗传学异常，特别是通过荧光原位杂交（FISH）技术检测的染色体异常，以及这些异常与国际分期系统（ISS）的关系，以预测患者的治疗反应和生存期。

方法 回顾性分析 2021 年 1 月~2024 年 4 月于我院确诊的 282 例初诊 MM 患者，其中 206 例为阳性。进行常规染色体核型 R 显带分析和 FISH 技术(包括 1q21、IgH、1p32、p53)检测，并收集患者的生化指标。

结果 ISS I 期中 1q21 扩增、14q32 缺失、p53 扩增（缺失）和 1p32 扩增的比例分别是 51%、47%、15%和 9%，ISS II 期中 1q21 扩增、14q32 缺失、p53 扩增（缺失）和 1p32 扩增的比例分别是 37%、48%、7%和 6%，ISS III 期中 1q21 扩增、14q32 缺失、p53 扩增（缺失）和 1p32 扩增的比例分别是 49%、53%、23%和 10%。在不同 ISS 分期中，1q21 扩增和 p53 异常存在显著差异($p < 0.05$)。而 14q32 缺失和 1p32 扩增无显著差异 ($p > 0.05$)。在所有患者中，染色体突变数主要集中在 1 种和 2 种，且不同 ISS 分期中只有 2 种突变数存在显著差异。骨髓浆细胞和 LDH 在不同 ISS 分期的患者中存在显著差异。

结论 FISH 检测和 ISS 分期在多发性骨髓瘤的诊断和预后评估中具有重要作用。1q21 扩增和 p53 异常与 ISS 分期有关，可能影响患者的预后和治疗决策。染色体突变数的不同也与 ISS 分期相关，这为 MM 的风险评估和个性化治疗提供了重要信息。研究表明，结合 FISH 检测和 ISS 分期可以为 MM 患者提供更精确的预后评估。

PO-1801

以大量血性心包积液为首发症状的多发性骨髓瘤 1 例

张银银、姜中兴、汤平、王芳
郑州大学第一附属医院

目的 观察以大量血性心包积液为首发症状的多发性骨髓瘤患者的临床转归。

方法 患者，女，61 岁。3 月余前因鼻腔出血发现右侧鼻腔肿物，4 天前出现心悸、胸闷、气短、乏力，心前区不适。入院查体：心界向左下扩大。实验室检查示：血红蛋白 65.0g/L；血涂片：浆细胞 1%；BNP 737.00pg/mL； β_2 微球蛋白 12.39 \uparrow mg/L，总蛋白 106.5 \uparrow g/L，球蛋白 78.1 \uparrow g/L；肌酐 61 μ mol/L，尿酸 599 \uparrow μ mol/L；ECG：正常范围心电图。心肌酶无异常。彩超：左房增大，左室舒张功能下降，心包积液(中量)。初步诊断为：1.心包积液原因待查 2.鼻腔占位、球蛋白升高待查。入院后患者胸闷突发加重，呈端坐呼吸，心率 110 次/分，血压 85/50mmHg，氧饱和 90%，急查心电图示：1、快心室率心房纤颤 2、多数导联 T 波低平；血气：酸碱度 7.21，CO₂ 分压 18.80mmHg，氧分压 127.90 \uparrow mmH，钾 6.02 \uparrow mmol，钠 123.10 \downarrow mmol/L，乳酸 9.92 \uparrow mmol/L；BNP 1020.0 \uparrow pg/mL；急查心脏彩超：心包积液(大量)，患者出现心室率快速下降，立即给予胸外心脏按压，血管活性药物应用，立即行心包穿刺引流，共引流出血性心包积液 1000ml。完善心包积液 ADA、CEA、T-SPOT 均为阴性，心包积液沉渣包埋镜下见间皮细胞/淋巴细胞及吞噬细胞，刚果红染色阴性；心包积液免疫固定电泳 IgG Kappa 型，心包积液流式：未发现浆细胞。心肌增强 MRI：1、左室室间隔中远段心内膜下条片状异常信号，考虑心肌缺血，请结合临床及血管造影协诊 2、双心房增大，房颤？ 3、肺动脉高压。同时 M 蛋白及骨穿相关检查结果回示：尿本周蛋白电泳：

阳性↑; 血免疫固定电泳: IgG Kappa 型, 游离 Kappa 轻链 20.00↑mg/L, 游离轻链比值 3.08↑, IgG 60.40↑g/L; M 蛋白 55.00g/L; 24h 尿 M 蛋白含量 0.05g。骨髓涂片: 浆细胞占 30.4%, 原+幼浆 8%; 流式: 异常克隆性浆细胞占有核细胞 23.7%。骨髓活检示: 免疫组化示异常浆细胞增多 (60%-70%), 考虑浆细胞骨髓瘤伴骨髓纤维化。PET-CT: 1. 双侧鼻腔及双侧筛窦内软组织影代谢较活跃, 肝大弥漫性代谢活跃, 全身骨骼弥漫不均匀性代谢活跃, 双颈、纵隔、右侧内乳淋巴链、肝胃间、腹膜后多发肿大淋巴结代谢活跃, 以上考虑血液系统恶性病变, 建议结合病理。2. 双肺炎症; 心包腔大量积液; 左侧胸腔少量积液。鼻腔肿物病理: 符合浆细胞瘤。最终确诊为: 多发性骨髓瘤 (IgG κ 型, DS 分期 IIIA 期, ISS 分期 III 期, 髓外浸润鼻腔、心包), 给予 VRD 方案化疗后, 心包积液未再出现, M 蛋白定量明显下降。

结果 患者随访生命体征平稳。

结论 多发性骨髓瘤可侵犯心包, 以大量心包积液为首发症状。

PO-1802

Real World Analysis Over 15 Years of Newly Diagnosed Multiple Myeloma in China

Jingyu Xu, Lingna Li, Yuntong Liu, Ning Dai, Wenqiang Yan, Jian Cui, Lugui Qiu, Gang An

State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

Objective Multiple myeloma (mm) is the second most common hematopoietic malignancy. Although the disease remains incurable at present, significant advancements in precise diagnostic techniques and prognostic stratification systems over the past decade have led to substantial evolution in treatment approaches for MM. These advancements have substantially prolonged patient prognosis and have even made the possibility of "functional cure" achievable for patients.

Methods From 2003 to June 2021, a total of 2340 patients with MM were treated at the Lymphoma and Myeloma Department of our hospital. After screening, 1142 patients who were initially diagnosed and received regular treatment at our hospital were included in the study. We conducted a retrospective analysis of their clinical characteristics, disease staging, treatment regimens, and outcomes. In this study, high-risk cytogenetic abnormalities (HRCA) were defined as the presence of t(4;14), t(14;16), del(17p), or 1q21 abnormalities detected by FISH.

Results From 2003 to June 2021, a total of 1142 MM patients were initially diagnosed and received regular treatment at our hospital. This period was divided into four groups: 2003-2007, 2008-2012, 2013-2017, and 2018-2021, with patient numbers of 64, 185, 466, and 427 respectively. The median age of the patients was 58 years, with a slightly higher number of male (59.8%) compared to females (40.2%). The main M protein subtype was IgG (48%), followed by IgA (23.5%) and light-chain type (19.7%). The proportion of patients with HRCAs was 31.6%. First-line induction therapies were categorized as Chemo-based, IMiDs-based, PI3-based, PI3+IMiDs-based, and CD38-included. With the introduction of new drugs, the proportions of patients receiving PI3+IMiDs-based and CD38-included regimens increased over time, reaching 62.5% and 5.2% respectively during 2018-2021. The overall proportion of patients undergoing first-line ASCT was 42.5%. With the development of treatment regimens, the prognosis of patients have shown remarkable improvements. The proportion of patients achieving deep remission (\geq CR) reached 67.2% during 2018-2021. Up to July 2023, the median follow-up time for the cohort was 61.6 months, with median PFS and OS of 35.5 months and 88.3 months, respectively. Cox regression analysis incorporating patient gender, age, ISS stage, LDH level, presence of HRCAs, first-line treatment regimen, and ASCT revealed that ISS stage III, HRCA, high LDH levels, use of PI3+IMiDs, and transplantation were independent prognostic factors.

Conclusion Overall, this study illustrates the evolution of multiple myeloma treatment at a single center in China over nearly two decades, highlighting significant improvements in response and prognosis of MM patients.

PO-1803

Diagnostic Value of Echocardiography in Multiple Myeloma Complicated with Cardiac Amyloidosis

Hongmiao Shen¹, Xingyue Wu¹, Yue Huang¹, Jiali Fan², Zhi Yan¹, Hongying You¹, Jiao Lu¹, Weiqin Yao¹, Shuang Yan¹, Jingjing Shang¹, Song Jin¹, Chengcheng Fu¹

1. Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of Soochow University

2. 苏州大学附属第一医院

Objective A single-center, real-world retrospective study was conducted at the First Affiliated Hospital of Soochow University from August 2017 to December 2023 to investigate the clinical characteristics of multiple myeloma (MM) complicated with histologically confirmed amyloidosis (AL), particularly impacting the heart, named cardiac amyloidosis (CA). Moreover, the study aimed to assess the diagnostic value of 2D-STI echocardiography and provide guidance for early screening and identification of MM complicated with cardiac amyloidosis.

Methods This study included 190 newly diagnosed multiple myeloma (NDMM) patients. Based on histopathological results, 125 patients were categorized into MM and 65 patients were categorized into MM-AL groups, with the MM-AL group further divided into CA (20 patients) and non-CA (45 patients) subgroups according to criteria for cardiac involvement in amyloidosis. Comparative analysis of baseline clinical data was conducted to elucidate the clinical characteristics of MM-AL patients. Variables potentially predictive of CA diagnosis were selected from univariate analysis and their accuracy was assessed by calculating the AUC. Binary classification of each variable was performed using cutoff values, and a multivariate logistic regression model was established based on these variables.

Results Comparative analysis revealed that a lower proportion of MM-AL patients presented with bone pain as the initial symptom (44.6% vs 68.8%, $P=0.001$), while the incidence of congestive heart failure was higher (10.8% vs 3.2%, $P=0.048$). MM-AL patients also had a lower proportion in DS stage III (83.1% vs 95.2%, $P=0.013$), and a higher prevalence of frailty (44.6% vs 28.8%, $P=0.029$) and polyserositis (26.2% vs 4.8%, $P<0.001$). Kappa light chain type predominated in MM patients (54.4%), whereas lambda type predominated in MM-AL patients (64.6%). Low QRS and false infarction were observed in MM-AL patients but not in MM patients (7.7% vs 0%, $P<0.001$). CA patients showed elevated levels of NT-pro BNP and hs-TnT, relatively higher VEGF levels and lower BM plasma cell proportions; they also had a higher incidence of low QRS (20.0% vs 2.7%, $P=0.014$), ST-T changes (50.0% vs 13.5%, $P=0.002$) and false infarction (20.0% vs 2.7%, $P=0.014$). CA Patients exhibited increased LA diameter, IVSd, LVPWd, RWT, E/e', PASP values and decreased LVEF, GLS. The proportion of patients with hydropericardium (55.0% vs 10.8%, $P<0.001$), NYHN grade III-VI (40.0% vs 6.7%, $P=0.001$), and major adverse cardiovascular events (30.0% vs 2.7%, $P=0.013$) was higher in MM-CA patients. 2D-STI echocardiography model using LVEF, PASP, hydropericardium, and GLS as explanatory variables had the highest diagnostic accuracy for CA, with an AUC of 0.90 (95% CI: 0.81-1.00) (sensitivity: 95.6%, specificity: 80.0%, accuracy: 90.8%).

Conclusion The clinical characteristics of MM patients with CA differ from those MM patients without AL. The multivariate logistic regression model proposed in this study demonstrates favorable sensitivity and specificity, providing a valuable tool for early clinical screening and identification of MM complicated with cardiac amyloidosis by 2D-STI echocardiography.

PO-1804

达雷妥尤单抗联合方案治疗多发性骨髓瘤的疗效及安全性分析

唐俐伶、郭丹、黄红铭
南通大学附属医院

目的 探讨达雷妥尤单抗联合方案治疗多发性骨髓瘤的疗效和安全性。

方法 回顾性分析南通大学附属医院 2020 年 6 月至 2023 年 12 月间使用达雷妥尤单抗治疗的 81 例多发性骨髓瘤患者的病案资料。统计分析患者基本临床特征、疗效以及不良反应，采用 Kaplan-Meier 法进行生存分析。

结果 共 81 例患者，平均年龄 66 岁（50 岁~89 岁）；男性 44 例（54.3%）、女性 37 例（45.7%）；IgG 型 48 例（62.3%）、IgA 型 15 例（19.5%）、轻链型 14 例（18.2%）；ISS 分期，III 期 52 例（66.7%）、II 期 15 例（19.5%）、I 期 6 例（7.7%）；Mayo 分期中，骨髓瘤细胞遗传学分层高危 39 例（48.2%）、标危 18 例（22.2%）、因各种原因未获得细胞遗传学数据 24 例（29.6%）。所有患者均接受至少一个疗程的治疗，患者达到的最佳缓解程度 sCR 8 例（9.87%）、CR 者 23 例（28.4%）、VGPR 10 例（12.3%）、PR 14 例（17.3%），总有效率（ORR）为 74%（55/81）。发生不良事件 9 例（11.1%），其中 8 例肺炎，1 例心肌损害。≥3 级不良反应主要为白细胞减少 8 例（9.9%）、贫血 1 例（1.2%）、血小板减少 3 例（3.7%）。

结论 达雷妥尤单抗联合化疗治疗多发性骨髓瘤患者，疗效显著，安全性较理想。

PO-1805

维奈克拉联合地塞米松治疗初治 t(11;14)阳性的原发性轻链型淀粉样变的疗效及安全性

关艾¹、沈恺妮¹、吴侯²、孙春艳³、钟立业⁴、罗军⁵、常龙¹、毛玥莹¹、张路¹、周道斌¹、李剑¹

1. 中国医学科学院北京协和医院 血液内科

2. 四川大学华西医院 血液内科

3. 华中科技大学同济医学院附属协和医院 血液科

4. 广东省人民医院 血液内科

5. 广西医科大学第一附属医院 血液内科

目的 探讨维奈克拉联合地塞米松（Ven-D）治疗初治 t(11;14)阳性的原发性轻链（AL）型淀粉样变患者的疗效和安全性。

方法 本研究为前瞻性、多中心、2 期单臂开放性研究，计划入组 36 例初治 t(11;14)阳性的 AL 型淀粉样变患者。累计接受 12 周期（28 天/周期）的 Ven-D 方案治疗。具体方案为：维奈克拉 400mg/日持续口服，1-6 周期地塞米松 20-40mg 每周一次，7-12 周期减为 10-20mg。主要终点为治疗后 3 月时的血液学完全缓解（CR）+非常好的部分缓解（VGPR）（NCT05996406）。

结果 2023 年 9 月 8 日至 2024 年 4 月 25 日共入组 36 例患者，男性 29（80.6%）人，中位年龄 63（27-75）岁，梅奥 2004 分期 I、II、IIIA、IIIB 期分别为 7（19.4%）人、15（44.4%）人、10（27.8%）人、4（11.1%）人，t(11;14)中位比例为 57（10-94）%。27（75.0%）人有心脏受累，18（50.0%）人肾脏受累，2（5.6%）人有肝脏受累。截至 2024 年 5 月 20 日，所有患者接受中位 5（1-11）个疗程治疗，21 例患者可评估 3 月时的血液学疗效。治疗后 3 月及 6 月时的血液学 ≥VGPR 分别为 65.2%和 77.8%，治疗后 3 月及 6 月时的血液学 CR 率分别为 34.8%和 44.4%。治疗后 6 月，2/7 人获得心脏缓解，2/2 人获得肾脏缓解。3 例患者因心脏事件死亡。≥3 级血液学不良反应为淋巴细胞减少（2.8%），≥3 级非血液学不良反应为水肿（5.6%）、感染（5.6%）和肝功能异常（5.6%）。

结论 Ven-D 治疗初治 t(11;14)阳性的 AL 型淀粉样变可快速诱导高水平的血液学缓解，且具有较好的耐受性。

PO-1806

原发性轻链型淀粉样变中血清游离轻链的从头测序方法及序列结构特征

关艾¹、沈恺妮¹、马斌²、汪兵²、孙伟³、李剑¹

1. 中国医学科学院 北京协和医院 血液内科

2. 上海快序生物科技有限公司

3. 中国医学科学院 基础医学研究所

目的 建立并验证基于液相色谱-质谱技术 (LC-MS/MS) 对轻链 (AL) AL 型淀粉样变血清游离轻链 (sFLC) 进行从头测序的方法，并初步探究致淀粉样变轻链 (AL-LC) 的结构特征。

方法 首先纳入 17 例 AL 型淀粉样变患者，对基线外周血标本进行 sFLC 富集纯化、糖苷酶 F 处理、SDS-PAGE、胶内多酶酶切后 LC-MS/MS 检测，利用基于 Novor 算法的 REmAb 平台进行游离轻链从头测序，对比相应组织沉积物质谱数据以验证测序准确性。然后，扩大测序样本量至 90 例，同步测定 30 例其他浆细胞疾病的轻链序列。对比分析 AL-LC 的序列结构 (胚系基因类型、突变热点) 和 N-糖基化修饰特征，以及对应组织沉积物的酶切位点分布。

结果 17 例患者中，8 例有相对应的组织 (心脏 7 例，舌体 1 例) 活检质谱数据。测序结果与组织沉积物质谱肽段的覆盖率可达 98.85 (70.4-98.85) %。对比非 AL 组轻链，IGKV1-33、IGLV1-44、IGLV2-14、IGLV3-1、IGLV6-57 多见于 AL-LC，且具有受累器官特异性，突变热点多位于轻链的有序结构域或二聚体互作位点上。N-糖基化仅见于 AL-LC，且均由非保守突变引入，具有疾病特异性。组织沉积物酶切位点富集于 N 端、CDR2 以及恒定区，提示降解过程更可能发生于沉积后。

结论 建立并验证了一种基于质谱技术对 AL 型淀粉样变 sFLC 进行从头测序的方法，测序结果显示 AL-LC 具有特殊的序列及翻译后修饰特征。

PO-1807

Patient-reported outcomes (PROs) from the DREAMM-7 randomized phase 3 study comparing belantamab mafodotin, bortezomib, and dexamethasone (BVd) vs daratumumab, bortezomib, and dexamethasone (DVd) in patients with relapsed/refractory multiple myeloma (RRMM)

Vania Hungria¹, Pawel Robak², Marek Hus², ChengCheng Fu³, Vera Zherebtsova⁴, Christopher Ward⁵, Ana Carolina Almeida⁶, P. Joy Ho⁷, Roman Hajek⁸, Claudio Cerchione⁹, Nick Pirooz¹⁰, Astrid McKeown¹¹, Hena Baig¹², Lydia Eccersley¹³, Farrah Pompilus¹⁴, Simon McNamara¹¹, Chee Paul Lin¹⁰, Sumita Roy Ghanta¹⁰, Joanna

Opalinska¹⁰, María Victoria Mateos Manteca¹⁵

1. Clinica São Germano, São Paulo, Brazil

2. Medical University of Lodz, Lodz, Poland

3. The First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, China

4. Gorodskaya Klinicheskaya Bol'nitsa Im. S.p. Botkina, Moscow, Russia

5. Royal North Shore Hospital, Sydney, Australia

6. Centro de Pesquisa e Ensino em Saúde de Santa Catarina, Florianópolis, Brazil

7. Royal Prince Alfred Hospital, Camperdown, Australia

8. Department of Hemato-Oncology, University Hospital Ostrava and Faculty of Medicine, University of Ostrava, Ostrava, Czech Republic

9. Hematology Unit, Istituto Romagnolo per lo Studio dei Tumori "Dino Amadori" - IRST IRCCS

10. GSK, Upper Providence, PA, USA

11. GSK, Stevenage, UK

12. GSK, Mississauga, ON, Canada

13. GSK, London, UK

14. GSK, Boston, MA, USA

15. Hospital Universitario de Salamanca, Salamanca, Spain

Objective Belantamab mafodotin (belamaf), a first-in-class antibody-drug conjugate targeting B-cell maturation antigen, acts through a multimodal mechanism including direct cell killing and immune-mediated mechanisms. The global, phase 3, open-label, randomized, DREAMM-7 trial (NCT04246047) met its primary endpoint of demonstrating statistically significant progression-free survival benefit favoring BVd vs DVd in patients with RRMM who had received ≥ 1 prior line of therapy; here, we report PRO findings for BVd vs DVd.

Methods Patients were randomized (1:1) to receive BVd or DVd and completed electronic PRO measures at baseline and every 3 weeks (Q3W) during treatment. PRO measures included EORTC-QLQ-C30, EORTC-QLQ-MY20 disease symptoms (pain), PRO-CTCAE patient-reported tolerability, and OSDI vision-related functioning (Q3W up to the sixth dose of belamaf, then Q6W). Each domain was summarized using descriptive statistics.

Results Among 494 patients (BVd, $n=243$; DVd, $n=251$), adherence to PRO assessments was $>90\%$ for most study visits. There was no difference in EORTC QLQ-C30 global health status/quality-of-life assessments between the study arms over time. Similarly, role functioning, physical functioning, fatigue, and pain were stable (change from baseline in EORTC score was within 10 points) over time and consistent between arms. Most symptomatic adverse events evaluated by PRO-CTCAE were reported at no to low severity, frequency, and interference (PRO-CTCAE ratings ≤ 2) in both arms throughout the study. The severity and interference of blurred vision and frequency of watery eyes were reported at higher levels (PRO-CTCAE ratings ≥ 3) in the BVd arm. Among patients in the BVd arm with a clinically meaningful deterioration in vision-related functioning (a change from baseline of ≥ 12.5 points), EORTC-QLQ-C30 global health status, role functioning, and physical functioning were comparable to the DVd arm over time.

Conclusion Overall quality of life, role functioning, physical functioning, fatigue, and pain were comparable in patients treated with BVd vs DVd. In patients treated with BVd who reported a

clinically meaningful deterioration in vision-related functioning, overall quality of life was consistent with the DVd arm.

Funding statement: GSK(207503)

Encore statement: 2024 American Society of Clinical Oncology, Inc. Reused with permission. This abstract was accepted and previously presented at the ASCO 2024 Annual Meeting. All rights reserved.

PO-1808

全人源 BCMA CAR-T (CT103A) 细胞免疫疗法 治疗复发/难治性多发性骨髓瘤的长期随访研究

余秋霞¹、王迪¹、李喆¹、安宁¹、包毓函¹、龙筱露¹、穆伟¹、张沛凌¹、叶欢²、桂宏宇²、蔡松柏²、胡广²、汪文²、李春蕊¹

1. 华中科技大学同济医学院附属同济医院
2. 南京驯鹿生物技术股份有限公司

目的 全人源 BCMA CAR-T (CT103A) 细胞免疫疗法治疗复发/难治性多发性骨髓瘤显示出了较高的反应率，但其长期疗效和安全性尚无报道。本研究旨在前期研究的基础上，进一步分析其长期疗效与安全性。

方法 本中心开展的 CT103A I 期临床研究共纳入 18 例复发/难治性多发性骨髓瘤患者，在输注 CT103A 之前，使用氟达拉滨和环磷酰胺进行清淋化疗。在剂量递增阶段以 1、3、6×10⁶ 细胞/kg 的剂量给药，在扩增队列中以 1×10⁶ 细胞/kg 的剂量给药。

结果 截止到 2023 年 7 月 31 日，中位随访时间为 45.0 个月（范围：0.7-58.3 个月）。18 例患者的总体反应率为 100%，14 例（77.78%）患者达到了完全缓解（complete response, CR）及严格意义上的完全缓解（stringent complete response, sCR）。到截止时间，9 例患者（50%）存活，7 例患者（38.9%）处于持续 sCR 状态，且 MRD 阴性。患者的中位无进展生存（progression-free survival, PFS）和总体生存（overall survival, OS）时间分别为 22.6 个月和 50.2 个月。对于获得 CR 或 sCR 的患者，中位 PFS 为 44.5 个月，中位 OS 未达到。无疾病复发/进展患者的 PFS 发生显著优于有疾病复发/进展的患者（P=0.0023）。在 CAR-T 细胞输注 8 周后最常见的晚期不良事件是血液毒性，严重不良事件主要为感染。在长期随访中，不良事件的发生率随着时间的推移逐渐降低。没有患者出现晚期神经毒性或继发肿瘤。CAR-T 细胞中位持续时间为 14.0 个月（范围为 0.7-57.3 个月）。在最近的随访中，9 例存活患者中有 7 例患者的 CAR-T 细胞可检测到，其中 6 例患者处于 sCR 状态。

结论 CT103A 长期随访的最新数据表明，CT103A 治疗复发/难治性多发性骨髓瘤获得了持久的反应性和良好的安全性，进一步增强了 CT103A 的临床应用前景。

PO-1809

复发性/难治性多发性骨髓瘤接受全人源抗 BCMA CAR-T 进展后的风险因素与预后之间的关系

安宁、王迪、余秋霞、穆伟、包毓函、王欣然、龙筱露、李春蕊
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 BCMA CAR-T 疗法彻底改变了复发性/难治性多发性骨髓瘤的治疗。然而，有一部分患者在接受 BCMA CAR-T 疗法治疗后出现疾病进展。了解这些患者的特征对于选择患者、确定 BCMA

CAR-T 治疗进展后的生存结果以及开发改善疗效的新策略至关重要。

方法 这项单中心的回顾性研究分析了 54 名来自中国的复发难治性多发性骨髓瘤患者，这些患者接受了同一种全人源 BCMA CAR-T 疗法 (CT103A)。其中，23 名患者出现了疾病进展 (定义为 CAR-T 输注后 3 个月以上出现进展)。研究分析了基线特征与结果之间的关联，确定了风险因素、生存率和挽救方法。

结果 23 名疾病进展的患者总体生存时间较短，中位生存期为 30.2 个月，最佳反应率较低 (\geq VGPR; 73.9% vs 100%)。已确定的进展的主要危险因素包括既往造血干细胞移植史、三药暴露、基线期高肿瘤负荷以及 CAR-T 治疗后获得完全缓解及以上。有两个或两个以上危险因素的患者无进展生存期明显更差 ($P < 0.001$)。在 23 例进展期患者中，进展后 12 个月的总生存率为 45.4% (95% CI, 20-68)。此外，对病情进展患者的 BCMA 状态进行分析后发现，BCMA 阳性和 BCMA 阴性的进展率没有明显差异。但是，BCMA 阴性进展的患者有较差的总生存期 ($p = 0.0035$)。

结论 我们发现一些特定因素 (既往造血干细胞移植史、三药暴露、基线期高肿瘤负荷以及 CAR-T 治疗后获得完全缓解及以上) 是病情进展的独立预测因素。多种风险因素的存在与较高的进展率相关。此外，BCMA 阴性进展与 BCMA CAR-T 治疗后生存率下降明显相关。了解这些风险因素有助于更好地选择患者并制定有针对性的治疗策略，以改善 BCMA CAR-T 治疗后患者的预后。

PO-1810

来那度胺难治的多发性骨髓瘤: 试验和现实证据的系统文献综述

Monique A. Hartley-Brown^{1,2}、Katja Weisel³、Jacopo Bitetti⁴、John A. Carter⁵、Simon McNamara⁶、Molly Purser⁷、Antonio Palumbo⁴、Paul Richardson¹

1. Dana-Farber Cancer Institute, Harvard Medical School, Boston, MA, USA

2. Brigham and Women's Hospital, Boston, MA, USA

3. University Medical Center Hamburg-Eppendorf, Hamburg, Germany

4. GSK, Zug, Switzerland

5. OPEN Health, Bethesda, MD, USA

6. GSK, Stevenage, Hertfordshire, UK

7. GSK, Upper Providence, PA, USA

目的 通过临床试验 (CTs) 和真实世界研究 (RWs) 进行系统文献回顾 (SLR) 评估来那度胺难治的复发/难治性多发性骨髓瘤 (RRMM) 患者的治疗结果。

方法 在 Medline、EMBASE 和其他电子数据库中检索了 2008 年 1 月至 2023 年 10 月 11 日期间发表的英文文章。纳入的文章详细介绍了既往接受过 ≥ 1 线治疗 (LOT) 且来那度胺耐药 RRMM 患者的 CT 和 RW 结果。对于纳入的混合患者研究，必须有 $\geq 80\%$ 的患者既往接受过 ≥ 1 线 LOT 治疗。主要结果包括无进展生存期 (PFS)、总生存期 (OS) 和总/客观缓解率 (ORR)。对于 CT，报告的是中位 [最小-最大] PFS 和 OS 的人群加权平均值。数据以描述性方式报告。

结果 共有 24 个 CT 和 19 个 RW 纳入其中。CT ($n=11-286$) 的患者来自全球各地。RW 队列 ($n=8-2444$) 的患者来自 9 个地区 (加拿大、法国、印度、意大利、日本、韩国、中国台湾、英国、美国)。在 14 个有数值数据的人群匹配 CT 中，来那度胺难治队列的 PFS ((8.8 个月, $n=2699$ [1.9-28.1])) 短于 ITT 人群 (13.8 个月, $n=5380$ [1.9-30.8]); OS (CT=6; 21.7 个月, $n=1066$ [8.0-53.6] vs 35.9, $n=2264$ [8.1-56.7]) 结果类似。来那度胺难治患者 (CT=18) 的平均 ORR 为 53.8%。在 RW 中，中位 PFS (RW=7; 2.7-24.8 个月)，中位 OS 和 ORR 差异很大。来那度胺/硼替佐米难治患者的中位 PFS (5.5 个月 [$n=81/n=25$]) (RW=2) 低于来那度胺难治患者 (7.3/8.0 个月 [$n=81/n=61$])。接受过 3 线 LOT (10.8/18.2 个月 [$n=212/n=347$]) 患者的中位 OS (RW=2) 低于 1 线 LOT (32.1/46.9 个月 [$n=466/n=1133$]) 患者。五重难治患者 (23.0/30.0% [$n=22/n=23$]) 与四重难治患者 (40.0/50.0% [$n=5/n=8$]) 相比，ORR (RW=1) 更低。

结论 这些数据表明，在 CT 和 RW 中来那度胺难治 RRMM 患者目前的治疗均不理想，对于该人群仍待更好疗效的新治疗方案。

PO-1811

单细胞测序解析多发性骨髓瘤骨髓微环境 低密度中性粒细胞的异质性

刘斌贞¹、周易¹、华燕妮¹、路莎莎¹、倪蓓文¹、沈莉菁¹、Ng Laiguan^{1,2}、侯健¹

1. 上海交通大学医学院附属仁济医院

2. 上海市免疫治疗创新研究院

目的 中性粒细胞作为骨髓中丰度最高的免疫细胞，近年来已在实体瘤中开展了广泛研究，但在多发性骨髓瘤（Multiple Myeloma, MM）骨髓微环境中的研究较少。本研究对 MM 骨髓中低密度中性粒细胞（Low Density Neutrophil, LDN）的异质性进行了全面描述，进一步明确了 LDN 亚群在 MM 中的临床意义、免疫抑制潜力和转录网络的相关性。

方法 在这项研究中，我们对 3 名健康供者和 10 名新诊断 MM 患者接受硼替佐米、环磷酰胺和地塞米松（VCD）治疗方案前后收集的共 22 例骨髓样本，ficoll 分离骨髓单个核细胞（BMMC）后用于 10x scRNA-seq 建库测序。通过 Cellranger 和 Seurat 确定 LDN 分群，使用 Monocle 2 和 Monocle3 进行拟时序轨迹分析，使用 Cellchat 和 CellphoneDB 进行细胞互作分析。通过 AUCell 对不同亚群进行中性粒细胞胞外捕获网（NETs）评分，用 RNA velocity 分析 LDN 发育过程中的 RNA 速率变化，利用多色光谱流式进行验证分析。

结果 UMAP 显示 22 个 BMMC 样本共捕获了 127070 个单细胞，其中有 28199 个为 LDN，可分为 NETs+proLDN、NETs-proLDN、preLDN、immLDN、MMP9+ matLDN 和 NAMPT+matLDN 共 6 个不同的亚群；与健康供者相比，骨髓微环境中 matLDN/T 细胞比值越高，则 MM 患者的 PFS 越差；MMP9+ matLDN 丰度越高，患者预后越差，并呈现出较差的 VCD 治疗反应；衰老是导致 Neu 异质性的主要机制，而衰老的 Neu 会产生更多的中性粒细胞胞外捕获网（NETs）；MMP9+ matLDN 亚群通过参与细胞周期调控导致细胞衰老，从而诱发 NETs 并促进 MM 的疾病进展。骨髓微环境中的 matLDN 可通过 ITGAM-ICAM2 与 T 细胞发生互作间接调控克隆性浆细胞的功能发挥促肿瘤效应。

结论 多发性骨髓瘤患者骨髓微环境中成熟的 LDN 通过 ITGAM-ICAM2 轴与 T 细胞互作，参与细胞周期调控细胞衰老，诱发 NETs 并促进 MM 疾病进展，发挥免疫抑制效应。

PO-1812

多发性骨髓瘤肾功能不全患者血清白蛋白水平 与肾脏可逆性的相关性

刘影、刘晓博、李威亚、白炎亮
郑州大学人民医院

目的 多发性骨髓瘤（Multiple Myeloma, MM）是一种常见于老年人血液系统的浆细胞恶性肿瘤，肾损伤是 MM 常见的并发症，肾功能不可逆地持续下降严重影响预后。目前临床上尚缺乏简易可靠的实验室指标来预测 MM 治疗后肾功能是否可以逆转。本研究探讨了血清白蛋白是否可以作为 MM 患者治疗后肾损伤可逆性的独立预测指标。

方法 回顾性收集 2017 年 1 月-2022 年 5 月河南省人民医院初治的 MM 伴肾损害患者，共 90 例。

根据国际骨髓瘤工作组提出的肾脏反应定义标准评估最大肾脏反应。主要肾脏反应定义为完全肾脏反应或部分肾脏反应的发生。所有统计分析均使用 SPSS 软件 25.0 版完成, 并使用 GraphPad Prism 9.0 版绘制图表。所有分析中 $P < 0.05$ 表示有统计学意义。

结果 共有 53 名患者获得了主要的肾脏反应。血清白蛋白水平 $< 30.8 \text{ g/L}$ ($P < 0.001$) 和校正钙 $> 2.56 \text{ mmol/L}$ ($P < 0.001$) 都是影响主要肾脏反应发生的因素。在多变量分析中, 两者都是与肾脏可逆性相关的独立预测因素。定义患者的血清白蛋白水平 $< 30.8 \text{ g/L}$ 和校正钙 $> 2.56 \text{ mmol/L}$ 各赋值为 1 分。评分为 2、1 和 0 的患者估计 6 个月主要肾脏反应发生率分别为 78.6%、30.6% 和 0% ($P < 0.001$)。

结论 血清白蛋白水平 $< 30.8 \text{ g/L}$ 是主要肾脏反应的独立预测因素, 当同时伴有校正钙水平 $> 2.56 \text{ mmol/L}$ 时, 可以更准确地预测肾功能可逆性。

PO-1813

在一项新诊断多发性骨髓瘤的 VRD+/- ASCT 研究中 探讨肾功能损伤患者的有效性和肾脏反应

吴星玥、尤红英、沈红苗、黄越、姚卫芹、严治、商京晶、金松、傅玲璋
苏州大学附属第一医院

目的 肾功能损伤 (RI) 是多发性骨髓瘤的一个重要疾病特征, 也是不良预后因素。鉴于来那度胺的剂量调整, 有观点认为, 肾功能受损严重者应慎用来那度胺。为了探讨肾损患者使用 VRD+/- ASCT 的可行性, 本文旨在在一项新诊断多发性骨髓瘤的 VRD 研究中, 根据不同 RI 水平分析疗效与肾脏反应。

方法 本研究回顾性分析 2018 年 8 月至 2022 年 10 月在苏大附一院就诊的 316 例 NDMM 患者。这项单中心真实世界的研究规定患者在 4 个疗程 VRD 诱导后进行 ASCT, 随后继续 2 疗程的 VRD 巩固治疗。非移植患者进行 8 个疗程的 VRD 方案诱导和巩固治疗。eGFR $\geq 60 \text{ ml/min}$, 来那度胺 25 mg/d ; $60 > \text{eGFR} \geq 30 \text{ ml/min}$, 来那度胺 10 mg/d ; eGFR $< 30 \text{ ml/min}$ 和透析患者, 来那度胺 10 mg qod 。标危患者口服来那度胺维持治疗直至疾病进展, 高危患者 (定义为 $t(4;14)$, $t(14;16)$ 或 $17p-$) VR 维持直至疾病进展。以患者不同肾功能水平进行分组进行临床特征、治疗反应、预后等分析。

结果 根据基线 eGFR 将患者分为无损伤 ($\geq 90 \text{ mL/min}$ [$n=160$])、轻度损伤 (≥ 60 至 $< 90 \text{ mL/min}$ [$n=55$])、中度损伤 (≥ 30 至 $< 60 \text{ mL/min}$ [$n=39$]) 和重度损伤 ($< 30 \text{ mL/min}$ [$n=62$])。分析发现肾功能较差患者分期较晚, 血红蛋白和血小板水平较低, 处于虚弱状态多, 轻链和 IgD 型的比例更高 ($P < 0.05$)。与轻度和中度 RI 患者相比, 重度 RI 患者更年轻, 移植率更高。总人群的 ORR 为 93.7%, $\geq \text{VGPR}$ 率为 82.9%, 各组间无明显差异。虽然中重度肾损患者在移植时经历更多的不良反应 (粒缺伴发热、肌酐升高、3 级粘膜炎、植入综合征等), 造血重建更慢, 但在中位随访 33.5 个月 (范围: 2-65 月), ASCT 可以改善预后 (PFS: HR=0.4302, 95%CI 0.21-0.89, $P=0.02$; OS: HR=0.39, 95%CI 0.15-1.06, $P=0.06$)。24 (7.6%) 例患者在确诊时依赖透析, 10 例在诱导期间脱离透析。10 例患者在透析依赖状态下进行 ASCT。在 89 例基线 eGFR $< 50 \text{ ml/min}$ 可评估肾脏学疗效的患者中, $\geq \text{MR}$ 的肾功能总体缓解率为 70.8% (63/89), CR31.5%, PR11.2%, MR28.1%。RI 是预后不良的因素, 尤其是依赖透析患者, 而有肾脏反应的患者预后较好 (OS: HR=0.36, 95%CI 0.13-0.99, $P=0.04$)。

结论 VRD 联合或不联合 ASCT 方案在 NDMM (包括肾损患者) 的诱导治疗中疗效显著。对于合并肾损的患者, 甚至是依赖透析, 该方案包括 ASCT 是安全有效的, 不良反应可控。尽管如此, 新的包含 CD38 单抗的联合方案正在进行中, 以克服肾功能损伤相关的预后不良挑战。

PO-1814

长疗程伊沙佐米为基础治疗方案 在多发性骨髓瘤患者中的疗效和安全性评估

王廷萱、王辉、石辰宇、王伟
青岛大学附属医院

目的 探究长疗程（≥6 疗程）伊沙佐米在初治及复发难治患者中的疗效和安全性

方法 回顾性分析了 2018 年 1 月 1 日至 2023 年 6 月 1 日期间青岛大学附属医院收治的使用以伊沙佐米为基础的方案治疗≥6 疗程的 58 例多发性骨髓瘤患者。将患者按伊沙佐米使用线数分为初治组（29 例）和复发/难治组（29 例），治疗方案分为三类：伊沙佐米+地塞米松（ID）、伊沙佐米+地塞米松+来那度胺/沙利度胺/泊马度胺（ID+免疫调节剂）和伊沙佐米+地塞米松+环磷酰胺/多柔比星/依托泊苷/顺铂等其他类药物（ID+其他药物）。

结果 初治组患者使用伊沙佐米时的平均年龄 67 岁，最佳总反应率 ORR 为 93.10%，其中 1 例严格意义的完全缓解，7 例完全缓解，13 例非常好的部分缓解和 6 例部分缓解。复发/难治组使用伊沙佐米时平均年龄 60 岁，最佳总反应率 ORR 为 75.86%，为 3 例完全缓解，6 例非常好的部分缓解，8 例部分缓解和 5 例微小缓解。2 例复发/难治组患者发生 III 级粒细胞减少，所有的患者均未因严重的不良反应停药。

结论 以伊沙佐米为基础的超过 6 疗程的治疗方案在初治和复发难治的患者均有效，安全性良好，以初治组患者效果更佳。

PO-1815

新诊断多发性骨髓瘤患者 VRD 联合 或不联合 ASCT 中进行简化虚弱评估的真实世界研究

吴星玥、尤红英、沈红苗、黄越、姚卫芹、严治、商京晶、金松、傅玲珍
苏州大学附属第一医院

目的 近年来，虚弱评估已经引起了高度重视。本研究主要将简化虚弱评估应用于一项单中心新诊断多发性骨髓瘤（NDMM）患者进行 VRD 联合或不联合自体干细胞移植（ASCT）的真实世界研究中，评估虚弱评分在中国人群，包括移植和非移植人群中的预后意义。

方法 在本研究中，我们回顾性分析了 2018 年 8 月至 2022 年 10 月在苏州大学附属第一医院就诊的 316 例 NDMM 患者。在每个治疗周期前，对所有患者进行虚弱评估（评分≥2 分为虚弱）。移植患者在 4 个疗程 VRD 方案诱导后进行 ASCT，随后继续 2 疗程的 VRD 巩固治疗。非移植患者进行 8 个疗程的 VRD 方案诱导和巩固治疗。标危患者以来那度胺口服为维持治疗直至疾病进展，高危患者（定义为 t(4;14), t(14;16)或 del(17p)）以 VR 为维持治疗直至疾病进展。

结果 316 例 NDMM 患者的中位年龄为 59 岁（范围：29-73 岁），174（55.1%）患者为男性，161（51.0%）患者在初诊时非虚弱。虚弱患者相较于非虚弱患者年龄更大，ISS 和 RISS 分期更晚，更易合并肾功能损害、贫血和其他合并症。值得注意的是两类人群 VRD 方案诱导治疗的疗效无差异。总人群的移植率是 77.9%（246/316），非虚弱人群 85.1%（137/161），虚弱人群 70.3%（109/155）。诱导治疗结束后，69 例患者由初诊时的虚弱状态转变为非虚弱状态，主要是由于 ECOG 体能状态的改善和肾功能的恢复，没有患者由非虚弱状态转变为虚弱状态。在虚弱状态下进行移植的 56 例患者中，采集的干细胞数目更少，经历更多的移植相关不良反应和更慢的造血重建，但是移植相关死亡率为 0。中位随访 33.5 个月（范围：2-65 月），接受 VRD 序贯 ASCT 治疗的患者 PFS 和 OS 均优于仅接受 VRD 治疗患者，而虚弱患者预后劣于非虚弱患者（中位 PFS：55 个

月 vs NR, $P=0.0632$; 中位 OS 未达到, $P=0.0024$)。重要的是, 与非虚弱组相比, 在进行 ASCT 时处于虚弱状态的患者的移植后 PFS 和 OS 较差 (中位 PFS: 46 个月 vs NR, $P=0.0209$; 中位 OS: NR vs NR, $P=0.0057$)。然而, 在诱导治疗后从虚弱转为非虚弱的患者, 其 PFS 和 OS 与一直非虚弱的患者相比并无显著差异。

结论 我们的研究说明了在多发性骨髓瘤患者的整个治疗过程中进行虚弱评估的重要性。虚弱是一个不良预后因素, 动态监测患者的虚弱状态可以更准确地预测预后和 ASCT 期间的不良反应, 从而实现个性化治疗。

PO-1816

ENO1 在多发性骨髓瘤患者中的表达特点、预后意义及治疗应用

董佳晖、徐嘉轩、董晓庆、陈兵
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 烯醇化酶-1 (Enolase 1, ENO1) 是细胞无氧糖酵解所必需的关键基因, 能够催化 2-磷酸甘油酸 (2-PGA) 生成磷酸烯醇式丙酮酸 (PEP), 其失调与肿瘤的发生进展密切相关。然而, ENO1 在多发性骨髓瘤 (Multiple myeloma, MM) 中的生物学功能尚不清楚, 本研究旨在评定 ENO1 在 MM 患者中的表达水平、预后价值及药物策略。

方法 从 GEO 数据库中下载多个 MM 基因芯片数据后统计患者基因表达水平和临床信息, 分析 ENO1 基因表达在 MM 疾病进展各阶段的差异性。按 426 例 MM 样本中 ENO1 的表达量中位值分为高表达组和低表达组, 采用 Kaplan-Meier 生存分析评价 ENO1 对 MM 患者的预后价值。此外, 通过 q-PCR、Western blotting 检测 ENO1 特异性抑制剂 (ENOblock) 对 ENO1 表达水平的影响, 通过 CCK-8、流式细胞术评估其对 MM 细胞 (NCI-H929 和 LP-1) 的增殖和凋亡以及对硼替佐米药物敏感性的影响。

结果 本研究发现 ENO1 基因在 MM 疾病进展各阶段 (意义未明的单克隆丙种球蛋白血症、惰性 MM、初诊 MM、复发性 MM) 中表达呈逐步上调趋势。Kaplan - Meier 生存分析结果显示 ENO1 高表达组患者相比低表达组而言总生存期明显更差。此外, 体外实验提示 ENOblock 通过抑制 ENO1 表达有效降低 MM 细胞的存活率、抑制细胞增殖, 并且能够诱导细胞凋亡, 与硼替佐米联用时能够增强硼替佐米杀伤 MM 细胞的协同作用。

结论 ENO1 在 MM 疾病进展过程中表达上调, 其高表达预示 MM 患者的总生存期不良。ENOblock 通过抑制 ENO1 表达从而抑制 MM 细胞增殖、诱导凋亡并增强硼替佐米对细胞的杀伤能力。

PO-1817

真实世界中多发性骨髓瘤 MRD 阴性未达 CR 患者的特征分析

卢静、何海燕、强琬婷、刘进、郭沛、杜鹃
中国人民解放军海军军医大学第二附属医院

目的 多发性骨髓瘤 (MM) 疗效评估中微小残留病灶 (MRD) 阴性与完全缓解 (CR) 之间存在差异。部分患者 MRD 阴性但疗效未达 CR, M 蛋白检测仍为阳性。我们研究 MRD 与 CR 结果不一致的频率, 并分析其患者特征。

方法 回顾性分析 2016 年 9 月至 2021 年 12 月上海长征医院诊治的 202 例 MM 患者的临床资料, 采用二代流式细胞术检测骨髓 MRD 水平, 检测敏感度为 10^{-6} 。

结果 ①202 例患者在 2016 年至 2021 年 12 月期间, 共检测 MRD 405 次, 检测时间点为至少获得非常好的部分缓解 (VGPR) 时及维持治疗时。结果显示 MRD 阳性 215 例, MRD 阴性 190 例。

②190例MRD阴性中125例疗效评估为严格的完全缓解(sCR),29例为CR,36例为VGPR,提示MRD阴性患者中18.9%检测伴M蛋白阳性。③分析36例MRD阴性伴M蛋白阳性的患者,其中16例后续检测中M蛋白转阴,中位M蛋白转阴时间为3(1-6)月,M蛋白类型为:IgG型12例、IgA型1例、轻链型2例;9例伴髓外病变;2例短期内疾病进展;2例存在细胞量少情况;9例M蛋白持续阳性原因不明。

结论 MRD检测在骨髓瘤疾病评估中占重要位置,18.9%患者中存在MRD与CR之间不一致的结果,可能与M蛋白半衰期长,伴髓外病变,样本采集量少等因素相关。

PO-1818

Leveraging diverse cellular stress patterns for predicting survival outcomes and therapeutic sensitivity in patients with multiple myeloma

Jiaxuan Xu,Xiaoqing Dong,Bing Chen
Affiliated Drum Tower Hospital of Nanjing University Medical School

Objective Tumor microenvironment harbors diverse stress factors that affect the progression of multiple myeloma (MM), and the survival of MM cells heavily relies on crucial stress pathways. However, the impact of cellular stress on clinical prognosis of MM patients remains largely unknown. This study aimed to provide a cell stress-related model for survival and treatment prediction in MM.

Methods We incorporated five cell stress patterns including heat, oxidative, hypoxic, genotoxic, and endoplasmic reticulum stresses, to develop a comprehensive cellular stress index (CSI). Then we systematically analyzed the effects of CSI on survival outcomes, clinical characteristics, immune microenvironment, and therapeutic sensitivity in MM. Molecular subtypes were identified using consensus clustering analysis based on CSI gene profiles. Moreover, a prognostic nomogram including CSI was constructed and validated to aid in personalized risk stratification.

Results After screening from five stress models, a CSI signature containing nine genes was established by Cox regression analyses and validated in three independent datasets. High CSI was significantly correlated with cell division pathways and poorer clinical prognosis. Two distinct MM subtypes were identified through unsupervised clustering, showing significant differences in prognostic outcomes. The nomogram that combined CSI with clinical features exhibited good predictive performances in both training and validation cohorts. Meanwhile, CSI was closely associated with immune cell infiltration and immune checkpoints genes. Therapeutically, patients with high CSI were more sensitive to bortezomib and antimetabolic agents, while their response to immunotherapy was less favorable. Furthermore, in vitro experiments using cell lines and clinical samples verified the expression and function of key genes from CSI.

Conclusion The CSI signature could be a clinically applicable indicator of disease evaluation, demonstrating potential in predicting prognosis and guiding treatment for patients with MM.

PO-1819

BCMA CAR-T 细胞挽救治疗浆母细胞转化多发性骨髓瘤

施雁词²、李肃¹、蒋瑛²、金承伟¹、武军¹

1. 上海力泉医院

2. 上海闸新中西医结合医院

目的 在多发性骨髓瘤患者中,骨髓的浆母细胞转化与不良预后相关。本研究初步探讨B细胞成熟

抗原(BCMA)嵌合抗原受体(chimeric antigen receptor, CAR)T 细胞治疗浆母细胞转化多发性骨髓瘤的安全性及有效性。

方法 将 2023 年 1 月 1 日至 2023 年 12 月 31 日期间在上海力泉医院住院治疗的浆母细胞转化多发性骨髓瘤患者入组本次研究。随访截止日期为 2024 年 5 月 31 日。6 例患者被纳入研究,均以骨髓活检或髓外组织活检病理结果诊断为浆母细胞转化多发性骨髓瘤。均在住院期间接受了 BCMA CAR-T 治疗,其中 3 例患者联合自体造血干细胞移植。

结果 1.6 例患者年龄中位数为 55.5 岁(41-63 岁),均有髓外浸润;4 例(66.7%)患者有高危遗传学异常,均为三重难治性 MM,5 例(83.3%)为五重难治性 MM。2.输注 BCMA CAR-T 后均出现细胞因子释放综合征(CRS),中位发生时间为 3.5 天(1-7 天);其中 ≥ 3 级 CRS 的发生率为 50.0%(3/6),2 例(33.3%)出现 I-II 级的神经系统毒性(ICANS),均使用地塞米松控制,2 例 CRS-VI 级予妥珠单抗干预;无 CRS 相关死亡。3. 6 例浆母患者接受 BCMA CAR-T 回输后 1 个月评估疗效 ORR 为 83.3%(5/6),其中 66.7%(4/6)患者获得 CR 及以上疗效,50%(3/6)的患者获得 sCR: 中位随访时间 5.25 个月(2-10 个月),2 例患者 EFS ≥ 6 个月,1 例 7 月后死于肺部感染,4 例患者出现疾病进展,其中 3 例因疾病进展死亡。4.CAR-T 扩增达到峰值的中位时间为 11 天(6-21 天),扩增峰值的中位值为 $1.03E+04$ copies/ug DNA ($2.55E+03$ — $9.22E+04$ copies/ug)。

结论 BCMA CAR-T 细胞在挽救性治疗浆母细胞转化的多发性骨髓瘤有一定的疗效,毒性可控,可以为患者争取生存获益。

PO-1820

原发性免疫性血小板减少症脾切除术后 出现多发性髓外浆细胞瘤 1 例

梁国家、张茜

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 探讨原发性免疫性血小板减少症(ITP)脾切除术后出现多发性髓外浆细胞瘤(EMP)的临床表现和诊治要点。

方法 方法回顾分析联勤保障部队第九四〇医院诊断的 1 例 ITP 脾切除术后出现多发性 EMP 患者的诊治过程。

结果 诊断:患者在外院已经明确诊断为 ITP,且行脾切除术,术后恢复良好,六年后全身无明显诱因出现多发包块,受累部位除骨髓外,累及皮肤、肾脏、淋巴结、中枢神经系统、胸膜和心包等,免疫固定电泳阴性,骨髓穿刺未见异常浆细胞,行肿物穿刺活检提示浆细胞瘤。故 ITP 脾切除术后出现多发性 EMP 诊断成立。一经确诊给予免疫抑制剂及激素治疗,整体疗效欠理想,最终因肿瘤多部位扩散,恶病质、器官衰竭而死亡。

结论 ITP 与 EMP 的发生和免疫功能紊乱密切相关。故考虑 ITP 脾切除术后导致免疫功能异常,进而引起 EMP 的发生,为临床诊治提供参考依据。

PO-1821

一线 VRD 治疗新诊断多发性骨髓瘤患者早期进展风险因素研究

程莉莉、王为、李辉、蔡昊、张富婧、刘双娇、庄俊玲

北京协和医院

目的 本研究旨在探讨一线 VRD 方案治疗新诊断的多发性骨髓瘤(NDMM)患者早期进展的影响因素

方法 回顾性收集 2019 年 1 月至 2024 年 5 月北京协和医院收治的 107 例接受一线 VRD 方案的 NDMM 患者的临床,骨髓 CD138 分选浆细胞进行原位荧光杂交 (FISH) 检测, DNA 二代测序 (NGS) 包含 290 个肿瘤相关基因。12 个月内进展定义为早期进展组 (ER)。

结果 107 例 NDMM 患者中位随访时间 32 个月, ER 组共 18 例, 一年后进展的 25 例, 另外 64 例未进展。5 个最常见 NGS 突变基因发生率分别为: KRAS(28%)、NRAS(14%)、TP53(7.5%)、IGLL5(5.6%) 和 BRAF(3.7%)。他们在 ER 组突变占比分别 KRAS(5/30,16.7%), NRAS(3/15,20%), TP53(3/8,37.5%), IGLL(2/6,33.3%) and BRAF(1/4,25%), 但在 ER 和其他患者无显著性差异。ER 组 OS 显著低于非早期进展组 ($P < 0.001$)。对全部患者的临床及基因特征进行单因素分析, 结果表明血红蛋白低于 100g/L、17p-、未接受自体造血干细胞移植 (ASCT) 和 TP53 突变是发生 ER 的危险因素。多因素 Logistic 回归分析显示 17p-是早期进展的独立影响因素 (OR =8.578, 95% CI 1.737-42.445, $P = 0.0083$)。分析与 MM 肿瘤发生最相关的 5 个基因显示, 存在 TP53、IGLL5 突变患者的 PFS 更差, KRAS、NRAS、BRAF 突变患者的 PFS 优于未突变者。

结论 尽管既往报道 RAS 突变是 MM 患者疾病进展危险因素, 本研究显示 VRd 一线治疗 PFS 不受 KRAS、NRAS、BRAF 突变影响, 而 TP53、IGLL5 突变以及高危细胞遗传学异常 17p 缺失与一年内进展相关。

PO-1822

CCL3/CCR5 promotes macrophage towards M2 polarization and mediates multiple myeloma progression via PI3K/AKT/RhoA signaling

Xiaotao Wang, Huiye Yang, Qu Fujun, Jiang Fang, Wu Xianyi
Department of Hematology

Objective Multiple myeloma (MM) progression is influenced by the interplay between myeloma and immune cells, notably M2 macrophages, within the bone marrow microenvironment. Although the CCL3/CCR1 signaling axis is known to play a pivotal role in the recruitment and polarization of M2 macrophages in many tumors, whether the CCL3/CCR5 axis polarizes M2 macrophages and the specific mechanisms in MM remain unclear, which may provide new therapeutic targets.

Methods Bone marrow samples, multiple myeloma cells RPMI 8226, monocyte cell line THP-1, and NOD/SCID mice were used in this study. Lentivirus-mediated transfection modulated CCL3 and CCR5 expression. ELISA assay was used to determine the release of CCL3 and CCR5 in the supernatant of cell culture and bone marrow plasma. Spectrum flow cytometry and immunohistochemistry (IHC) staining were used to investigate macrophage polarization markers. Co-culture of THP-1 and RPMI 8226 cells was used for macrophage polarization by transwell assays. Cell proliferation and apoptosis were used to validate myeloma functions by MMT and Spectrum flow cytometry respectively. The CCL3 gene was examined by RT-qPCR, p-PI3K, P-AKT, and p-RhoA protein expression were analyzed by western blotting. A xenograft mouse model was constructed to investigate CCL3/CCR5 promoting macrophage polarization and the efficacy of maraviroc (MVC) and Bortezomib.

Results CCL3, CCR5, and the marker of M2 macrophages were up-regulated in MM patients. The relationship between CCL3/CCR5 is correlated with M2 macrophage polarization. Myeloma promotes M2 macrophage polarization by autocrine CCL3. Through functional assays, we demonstrated that myeloma-secreted CCL3 and paracrine CCR5 significantly promoted M2 macrophage polarization by activating the PI3K/AKT/RhoA signaling in co-culture assays. In turn, M2 macrophages markedly enhanced myeloma proliferation, inhibited apoptosis, and decreased sensitivity to Bortezomib. CCL3 overexpression promoted myeloma progression and M2 macrophage polarization in vivo and in vitro, and MVC (CCR5 inhibitor) treatment both significantly inhibited M2 macrophage polarization and improved the sensitivity of Bortezomib.

Conclusion CCL3/CCR5 promoted M2 macrophage polarization and myeloma progression via activating the PI3K/AKT/RhoA signaling pathway. Our study revealed a novel mechanism of the CCL3-CCR5 axis as a potential therapeutic target in myeloma.

PO-1823

CD56-多发性骨髓瘤患者临床特征及预后分析

张荣耀、张露璐
十堰市太和医院

目的 探讨初诊 CD56-多发性骨髓瘤患者的临床特点及预后。

方法 回顾性分析湖北医药学院附属太和医院 2015 年 12 月至 2023 年 12 月收治 110 例新发 MM 患者的临床资料、实验室指标及治疗方案，根据 CD56 表达情况将患者分析为 CD56+组及 CD56-组，比较两组患者一般情况、临床表现、实验室指标及预后，两组患者选择 VCD/VAD 方案治疗，随访至 2024 年 5 月 1 日，记录患者的无进展生存期（PFS）和总生存期（OS），并比较其生存差异，通过单因素和多因素分析评估 CD56 表达情况在初诊 MM 患者的预后价值。

结果 110 例初诊 MM 患者中 CD56-组 34 例（31%）CD56+组 76 例（69%）；CD56 表达患者骨质破坏发生率更高（56% vs 95.3%， $P < 0.05$ ）；两组患者在发病年龄、性别、血红蛋白、白细胞、白蛋白、尿蛋白、尿酸、血钙、骨髓浆细胞数量、血沉、LDH、CD4/CD8 比值、DS 分期差异无统计学意义（ $P > 0.05$ ）；两组患者在 ISS 分期、ECOG 评分、血小板计数、 $\beta 2$ 微球蛋白、肌酐、是否伴髓外浸润、外周血浆细胞水平差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。CD56-组髓外病变发生率明显高于 CD56+组（ $P < 0.05$ ），整个患者随访中位时间均为 28.5（1.5-79.3）个月。CD56+组和 CD56-组患者中位 PFS 分别为 17.6（1.5-70）和 11.2（1-55）个月，中位 OS 分别为 25.3（1.0-68）和 13.3（1-78）个月；CD56+组 2 年 PFS 率明显高于 CD56-组（55% vs 34.3% $P < 0.05$ ），两组 2 年 OS 差异无统计学意义（70.4% vs 58.6% $P > 0.05$ ）。单因素 Cox 回归分析结果显示：高龄、高 ECOG 评分、血小板减少，IgG 型、髓外病变、CD56-初诊 MM 患者的 PFS 和 OS 均明显缩短（ $P < 0.05$ ）。多因素 Cox 回归分析结果显示：高龄、髓外病变、IgG、CD56-均是 PFS 的独立不良预后因素（ $P < 0.05$ ），而血小板减少、髓外病变，外周血浆细胞比例升高是 OS 的独立不良预后因素（ $P < 0.05$ ）。

结论 少部分初诊 MM 患者 CD56 表达阴性，CD56 阴性患者预后更差，CD56 表达情况在初诊 MM 中预后评估中有着重要临床价值

PO-1824

HNRNPC 通过重塑抑制性免疫微环境参与 MM 发生发展

仇钰、曹正意、李洋、李振玲
中日友好医院

目的 多发性骨髓瘤是一种无法治愈的常见血液系统恶性肿瘤，探索多发性骨髓瘤发生发展机制对发现新的治疗靶点及改善预后至关重要。目前对转录后水平调控在多发性骨髓瘤中的机制研究仍有较大空白，RNA 结合蛋白是转录后调控网络的重要中介，因此本研究旨在探索 RNA 结合蛋白在多发性骨髓瘤发生发展中的作用。

方法 选取 GEO 数据集 GSE5900、GSE6477 鉴定与多发性骨髓瘤发生发展相关的关键 RNA 结合蛋白，获得健康志愿者、意义未明的单克隆丙种球蛋白血症、冒烟型骨髓瘤、症状性骨髓瘤组间差异基因，进一步取差异基因和 1542 个 RNA 结合蛋白的交集鉴定出在多发性骨髓瘤发生发展中可能存在重要作用的 RNA 结合蛋白 HNRNPC。进一步分析 HNRNPC 表达水平在多发性骨髓瘤患者

的表达情况，分析高表达组和低表达组预后差异、免疫浸润特点和差异基因。

结果 HNRNPC 表达水平在意义未明的单克隆丙种球蛋白血症、冒烟型骨髓瘤、初治及复发多发性骨髓瘤患者中逐渐增高($p < 0.05$)。根据 HNRNPC 表达水平中位值将患者分为高 HNRNPC 组和低 HNRNPC 组，HNRNPC 高表达组较 HNRNPC 低表达组预后更差(71 月 vs 120 月, $p < 0.001$)。在 GSE136337 数据集中分析高 HNRNPC 组和低 HNRNPC 组免疫浸润的差异，与 HNRNPC 低表达组相比，HNRNPC 高表达组 Treg 细胞扩增，CD4+T 细胞减少，CD8+T 细胞增多。两组差异基因富集在免疫反应相关通路。HNRNPC 高表达组细胞毒性标志物 PRF1、GZMB 表达显著降低。

结论 HNRNPC 通过重塑抑制性免疫微环境参与多发性骨髓瘤发生发展，靶向 HNRNPC 在多发性骨髓瘤治疗中具有潜在应用前景。

PO-1825

蛋氨酸在多发性骨髓瘤进展中的机制研究

马驰、徐傲霜、左李平、范凤娟、赵菲、胡豫、孙春艳
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 本研究旨在确证多发性骨髓瘤 (Multiple Myeloma, MM) 对蛋氨酸的依赖性，探究蛋氨酸参与 MM 进展的具体机制，为 MM 未来治疗提供新思路。

方法 通过荧光分析法检测临床样本中蛋氨酸浓度。体外检测蛋氨酸添加和限制对 MM 细胞增殖、凋亡、迁移和侵袭等生物学功能的影响。通过尾静脉注射 5TGM1 细胞构建 C57/KaLwRij 小鼠模型，验证蛋氨酸在体内对 MM 进展的影响。在蛋氨酸添加干预后的 MM 细胞中开展 RNA-seq，分析其在 MM 中的主要作用因子及调控通路，并通过 RT-qPCR 和 Western Blot 进行验证。采用葡萄糖摄取及乳酸生成实验检测蛋氨酸添加后 MM 细胞糖酵解水平改变。应用 m⁶A Dot Blot 实验分析蛋氨酸添加后 MM 细胞中 m⁶A 甲基化修饰水平的变化。

结果 MM 患者骨髓上清液中的蛋氨酸浓度明显高于正常对照。MM 细胞在体外增殖依赖蛋氨酸，且随恶性程度增加其依赖性逐渐增强。蛋氨酸添加在体外明显抑制 MM 细胞凋亡，促进 MM 细胞迁移及侵袭。而蛋氨酸限制在体内外均能够明显抑制 MM 进展。通过进一步分析蛋氨酸干预的 MM 细胞株转录组学及 KEGG 富集分析结果，发现差异基因在糖酵解通路富集；相关实验证实蛋氨酸添加后，MM 细胞葡萄糖摄取和乳酸生成增加，且糖酵解相关因子在 RNA 及蛋白水平表达上调。此外，蛋氨酸通过提供甲基供体 S-腺苷甲硫氨酸(S-adenosylmethionine, SAM)，上调了 MM 细胞中 m⁶A 甲基化修饰水平。

结论 MM 中存在对蛋氨酸的过度依赖。蛋氨酸能够通过影响 MM 细胞 m⁶A 甲基化修饰及糖酵解水平促进 MM 进展，蛋氨酸限制有望成为 MM 潜在治疗靶点。

PO-1826

多发性骨髓瘤多程化疗后合并慢性肾功能不全尿毒症期患者 血液透析中低血压的有效应对的个案护理

李亚军
重庆大学附属肿瘤医院

目的 对多发性骨髓瘤多程化疗后合并慢性肾功能不全尿毒症期患者血液透析中低血压的有效应对

方法 通过对患者化疗饮食与尿毒症饮食相冲突而制定的个性化饮食护理，血液净化的护理，血液透析过程中出现低血压的预防与有效应对，血液透析血管通路的独特的专业封管方法及患者的自我

管理, 疼痛护理, 心理护理, 个性化用药护理, PCD 化疗方案 (硼替佐米+环磷酰胺+地塞米松) 出现的毒副作用的观察及护理,

结果 患者血液透析充分性提高, 舒适度增加, 有效降低透析并发症中最常见并发症低血压的发生, 有效降低高血钾的发生, 透析导管堵塞的发生率大大降低, 血液透析并发症的发生率有效降低, 有效配合化疗方案提高治疗效果, 减少出血的发生率, 减少化疗药毒副作用造成对患者的危害, 提高患者治疗的信心, 缩短住院天数, 提高患者远期生存质量。

结论 患者血液透析充分性提高, 舒适度增加, 有效降低透析并发症中最常见并发症低血压的发生, 有效降低高血钾的发生, 透析导管堵塞的发生率大大降低, 血液透析并发症的发生率有效降低, 有效配合化疗方案提高治疗效果, 减少出血的发生率, 减少化疗药毒副作用造成对患者的危害, 提高患者治疗的信心, 缩短住院天数, 提高患者远期生存质量。

PO-1827

CD8+T 细胞表面 PD-1 及 TIGIT 可作为多发性骨髓瘤患者重症 COVID-19 预后生物标记物

李紫平、赫慧文、张富婧、金相红、宋宇航、刘双娇、汪玄、庄俊玲
中国医学科学院北京协和医院

目的 本研究旨在研究 COVID-19 感染多发性骨髓瘤 (MM) 患者 T 细胞亚群及其表面耗竭/激活免疫检查点的变化, 探索 MM 患者潜在的 COVID-19 预后生物标志物。

方法 前瞻性收集 MM 患者及健康对照 (HCs) 感染 COVID-19 后 2-4 周、8-10 周及 14-16 周的外周血标本, 流式细胞术评估 CD4+ 和 CD8+ T 细胞亚群及其表面免疫检查点 (PD-1、TIGIT、TIM-3、LAG-3、CTLA-4、OX40 和 4-1BB) 的变化。

结果 共纳入 177 名 COVID-19 感染的 MM 患者、32 名健康对照 (HCs) 和 42 名未感染的 MM 患者。结果显示, 重症 COVID-19 患者的淋巴细胞明显减少, CD4/CD8 比值倒置, 在感染后第一个月尤为显著。重症 COVID-19 患者恢复期 T 细胞亚群失调现象持续存在。CD4+ T 细胞的比例与体液免疫反应正相关, 但其表面免疫检查点水平多变, 与适应性免疫水平无关。重症患者 CD8+ T 细胞 PD-1 和 TIGIT 显著升高, 且持续时间超过 2 个月, 与细胞免疫功能受损密切相关。其他免疫检查点与适应性免疫功能无显著相关性。此外, 接受免疫治疗的 MM 患者 T 细胞 PD-1 和 TIGIT 表达水平降低。

结论 重症 COVID-19 患者 T 细胞持续失调, 表明即使在康复期间 MM 患者也要密切防护以免再次感染。CD8+ T 细胞表面 PD-1 和 TIGIT 可能是 MM 患者感染 COVID-19 的重要预后分子。另外, 免疫治疗可能会下调耗竭检查点 PD-1 和 TIGIT 的表达, 从而导致 T 细胞过度激活引起重症 COVID-19。

PO-1828

血小板闭合时间对复发/难治性多发性骨髓瘤 CAR-T 疗效的预测作用

陈伟、马瑞雪、赵欢欢、高雯霞、李护君、程海、曹江、朱锋、闫志凌、李振宇、齐昆明、李德鹏、徐开林
徐州医科大学附属医院

目的 探讨 CAR-T 细胞 (Chimeric antigen receptor T cell) 治疗复发难治 (Relapse/refractory, R/R) 多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 对血小板功能闭合时间 (platelet closure time,

PCT)的影响。

方法 收集本院 2019 年 4 月至 2021 年 12 月收治的行 CAR-T 细胞治疗的 44 例 R/R MM 患者临床资料,检测经 CAR-T 细胞治疗前后患者外周血及 20 例门诊健康对照外周血胶原/二磷酸腺苷 (Collagen/Adenosinediphosphate, CADP) 和胶原/肾上腺素 (Collagen/Epinephrine, CEPI) 诱导的 PCT, 分析其变化规律及与疗效之间关系。

结果 对 CAR-T 细胞治疗有效的患者,治疗前的 CADP CT、CEPI CT 分别为 (189.70±16.134) s、(200.95±11.091) s, R/R MM 患者治疗前血小板功能闭合时间较健康对照组明显延长 (对照组 CADP CT、CEPI CT 分别为 (115.25±3.187) s、(127.70±4.716) s, $p<0.01$)。经 CAR-T 细胞治疗后患者 CADP CT、CEPI CT 分别为 (126.00±6.215) s、(145.65±10.151) s, PCT 较治疗前显著缩短,差值分别为 (83.00, 95%CI 64.99-101.01, $P<0.01$)、(101.84, 95%CI 72.49-131.18, $t=6.95$, $P<0.01$), 与健康对照组无统计学意义。治疗前后患者 PLT 变化无统计学意义;CADP CT 与 TT、ISS 分期呈正相关;与 IgM、L 轻链、IgA 呈负相关。

结论 经 CAR-T 细胞治疗后, R/R MM 患者的 PCT 较治疗前缩短,提示血小板功能改善,并可作为 CAR-T 细胞治疗有效的评估指标。

PO-1829

嵌合抗原受体 T 细胞治疗复发/难治性 IgD 型多发性骨髓瘤的长期随访结果

陈伟、高雯暇、赵欢欢、马瑞雪、李护君、程海、曹江、朱锋、齐昆明、闫志凌、桑威、李德鹏、李振宇、徐开林
徐州医科大学附属医院

目的 评价 CAR-T 细胞治疗复发/难治性 IgD 型多发性骨髓瘤的长期疗效。

方法 对 2018 年 8 月至 2021 年 11 月于徐州医科大学附属医院血液科接受 CAR-T 细胞治疗的 11 例复发/难治性 IgD 型多发性骨髓瘤进行回顾性分析。

结果 在 11 例入组患者中,7 例接受了抗 BCMA 和抗 CD19 CAR-T 细胞的联合输注,2 例接受抗 BCMA CAR T 细胞输注,2 例接受抗 GPRC5D CAR T 细胞输注。中位随访时间为 16.9 个月。总体反应率为 72.7%,7 例患者 (54%) 取得完全反应或更好。在 91% (10/11) 的患者中确认了最小残留疾病阴性,并进行了最小残留疾病检测。估计的中位缓解持续时间为 26.0 个月 (95% CI, 0.0 至 55.0)。中位无进展生存期为 15.2 个月 (95% CI, 0.0 至 37.2), 中位总生存期为 43.3 个月 (95%CI,NE 至 NE)。10 例患者患有细胞因子释放综合征 (CRS), 其中 2 例患者为 3 级,未出现神经毒性事件。

结论 CAR-T 疗法在 R/R IgD MM 患者中引起持久反应,中位无进展生存期为 15.2 个月,长期安全性可控。

PO-1830

EASIX score prior to lymphocyte depletion therapy as a reliable prognostic indicator for patients with relapsed/refractory multiple myeloma treated with chimeric antigen receptor T cells

Wei Chen^{1,2}, Ruixue Ma¹, Wenxia Gao¹, Huanhuan Zhao¹, Hujun Li^{1,2}, Kunming Qi^{1,2}, Jiang Cao^{1,2}, Hai Cheng^{1,2}, Feng Zhu^{1,2}, Zhiling Yan^{1,2}, Wei Sang^{1,2}, Depeng Li^{1,2}, Yu Li^{1,2}, Kailin Xu^{1,2}

1. Department of Hematology, the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University
2. Blood Diseases Institute, Xuzhou Medical University, Xuzhou, Jiangsu, China

Objective The endothelial activation and stress index (EASIX) has been used as a biomarker to assess endothelial dysfunction and activation status, and has been reported to predict the total survival (OS) after allogeneic stem cell transplantation. But the prognostic role of EASIX score in patients with relapsed refractory (R/R) multiple myeloma (MM) treated with CAR-T cells have not been assessed yet.

Methods This study retrospectively analyzed the records of 77 R/R MM patients who received CAR-T cell therapy from September 2018 to December 2021 in the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University. Serum lactate dehydrogenase (LDH), creatinine and platelet counts were measured in all patients prior to lymphocyte depletion (pre-LD). EASIX score using formula $\text{LDH (U/L)} \times \text{Creatinine (mg/dL)} / \text{platelet count (109/L)}$ calculation.

Results The median pre-LD EASIX score was 1.3 (IQR 0.7-3.2). The optimal pre-LD EASIX cutoff value for OS by using the ROC curve was 1.45 (95%CI 0.512-0.778, $P=0.045$). The median follow-up time was 22.0 months (95%CI 16.9-27.1), the median PFS of all patients was 14.4 months (95%CI 10.7 to 18.1), and the median OS was 39.0 months (95%CI NE to NE). Compared with patients with low pre-LD EASIX (36 cases, 46.8%), patients with high pre-LD EASIX (41 cases, 53.2%) had worse PFS and OS prognosis (median, 11.2 months vs 18.0; $P=0.015$) (median, 35.4 months vs not reached; $P=0.015$). In multivariate Cox analysis, high EASIX was significantly associated with low OS (HR 2.828, 95%CI, 1.047-7.634; $P=0.040$). The incidence of HGB<100 g/L (66.7% vs 39.0%, $P=0.015$), ALB<40 g/L (69.4% vs 41.5%, $P=0.014$) and ISS III (38.9% vs 4.9%, $P<0.001$) in patients with high EASIX was significantly higher than that in patients with low EASIX.

Conclusion Pre-LD EASIX score is a simple and powerful predictor of the prognosis of R/R MM patients treated with CAR-T cells therapy.

PO-1831

利用伊维菌素克服多发性骨髓瘤耐药的研究

罗红梅、米紫玥、牛挺、郑宇欢
四川大学华西医院

目的 探讨多发性骨髓瘤 (Multiple myeloma, MM) 细胞的 (胞) 核- (胞) 质转运 (主要是入核转运), 对骨髓瘤药敏的影响。研究入核转运抑制剂伊维菌素 (ivermectin, IVM) 在克服骨髓瘤耐药中的作用和机制。

方法 利用 western blot 和免疫荧光等技术检测胞内蛋白的核-质分布。通过 Hoechst staining 检测 MM 细胞系中的耐药侧群细胞 (side population, SP)。通过免疫缺陷鼠 MM 模型研究伊维菌素和塞利尼索联用效应。在 BALB/c 小鼠中考察伊维菌素和塞利尼索联用的毒副作用。

结果 1、IVM 能阻断经典入核通路 importin α/β , 改变 MM 细胞的核-浆蛋白分布稳态, 发挥抗 MM 作用。2、IVM 能减少 MM 细胞中的侧群细胞。3、IVM 可逆转塞利尼索 (selinexor, SEL) 耐

药，恢复 SEL 耐药细胞对 SEL 的敏感性。4、细胞及免疫缺陷鼠 MM 模型实验均证实，伊维菌素和塞利尼索有显著协同效应，即同时抑制细胞的入核和出核转运可有效杀伤骨髓瘤细胞。5、BALB/c 小鼠体内实验提示，伊维菌素和塞利尼索联用毒副作用可控，双药协同有较大临床应用前景。

结论 伊维菌素可通过抑制细胞的入核转运杀伤 MM 细胞并克服骨髓瘤耐药。伊维菌素和塞利尼索联用——同时靶向 MM 细胞的入核和出核转运——有协同抗骨髓瘤效应，且安全性较好。综上，入核转运可能是骨髓瘤治疗的新靶点。

PO-1832

YM155 通过 Myc/BBC3 激活 P53 信号通路体外抗骨髓瘤作用机制研究

金相红、张富婧、赫慧文、李紫平、庄俊玲
中国医学科学院北京协和医院

目的 Myc 异常与多发性骨髓瘤 (MM) 不良预后密切相关，survivin 抑制剂 YM155 是一种新型小分子药物，目前在 Myc 易位淋巴瘤中开展临床研究，而对骨髓瘤细胞的作用尚不明确。本研究旨在通过细胞实验探索 YM155 的体外抗骨髓瘤机制。

方法 YM155 处理 AMO-1、MM1S、RPMI8226、U266、H929 骨髓瘤细胞系后 CCK8 检测细胞活性，流式细胞术检测凋亡细胞比例，RNAseq 和生物信息技术分析调控通路，并应用 qPCR 和 Western blot (WB) 在 mRNA 和蛋白层面验证。

结果 YM155 在多个 MM 细胞系的 IC50 值为 2.5-15nM，其抑制细胞增殖及促凋亡的作用呈时间和浓度依赖性，并显著下调 Myc mRNA 表达和蛋白水平；YM155 联合硼替佐米对 MM 细胞的生长抑制、诱导细胞凋亡效果明显优于单药，提示二者具有协同作用。RNAseq 结果提示 YM155 处理后的细胞株 Myc 表达下降，P53 信号通路被激活，经 RT-qPCR 和 WB 验证，其中促凋亡相关蛋白 BBC3 被激活，抗凋亡蛋白 BCL2 被抑制。JASPAR 生信分析预测 Myc 或通过结合在 BBC3 的启动子区域抑制 BBC3 的表达，从而激活 P53 通路。此外，YM155 在硼替佐米耐药株的 IC50 与非耐药株相似。

结论 YM155 在体外的抗骨髓瘤活性具有浓度和时间依赖性，与硼替佐米具有协同抗肿瘤及一定程度克服耐药作用。YM155 通过抑制 Myc 上调 BBC3 的表达，激活 P53 通路发挥抗骨髓瘤作用，这为高危/难治复发 MM 的治疗提供了潜在依据。

PO-1833

合并肾功能损害的多发性骨髓瘤患者临床特征和预后分析

周璇
南京市江宁医院

目的 回顾性分析合并肾功能损害的多发性骨髓瘤 (MM) 患者的临床特征，探讨影响患者预后的相关危险因素。

方法 收集 2012 年 4 月至 2023 年 10 月南京医科大学附属江宁医院收治的 116 例 MM 患者临床资料，分为肾功能损害组和肾功能正常组，其中 101 例患者接受治疗。计量资料以中位数加减四分位间距或均值加减标准差表示，使用 Wilcoxon 秩和检验、t 检验；计数资料以 N(%) 表示，使用 c2 检验。生存分析采用 Kaplan-Meier 并进行 Log-rank 检验分析。单因素分析中 P<0.05 的变量进入多因素分析，探讨预后相关风险因素。

结果 116例MM患者中新诊断95例，复发/难治21例；101例患者接受治疗，分为肾功能损害组（38例）和肾功能正常组（63例）。与肾功能正常组相比，肾功能损害患者的年龄更大、GA评分更高、ISS III期比例更多（ $P<0.05$ ），并且在M蛋白水平、轻链类型、合并糖尿病、 $\beta 2$ -MG、胱抑素C、尿素、尿酸、LDH、血清钙、红细胞计数、血红蛋白浓度、白细胞计数中均有显著差异（ $P<0.05$ ）。新诊断MM患者中60例进行荧光原位杂交（FISH）检测，肾功能正常组患者中23例（62.16%）有结果异常，包括：最常见的1q21扩增（20例）；肾功能损害组中16例有（69.57%）结果异常，最常见的仍为1q21扩增（15例）。两组间FISH检测的相关细胞遗传学异常无明显差异（ $P>0.05$ ）。相比于传统药物，采用新药联合方案治疗的患者可获得更好的肾脏反应，并且可获得更长的OS及PFS（ $P<0.05$ ）。肾功能损害组患者的OS显著低于肾功能正常组（ $P=0.015$ ），预计中位OS分别为 52 ± 12.372 个月（95% CI: 27.752-76.248）和 70 ± 10.741 个月（95% CI: 48.947-91.053），两组间PFS无显著差异（ $P=0.069$ ）。初诊肾功能正常组患者中，胱抑素C和 $\beta 2$ -微球蛋白（ $\beta 2$ -MG）升高提示预后更差（ $P<0.05$ ）。肾功能损害组患者中，治疗2-4个疗程后肾功能反应良好者的PFS更长、而OS相较肾功能恢复不良者无显著差异（估算中位PFS: 15 ± 4.008 v.s. 5 ± 1.414 个月， $P<0.05$ ；估算中位OS: 55 ± 11.653 vs 13 ± 7.879 个月， $P>0.05$ ）。年龄增长（OR= 1.072, 95% CI: 1.020-1.126, $P=0.006$ ）、 $\beta 2$ -MG（OR=1.320, 95% CI 1.009-1.728, $P=0.043$ ）、血红蛋白降低（OR=0.900, 95% CI 0.832-0.922, $P=0.008$ ）是影响患者预后的独立危险因素。

结论 合并肾功能损害的MM患者预后较差，年龄、 $\beta 2$ -MG、血红蛋白降低是影响患者预后的独立危险因素。肾功能正常患者需关注早期指标、慎用肾毒性药。

PO-1834

达雷妥尤单抗联合VRd治疗适合自体干细胞移植但未接受移植的非高危新诊断多发性骨髓瘤患者的初步安全性和疗效

傅铮铮、王婧、颜灵芝、金松、商京晶、施晓兰、姚卫芹、翟英颖、严治、姚利、朱明清
苏州大学附属第一医院

目的 对于客观评估可接受自体干细胞移植的非高危新诊断多发性骨髓瘤患者，在拒绝接受自体造血干细胞移植的情况下，探讨达雷妥尤单抗联合硼替佐米、来那度胺和地塞米松治疗方案对于这部分患者疗效和安全性。

方法 本研究排除了t(4; 14)或Del(17p)或t(14; 16)或R-ISS III期患者。DVRD方案包括达雷妥尤单抗：16 mg/kg，每周一次/第1-2周期，之后16 mg/kg 每3周一次/第3-21周期；来那度胺：25 mg 第1-14天/第1-8周期；硼替佐米：1.3 mg/m²，第1、4、8、11天/第1-8周期；地塞米松：20 mg，第1、2、4、5、8、9、11、12天/第1-8周期。本研究的主要终点是评价8个周期DVRD后NGS-MRD阴转率。

结果 截止至2024年4月30日共入组了41例患者，中位年龄64.5（39-74）岁，58.5%（24/41）的患者伴有1q21扩增阳性。中位随访时间11（1-21）个月，22例患者完成8个疗程，28例患者完成4个疗程，共有6例患者出组，2例由于疾病进展/复发出组。在38例可评估疗效的患者中，最佳疗效ORR达97.4%，86.8%的患者达到VGPR以上疗效，60.5%的患者达到CR/sCR。4个疗程结束后达到VGPR以上疗效的NGS-MRD阴转率为56%（14/25），8个疗程结束后达到VGPR以上疗效的NGS-MRD阴转率为77.8%（14/18）。主要不良反应为中性粒细胞减少、淋巴细胞减少及血小板减少。相关输注反应发生率为25%。

结论 DVRD的初步研究表明，即使在1q扩增占比较高的人群中，也具有极佳的疗效和快速反应，并且在中国人人群中显示出了DVRD方案诱导治疗的良好耐受性。最常见的不良事件为血液学毒性，但2个周期后可迅速控制。

PO-1835

FISH analysis of 347 multiple myeloma patients

Di Zhu, Guoqiang Zhang, Yiwei zhang, Jihua Zhong, Jian Hou
Department of Hematology, Ren Ji Hospital, School of Medicine, Shanghai Jiao Tong University

Objective Multiple myeloma (MM) is a disease characterized by heterogeneous clinical presentations as well as complex genetic and molecular abnormalities. The purpose of this study was to report the cytogenetic features in newly diagnosed multiple myeloma.

Methods We performed FISH analysis on 347 newly diagnosed MM cases, with CD138 sorted bone marrow samples.

Results FISH analysis detected abnormalities in 76.1% of cases. The 14q32/IGH break or translocation was the most frequent type of anomalies (59.7%), followed by 1q gain with 48.4%, 13q deletion with 45.8% and 17p deletion with 6.3%. 264 patients (76.1%) had at least one type of abnormalities regarding the regions analyzed. 106 patients (30.5%) had only one abnormality, and 120 patients (34.6%) had two abnormalities, and 67 patients (19.3%) had three or more abnormalities. And all these abnormalities had no correlation with age or gender. In 178 14q32/IGH break or translocation patients with further analysis, we found 49(24.0%) was with FGFR3/IGH translocation, 61(30.0%) with CCND1/IGH translocation, 8(3.9%) with MAF/IGH translocation, and 60(29.4%) with no translocation mentioned above found.

Conclusion This study showed approximate 80% patient had at least one type of molecular genetic abnormalities. And about 29.4% 14q32/IGH break or translocation patients has no exact fusion translocation found. Therefore, the introducing of the cytogenetic analysis is necessary in multiple myeloma and the underlying mechanisms still needs further investigation.

PO-1836

HSPA9 调控多发性骨髓瘤发展和对硼替佐米耐药的机制研究

江仕骏、左李平、范凤娟、胡豫、孙春艳
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 多发性骨髓瘤 (MM) 是一种恶性浆细胞病, 产生单克隆免疫球蛋白, 侵犯并破坏邻近的骨组织。HSPA9 是热休克蛋白 70 (HSP70) 家族成员之一, 在宫颈癌和白血病等癌症中发挥促癌作用, 目前已有相关研究证明 HSPA9 与 MM 患者对蛋白酶体抑制剂的耐药相关。本课题将探究 HSPA9 在 MM 中的作用及机制。

方法 Western blot 检测 MM 细胞和健康人外周血单核细胞 (PBMC) 的 HSPA9 蛋白表达水平。慢病毒感染 RPMI-8226 和 MM.1S 构建 HSPA9 敲低的 MM 细胞株, MTS 法检测细胞活性, Western blot 和 qPCR 检测 HSPA9、Bax、Cleaved-caspase3、PCNA、CCND1 等分子的蛋白和 mRNA 表达水平, 流式细胞术检测线粒体通透性转换孔 (MPTP) 的开放程度。

结果 HSPA9 在 MM 细胞中的蛋白表达量显著高于健康人的 PBMC ($P < 0.05$)。敲低 HSPA9 或使用其抑制剂 MKT-077 时, MM 细胞活性减弱, 凋亡相关蛋白 Bax、Cleaved-caspase3 表达升高, 增殖相关蛋白 PCNA、CCND1 表达下降 ($P < 0.05$)。硼替佐米 (BTZ) 处理 MM 细胞后, 线粒体未折叠蛋白质反应 (UPRmt) 信号通路 CHOP、ATF4 和 ATF5 的表达升高; 敲低 HSPA9 可以抑制 UPRmt 通路相关蛋白的表达。

结论 HSPA9 蛋白在 MM 细胞中高表达。下调 HSPA9 可以促进 MM 细胞的凋亡, 并抑制 MM 细胞的增殖。BTZ 能够诱导 MM 细胞发生 UPRmt, UPRmt 对细胞起到保护作用。下调 HSPA9, 可以抑制 UPRmt 的激活, 增强 MM 细胞对 BTZ 的敏感性。

PO-1837

不同 AIGC 大模型在血液病国际指南解读过程中的对比分析应用

祁麟¹、林翹楚¹、张莉娟¹、向兵^{1,2}

1. 四川大学华西厦门医院

2. 四川大学华西医院

目的 本研究旨在对不同 AIGC 大模型在解析血液病国际指南时的差异进行对比分析，并与秘塔 AI 搜索引擎交互式分享，读者最终阅读获益。

方法 应用三款 AIGC 大模型：讯飞星火、文心一言、Kimi 依次对 NCCN、ESMO 关于 MM、MPN 指南进行中文核心内容总结及关键问题提问，根据生成结果进行对比分析，再将数据与秘塔 AI 搜索引擎交互式分析，最终转化为读者的知识获益。

结果 三款 AIGC 大模型都能在短时间内将 NCCN 指南及 ESMO 指南以中文形式进行总结，并根据指南内容实时、多方位回答读者提问，三款大模型的回答完整度、精准度、临床契合度均有所不同，根据不同提问如多发性骨髓瘤的抗凝治疗的选择，Kimi、文心一言、科大讯飞解读，主观评测结论分别为优、良、差。再将解读数据投放至秘塔 AI 进行进一步核心内容拓展，最终读者获取全方位的指南信息。

结论 1.三款 AIGC 大模型均展示出了对国际指南较强的解构及总结能力，但侧重点不尽相同；2.将解读结论投放于秘塔 AI，可进一步拓展信息的丰满度。总之三款大模型联合使用，有利于临床医生以超越传统的阅读方式及时、高效、指向性强地获取 NCCN 及 ESMO 指南信息。

PO-1838

Extracellular ubiquitin induces the macrophage polarization to promote myeloma progression through CXCR4-JAK/STAT3 feedback loop

Haiyan He, Dongjian Chen, Zhongyuan Feng, Xi Chen, Wanting Qiang, Jin Liu, Jing Lu, Juan Du
Myeloma and Lymphoma Center, Department of Hematology, Changzheng Hospital, Shanghai, China.

Objective Multiple myeloma (MM) is the second most prevalent blood cancer after non-Hodgkin lymphoma. Excessive production of abnormal monoclonal immunoglobulins can result in various clinical symptoms, such as destructive bone lesions, renal dysfunction, anemia, and immunodeficiency. Stored red blood cell (RBC) transfusion has been shown to increase the risk of cancer recurrence, and the release of extracellular ubiquitin (eUb) by aged RBCs can promote tumor metastasis. However, the underlying mechanism remains unknown. Macrophages are best known for their phagocytic and antigen-presenting functions but are also implicated in malignancy. Tumor associate macrophages (TAMs) are a major population of cells in the tumor site. Rather than contributing to the immune response against tumor cells, TAMs in many cancers exhibit protumor properties, including the ability to support chemoresistance, tumor proliferation and survival, angiogenesis, immunosuppression, and metastasis. We found that eUb could induce M2 macrophage polarization to promote the progression of MM, but the underlying mechanism is still unclear

Methods The eUb levels in the serum of MM patients were detected using ELISA, and coimmunoprecipitation was performed to detect the interaction between CXCR4 and eUb. The polarization of macrophages was detected by flow cytometry. The levels of TGF- β , IL-10, TNF- α , and IL-12 in the medium and cells were detected via ELISA. qPCR and Western blot analyses were performed to detect mRNA and protein expression, respectively. Dual-luciferase experiments, DNA pull-down assays and chromatin immunoprecipitation (ChIP) were performed

to determine the binding sites of STAT3 on the promoter of CXCR4. CCK-8 and colony formation assays were performed to detect MM cell proliferation, and apoptosis was detected using a flow cytometer.

Results The levels of eUb in the serum of MM patients were increased, and the level of eUb was associated with progression-free survival in MM patients. In addition, we found that eUb could directly interact with CXCR4 to activate the JAK/STAT3 signaling pathway, resulting in the induction of M2 macrophage polarization. Furthermore, STAT3 can bind to the promoter of CXCR4 to activate its expression. Finally, eUb-stimulated macrophages promoted the proliferation of MM1S and RPMI8226 cells, induced epithelial–mesenchymal transition (EMT) and activated PI3K/Akt/mTOR in MM1S and RPMI8226 cells.

Conclusion Our results showed that eUb activated the CXCR4-JAK/STAT3 positive feedback loop to induce M2 macrophage polarization, resulting in the induction of EMT and the activation of the PI3K/Akt/mTOR pathway in MM cells to promote MM progression, and that eUb could be a potential target for the diagnosis and treatment of MM.

PO-1839

诱导疗效不佳且适宜移植 多发性骨髓瘤患者的临床特点与生存预后

杨光忠

首都医科大学附属北京朝阳医院

目的 探索诱导疗效不佳 (<PR) 且适宜移植的多发性骨髓瘤 (MM) 患者的临床特点与生存预后。

方法 在 2005 年至 2019 年在我院接受治疗的新诊断多发性骨髓瘤 (NDMM) 患者中, 选择诱导治疗未获得部分缓解 (PR) 且诱导治疗后序贯进行自体造血干细胞移植 (ASCT) 的 NDMM 患者为研究对象 (排除失访患者), 分析这部分患者的临床特点与生存预后, 并与同期获得非常好的部分缓解 (VGPR) 且序贯 ASCT 的 NDMM 患者进行对比分析。

结果 在 2005 年至 2019 年期间, 共有 16 例 NDMM 诱导治疗未获得 PR, 且序贯接受 ASCT, 中位年龄 56 岁 (33-65 岁); 男女比例 9:7; ISS 分期 I 期 3 例, II 期 6 例, III 期 7 例; R-ISS 分期 I 期 4 例, II 期 2 例, III 期 8 例; 高危患者 2 例, 超高危患者 3 例; 移植前微小缓解 (MR) 6 例, 疾病稳定 (SD) 6 例, 疾病进展 (PD) 4 例。移植后, 9 例 (56.3%) 患者的缓解程度获得加深, 其中 2 例 (12.5%) 获得完全缓解 (CR)、5 例 (31.2%) 患者获得 VGPR、2 例 (12.5%) 获得 PR。中位无进展生存期 (PFS) 28 月, 中位总生存期 (OS) 69 月, 与同期 VGPR 状态进行 ASCT 的 NDMM 患者 (n=111) 无统计学差异 (图 1)。

结论 诱导疗效不佳且适宜移植的 NDMM 患者可从通过 ASCT 加深缓解程度, 取得生存获益。

PO-1840

新药时代, 警惕骨髓瘤患者深度缓解后的“假复发” (临床病例分享及文献复习)

杨光忠

首都医科大学附属北京朝阳医院

目的 新药时代, 结合临床病例及文献报道, 探索多发性骨髓瘤患者深度缓解后“假复发”的临床特征及鉴别要点。

方法 在我院接受新药诱导治疗序贯自体造血干细胞移植的新诊断骨髓瘤患者中, 我们通过分析 4

例“假复发”患者的临床特征，结合相关文献，探索多发性骨髓瘤患者深度缓解后“假复发”的临床特征及鉴别要点。

结果 病例 1，女性，48 岁，于 2021 年 9 月诊断多发性骨髓瘤轻链 λ 型，应用 VRD 方案化疗 4 疗程，2022 年 3 月行 ASCT。移植后 1 月起出现 M 蛋白升高，成分为 IgG- λ ，与前不同；考虑为寡克隆带，评估为 sCR，未予特殊处理。移植后 3 月起予以来那度胺单药维持治疗，后规律监测 M 蛋白逐渐下降，移植后 3 月骨髓二代流式微小残留病 (MRD) 为阴性。

病例 2，男性，48 岁，2020 年 9 月诊断为多发性骨髓瘤 IgG- κ 型。应用 VRD 方案诱导治疗 4 个疗程，后因疫情原因改为 IRD 方案治疗 1 个疗程，2021 年 4 月行自体移植。移植后 3 月骨髓浆细胞 7.5%，较前升高，但二代流式 MRD 阴性；同时新出现 0.3g/dl 的 M 蛋白，M 成分为 IgG- λ ，与前不同；综合判断患者处于免疫重建状态，不考虑疾病复发，评估疗效为 sCR。移植后 3 月起予以来那度胺单药维持治疗。移植后 6 月血 IgG 水平和骨髓浆细胞比例较前进一步升高 (10.5%)，但免疫固定电泳及骨髓二代流式 MRD 均为阴性，疗效仍为 sCR。移植后 1 年骨髓浆细胞恢复至 4%。

病例 3，中年女性，既往干燥综合征病史。因“腰痛 1 年”起病，于 2020 年 12 月诊断为多发性骨髓瘤 IgG- λ 型，予 VRD 化疗 3 疗程，2021 年 5 月行自体移植，移植后 5 月患者 IgG 水平升高至 2150mg/dl，M 成分为 λ 轻链，与前不同；骨髓 MRD 阴性。移植后 10 月 IgG 水平进一步升高至 4810mg/dl，M 成分类型再次发生转换，为 IgG- κ ；同时 IgA (625mg/dl) 高于正常范围，IgM (93.9mg/dl) 处于正常水平；血清游离轻链 κ 、 λ 水平等比例升高；骨髓浆细胞比例升至 8.5%，MRD 仍为阴性。移植后 14 月，IgG 水平较前仍有升高，为 5074mg/dl，免疫固定电泳转阴性，评估疗效 sCR。

病例 4，男性，56 岁，既往体健，2021-4 发现颅骨枕部占位，手术切除，病理提示浆细胞瘤，经过全身评估，诊断孤立性浆细胞瘤，嘱其动态监测。2022-1 出现骨痛，核磁提示多发骨破坏，诊断多发性骨髓瘤 IgG- λ 型，予以 VRD 方案化疗 3 疗程，2022-5 行自体移植。移植前评估为非常好的部分缓解 (VGPR)。移植后 3 月复查，IgG 水平上升至 1640mg/dl，M 成分仍为 IgG- λ ，但 M 条带位置与形态均与前不同，考虑为免疫重建状态，不考虑疾病复发。评估为 MRD 阴性 CR。

结论 新药时代，获得深度缓解的骨髓瘤患者出现 M 蛋白升高或骨髓浆细胞比例升高时，临床需慎重鉴别是否是疾病复发进展，避免误判与误治。

PO-1841

COVID-19 合并多发性骨髓瘤患者免疫力的变化

赵宇^{1,2}、刘洋¹、陈晓敏¹、郭静²、林凡莉²、唐柳²、刘佳悦^{1,2}、廖云^{1,2}、魏梦宇^{1,2}、陈荣荣^{1,2}、文小英^{1,2}、吴燕伶^{1,3}、罗丽秀^{1,2}、米秋雯^{1,2}、黄纯兰^{1,2}

1. 西南医科大学附属医院干细胞免疫及再生泸州市重点实验室
2. 西南医科大学附属医院血液内科
3. 西南医科大学附属医院全科

目的 多发性骨髓瘤患者存在免疫异常，新型冠状病毒肺炎的发生发展和预后与自身免疫力紧密相关。我们通过分析新型冠状病毒合并多发性骨髓瘤患者的淋巴细胞变化，为感染新冠后的多发性骨髓瘤患者的临床诊治提供建议。

方法 收集 2022 年 12 月 1 日至 2023 年 4 月 30 日西南医科大学附属医院血液科收治住院的多发性骨髓瘤患者的电子病历和西南医科大学附属医院健康管理中心体检人群的电子病历。记录患者年龄、性别、血常规检查结果、淋巴细胞亚群检查结果。采用 SPSS 26.0 软件进行统计学分析，根据 Shapiro-Wilk 正态性检验，连续变量以均数 \pm 标准差(SD)或中位数和四分位距的形式表示。组间比较采用 Student t 检验或 Mann-Whitney U 检验。以双侧 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结果 纳入多发性骨髓瘤患者 11 例，健康人群 29 例，两组的性别 ($P=0.727$) 和年龄 ($P=0.523$) 均没有统计学差异。多发性骨髓瘤患者新型冠状病毒感染后相比健康人群新型冠状病毒感染后外周血中的淋巴细胞减少 ($P=0.001 < 0.05$)、血小板减少 ($P=0.036 < 0.05$)、红细胞减少 ($P <$

0.001)、CD19⁺淋巴细胞减少($P < 0.001$); CD3⁺淋巴细胞增多($P=0.020 < 0.05$)、CD3⁺CD8⁺淋巴细胞增多($P=0.047 < 0.05$), 差异有统计学意义。

结论 新型冠状病毒感染多发性骨髓瘤患者之后, 会加重患者的骨髓造血抑制。所以我们建议感染新型冠状病毒期间, 应该暂停多发性骨髓瘤的化疗, 加强支持治疗, 等待 COVID-19 恢复后, 再继续化疗。

PO-1842

Ho-1 suppresses NK cell activity in Multiple myeloma by inhibiting IL-12 secretion

Ya Li

贵州医科大学附属医院

Objective [abstract]According to the current studies, immunotherapy has been regarded as the most promising treatment on hematological malignancies. Multiple myeloma is a hematological malignancy that is incurable, and the overall survival rate of multiple myeloma patients can only be improved by various therapies. Natural killer (NK) cells, which are considered to be the most active ILC subgroup in tumor clearance, can kill malignant MM cells by enhancing NK cell activity to enhance their cytotoxicity to malignant MM cells. Some evidence suggests that hematological malignancies exhibit an altered redox balance homeostasis that can lead to the activation of various survival pathways that, in turn, lead to the progression of disease and chemoresistance. Among these pathways, the heme oxygenase-1 (HO-1) pathway is likely to play a major role.

Methods HO catalyzes the enzymatic degradation of heme with the simultaneous release of carbon monoxide (CO), ferrous iron (Fe²⁺), and biliverdin. Ho-1 can produce carbon monoxide to inhibit IL-2 production. Whether it can inhibit IL-12 production through carbon monoxide production or other ways to get it needs further study. IL-12, a natural killer cell stimulator, can enhance NK cell activity, which is of great significance in studying the immune escape of multiple myeloma caused by HO-1 overexpression mediated NK cell activity reduction.

Results An emerging trend to improve clinical outcomes in MM involves harnessing the inherent ability of NK cells to kill malignant cells by recruiting NK cells and enhancing their cytotoxicity toward the malignant MM cells. NK cells response quicker than T cells and B cells.

Conclusion Therefore, it is meaningful to study the natural killer cells stimulating factor. From my perspective, Ho-1 suppresses NK cell activity in Multiple myeloma by inhibiting IL-12 secretion.

PO-1843

初诊 RAB3B 基因转录水平可预测多发性骨髓瘤的疾病进展风险

王子龙、刘扬、路瑾、黄晓军、阮国瑞
北京大学人民医院

目的 RAB3B 基因属于 RAS 癌基因家族成员, 在多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 患者中的转录水平及其临床意义还不太清楚。检测 RAB3B 基因在 MM 患者中的表达水平, 分析其与 MM 临床特征的关系, 探索其在 MM 分子诊断、预后评估及疗效监测中的意义。

方法 利用逆转录实时定量聚合酶链式反应 (RT-qPCR) 检测 MM 患者骨髓单个核细胞中 RAB3B 基因转录水平, 同时以 45 例正常供者骨髓标本作为对照。

结果 RAB3B 基因在 201 份初诊患者骨髓中的转录水平 (中位数为 17.54%; 范围为 0~574.38%) 显著高于 109 份缓解标本 (中位数为 0.29%; 范围为 0.02~26.85%; $P < 0.0001$) 和 45 例健康供

者对照标本（中位数为 0.50%；范围为 0.02~1.33%； $P < 0.0001$ ）。而在缓解患者和健康供者之间的表达水平则无显著差异（ $P = 0.8906$ ）。初诊 RAB3B 基因转录水平高的患者更易出现 P53(17p13)缺失（ $P = 0.044$ ）。同时在仅接受以硼替佐米为基础化疗的患者中，RAB3B 高转录组和低转录组患者的 5 年无进展生存率（PFS）分别为 2.2%和 16.5%，高转录组比低转录组的患者拥有更短的无进展生存时间（中位 14.00 vs. 28.77 月； $P = 0.014$ ）。将初诊时 $\beta 2$ 微球蛋白水平（ \geq vs. $< 5.5 \text{ mg/L}$ ）和 R-ISS 高危染色体标志（是 vs. 否）纳入多因素分析，结果显示 RAB3B 高转录水平（HR 1.581, $P = 0.025$ ）和 R-ISS 高危细胞遗传学标志（HR 1.653, $P = 0.020$ ）均为 PFS 较差的独立危险因素。

结论 RAB3B 基因在 MM 初诊患者骨髓细胞中的转录水平高于正常人，其转录水平随疾病缓解而降低，初诊时高转录水平的 MM 患者易于发生疾病进展，提示 RAB3B 基因可能是 MM 的新型分子标志物，在 MM 的疗效监测和预后评估中可能发挥重要作用。

PO-1844

初诊 RAB3B 基因高转录水平可促进 AL 型淀粉样变性疾病进展

王子龙、刘扬、赵晓甦、路瑾、黄晓军、阮国瑞
北京大学人民医院

目的 RAB3B 基因属于 RAS 癌基因家族成员。我们前期研究发现其在多发性骨髓瘤（MM）初诊时转录水平显著升高并可能影响患者的预后；然而，RAB3B 基因在 AL 型淀粉样变性中的转录水平和临床意义还不清楚。检测 RAB3B 基因在 AL 型淀粉样变性患者骨髓单个核细胞中的转录水平，分析其与 AL 型淀粉样变性患者临床特征的关系，探索其在 AL 型淀粉样变性辅助诊断、预后评估和疗效监测中的作用。

方法 利用逆转录实时定量聚合酶链式反应（RT-qPCR）的方法检测 AL 型淀粉样变性患者初诊和治疗后骨髓中 RAB3B 基因的转录水平，同时以 45 例正常供者骨髓标本作为对照。

结果 RAB3B 基因在 101 例初诊 AL 型淀粉样变性患者骨髓中的转录水平（中位数为 3.53%；范围为 0.07%~82.13%）显著高于 45 例健康人（中位数为 0.50%；范围为 0.02~1.33%； $P < 0.0001$ ）。RAB3B 基因转录水平在患者获得缓解时下降（32/35）、未缓解时则不变或上升（3/3）。另外，初诊 RAB3B 基因转录水平高的患者 cTnI 水平更高（0.040 vs. 0.013 $\mu\text{g/L}$, $P = 0.038$ ）。同时在仅接受以硼替佐米为基础化疗的患者中，RAB3B 高转录组和低转录组患者的 4 年无进展生存率（PFS）分别为 37.2%和 41.7%，高转录组比低转录组的患者拥有更短的无进展生存时间（中位 31.83 vs. 42.67 月； $P = 0.042$ ）。

结论 RAB3B 基因在 AL 型淀粉样变性初诊患者骨髓单个核细胞中的转录水平高于健康人，其转录水平与疾病状态变化趋势一致，同时初诊高转录水平的 AL 型淀粉样变性患者易于发生疾病进展，提示 RAB3B 基因可能在 AL 型淀粉样变性的病理机制中发挥一定作用。

PO-1845

铁死亡相关基因在骨髓增生异常综合征中的表达及治疗靶点研究

郭佳丽、常伟
武汉市普仁医院

目的 铁死亡作为一种新型细胞程序性死亡方式，在骨髓增生异常综合征（Myelodysplastic syndromes, MDS）中的作用尚不明确。本研究目的在于探讨铁死亡相关基因在骨髓增生异常综合征中的潜在作用机制。

方法 从 GEO 数据库和铁死亡数据库中下载 MDS 相关基因表达信息和铁死亡基因, 通过 R 软件筛选出正常样本和 MDS 患者中差异表达的铁死亡相关基因, 对差异表达基因进行 GO 及 KEGG 富集分析。运用 LASSO 和 SVM-RFE 算法进行筛选出标记基因, 使用 R 软件按中的“GSEA”包进行 GSEA 富集分析。运用 CIBERSORT 算法分析 MDS 患者免疫微环境及与标记基因的相关性。最后通过 DGdlib 数据库分析可能靶向标记基因的药物, 构建基于标记基的 ceRNA 网络并且验证标记基因在验证集中的表达情况。

结果 通过生物信息学技术获得 401 个铁死亡相关基因。随后通过 LASSO 和 SVM-RFE 算法鉴定出 8 个 DE-FRG 作为标记基因: SMAD7、AMN、KLF2、NDRG1、FANCD2、STK11、PARP9、ETV4。对 8 个标记基因进行功能富集分析后发现这些标记基因可能通过参与免疫应答、炎症反应、氨基酸代谢等与 MDS 发病机制相关的多种途径的调控, 在 MDS 中发挥相应的作用。此外, 运用 CIBERSORT 算法分析发现 MDS 患者免疫微环境的变化可能与 STK11、ANM 有关。最后获得针对 8 个标记基因的 27 种药物, 并且通过构建 ceRNA 网络揭示了标记基因的复杂调控关系。

结论 STK11、AMN 和 PARP9 在 MDS 中的异常表达会减少肿瘤细胞铁死亡相关的细胞凋亡, 它们可能作为新的治疗靶点在 MDS 治疗中发挥作用。

PO-1846

多发性骨髓瘤合并肾损伤患者的临床特征及危险因素分析

胡人之、刘耀
重庆大学附属肿瘤医院

目的 多发性骨髓瘤 (MM) 肾损害严重影响患者的预后, 本文主要探讨多发性骨髓瘤患者肾损伤的临床特征及相关危险因素。

方法 回顾性分析重庆大学附属肿瘤医院收治的 206 例初治多发性骨髓瘤患者, 以患者确诊时 eGFR \geq 60ml/min/1.73m² 为标准分为肾损伤组和非肾损伤组, 比较两组患者的一般资料和实验室检查结果, 采用 Logistic 回归法分析 MM 患者发生肾损伤的危险因素, 并绘制 ROC 曲线, 评估各危险因素对 MM 患者发生肾损伤的预测作用。

结果 206 例 MM 患者中肾损伤的发生率为 28.2%。肾损伤组 (n=58) 中性粒细胞绝对计数 (ANC)、血钙、尿素、肌酐、尿酸、 β 2-微球蛋白、胱抑素-C、ISS 分期 (III 期比例)、尿白蛋白阳性比例均高于非肾损伤组 (n=148), 而血红蛋白低于非肾损伤组 (P<0.05), 两组其他临床特征差异无统计学意义 (P>0.05)。进一步 Logistic 回归分析结果显示, 尿白蛋白升高 (OR=5.090, 95%CI 1.487 ~ 17.428, P=0.010)、ANC 升高 (OR=1.293, 95%CI 1.037 ~ 1.612, P=0.022)、胱抑素-C 升高 (OR=37.327, 95%CI 5.767 ~ 241.586, P= 0.000) 是 MM 患者发生肾损伤的独立危险因素。各危险因素间的 ROC 曲线下面积 (AUC) 比较结果显示, 胱抑素-C 曲线下面积大于尿白蛋白、ANC (P<0.05), 而其余两两因素间比较差异无统计学意义 (P>0.05)。

结论 MM 患者中肾损伤发病率较高, 尿白蛋白、ANC 水平、胱抑素-C 水平是 MM 患者发生肾损伤的独立危险因素, 其中胱抑素-C 是预测 MM 肾损伤发生的最佳预测因子。ANC 水平作为一个方便而有效的炎性指标, 对预测 MM 肾损伤有重要意义。

PO-1847

CD138 磁珠分选结合 1q21/1p36 探针及染色体筛查 208 例初诊多发性骨髓瘤患者中 1q21 的遗传学特征分析

程振、李永玲、王健学、张迪、孙媛、邓胜
北京海思特医学检验实验室有限公司

目的 本研究旨在探讨多发性骨髓瘤 (Multiple Myeloma, MM) 患者中 1q21 扩增情况

方法 收集自 2024 年 1 月至 2024 年 5 月 MM 初诊患者的新鲜骨髓标本, 采用 CD138 磁珠分选富集浆细胞结合 FISH 探针 (1q21/1p36) 检测 MM 中 1q21 扩增情况。

结果 48 例 (23.08%) 表现为 1q21 三个拷贝数伴 1p36 两个拷贝数; 31 例 (14.90%) 表现为 1q21 \geq 四个拷贝数, 其中 1 例存在 1p36 缺失; 5 例 (2.40%) 检出 1q21 三个拷贝数同时伴 1p36 缺失; 2 例 (0.96%) 检出 1q21 两个拷贝数同时伴 1p36 缺失; 另有 7 例 (3.37%) 检出 1q21 与 1p36 均四个拷贝数, 结合染色体为 1 号染色体四体; 3 例 (1.44%) 检出 1q21 与 1p36 均三个拷贝数, 结合染色体为 1 号染色体三体。

结论 在 MM 患者 1q21 检测中, 本研究发现多种复杂的异常组合。综合评估 1q21 和 1p36 的 FISH 结果及染色体结果, 对于 MM 患者的预后分层判断具有重要意义。

PO-1848

自体造血干细胞移植治疗伴肾脏损伤的初治多发性骨髓瘤

马艺、赵瑞青、鲁云、陈俊丽、袁顺宗、肖秀斌、陈喜林、赵世华、王玥琦、程娜娜、黄文荣
中国人民解放军总医院第五医学中心

目的 探讨新药时代适合移植的伴肾损伤新诊断多发性骨髓瘤 (RI-NDMM) 于诱导治疗至 ASCT 后 6 个月慢性肾病 (CKD) 改善与 ASCT 期间急性肾损伤 (AKI) 发生, 以及 ASCT 血液学及肾脏疗效, 明确 ASCT 对于 RI-NDMM 的安全性及有效性。

方法 回顾性分析 2021 年 3 月 1 日至 2024 年 1 月 30 日解放军总医院血液学医学部淋巴瘤-浆细胞疾病专科进行 28 例接受自体造血干细胞移植的伴肾损伤初治多发性骨髓瘤资料。

结果 28 例适合移植 RI-NDMM 初诊时 CrCl 为 $23.13\pm 14.96\text{ml/min}$, 均接受研究者选择的新药联合方案诱导治疗。ASCT 前根据 CrCl 水平分为重度肾损 (CrCl $<30\text{ml/min}$) (10 例)、中度肾损 ($30\text{ml/min}\leq\text{CrCl}<60\text{ml/min}$) (8 例)、轻度肾损/肾功正常组 (CrCl $\geq 60\text{ml/min}$) (10 例), 观察 ASCT 期间血 Cr 动态变化。28 例患者于 ASCT-2 天均接受不同剂量美法仑 (MEL 200 或 140mg/m^2) 预处理。结果显示: 重度肾损组 ASCT 期间平均血 Cr 最高值 $389\pm 105\mu\text{mol/L}$, 平均升幅 $24\%\pm 15\%$; 血 Cr 于 +2 天达最高点 $380\pm 112\mu\text{mol/L}$, 此后逐渐回落, 至 +4 天平均 Cr 与 -2 天比较无统计学差异 ($P=0.497$)。中度肾损及轻度肾损/肾功正常组 ASCT 期间 Cr 轻度升高, 差异而无统计学意义。ASCT 前根据 CrCl 是否较基线升高 15ml/min , 将 28 例患者再次分为肾脏获益与非获益组, 观察不同治疗阶段 CrCl 变化。重度肾损组 2 例透析依赖患者于 ASCT 后均脱离透析。ASCT 前的总体 sCR 率比 ASCT 后 3 月有显著提升 (33.3%比 17.9%), 重度肾损组 ASCT 后 sCR 率亦有显著改善 (44.4%比 20%); ASCT 后 \geq CR 率无论是总体还是 SRI 组亦均显著提升 (59.9%比 46.5%, 66.6%比 50%)。

结论 伴重度肾损伤 NDMM 患者接受 ASCT 治疗安全有效, 需密切监测 Cr 变化。ASCT 不仅可以显著改善伴肾损伤 NDMM 血液学疗效, 提高缓解率及缓解深度, 还可在一定程度上改善肾功能。

PO-1849

MTCH1 介导铁死亡抵抗引起 多发性骨髓瘤塞利尼索耐药机制研究

孙正旭、李雅婷、崔云起、范磊、李建勇、屈晓燕
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 多发性骨髓瘤（Multiple myeloma, MM）是一种恶性浆细胞疾病。MM 新型治疗模式使得患者生存获得延长，但仍不可治愈。本研究通过单细胞转录组测序技术（single-cell RNA sequencing, scRNA-seq）对 XPO1 抑制剂塞利尼索耐药发生的机制进行探索，旨在为耐药患者的靶向治疗提供依据。

方法 本研究通过阶段性 XPO1 抑制剂刺激 MM 亲本细胞株 NCI-H929（Parental, P）构建获得性耐药细胞株（Drug resistance, DR）。利用 scRNA-seq 对二者进行分析，对比分析出与耐药显著相关的细胞亚群和富集通路。在体外实验中，利用透射电子显微镜，线粒体膜电位，活性氧检测等试剂盒观察 DR 细胞株中线粒体结构和功能的改变。使用慢病毒干扰 DR 细胞中的 MTCH1，通过使用实时荧光定量 PCR 技术和蛋白免疫印记实验验证铁死亡水平。

结果 通过单细胞测序分析发现铁死亡通路受抑制是导致耐药的重要分子事件，并将研究聚焦于 MTCH1 及其调控的内质网-线粒体耦合过程。通过体外实验证明，塞利尼索耐药细胞株中铁死亡通路受抑制。进一步观察到 MTCH1 阻碍 MFN2 在线粒体的募集以及 MAM 形成减少，降低线粒体氧化应激水平，引发铁死亡抵抗。

结论 本研究通过 scRNA-seq 结合体外实验，发现 DR 细胞株中 MTCH1 表达升高，通过直接作用于 MFN2 影响其线粒体募集，引起铁死亡抵抗，造成塞利尼索耐药。

PO-1850

筛查 125 例初诊多发性骨髓瘤患者中 IGH 信号模式与 t(4;14), t(6;14), t(11;14), t(14;16), t(14;20)易位发生率

邓胜、程振、李永玲、王健学、张玉杰、黄晓丽、程建超、孙媛
北京海思特医学检验实验室有限公司

目的 本研究旨在探讨多发性骨髓瘤（Multiple Myeloma, MM）患者中 IGH 重排信号及 t(4;14), t(6;14), t(11;14), t(14;16), t(14;20)易位发生率。

方法 收集自 2023 年 1 月至 2023 年 6 月 MM 初诊患者的新鲜骨髓标本，采用 CD138 磁珠分选富集浆细胞结合 FISH 探针检测 MM 中 IGH 探针重排检测，以及 t(4;14), t(6;14), t(11;14), t(14;16), t(14;20)易位情况。

结果 在 125 例患者中，50 例患者为女性，中位年龄为 62.3 岁，75 例患者为男性，中位年龄为 62.8 岁，其中 89 例(71.2%) IGH 基因信号异常，1R1G1F(19.1%)、1R2G1F(10.1%)、2R1F(6.7%)、1R1F(23.6%)、1G1F(10.1%)、nRnG(14.6%)、1R\2R(9.0%)、1F(6.7%)。

1R1G1F 17 例患者中，t(11;14)易位为 47.1%(8/17)、t(4;14)易位比率为 41.2%(7/17)、t(14;16)易位为 5.9%(1/17)；1R2G1F 9 例患者中，t(11;14)易位为 44.4%(4/9)、t(4;14)易位为 33.3%(3/9)、t(14;20)易位为 11.11%(1/9)；2R1F 6 例患者中，t(11;14)易位为 33.3%(2/6)、1G1F(3'IGH del)9 例患者中，t(4;14)融合为 88.88%(8/9)；1R1F(IGHV del) 21 例患者中，t(11;14)易位为 28.8%(6/21)、t(4;14)易位比率为 9.5%(2/21)、t(14;16)易位为 4.8%(1/21)、t(6;14)易位为 4.8%(1/21)；nRnG 13 例患者中，t(11;14)易位为 61.5%(8/13)、t(4;14)易位比率为 23.1%(3/13)、t(6;14)易位比率为 15.4%(2/13)；1R\2R(3'IGH del、IGHV del)8 例者中，t(6;14)易位为 50.0%(4/8)、

t(11;14)易位比率为 25.0%(2/8)。其中参与易位 63 例 70.8% (63/89)，t(4;14) 36.5%，t(6;14) 11.1%，t(11;14) 47.6%，t(14;16) 3.2%，t(14;20)1.6%。

结论 在诊断 IGH 重排信号模式时，不明确重排信号模式应考虑与 t(4;14)，t(6;14)，t(11;14)，t(14;16)，t(14;20)易位等指标判断、以获得更准确的预后判断结果。

PO-1851

通过集成微阵列分析鉴定多发性骨髓瘤中的新型生物标志物和潜在药物

乔冰
郑州大学第一附属医院

目的 多发性骨髓瘤是一种单克隆浆细胞的恶性肿瘤，尽管目前靶向治疗和免疫调节剂进入临床患者预后显着改善，但复发和耐药似乎不可避免。因此对 MM 的新的治疗靶点的探索，和新药的开发至关重要。在此我们旨在使用生物信息学方法探索 MM 发展的关键基因，确定与 MM 发病机制和预后相关的新型生物标志物，并寻找治疗 MM 的潜在小分子药物，为 MM 提供新的治疗方法。

方法 本文筛选了三个数据集(GSE16558、GSE47552 和 GSE6477)的差异表达基因 (DEGs)，通过 PrognScan 筛选对 MM 生存有影响 DEG。使用 DAVID 在线数据库对 DEG 进行了基因本体论 (GO)和京都基因组学百科全书(KGEE)通路富集分析。蛋白质-蛋白质相互作用网络由 STRING 数据库构建，我们对其进行模块分析并确定关键基因。同时基于这些 DEGs，CMap 数据库确定了 MM 的潜在治疗药物。

结果 通过综合生物信息学分析首次在 MM 中鉴定出 10 个 hub 基因；同时，利用 PrognScan 数据库筛选出与 MM 生存相关的 DEGs。其中，VCAM-1、DCN 基因被鉴定为对生存有影响的 hub 基因，有望成为 MM 新的靶点。通过重叠的 DEGs 和 CMap 数据库进行分析，确定了一组具有逆转 MM 基因表达变化潜力的小分子药物。具有高度显着负富集值的小分子可能成为治疗 MM 的新靶向药物，其中，NU-1025 呈显著负相关，可作为治疗 MM 的潜在药物。

结论 本研究综合分析了 MM 的发病机制，为该病的诊治提供了一定的指导意义。虽然有些基因和药物在 MM 中的临床价值在以往的研究中没有报道过，但它们的重要性不容低估。

PO-1852

多发性骨髓瘤 173 例染色体核型分析

辛晓丽、苏小丽、王家璇、高广勋、高山
中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 探讨多发性骨髓瘤 (MM) 患者染色体核型异常对疾病诊断、治疗、进展及预后的意义。

方法 回顾性选取 2023 年 1 月至 2023 年 12 月就诊于空军军医大学第一附属医院的 173 例初诊 MM 患者，抽取骨髓，采用 24h 短期培养法制备染色体标本，然后用 R 显带技术进行染色体核型分析，观察其遗传学特点及意义，分析染色体异常对疾病的诊断、治疗和预后的意义。

结果 173 例 MM 患者中，中位年龄 61.3 岁，男女比例为 1.5:1。其中发现染色体核型正常者 125 例 (72%)，染色体核型异常者 31 例 (18%)，培养失败，未见可分析分裂相者 17 例 (10%)。31 例染色体核型异常者中，表现为亚二倍体，超二倍体，四倍体，易位，增加和缺失等。其中复杂核型 23 例，占异常核型的 74%。有异常核型的 MM 患者表现为低血小板，低血红蛋白，原浆细胞比例增高，高乳酸脱氢酶，与正常核型的 MM 比较，差异具有统计学意义。

结论 在 MM 患者中，染色体异常与其疾病的进展和预后有关，且复杂核型预后更差。

PO-1853

多发性骨髓瘤遗传学异常的回溯性分析

王家璇、高山、苏小丽、辛晓丽、胡伍悦、程璐、高广勋
空军军医大学附属第一医院

目的 探讨多发性骨髓瘤(multiple myeloma,MM)细胞遗传学及分子遗传学特点。

方法 收集 2022 年 2 月 21 日至 2023 年 4 月 13 日空军军医大学附属第一医院收治的 113 例初治 MM 患者的骨髓标本,采用荧光原位杂交(FISH)技术进行分子遗传学分析,其中 110 例同时进行染色体核型分析。

结果 FISH 检测显示,在 101 例中至少检测出一种分子遗传学异常,总检出率 89.38%。RB1 缺失、P53 缺失、D13S319 缺失、1q21 扩增、CCND1/IGH 重排、FGFR3/IGH 重排的检出率分别为 64.60%、7.96%、65.49%、65.49%、15.93%和 26.55%。101 例中 1q21 阳性占 73.28%,其中单一阳性 14.86%,合并 1、2、3、4、5 个探针阳性分别占 8.11%、39.19%、33.78%、2.70%和 1.35%,1q21 以合并两个探针阳性为主($P<0.05$),多为合并 RB1 和 D13S319 阳性($P<0.05$);D13S319 阳性 73.28%,其中单一阳性 0%,合并 1、2、3、4、5 个探针阳性分别占 8.11%、55.41%、32.43%、2.70%和 1.35%,D13S319 无单一阳性,以合并两个探针阳性为主($P<0.05$);RB1 阳性率为 72.28%,其中单一阳性 0%,合并 1、2、3、4、5 个探针阳性分别为 8.22%、53.42%、34.25%、2.74%和 1.37%,RB1 亦无单一阳性,以合并两个探针阳性为主($P<0.05$);FGFR3/IGH 阳性率为 29.70%,一例单一探针阳性,合并 1、2、3、4 个探针阳性分别为 6.67%、26.67%、56.67%和 6.67%;P53 检出率为 8.91%;两例患者合并 P53/RB1/D13S319/1q21/FGFR3/IGH 探针阳性。染色体核型分析:核型正常 70 例,其中 61 例 FISH 检测阳性;核型异常 22 例,FISH 检测均为阳性。FISH 联合染色体核型分析的阳性率与单一染色体核型分析阳性率之间差异有统计学意义($P < 0.05$)。

结论 FISH 技术的敏感性优于染色体核型分析技术,两者结合,可提高异常多发性骨髓瘤的检出率。

PO-1854

隐丹参酮通过调控 AKT/Nrf2/HO-1 通路诱导多发性骨髓瘤细胞铁死亡

方柳圆、钱申贤
杭州市第一人民医院

目的 多发性骨髓瘤(Multiple myeloma, MM)是世界上第二常见的血液恶性肿瘤,目前仍无法治愈。铁死亡是一种新发现的以铁积累和脂质过氧化为特征的细胞死亡类型,近年来为癌症治疗提供了新的方向。隐丹参酮(Cryptotanshinone, CST)是一种从丹参中提取的天然二萜醌类化合物,具有很强的抗肿瘤、抗炎症、抗感染活性。在我们的研究中,我们旨在探索隐丹参酮在多发性骨髓瘤中的抗肿瘤潜力。

方法 采用细胞活力测定、流式细胞术、肿瘤异种移植模型、免疫印迹和免疫化学染色观察隐丹参酮对多发性骨髓瘤细胞的影响。

结果 我们观察到, CST 显著抑制多发性骨髓瘤细胞活力,下调谷胱甘肽过氧化物酶 4 (glutathione peroxidase 4, GPX4)和谷胱甘肽的表达,上调胞内 Fe²⁺、活性氧和丙二醛的表达量。我们通过网络药理学观察到隐丹参酮通过抑制关键靶蛋白激酶 B (protein kinase B, AKT)抑制 MM 增殖,并通过 Western blot 实验检测到 p-AKT、核因子红细胞 2 相关因子 2 (nuclear factor erythroid 2-related factor 2, Nrf2)、血红素加氧酶 1 (heme-oxygenase-1, HO-1)、GPX4 蛋白含量降低。体内实验结果也表明, CST 对皮下移植肿瘤生长有明显抑制作用,具有一定的生物安全性。

结论 综上所述，我们的研究证实了 CST 通过 AKT/Nrf2/HO-1 信号通路导致 MM 细胞铁死亡，为治疗提供了新的方向。

PO-1855

Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation for relapsed/refractory multiple myeloma after CAR T cell therapy

Shasha Lu, Lijing Shen, Jian Hou, Shasha Lu

Department of Hematology, Renji Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China

Objective The new agents have made remarkable progress in the survival of multiple myeloma (MM). However, the vast majority of patients with MM relapse. The optional salvage therapy is limited for relapsed/refractory MM (RRMM).

Methods A 51-year-old woman was diagnosed in February 2018 with immunoglobulin G lambda (IgG- λ) MM presenting with hip pain. The follow-up period for the case was 72 months.

Results We reported a case of MM with a 6-year history of multiple myeloma who relapsed after multi-line chemotherapy and chimeric antigen receptor T (CAR-T) cell therapy. Considering that she is young, allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (SCT) with human leucocyte antigen-matched sibling donor was carried out on October 31, 2020. The conditioning regimen consisted of fludarabine and melphalan. The patient received anti-thymocyte globulin (ATG), CTX, traditional cyclosporin A (CSA) and mycophenolate mofetil (MMF) for acute graft versus host disease (aGVHD) prophylaxis. Bortezomib, pomalidomide and dexamethasone was administered as consolidation therapy post-transplantation on April 2021. She completed chemotherapy in October 2022. It was worth noting that the patient achieved very good partial response (VGPR) one month after the transplant and maintained VGPR until now. Minimal residual disease (MRD) was negative by flow cytometry.

Conclusion Our case illustrates the safety and efficacy of allogeneic SCT in RRMM. Even though the patient relapsed after CAR T cell therapy, she could still receive VGPR after allogeneic SCT.

PO-1856

The aberrantly activated AURKB regulates cell growth and maturation in CALR mutated MARIMO cell line

Xueting Hu, Xiangru Yu, Liwei Zhang, Qigang Zhang, Mengchu Ji, Kunming Qi, Shujin Wang, Zhenyu Li, Kailin Xu, Chunling Fu

徐州医科大学血液病研究所

Objective Mutations of CALR are a breakthrough discovery in exon 9 as most common driver mutations in JAK2 or MPL-negative mutant ET and PMF patients, and aurora kinase A (AURKA) was found activated in these CALR mutant patients. Aurora kinase B (AURKB), as an isoform of AURKA, displays a similar function of AURKA in regulation of cell growth and differentiation, however, it's unclear whether AURKB is a compensatory candidate in the progress of MPN with CALR gene mutation.

Methods The expression and the biological function of AURKA or AURKB were examined in CALR mutant cells by western blot, RNA-sequence, colony assay, EdU staining, Wright-Giemsa staining, oxygen consumption rate (OCR) and flow cytometry assay, respectively.

Results Here, we found that AURKB, similarly with AURKA, was activated in CALR mutant patients, but displayed a more tolerance to the aurora kinase inhibitor in CALR mutant cells. Although inhibition of AURKA has significantly decreased cell growth and colony formation, induced cell maturation and apoptosis, this inhibition was further enhanced when AURKB was blocked as the increased dosages of inhibitor. Transcriptomic analyses revealed a similar map of gene enrichment in cells with knockdown of AURKA or AURKB, mainly reflecting in oxidative phosphorylation, mitosis, proliferation and apoptosis signaling pathway. Moreover, downregulation of AURKA or AURKB caused cell growth arrest while only downregulation of AURKB showed enhanced cell apoptosis, cell differentiation and metabolism-oxygen consumption rate (OCR). Otherwise, overexpression of AURKA or AURKB promoted the cell proliferation of MARIMO cells, and made cells more sensitive to the aurora kinase inhibitor.

Conclusion These results suggest that AURKB is necessary for the cell growth of CALR mutant cells, and downregulation of it additionally provides an energy support to cell maturation.

PO-1857

阿达帕林抗骨髓瘤的作用及机制研究

柏桦、徐勇、陈兵
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 多发性骨髓瘤 (MM) 是一种无法治愈, 复发率极高的恶性浆细胞肿瘤。其中 MM 细胞的耐药性是临床上导致治疗失败的主要障碍, 因此迫切需要新的治疗方式来逆转 MM 耐药从而改善 MM 的预后。我们研究了阿达帕林 (Adapalene, Ada) 在骨髓瘤中的作用及机制研究。

方法 体外实验中, 我们采取 Ada 处理 MM 细胞系, 使用台盼蓝和流式细胞术测定来检测 MM 细胞系细胞增殖及凋亡情况, 同时采用 Ada 作为单一疗法和与硼替佐米 (Bortezomib, Btz) 联合治疗 MM 原代细胞。机制研究方面, 我们采用 RNA-seq 探究了 Ada 的可能靶点和机制, 最终采用体内外实验验证。

结果 Ada 在 MM 细胞系中以剂量依赖性方式有效地诱导细胞死亡。Ada 与 Btz 一起对 MM 细胞系和原代细胞的细胞活力均表现出很强的协同抗肿瘤作用。在 Btz 耐药的复发难治 MM (RRMM) 患者原代细胞中, Ada 再次激活 RRMM 细胞对 Btz 诱导的死亡敏感。在机制研究上, 分子对接模拟发现 Ada 能够直接靶向结合 CD138, Ada 能够在 Asp35 和 Gln34 残基上与 CD138 形成氢键。Ada 还充当细胞死亡的多方面调节剂, 我们用铁死亡抑制剂解救了 Ada 诱导的细胞死亡, 证明了 Ada 诱导铁死亡; 再者 Btz 耐药方面, Ada 可以抑制 Btz 诱导的 p-IK β 及 p-p65 的激活, 从而逆转 NF- κ B 激活所致 Btz 耐药, 达成 Ada 与 Btz 的协同抗 MM 作用。

结论 Ada 作为新型 CD138 抑制剂, 同时能够促进 MM 细胞发生铁死亡及克服 NF- κ B 诱导的耐药性, 在 MM 中表现出较强的抗骨髓瘤作用, 可能为 MM 提供了新的治疗策略。

PO-1858

Halting Multiple Myeloma with MALT1 Inhibition: Suppressing BCMA-Induced NF- κ B and Inducing Immunogenic Cell Death

Mei Yuan, Min Shi, Wenyu Li, Yuqian Sha, Zhenyu Li, Kailin Xu, Mingshan Niu, Yao Yao
徐州医科大学 血液病研究所

Objective As multiple myeloma (MM) poses a formidable therapeutic challenge despite recent progress, exploring novel targets is crucial. Mucosa-associated lymphoid tissue lymphoma

translocation protein-1 (MALT1) emerges as a promising paracaspase with druggable potential, especially unexplored in MM.

Methods Our study provided compelling evidence demonstrating a statistically significant elevation of MALT1 expression in human primary MM cells. Moreover, elevated MALT1 expression was associated with a poorer prognosis in MM. Genetic deletion of MALT1 reduced cell growth, colony formation, and tumor growth in vivo. Pharmacological inhibition with 1 μ M Mi-2 effectively inhibited cell growth, inducing mitochondria-dependent apoptotic cell death. Mechanistically, MALT1 inhibition disrupted diverse signal transduction pathways, notably impeding nuclear factor κ B (NF- κ B).

Results Significantly, the inhibition of MALT1 demonstrated a substantial suppression of NF- κ B activation by elevating I κ B, disrupting the nuclear localization of p65 and c-Rel. This effect was observed in both the basal state and when stimulated by BCMA, highlighting the pivotal role of MALT1 inhibition in influencing MM cell survival.

Conclusion It was noteworthy that Mi-2 induces properties associated with immunogenic cell death (ICD), as evidenced by increased calreticulin (CRT), ATP release, and high-mobility group protein B1 (HMGB1) upregulation, consequently triggering ICD-associated immune activation and enhancing CD8+ T - cell cytotoxicity in vitro. In conclusion, our research highlights MALT1 as a promising druggable target for therapeutic interventions in MM, providing insights into its molecular mechanisms in MM progression.

PO-1859

靶向 CLK2/SRSFs 通过无意义降解机制 下调 RAE1 抑制多发性骨髓瘤

刘阳、赖淑萍、廖娅平、魏荣芳、陈艳
中山大学附属第八医院（深圳福田）

目的 RNA 剪接异常在肿瘤中发挥重要作用。CDC2 样激酶-2 (CLK2) 通过调节富含丝氨酸/精氨酸剪接因子家族 (SRSFs) 磷酸化参与调控 RNA 剪接。CLK2 在多发性骨髓瘤 (MM) 中的作用尚不清楚，本课题拟研究 CLK2 在 MM 的作用及机制。

方法 通过 GEP 数据库分析 CLK2 表达与 MM 患者预后的关系；通过 CCK-8、Edu、流式细胞术、异种移植瘤等方法，评估 CLK2 对 MM 细胞增殖、凋亡和周期分布等影响；通过 RNA-seq、PCR 和 WB 等方法研究 CLK2 对 SRSFs 磷酸化及下游基因 RNA 剪接的影响。

结果 CLK2 高表达的 MM 患者预后不良。CLK2 过表达促进 MM 细胞增殖和周期进程，敲低/抑制 CLK2 抑制 MM 细胞增殖，诱导 MM 细胞凋亡与细胞周期停滞。MM 异种皮下移植瘤模型结果显示过表达 CLK2 促进 MM 体内增殖，CLK2 抑制剂则抑制肿瘤生长。机制研究发现干扰 CLK2 能抑制 SRSFs 磷酸化，影响核糖核酸输出因子 1 (RAE1) RNA 的可变剪接，引发 RAE1 的 RNA 9 号外显子跳跃促进其无意义降解 (NMD)，下调其表达。此外，敲减 RAE1 能抑制 MM 细胞增殖，过表达 RAE1 则促进 MM 细胞增殖和周期进程，并部分逆转 CLK2 敲减引起的细胞增殖抑制。

结论 CLK2 高表达的 MM 患者预后不良，CLK2 过表达促进 MM 细胞增殖。下调 CLK2 能抑制 MM 增殖，其机制是通过抑制 SRSFs 磷酸化影响 RAE1 的 RNA 可变剪接，通过 NMD 机制下调 RAE1。靶向 CLK2/SRSFs/RAE1 轴可能成为 MM 的潜在治疗策略。

PO-1860

以胸腔积液起病的多发性骨髓瘤 1 例

张聪丽、马杰、陈胜梅
郑州大学第一附属医院

目的 以胸腔积液起病的多发性骨髓瘤在临床上较为罕见，预后较差，本文旨在提高临床医师对该疾病的认识。

方法 回顾性分析 2024 年 3 月于我院确诊的 1 例以胸腔积液起病的多发性骨髓瘤患者的临床资料，并进行相关文献的复习。

结果 患者，55 岁，男性。病程 20 天，主要表现为胸闷、气促，彩超提示双侧大量胸腔积液。入院查 HGB 137g/L，PLT $107 \times 10^9/L$ ，Cr 82 μ mol/L，Ca 2.34mmol/L，Alb 35.7g/L，Glb 26g/L，肝肾功无异常；SPEP 阴性，sIFE: IgD λ 阳性，uIFE 游离 λ 型 M 蛋白阳性，sFLC κ 7.66mg/L，sFLC λ 432.5mg/L。骨髓涂片 BMPC 25.2%；流式可见 61.6%克隆性浆细胞，高表达 CD138，CD38str，CD56，CD28，CD81，BCMA，clambda，部分表达 CD10，不表达 CD19，CD117，CD27，CD10，CD33，CD25，CD20，ckappa；FISH: P53 基因缺失占 87%，1q21 扩增 (≥ 4 红信号) 占 85%，IgH CCND1 融合细胞 80.5%。胸水流式：克隆性浆细胞占 10.858%；给予 BRD 方案化疗及间断地塞米松胸腔内注射，患者胸闷无明显改善，并逐渐出现肾功能不全及重度血小板下降，d16 复查 sFLC λ 1457.5mg/L，加用塞利尼索口服后，患者仍出现 Cr 进行性升高，后突发呼吸心跳骤停死亡。

结论 以胸腔积液起病的多发性骨髓瘤在临床上较为罕见，该例患者同时合并 P53 缺失及 1q21 扩增两个高危细胞遗传学异常，且存在胸腔积液髓外病变，为超高危多发性骨髓瘤，对一线治疗效果不佳，预后极差。

PO-1861

FISH 结合 SNP-A 检测新技术分析 初诊多发性骨髓瘤患者的细胞遗传学异常

尤红英、姚卫芹、严治、颜霜、施晓兰、商京晶、金松、颜灵芝、潘金兰、吴德沛、傅琤琤
苏州大学附属第一医院

目的 目前中国多发性骨髓瘤诊治指南建议采用 CD138 分选后肿瘤细胞进行 FISH 检测细胞遗传学异常，染色体检查作为辅助，而本研究通过采用 FISH 结合基因芯片 (SNP-A) 检测新技术，进一步探讨不同细胞遗传学异常及其预后相关性。

方法 共纳入 345 例 2018 年 09 月 01 日至 2022 年 08 月 31 日在苏州大学附属第一医院血液内科接受 VRD 诱导治疗的 NDMM 患者，通过国家血液系统疾病临床医学研究中心生物样本库以及多发性骨髓瘤标本专病库，分析不同亚组的细胞遗传学特征、治疗反应及预后。

结果 本单中心回顾性研究中，FISH 异常检出率为 86.3%，SNP-A 除 15 例患者检出完全正常核型，其余均检出至少一条染色体异常改变 (95.6%)，其中 1 号染色体异常发生总比例最高 (64.1%)，1q21 扩增 (54.8%) 包含 1q21 gain 132 例和 1q21 amplification 57 例，1p 缺失 (25.5%) 包含 1p32 缺失 40 例，两者具有强相关性，其次为 191 例 (55.3%) del(13q14)，以及 50 例 (14.5%) del(17p13)。SNP-A 进一步补充表明 1 号染色体更易合并出现复杂染色体异常，包括预后不良的亚二倍体组，多亚克隆组，复杂化核型及 CNV 异常等。1q21 扩增是否累及关键位点 CKS1B、 ≥ 4 拷贝数及主克隆都对生存预后有着重要影响，尤其着重关注 1p 缺失是否累及关键位点 1p32/CDKN2C、完全单等位基因缺失、主克隆以及合并 HRCA 等明确影响患者生存情况。

1q21 gain/amplification、1p32 缺失、17p 缺失、t(4,14) 以及 ISS 分期 III 期对生存的独立不良影响同样得到验证，而通过自体干细胞移植，可有效改善多种高危细胞遗传学阳性患者生存期及预后 ($P<0.05$)。

结论 本中心开展 FISH 结合 SNP-A 检测新模式，通过对异常关键片段及位点、不同拷贝数、主亚克隆、是否合并其他 HRCA、不同危险度分层的分析，均反应肿瘤浆细胞的遗传学异常的复杂性和基因组的不稳定性，大大提高 NDMM 患者细胞遗传学异常检出率、样本使用率和转化率，实现临床 MM 精准分层及精细化治疗方案的需要。

PO-1862

PHF19 通过调控 CD38 表达介导 CD38 单克隆抗体治疗耐药

孙洗月、于滕滕、张晓雨、方腾、孙浩、安刚、徐燕、于珍、刘兰婷、邱录贵、郝牧
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 多发性骨髓瘤（MM）是一种浆细胞恶性增殖性肿瘤，近年来以 CD38 单抗为代表的免疫治疗提升了骨髓瘤患者的预后，但原发、继发耐药仍然存在，MM 目前无法被治愈。因此，我们希望探究 MM 细胞耐 CD38 单抗治疗的分子机制，为逆转 CD38 单抗治疗耐药奠定基础。

方法 以对 CD38 单抗治疗治疗反应不同 MM 患者的骨髓 CD138+ 细胞为样本进行 RNA-seq，寻找可能与耐药相关的目的基因，在骨髓瘤细胞系中对目的基因过表达，进行 CD38 单抗体内外 ADCC 实验，通过 RNA-seq、Western blotting、ATAC-seq 进行机制研究。

结果 通过对 CD38 单抗治疗有反应 ($n=4$) 和无反应 ($n=4$) 患者初诊时骨髓单个核细胞磁珠分选得到的 CD138+ 细胞进行 RNA-seq，分析发现 MYC 信号通路、E2F 通路显著上调，炎症反应通路和凋亡通路显著下调，通过寻找差异表达基因，发现 PHF19 在无反应患者中的表达显著高于有反应的患者，且 PHF19 的表达与 CD38 的表达呈现显著的负相关性。我们随后在骨髓瘤细胞系中过表达 PHF19，并在体内外进行 CD38 单抗杀伤实验，发现 PHF19 过表达细胞对 CD38 单抗杀伤敏感性下降。RNA-seq 结果显示，PHF19 过表达后，骨髓瘤细胞 CD38 表达水平下降，IFN- γ 和 IFN- α 信号通路下调。进一步 Western blotting 的结果显示，PHF19 过表达可以下调 JAK1、p-STAT1、STAT1 以及 CD38 的表达水平。PHF19 是重要的表观调控因子，因此我们对 PHF19 过表达的细胞进行 ATAC-seq，分析其染色质可及性的变化，发现在 PHF19 过表达细胞中 CD38 和 JAK1 的染色质可及性降低。

结论 以上结果说明，PHF19 的高表达可以通过表观遗传学下调 CD38 的表达，从而导致骨髓瘤细胞对 CD38 单抗杀伤敏感性下降。

PO-1863

基于循环克隆性浆细胞水平优化 多发性骨髓瘤 R2-ISS 分期系统的研究

唐文娇、张丽、潘峻、牛挺
四川大学华西医院

目的 R2-ISS 分期是一种新近提出的初诊多发性骨髓瘤（NDMM）预后分期系统，但多个中心数据验证中发现 R2-ISS 分期不能显著区分 R2-ISS I 期及 II 期预后，且该分期系统未纳入与预后密切相关的循环克隆性浆细胞（cCPC）。该研究拟基于 cCPC 水平进一步探索优化 R2-ISS 分期系统。

方法 研究纳入 2018 年 7 月 1 日至 2024 年 4 月 1 日于四川大学华西医院血液科诊断 NDMM，并采用多色流式进行外周血 cCPC 检测的患者，检测抗体采用针对

CD45/CD38/CD5/CD19/CD138/CD56/CD20/ckappa/clambda 进行检测的抗体，至少检测 300000 个细胞。

结果 研究共纳入 125 例接受 cCPC 检测的 NDMM，中位年龄为 62 岁（43~88 岁），男女比例为 61: 64。125 例 NDMM 的 cCPC 中位水平为 0.020%（0~0.200%），其中 78 例（62.4%）检测到 cCPC 阳性。采用中位数作为 cut-off 值，中位随访 37 个月，cCPC<0.020%的 NDMM 中位无进展生存期（mPFS）显著优于 cCPC≥0.020%的 NDMM 患者（未达到 Vs 22.1 月，P<0.001，HR 3.02）。按照 R2-ISS 分层，研究中 R2-ISS I 和 II 期 mPFS 均未达到，且两组间无显著差异，R2-ISS III 和 IV 期的 mPFS 分别为 28.4 月和 8.9 月（P<0.001）。故将 R2-ISS I 期和 II 期合并后采用 cCPC≥0.020%进行分层，R2-ISS I~II 期且 cCPC<0.020%，R2-ISS I~II 期且 cCPC≥0.020%的 mPFS 分别为未达到和 41.7 月（P=0.021），而 R2-ISS III 期和 IV 期中 cCPC≥0.020%和 cCPC<0.020%亚组间 mPFS 无统计学差异。中位生存期（mOS）方面，cCPC<0.020%的 NDMM 的 mOS 显著优于 cCPC≥0.020%的 NDMM 患者（未达到 Vs 54.4 月，P<0.036，HR 2.63）。R2-ISS I, II, III 期的 mOS 均未达到，R2-ISS IV 期的 mOS 为 20.5m，R2-ISS I 和 II 期 mOS 无显著差异。基于 cCPC 水平，R2-ISS II 期且 cCPC<0.020%的 mOS 显著优于 R2-ISS II 期且 cCPC≥0.020%的 mOS（P=0.033），而 R2-ISS III 期和 IV 期中 cCPC≥0.020%和 cCPC<0.020%亚组间 mOS 无统计学差异。

结论 cCPC 可作为 NDMM 预后判断的液体活检标志物，cCPC≥0.020%的患者预后较差，尤其对于 R2ISS 分期早期的 NDMM 可借助 cCPC 的水平协助分层。

PO-1864

HLA-mismatched stem cell microtransplant prolonged overall survival and promoted immunological reconstitution for multiple myeloma

Yangyang Lei, Bo Cai, Zhiqing Liu, Anli Xie, Jianhui Qiao, Yi Wang, Fei Peng, Yingxin Zhao, Changlin Yu, Kaixun Hu, Qiyun Sun, Huisheng Ai, Mei Guo
The 5th medical center of chinese PLA general hospital

Objective Despite significant advances in the treatment of multiple myeloma, a proportion of patients still hardly achieve desired prognosis. Although microtransplant (MST) has proved promising results in treating several hematological malignancies as a kind of immunotherapy, it has not been studied in multiple myeloma.

Methods We performed a retrospective analysis of patients with multiple myeloma, who were treated with MST at our institution. We collected their clinical information and outcome measurements. Furthermore, we analyzed the fluctuation of donor microchimerism after MST, as well as the alteration of immune function before and after MST.

Results Twenty patients receiving MST treatment were enrolled from June 1st, 2008, to May 10th, 2023, with an overall response rate (ORR) of 17/20. The 6-year overall survival (OS) and progression-free survival (PFS) rates were 64.7% and 35.3%, respectively, with no graft-versus-host disease (GVHD) or non-relapse mortality (NRM). The OS rates were comparable between groups with age, International Staging System (ISS) stage, and Mayo Stratification of Myeloma and Risk-Adapted Therapy (SMART) stage. However, earlier Durie-Salmon (DS) stage, disease in VGPR or CR status prior to MST, and an increase in total cycle number of MST were significantly associated with longer OS. Donor microchimerism ranging from 0.002% to 1.034% was detected in all available peripheral blood samples (19/19) at 14 days, 3 months, and 6 months post-MST. Furthermore, MST resulted in increased proportions of total CD3+ T cells, and CD4+CD8- T cells in peripheral blood, as well as improved CD4:CD8 ratio and increased proportions of Th0 cells.

Conclusion MST extended PFS and OS, and benefit immune reconstitution in multiple myeloma patients. Therefore, MST is a promising treatment for multiple myeloma, especially those with high-risk cytogenetics.

PO-1865

初诊多发性骨髓瘤血小板减少患者临床特征及预后分析

秦小琪、夏玲、牛园满、王世芳、郭巧花、马艳萍
山西医科大学第二医院

目的 探讨血小板减少的初诊多发性骨髓瘤（NDMM）的临床特征及与预后。

方法 回顾性分析 2012 年 1 月至 2021 年 12 月山西医科大学第二医院血液科收治的 529 例 NDMM 患者临床资料。根据其血小板计数水平将患者分为血小板减少组和血小板正常组。

结果 本研究共纳入 529 例 NDMM 患者，其中男性 315 例，女性 214 例。中位年龄 61（34-87）岁。PLT \geq 100 \times 10⁹/L 组共 421 例，PLT $<$ 100 \times 10⁹/L 组 108 例。血小板减少组中位 PFS 30.64（95%CI：23.43-37.85）个月短于血小板正常组中位 PFS 41.39（95%CI：37.37-45.39）个月（P=0.002）。血小板减少组中位 OS 40.59（95%CI：30.61-50.57）个月短于血小板正常组中位 OS 60.92（95%CI：54.54-67.29）个月（P=0.000）。多因素 COX 回归分析显示血小板减少是影响 OS 的独立预后因素[HR 1.238（95%CI：1.16-1.952），P=0.03]。

结论 血小板减少的 NDMM 患者预后差于血小板正常的 NDMM 患者，血小板减少可作为 NDMM 的不良预后参数。

PO-1866

Clinical characteristics and prognostic factors of patients with solitary plasmacytoma: A Multicenter Retrospective Study

Xuxing Shen¹, Wenmin Han², Lina Zhang³, Yuanyuan Jin¹, Xuzhang Lu², Xuezhong Zhang³, Lijuan Chen¹

1. The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Jiangsu Province Hospital

2. Department of Hematology, Affiliated Changzhou Second Hospital of Nanjing Medical University

3. Department of Hematology, Nanjing First Hospital

Objective Solitary plasmacytoma (SP) represents an infrequent occurrence within plasmacytomas, which may persist or transform into multiple myeloma post therapeutic interventions. This investigation sought to evaluate the clinical attributes and prognostic indicators for individuals afflicted with SP.

Methods We retrospectively evaluated 49 patients diagnosed with SP at the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University, Affiliated Changzhou Second Hospital of Nanjing Medical University, Nanjing First Hospital between the years 2009 and 2024. Clinical features were compared utilizing the Fisher's exact test. The Kaplan-Meier curves were constructed to compare the survival outcomes. The independent risk factors were determined based on the Cox proportional hazards model.

Results In total, 49 cases were categorized as solitary bone plasmacytoma (SBP), comprising 30 patients (61.2%), or solitary extramedullary plasmacytoma (SEP), involving 19 cases (38.8%). Notably, SEPs were more common in the upper respiratory tracts (47.4%), whereas SBPs were predominantly located in spines (30.0%) and long bones (20.0%). The SBP cohort exhibited inferior progression-free survival (P=0.0002). While the difference in overall survival between the SBP group and SEP group was not statistically significant (P=0.1012). Radiotherapy in

conjunction with surgery or chemotherapy did not substantially enhance the outcome of the patients with SP. SBP involvement ($P=0.068$, $HR=0.068$, $95\%CI: 0.008-0.537$) and elevated Ki67 expression ($P=0.049$, $HR=4.545$, $95\%CI:1.005-20.542$) were independent risk factors of progression-free survival of patients with SP.

Conclusion The prognosis of patients with SBP was poorer than that with SEP. Patients with SBP exhibiting Ki67 expression exceeding 35% had the poorest outcome.

PO-1867

泊马度胺、硼替佐米、地塞米松联合治疗初诊 合并肾损伤多发性骨髓瘤的临床研究

纪国超

濮阳市人民医院

目的 本研究旨在评估泊马度胺、硼替佐米、地塞米松（PVD）三联疗法在初诊合并肾损伤多发性骨髓瘤（NDMM）患者中的疗效及安全性，并与环磷酰胺、硼替佐米、地塞米松（VCD）三联疗法进行对比。

方法 本研究纳入 60 例初诊合并肾损伤的 NDMM 患者，随机分为 PVD 组和 VCD 组，每组 30 例。两组分别接受 PVD 和 VCD 三联疗法治疗，并比较两组的肾功能指标、肿瘤反应、生存期及不良反应。

结果 治疗后，PVD 组在肾功能改善、肿瘤反应及生存期方面均优于 VCD 组。具体而言，PVD 组肾功能指标显著改善，治疗有效率（ORR）更高，无进展生存期（PFS）和总生存期（OS）均长于 VCD 组。此外，PVD 组胃肠道反应较轻，且无需调整剂量。

结论 对于初诊合并肾损伤的 NDMM 患者，PVD 三联疗法相较于 VCD 三联疗法在疗效和安全性方面均表现出优势。本研究结果为临床治疗提供了有力证据，建议将 PVD 三联疗法作为此类患者的首选治疗方案。

PO-1868

多发性骨髓瘤移植后动态监测微小残留病的临床意义 ——长期随访结果

杨光忠

首都医科大学附属北京朝阳医院

目的 探讨新药时代多发性骨髓瘤（MM）患者自体造血干细胞移植（AHSCT）后微小残留病（MRD）状态的临床预后价值。

方法 选择 2016 年 2 月至 2019 年 12 月在首都医科大学附属北京朝阳医院住院治疗且接受 AHSCT 的 MM 患者为研究对象，入组患者初诊时均有完善的基线数据。以新药为基础的联合方案诱导治疗后序贯 AHSCT，AHSCT 后第 100 天左右开始维持治疗。诱导治疗结束后、AHSCT 后第 100 天左右、维持治疗期间每季度均进行病情评估。在 AHSCT 后的病情监测中，每季度均采用二代流式法检测骨髓 MRD，至少动态监测 12 个月。根据患者的细胞遗传学特点分为高危组与标危组，再根据患者的 MRD 状态将各组分为持续阳性、短暂阴性、持续阴性三个亚组，分析与比较不同组别患者的生存状况。

结果 初始结果发表在《中华医学杂志》2022 年 102 卷 30 期（中位随访 36 个月）。中位随访 52 个月，标危组患者中位 PFS 与 OS 均未达到，获得持续阴性亚组相对预后更佳，尽管不具有统计

学差异 (PFS, $P=0.229$; OS, $P=0.118$)；高危组, 获得持续阴性亚组预后最佳 (中位 PFS 与中位 OS 均未达到), 其次是持续阳性亚组 (中位 PFS 33 个月, 中位 OS 79 个月), 短暂阴性亚组预后最差 (中位 PFS 19 个月, 中位 OS 32 个月) (PFS, $P<0.001$; OS, $P<0.001$)。COX 回归分析结果显示, MRD 短暂阴性是 MM 患者独立的不良预后因素 (PFS, $HR=7.067$; OS, $HR=11.326$)。

结论 延长随访时间后, 我们得出与既往一致的结论: MRD 持续阴性可能逆转细胞遗传学高危 MM 患者的不良预后, MRD 短暂阴性的高危 MM 患者预后不佳。

PO-1869

In-class transition from parenteral bortezomib (V) to oral ixazomib in newly diagnosed multiple myeloma (NDMM): Updated analysis of US MM-6 overall and by patient (pt) subgroups of interest

Leon Bernal-Mizrachi¹, Murtaza Bhuriwala², Ralph Boccia³, Ramalingam Ratnasabapathy⁴, January Fields-Meehan⁵, Eric Lloyd⁶, Stephen J. Noga⁶

1. Winship Cancer Institute of Emory University, Atlanta, GA, USA
2. Millennium Physicians Association, PLLC, Houston, TX, USA
3. Center for Cancer and Blood Disorders, Bethesda, Maryland, USA
4. Comprehensive Cancer Centers of Nevada, Las Vegas, NV, USA
5. Kansas City Veterans Affairs Medical Center, Kansas City, MO, USA
6. Takeda Pharmaceuticals U.S.A., Inc., Lexington, MA, USA

Objective US MM-6 is a prospective, community-based phase 4 study of in-class transition (iCT) from parenteral V-based induction to all-oral ixazomib-lenalidomide-dexamethasone (IRd) in pts with NDMM (NCT03173092). We report an updated 3-yr PFS analysis of US MM-6.

Methods Transplant-ineligible/delayed-transplant (≥ 24 months) NDMM pts with \geq stable disease after 3 cycles of V-based induction were enrolled at US community sites to receive IRd for up to 39 cycles or until progression/toxicity (Manda, CLML 2020). For this analysis of 3-yr PFS, efficacy and safety were assessed overall and by age (<75 vs ≥ 75 yrs), frailty status (non-frail vs frail), and RCT eligibility status (eligible vs ineligible). Frailty status was determined using a modified Charlson Comorbidity Index score, age, and Eastern Cooperative Oncology Group performance status (ECOG PS). RCT eligibility status was based on whether any pt baseline characteristic met common RCT ineligibility criteria including hematologic/organ dysfunction, ECOG PS >2 , renal dysfunction, prior malignancies, cardiac dysfunction, and pulmonary disease.

Results At data cutoff (Oct 2023), of the 140 pts who had received IRd, 42% were aged ≥ 75 yrs, 61% were classified as frail, and 41% were deemed RCT-ineligible (Table). Overall median follow-up was 36 months, and 8 pts (6%) were ongoing on study treatment: 5% vs 7% of pts aged <75 vs ≥ 75 yrs, 6% vs 6% of non-frail vs frail pts. Among all 140 pts, median duration of therapy (DOT) was 14 and 11 months with all proteasome inhibitor (PI)-based therapy and IRd therapy, respectively; the Table shows DOT by pt subgroup. The 3-yr PFS rate was 58% overall and median PFS was not reached (NR); 3-yr PFS rates were higher in pts who were aged <75 vs ≥ 75 yrs, non-frail vs frail, and RCT-eligible vs -ineligible (Table); these rates were not meaningfully different. For all 140 pts, the 3-yr overall survival (OS) and duration of response (DOR) rates were 76% and 62%, respectively, and both medians were NR. The overall response rate (ORR) increased from 62% at the end of V-based induction to 80% following iCT to IRd; \geq very good partial response (\geq VGPR) rate increased from 32% to 64%. The Table shows OS and response outcomes by pt subgroup. Of all 140 pts, 99% reported ≥ 1 treatment-emergent adverse event (TEAE), 70% reported a grade ≥ 3 TEAE, and 37% reported a grade ≥ 3 treatment-related TEAE; 5 on-study deaths occurred. Any-grade TEAEs, grade ≥ 3 TEAEs, and on-study deaths by pt subgroup are shown in the Table.

Conclusion In non-transplant pts with NDMM, iCT from V-based induction to all-oral IRd permits long-term PI-based treatment and improves depth of response while maintaining a tolerable safety profile. The expected decrement in outcomes associated with older, frail, and RCT-ineligible pts was observed; however, these results were not statistically significant. Long-term triplet consolidation with IRd may provide an alternative approach to induction/maintenance for community-based NDMM pts who are not eligible for upfront transplantation, including those who are older, frail, and/or have comorbidities.

This is an encore from a EHA 2024 abstract accepted for presentation, which has been updated to align with CSH guidelines.

PO-1870

罗伊适应模式护理干预在多发性骨髓瘤化疗患者中的效果及满意度分析

齐明珠

郑州大学第一附属医院

目的 研究罗伊适应模式护理干预在多发性骨髓瘤化疗患者中的效果及满意度。

方法 选取我院 2022 年 3 月 13 日到 2023 年 3 月 13 日收治的 62 例多发性骨髓瘤化疗患者，按随机数字表法，分为对照组和观察组，各 31 例。两组均进行 VAD 化疗方案，对照组使用常规护理干预，观察组使用常规护理干预+罗伊适应模式护理干预。对比两组的不良情绪、不良反应的发生，化疗依从性及护理满意度。

结果 罗伊适应模式护理干预后，两组 SAS、SDS 评分均降低，且观察组评分明显低于对照组（ $P < 0.05$ ）；观察组的化疗依从性(96.7%)明显高于对照组(74.19%)（ $P < 0.05$ ）；观察组的护理满意度（93.55%）明显高于对照组（74.19%）（ $P < 0.05$ ）；观察组不良反应发生率（6.45%）明显低于对照组（29.03%）（ $P < 0.05$ ）。

结论 罗伊适应模式护理干预用于多发性骨髓瘤化疗患者中，可明显减少患者治疗中的不良情绪、不良反应的发生，提高患者化疗依从性、护理满意度，提升的患者治疗效果。

PO-1871

Absence of progression within three years may identify a subset of long-term survivors with multiple myeloma

Shuangshuang Jia¹, Biao Tian¹, Lulu Wang¹, Juan Feng¹, Li Xu¹, Yaya Gao¹, Miaoyu Li¹, Wanting Xiao¹, Ruochen Wu¹, Yanxia Weng¹, Hailong Tang¹, Guangxun Gao^{1,2}

1. Xijing Hospital, Air Force Medical University

2. Hematologic Tumor Professional Committee, China Anti Cancer Association

Objective In the era of new drugs, the survival of patients with multiple myeloma (MM) has improved considerably compared to previous times. However, their survival outcomes are still highly heterogeneous, and how to accurately predict survival is still under constant exploration. Myeloma is not yet a curable disease, and the continued duration of remission plays a very important role in survival outcomes, but how to define the exact time point remains controversial. The aim of this study was to demonstrate the impact of the different continued duration of remission on survival, as well as to identify the specific time point to progression at which survival outcomes are best predicted.

Methods We retrospectively enrolled 322 newly diagnosed multiple myeloma (NDMM) patients in Xijing Hospital from January 2008 to December 2022. All patients were diagnosed according to International Myeloma Working Group (IMWG) criteria, and were over 18 years of old with accessible treatment and follow-up information. Patients who died or were lost to follow-up or had a follow-up time of less than 3 years were excluded if they did not progress within 3 years. We collected the baseline characteristics at diagnosis as well as treatment and follow-up information of MM patients. The Kaplan-Meier curves and log-rank tests were used to compare survival outcomes of patients with different continued duration of remission. Prognostic significance of variables for overall survival (OS) was assessed by uni- and multivariable Cox proportional hazard models. The LASSO analysis and univariate and multivariable logistic regression analyses were used to screen variables as well as to construct predictive model that predicted whether or not progress would be observed.

Results We divided patients into six subgroups based on their time to progression, at first. The patients with greater than 3 years of sustained remission had very favorable survival outcomes, with a median OS of 107.57 months. Nevertheless, the differentiation of survival curves in several other subgroups was not particularly satisfactory. And the median OS of patients with ≤ 3 months, 3-6 months, 6-12 months, 12-24 months, 24-36 months of sustained remission was 8.87, 28.93, 25.4, 36.10, and 53.0 months, respectively (Figure A). Then we classified the patients into 2 groups: the patients with > 3 years of sustained remission had longer median OS than patients with ≤ 3 months of that (median OS: 107.57 vs. 38.6 months, $p < 0.0001$) (Figure B), and was an independent prognostic factor for OS (HR:12.94;95%CI: 4.92-34.02), according to the results of univariate and multivariable Cox regression analyses. By using the LASSO analysis and univariate and multivariable logistic regression analyses, we picked up eight factors to conduct a predictive model to predict whether progress will be achieved within 3 years in MM patients. The model consisted of age, hemoglobin, platelet, lactate dehydrogenase, creatinine, peripheral blood plasma cells, extramedullary disease, and double-/ triple- hit HRCAs. The value of AUC for the model was 0.789 (Figure C), suggesting a good predictive power. The validation of the above conclusions at multiple centers is still ongoing.

Conclusion Our study suggested that patients with greater than 3 years of sustained remission had long-term survival and was an independent prognostic factor for OS. Further, the model that predict whether progress will be achieved within 3 years in MM patients, could identify a subset of long-term survivors with multiple myeloma.

PO-1872

Advantage of Tolerability following Arsenic Trioxide-VTD vs VRD in NDMM patients: a prospective, open-label study

Xinyu Zuo¹, Apeng Yang², Pingping Chen¹, Yanhui Xie¹, Zhiyong Zeng², Jiexian Ma¹

1. Huadong Hospital Affiliated to Fudan University

2. The First Affiliated Hospital of Fujian Medical University

Objective Multiple myeloma, stands as the second most prevalent malignant tumor within the hematological system. But especially elderly patients, adverse events related to treatments are significant contributors to unfavorable prognosis. The financial burden of MM is also significant; after commencing anti-myeloma treatments, the average annual adjusted costs surpass \$110,000, ranking it among the most costly cancers to manage. The combination of bortezomib, lenalidomide, and dexamethasone (VRD) is the standard front-line treatment Newly Diagnosed Multiple Myeloma (NDMM). However, is associated with a heightened risk of severe adverse events, like neurotoxicity, bone marrow suppression and infection. AVTD, revealed no significant disparity in the initial induction response efficacy. Moreover, the safety increased and the costs decreased, especially in elderly.

Arsenic trioxide exhibits potent anti-myeloma effects, either as a stand-alone treatment or in combination with other anti-cancer agents. Discern differences in efficacy, safety, and treatment costs between the AVTD and VRD regimens.

Methods A total of 116 patients were enrolled, patients were randomly divided into two groups receiving AVTD regimen or VRD regimen. The AVTD regimen for patients was as follows: arsenic trioxide 0.16 mg/kg on days 1-3, 8-10, and 15-17 over 2 hours; thalidomide 100mg on days 1-28; Bortezomib 1.6 mg/m² subcutaneously on days 4, 11, and 18; and dexamethasone 40 mg/day IV on days 4-7, 11-14, and 18-21. For patients over 65 years or those with diabetes, dexamethasone dosage was reduced to 20 mg/day. AVTD regimen was repeated every 28 days. The VRD regimen was as follows: Bortezomib was given at 1.3 mg/m² intravenously on days 1, 4, 8 and 11, combined with oral lenalidomide 25 mg daily on days 1-14 plus oral dexamethasone 20 mg daily on days 1, 2, 4, 5, 8, 9, 11, and 12. 9 VRD regimen was repeated every 21-28 days dependent on patients' blood cell count.

Results No significant differences were observed in the clinical characteristics and treatment response between the two treatment groups. The AVTD group exhibited a lower incidence of any grade AEs related to hematologic toxicity. The incidence of Grade I to II blood hypocellular was lower in AVTD group (3.5% vs 17.2%, $p=0.015$) compared to VRD group, as well as the grade III to IV blood hypocellular (0% vs 12.5%, $p=0.006$). Common infection was in respiratory system (14.0% vs 47.5%, $P<0.001$) and febrile neutropenia (0 vs 13.6%, $P=0.004$). Any grade AEs (pain or neuritis) in neurological (Grade I to II: 15.8% vs 35.6%, $P=0.015$) is lower compared to the VRD group. Grade III to IV neuritis was scarcely seen in both groups. In patients over 60 years old, the results revealed no significant statistical differences between the AVTD and VRD groups in terms of baseline characteristics and treatment response, the AVTD group had a lower incidence of infection in lung or upper respiratory, (20.0% vs 57.1%, $p=0.002$) and febrile neutropenia (0 vs 14.3%, $P=0.021$) with less hematologic toxicity compared to the VRD group. Lower incidence of Grade 1-2 neuropathy (16.7% vs 40.0%, $P=0.036$)

Conclusion Firstly, the AVTD regimen not only mirrors the therapeutic effects of the VRD regimen but also markedly diminishes the risks of hematological, infection and neurological toxicity. Secondly, the decreased incidence of these adverse effects leads to a reduction in both treatment-related expenses and in-hospital costs for patients. Finally, age might serve as an independent prognostic factor for the AVTD regimen.

PO-1873

回顾性对照分析多发性骨髓瘤 合并心肌淀粉样变患者的 诊断、疗效及预后评价

边天月、刘华胜、陈颖、袁仕会、李瑞、徐蕊、刘玉婷、刘亦菲
西安交通大学第一附属医院

目的 异常免疫球蛋白轻链 (immunoglobulin light chain) 可在心脏异常折叠形成不溶性的淀粉样蛋白, 即心肌淀粉样变 (myocardial amyloidosis, CA), 导致以舒张功能障碍为主的心力衰竭, 大多数多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 合并 CA 患者病情进展快、预后差, 平均生存期缩短至 3-6 个月, 然而, 部分患者通过 2D-STE 技术早期诊断, 并及时接受免疫靶向治疗和造血干细胞移植, 其生存期得以延长。本研究旨在为 MM 合并 CA 患者的早期诊断和治疗提供临床依据, 以期改善患者预后。

方法 在 2018 年 1 月 1 日至 2023 年 12 月 31 日 (共 6 年) 就诊于西安交通大学第一附属医院患者中, 经 2D-STE 阳性、活检显示刚果红染色阳性等综合方法确诊筛选出 MM 合并 CA 患者 38 例和原发性系统性 AL-CA 患者 26 例, 采用单中心回顾性对照分析探究影响两者预后的因素。

结果 MM 合并 CA 患者 38 例中, 首次就诊时 FISH 结果全为阴性及未接受 ASCT 是预后不良因素 ($P<0.001$)。但两者均非影响 MM 合并 CA 患者预后的独立影响因素 ($P>0.05$)。原发性系统

性 AL-CA 患者组 26 例患者中, 年龄、性别、是否接受达雷妥尤单抗治疗不是预后不良因素 ($P>0.05$)。

结论 ASCT 对 MM 合并 CA 患者来说可以更好改善其不良预后。FISH 结果阴性的 MM 合并 CA 患者可能预后不良, 但该结果仍需要更大的样本去验证。

PO-1874

基于泊马度胺的方案对初治高危多发性骨髓瘤早期疗效观察

陈黎

郑州大学第一附属医院

目的 探讨以泊马度胺为基础的方案治疗初治高危多发性骨髓瘤(MM)的疗效及安全性。

方法 回顾性分析郑州大学第一附属医院 2022 年 1 月-2023 年 12 月初治的 54 例高危 MM 患者的临床资料, 且患者均至少连续使用 2 周期以泊马度胺为基础的方案治疗, 观察其早期治疗效果及安全性。

结果 2 周期治疗后评估总缓解率(ORR)为 63.0%(34/54 例)、深度缓解率为 22.2%(12/54 例), 4 周期治疗后评估 ORR 为 90.5%(38/42 例)、深度缓解率为 66.7%(28/42 例), 无论 ORR 还是深度缓解率 4 周期较 2 周期明显提高($P=0.044$, $P=0.003$)。肌酐 ≥ 177 $\mu\text{mol/L}$ 组患者 2 周期治疗后评估血清肌酐水平较治疗前明显下降($P=0.001$)。1q21 扩增亚组占比最大 77.8%(42/54 例), 2 周期治疗后评估 ORR 为 66.7%(28/42 例), 深度缓解率为 23.8%(10/42 例), 4 周期治疗后评估 ORR 为 88.9%(32/36 例), 深度缓解率为 66.7%(24/36 例)。最常见的不良反应为肺部感染 18 例, 血液学不良反应 1-2 级 16 例。

结论 以泊马度胺为基础的治疗方案对初治高危 MM 有较好的早期疗效, 对伴有肾功能损害、高危细胞遗传学的初治 MM 同样受益, 且安全性良好, 但远期疗效需要进一步观察。

PO-1875

外周血单个核细胞中 MYBL2 的表达水平 在新诊断的多发性骨髓瘤中的临床意义

刘佳悦^{1,2}、廖云^{1,2}、陈荣荣^{1,2}、陈晓敏^{1,2}、刘洋^{1,2}、黄纯兰^{1,2}

1. 西南医科大学附属医院, 干细胞免疫与再生泸州市重点实验室

2. 西南医科大学附属医院血液内科

目的 本研究旨在探讨外周血单个核细胞中 MYBL2 的表达水平在新诊断的多发性骨髓瘤 (NDMM) 中的临床意义。

方法 从 2022 年 11 月至 2023 年 8 月在西南医科大学附属医院初次诊断的 39 名多发性骨髓瘤患者和 33 名健康体检者的血液标本中提取新鲜的外周血单个核细胞, 采用实时荧光定量 PCR 检测 MYBL2 基因的表达情况, 并分析其临床意义。

结果 与健康对照组相比, MYBL2 基因在新诊断的多发性骨髓瘤的外周血单个核细胞中表达上调。纳入临床数据进行差异性分析发现, 与外周血单个核细胞中 MYBL2 低表达组相比, 高表达组的 MM 患者的血栓形成风险更高、肿瘤负荷及骨质破坏程度更严重。此外 MM 患者外周血中单个核细胞 MYBL2 的表达上调还与更晚的 DS 分期、高危细胞遗传学及更差的治疗反应相关。

结论 MM 患者外周血单个核细胞中 MYBL2 的高表达可能参与肿瘤微环境的免疫失调过程, 且与不良预后因素相关, 这表明 MYBL2 可能成为 MM 新型肿瘤标志物的潜力。

PO-1876

VCD 诱导化疗方案序贯来那度胺治疗区域内 初治多发性骨髓瘤患者疗效分析

刘虹辰、闫金松、王睿、黄丹、霍原、高贝贝
大连医科大学附属第二医院

目的 评价初诊多发性骨髓瘤(multiple myeloma, MM)患者接受硼替佐米、环磷酰胺联合地塞米松 (bortezomib – Cyclophosphamide – dexamethasone, VCD) 诱导治疗方案序贯来那度胺 (Lenalidomide)的疗效、干细胞采集及其对预后的影响。

方法 回顾性分析辽宁省区域内 14 家三级医院自 2022 年 5 月至 2024 年 1 月间接受 VCD 方案诱导治疗后序贯来那度胺、长期随访并且资料完整的 120 例 MM 患者的临床数据 (包括完成自体移植患者 36 例) 对其进行疗效评估和生存分析, 同时分析对自体干细胞采集的影响。

结果 患者经 2 疗程 VCD 方案诱导治疗后, 约 51%患者达到 VGPR 以上疗效; 28%患者加用达雷妥尤单抗或换用 VRD 方案再诱导后达到 VGPR 以上疗效; 30%患者序贯自体移植, 其缓解深度和二代流式法所测得的微小残留病(minimal residual disease, MRD)阴性率均得到了显著提高。移植后 3 个月, 患者的完全缓解(complete response, CR)/严格意义完全缓解(stringent complete response, sCR)率为 71%, MRD 阴性率 92%。所有患者诱导缓解后均序贯来那度胺维持治疗, 1 年 CR 率为 98%, MRD 阴性率 72%。在生存时间方面, 患者的 3 年无进展生存期(progression-free survival, PFS)为 40 个月, 总体生存期(overall survival, OS)均未达到。移植患者采集 CD34+ 细胞数平均为 $5.12 \times 10^6/\text{kg}$, 尚无动员失败患者。患者可经 VCD 方案诱导治疗 3~6 个疗程对采集的 CD34+ 细胞数无明显影响。

结论 VCD 诱导方案序贯来那度胺对初诊多发性骨髓瘤的治疗能够达到深层次的缓解, 不影响 CD34+ 细胞采集同时, 若序贯自体移植能够显著改善患者预后。

PO-1877

调控基因组稳定性基因 NORAD 对多发性骨髓瘤细胞调控作用及机制研究

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、马涛
兰州大学第二医院

目的 本研究将探讨 DNA 损伤激活的非编码 RNA (Noncoding RNA activated by DNA damage , NORAD) 对多发性骨髓瘤 (Multiple myeloma, MM) 细胞凋亡、细胞周期及细胞增殖的调控及其机制, 以及其在体内的作用, 证明 NORAD 是 MM 的良好治疗靶点。

方法 利用 GEO 数据库分析 NORAD 在健康供者 (Healthy donors, HD) 及 MM 中的差异表达。收集 2021 年 2 月至 2022 年 6 月在兰州大学第二医院就诊的新诊断的 MM (Newly diagnosed MM, NDMM) 患者 60 例, 经 4 疗程治疗后达到 CR 的 MM (Post treatment MM, PTMM) 患者 30 例, 缺铁性贫血患者作为 HD 组共 17 例的骨髓, 使用 qRT-PCR 法检测 NORAD 基因的表达, 并结合临床资料分析 NORAD 的临床预后价值。构建沉默 NORAD 表达的稳转 MM 细胞株研究 NORAD 基因对骨髓瘤细胞凋亡、增殖、周期及体内成瘤的影响。利用 mRNA-seq 及蛋白印迹法探索 NORAD 对 MM 细胞作用的下游信号通路, 发现骨形态形成蛋白 6 (Bone morphogenetic protein 6, BMP6) 是沉默 NORAD 后升高的最明显的差异基因。通过进一步在沉默 NORAD 表达的 MM 稳转株中沉默 BMP6 的表达, 进行回复试验观察其对骨髓瘤细胞凋亡、增殖、周期及体内成瘤的影响。

结果 GEO 数据库表明 NORAD 在 MM 中呈高表达 ($P < 0.05$)。我们的数据也发现与 HD 相比,

NDMM 患者的 NORAD 基因呈高表达 ($P < 0.05$)；而与 NDMM 相比，PTMM 患者的 NORAD 基因呈低表达 ($P < 0.05$)。在 MM 细胞株中沉默 NORAD 表达后，可增加 MM 细胞的凋亡率，诱导 MM 细胞周期阻滞在 G0/G1 期，减少 MM 细胞增殖率。mRNA 测序发现 BMP6 是沉默 NORAD 后升高最明显的差异基因，在沉默 NORAD 表达的 MM 稳转株中沉默 BMP6，可回复 NORAD 基因对 MM 细胞凋亡、细胞周期的影响。进一步研究下游机制发现，NORAD 通过 BMP6/P-ERK1/2 轴发挥上述作用。动物实验也发现沉默 NORAD 基因后皮下肿瘤的体积、重量减少，BMP6 及 P-ERK1/2 的表达增高。

结论 本研究发现 NORAD 在 MM 中高表达，与其不良预后相关。NORAD 通过 BMP6/P-ERK1/2 轴促进骨髓瘤细胞增殖、抑制其凋亡等生物学行为，是 MM 潜在的治疗靶点。

PO-1878

真实世界中自体干细胞移植后 MRD 阴性在双打击 高危多发性骨髓瘤患者中的优势与挑战

陶怡、糜坚青

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 自体干细胞移植 (ASCT) 仍是新诊断多发性骨髓瘤 (NDMM) 患者在新型治疗药物时代中的重要治疗策略。然而，识别高危 ASCT 患者的真实世界数据有限。

方法 我们分析 2015 年 12 月至 2022 年 12 月期间，本中心接受 ASCT 治疗的 168 例 NDMM 患者。我们研究高危细胞遗传学 (HRCA) 的数量以及 ASCT 后的微小残留病灶 (MRD) 对预后影响。HRCA 定义为 t(4;14)、t(14;16)、1q21 获得/扩增和 del(17p)。预后包括无进展生存期 (PFS) 和总体生存期 (OS)，并进一步探索影响预后的高危因素。

结果 该队列包括 42% 的患者 ($n = 71$) 具有 0 个 HRCA，42% ($n = 71$) 具有 1 个 HRCA，以及 16% ($n = 26$) 具有 ≥ 2 个 HRCA。中位随访 31 个月，整个队列中位 PFS 为 53 个月 (95% CI, 37-69)，OS 尚未达到。尽管三组患者在 ASCT 后 MRD 阴性率相似，但具有 ≥ 2 个 HRCA 的患者，称为“双打击 (DH)”MM 患者进展/死亡的风险显著高于具有 0 或 1 个 HRCA 的患者。多因素分析发现 DH (HR 4.103, 95% CI, 2.046-8.231) 和 ASCT 后 MRD 阳性 (HR 6.557, 95% CI, 3.217-13.366) 是 PFS 的独立预后不良因素，DH 也与较差的 OS 有关。如预期的那样，ASCT 后 MRD 阳性的 DH 患者显示出最差预后，ASCT 后中位 PFS 仅为 7 个月。与此同时，ASCT 后 MRD 阴性的 DH 患者显示出预后的改善，类似于 MRD 阴性的 non-DH 患者。但值得注意的是，41% 的 ASCT 后达到 MRD 阴性的 DH 患者在 ASCT 后一年内丢失了 MRD 阴性。

结论 本研究建议将双打击的遗传学评估纳入符合条件的 ASCT 患者，并强调了持续 MRD 监测的重要性，以及在真实世界中考虑基于 MRD 的治疗策略调整。

PO-1879

HIST1H1E 基因通过组蛋白 去乙酰化酶 6 促进淀粉样变轻链的分泌

黄栩芾¹、张春兰²、赵浩³、温雪梅¹、李晓帆¹

1. 福建医科大学附属协和医院

2. 四川大学华西医院

3. 北京协和医院

目的 通过探究 HIST1H1E 基因对浆细胞中组蛋白去乙酰化酶 6 (HDAC6) 水平和淀粉样变轻链的影响, 以期揭示 HIST1H1E 突变导致轻链型 (AL 型) 淀粉样变的发病机制, 为其靶向治疗提供新思路。

方法 通过构建慢病毒颗粒转染细胞, 获得 HIST1H1E 过表达 (MUT)、野生型 (WT) 的稳定骨髓瘤细胞系。采用半定量 RT-PCR 及 Western 印迹法检测上述细胞系中 HDAC6 和轻链的 mRNA 及组蛋白 H1 乙酰化水平的差异。分别将上述骨髓瘤细胞分泌的轻链与大鼠 H9C2 心肌细胞共孵育, 采用流式细胞技术检测 H9C2 凋亡水平差异。

结果 PCR 结果: HIST1H1E 在 MUT, WT 两组中表达量分别 8.53、3.43 ($p < 0.05$)。HDAC6 上述两组中表达量分别为 1.61, 0.84 ($p < 0.05$)。WB 结果: 与对照组相比, MUT 细胞内 HDAC6 表达水平、H1 组蛋白乙酰化水平、轻链水平较 WT 组细胞高。心肌细胞共培养结果证明 HIST1H1E 基因组心肌细胞凋亡率升高 (WT 组=1.75%, MUT 组=9.50, $p < 0.05$)。选择性 HDAC6 抑制剂 (ACY-125) 作用后 MUT 组细胞内 H1 组蛋白乙酰化水平、轻链水平均较前下降。

结论 HIST1H1E 突变可提高浆细胞内 HDAC6 表达水平、组蛋白 H1 乙酰化水平和轻链表达水平, 且诱导原本分泌正常轻链的浆细胞分泌致淀粉样变的轻链, 且这一过程能被 HDACi 抑制。HDACi 可能成为伴 HIST1H1E 突变的 AL 型淀粉样变患者的潜在治疗药物。

PO-1880

1 例复杂的骨髓瘤病例报道

袁代、刘新

山东第一医科大学附属省立医院

目的 病例报道我院收治的 1 例复杂的骨髓瘤患者的发病及其诊治过程

方法 患者为 53 岁女性, 既往乳腺癌病史 18 年, 行手术治疗, 未行放疗。

患者 15 年前行左顶枕部肿瘤切除术, 术后病理示: (左顶枕部) 浆细胞瘤, 免疫组化示: CD38 (+)、CD138 (+)、Ki-67 30-40%。MRI 示: 脊柱、双侧股骨小转子多发骨浸润或骨转移, 右侧股骨上段信号异常, 免疫蛋白电泳示: IgG- κ 型, 于放疗科给予精确放疗 (剂量 45Gy/25f), 并 VAD 方案化疗 2 次, 后未行评估及继续治疗。

13 年前患者因胸闷不适于当地复查胸部 CT (2011.11) 考虑: 左侧胸膜、肋骨多发转移瘤, 左侧大量胸水并左下肺不张 CT 表现, 行左肺穿刺活检病理示浆细胞性骨髓瘤, 免疫组化: CD38 (+)、CD138 (+)、Ki-67 70%、 λ (+)、 κ (+)。免疫固定电泳示: IgG- κ 型, 胸骨骨髓穿刺示骨髓未见异常, 考虑疾病复发, 给予 DECP 方案化疗 5 周期, 后复查 (2012.06): 免疫分型电泳示: IgG-Kappa 型; 骨髓象未见明显异常改变; 流式细胞术检测示: 浆细胞占 0.19%, 表型未见异常; 评估病情为 PR, 继续给予 DT-PACE 方案 6 周期化疗, 末次化疗后评估病情为 CR。

5 年前患者因右侧髋部疼痛加重再次来我院, 入院后完善检查免疫分型电泳: IgG-kappa 型, 骨髓常规示: 未见浆细胞。免疫分型示: 浆细胞未见明显单克隆性。骨髓活检示: 少量浆细胞散在分布

(约 3%)，免疫组化示 Kappa、Lambda 均表达减少，网状纤维染色 (MF-1 级)。PET/CT 示：1. 右侧乳腺癌术后；2. 右侧 3、4 前肋后方软组织肿块、右侧髂骨及骶骨骨质破坏并周围软组织肿块、左侧髌骨骨质破坏，相应处 FDG 代谢增高；T11 椎体、左侧第 11 肋骨及左侧第 8 肋骨骨质破坏，相应处 FDG 代谢不高；结合病史考虑多发性骨髓瘤。考虑 MM 复发，为明确右肋后方软组织肿块及右侧髂骶骨周围软组织肿块性质，分别行超声引导下穿刺活检，病理证实均为浆细胞瘤。诊断 MM 复发，给予 PAD 方案化疗 4 次，2019 年 6 月行自体造血干细胞移植。后来那度胺维持治疗至今。

结果 2024.05 月末次随访，病情稳定，持续无进展生存。

结论 MM 通常仅局限于骨髓，髓外病变较少见，此病例患者首发症状即为枕骨旁髓外软组织病变，初次复发为左肺，末次复发存在多个骨旁髓外病变，病情复杂，极为少见，且患者整个发病过程中均未侵犯骨髓，不符合典型的 MM 表现，临床上亦极为少见。目前考虑为巨灶型多发性骨髓瘤，属于 MM 的一种特殊亚型。该例患者病情极其复杂，首次就诊于神经外科，病程中涉及病理科、检验科、放疗科、呼吸科、疼痛科、超声介入室、PET-CT 室以及血液科，多学科联合协作，不仅给予了患者及时有效的诊断和治疗，大大的减轻了患者的痛苦，同时也体现了现代医学“术业有专攻”的精神和传承。

PO-1881

The incidence and clinical significance of monoclonal and oligoclonal protein bands in multiple myeloma patients after BCMA-CAR-T cell therapy: a retrospective study based on LEGEND-2

Gongzhizi Gao, Rui Liu, Hongli Chen, Ruijun Dong, Fangxia Wang, Ju Bai, Aili He
Xi'an Jiaotong University

Objective The emergence of abnormal protein bands (APBs), also known as oligoclonal protein bands, has been documented in patients with multiple myeloma (MM) post hematopoietic stem cell transplantation and induction therapy with novel agents. However, the incidence rate and clinical significance of APBs remain contentious. Few studies have explored the occurrence and prognostic implications of APBs in patients with MM treated with B-cell maturation antigen (BCMA)-specific chimeric antigen receptor (CAR)-T therapy.

Methods In this retrospective study, we examined the frequency, isotypes, and duration of APBs, as well as their correlation with MM disease characteristics, treatment response, clinical outcomes, and immune signature in patients with relapsed/refractory MM who had received LCAR-B38M therapy at the Xi'an site of the phase 1 LEGEND-2 trial (NCT03090659). APBs were defined as the appearance of new monoclonal or oligoclonal protein bands with different light chain and/or heavy chain components and/or different migration patterns with exclusion of recurrence compared to the primary diagnostic M-protein.

Results Among 47 patients assessed, 23 (48.9%) developed APBs following CAR-T therapy, with IgG being the most common isotype. The median onset and duration of APBs post CAR-T infusion were 3.6 and 5.8 months, respectively. Patients with APBs demonstrated significantly improved response to LCAR-B38M therapy, along with longer overall and progression-free survival. Furthermore, those with APBs exhibited enhanced recovery rates of immunoglobulins and higher counts of white blood cells, neutrophils, and lymphocytes post CAR-T treatment compared to those without APBs. However, no significant differences were observed between the two groups in the percentages of various T-cell subsets and natural killer cells.

Conclusion Overall, the presence of APBs in patients with MM following CAR-T treatment was associated with deeper remission and a more favorable prognosis, suggesting a robust humoral response and subsequent immune reconstitution.

PO-1882

达雷妥尤单抗联合硼替佐米、地塞米松（DVD）方案治疗初治多发性骨髓瘤疗效及安全性

蔡宜诺、张旗、王晓波、李莉、薛祖光、高欣、唐博、赵致佳
大连医科大学附属第二医院

目的 探讨 DVD 方案（达雷妥尤单抗、硼替佐米、地塞米松）治疗初治多发性骨髓瘤（NDMM）的有效性及安全性。

方法 回顾性分析 14 例初诊多发性骨髓瘤行 DVD 方案治疗，分析其疗效及安全性。

结果 14 例 NDMM 患者中位年龄 62 岁，IgG λ 型 4 例，IgG κ 型 3 例，IgA λ 型 2 例，IgA κ 型 1 例，IgD λ 型 1 例， κ 型 1 例，不分泌性 1 例。6 例肾功能不全（排除其他肾脏相关疾病），其中 4 例经过治疗后肾功能恢复正常，余 2 例患者肌酐稳定未再继续升高。1 例患者为初诊髓外累及纵膈及腹腔内包块。14 例患者均进行 FISH 检测，高危细胞遗传学改变 2 例，包括 TP53、t(4;14);FISH 阴性 2 例;余患者包括 1q21 扩增、t(11;14)、13q-。14 例患者应用 DVD 方案治疗均 3 疗程以上可评估疗效，其中 1 例患者疾病髓外进展，2 例患者评估疗效达到 CR，余患者评估疗效至少达到 VGPR。14 例患者治疗过程中主要治疗相关不良事件为感染，均为轻中度感染，经过抗感染治疗后均好转。14 例患者经过治疗后均出现不同程度淋巴细胞减低， ≥ 3 级 4 例（28%），无 3 级以上中性粒细胞减少、血小板减低。

结论 NDMM 应用 DVD 方案治疗安全有效。

PO-1883

ELAVL1 在多发性骨髓瘤中的表达及临床意义

贾亚春、万冰洁、缪吉玉、孔光耀、何爱丽
西安交通大学第二附属医院

目的 多发性骨髓瘤（multiple myeloma, MM）作为血液系统第二常见的恶性肿瘤，仍然不可治愈。我们发现铁自噬相关基因 ELAVL1 在 MM 患者中高表达，进一步分析了其在 MM 中的临床意义，为寻找新的治疗靶点提供理论依据。

方法 我们通过下载 GEO 及 TCGA 数据库资料，分析 ELAVL1 在 MM 患者及对照组中的表达。ROC 曲线及 K-M 生存曲线进一步分析 ELAVL1 表达与 MM 患者诊断及预后的相关性。收集 MM 和健康供者骨髓标本，采用 qRT-PCR 验证 ELAVL1 在两组之间的表达差异。利用单因素及多因素分析探索 ELAVL1 是否可作为 MM 患者预后不良的独立危险因素。

结果 我们通过 GSE6477 数据库资料分析发现，和健康对照相比，ELAVL1 在初发 MM 患者中表达增高（ $P < 0.001$ ），在难治/复发性 MM 中表达进一步增高（ $P < 0.001$ ）。我们通过 ROC 曲线分析，发现 ELAVL1 的表达水平可有效区分初发 MM 患者与健康对照（ $AUC = 0.9041$, (95% CI: 0.8396-0.9686), $P < 0.001$ ）。我们根据 cutoff 值将 MM 患者分为高表达 ELAVL1 组和低表达 ELAVL1 组，通过生存分析发现，高表达 ELAVL1 的患者 PFS（ $P = 0.0141$ ）和 OS（ $P = 0.0080$ ）都更差。我们在临床收集了 20 例健康对照及 28 例 MM 患者的骨髓标本，通过 qRT-PCR 验证发现初发 MM 患者标本中 ELAVL1 的表达水平确实更高。接下来，通过单因素及多因素分析发现，ELAVL1 的表达水平（ $P = 0.005$ ）、年龄（ $P < 0.001$ ）、白蛋白水平（ $P = 0.003$ ）、 $\beta 2$ 微球蛋白水平（ $P < 0.001$ ）、乳酸脱氢酶水平（ $P = 0.002$ ）可作为 MM 预后不良的独立危险因素。

结论 ELAVL1 在 MM 患者中表达增高，其表达水平和疾病进展有关，可作为初发 MM 的辅助诊断标志物。高表达 ELAVL1 的患者具有更差的 PFS 及 OS。ELAVL1 的表达水平可作为 MM 预后不良的独立危险因素，其在 MM 中的具体作用机制有待进一步研究。

PO-1884

小分子化合物组合提高骨髓瘤 CAR-T 细胞治疗疗效

周易

上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 多发性骨髓瘤(multiple myeloma, MM)是一种克隆性浆细胞异常增殖的恶性血液系统疾病,是发病率第二位的血液系统恶性肿瘤。目前,该病仍然不可治愈,一旦患者出现复发,生存期不到一年;细胞遗传学高危患者总预后尤其不佳。因此,复发难治和高危患者存在着巨大的临床需求。靶向 BCMA 的 CAR-T 细胞治疗是骨髓瘤治疗的新型疗法,尽管该疗法在复发难治 MM 中取得了极佳反应率,治疗过程中的复发仍是影响疗效的主要因素。因此,提升 CAR-T 细胞治疗的疗效,对于改善复发难治 MM 患者的长期生存有着重要的意义。

方法 我们以 BCMA CAR-T 作为实验对象,在合适的细胞因子指引下,利用小分子化合物组合 CC1 进行体外重编程。通过流式细胞术、单细胞转录组测序,明确 CC1 具备将 CAR-T 重编程至具有“干性”及“记忆性”表型的能力。

结果 通过基于单细胞测序的谱系追踪,发现化合物组合 CC1 可以将 T 细胞重编程到 Pre/Pro T 细胞状态。分选小鼠脾脏来源的 CD3 T 细胞,在体外经过 3 天的 CD3/CD28 磁珠共刺激后进行了 CC1 重编程。我们观察到 CD45RA+CD62L+干性记忆 T 细胞比例增高;重编程后的 T 细胞体外存活时间长于阴性对照组;再次激活后,其扩增能力也显著高于阴性对照组。

结论 小分子化合物组合 CC1 可重编程活化后的 T 细胞,使其具备记忆性 T 细胞的特征,具有更强的体外扩增能力和存活能力。

PO-1885

小分子化合物组合重编程增强 多发性骨髓瘤 CAR-T 细胞抗肿瘤效应

周易

上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 多发性骨髓瘤是一种克隆性浆细胞异常增殖的恶性血液系统疾病。该病目前仍是一种不可治愈的疾病,其中,复发和遗传学高危患者疗效尤其不佳,生存期短,存在巨大未满足的临床需求。靶向 BCMA 的 CAR-T 是目前新型疗法。随访数据显示,尽管 BCMA CAR-T 疗法在复发难治 MM 中取得了极佳反应率,治疗过程中的复发仍是影响疗效的主要因素。因此,改善 CAR-T 细胞的长程肿瘤控制效应,对于改善复发难治骨髓瘤患者的长期生存有着重要的意义。

方法 以 BCMA CAR-T 作为实验对象,在合适的细胞因子指引下,利用小分子化合物组合进行体外重编程。通过流式细胞术、转录组测序,明确该组合具备将 CAR-T 重编程至具有“干性”及“记忆性”表型的能力。通过细胞计数等体内外实验,明确该组合重编程后的 CAR-T 细胞具有更强扩增、杀伤能力和持久性。

结果 通过基于细胞标记的单细胞测序谱系分析,发现小分子化合物组合可以将已经分化的 T 细胞重编程到 Pre/Pro T 的阶段。分选小鼠脾脏来源 CD3+T 细胞,在体外经过 3 天的 CD3/CD28 磁珠共刺激后进行小分子化合物重编程,可观察到 CD45RA+CD62L+干性记忆 T 细胞比例增高;重编程后的 T 细胞体外存活时间长于阴性对照组,再次激活后,其扩增能力也显著高于阴性对照组。

结论 小分子化合物组合可重编程活化后的 T 细胞,使其具备记忆性 T 细胞的特征,具有更强的体外扩增能力和存活能力。

PO-1886

硼替佐米治疗多发性骨髓瘤发生重度肺动脉高压病例 1 例

张旗、蔡宜诺、高欣、王晓波、赵致佳、薛祖光、李莉
大连医科大学附属第二医院

目的 多发性骨髓瘤（MM）在老年人群中高发，常同时合并心血管疾病。蛋白酶体抑制剂（PI）是 MM 治疗的基石类药物。硼替佐米应用后导致肺动脉高压文献报道数据不多。本次报道一例硼替佐米应用后出现严重肺动脉高压、心衰的患者。提高对合并心脏基础疾病的 MM 应用硼替佐米后毒性反应的重视。

方法 74 岁老年男性，高血压病史 40 余年，最高血压达 190/95mmHg，口服拜新同控制血压，但是血压控制不佳。偶有夜间阵发性呼吸困难。因蛋白尿 3 年，浮肿 3 个月入院，入院后诊断为多发性骨髓瘤 IgGκ 型 R-ISSIII 期伴 t(4;14)；同时合并肾功能不全。入院时血肌酐 335.67μmol/L，血压 188/90 mmHg，NT-proBNP 9520 ng/L，心脏超声：左室肥厚，右心房增大，左室射血分数 60%。心内科排除心肌淀粉样变性。入院后给予硼替佐米、环磷酰胺、地塞米松化疗。硼替佐米应用 2 天后患者出现呼吸困难、不能平卧，NT-ProBNP：12539.60 pg/ml。心脏超声提示：左室射血分数 55%，轻度肺动脉高压，诊断全心衰。经治疗稳定。再次给予硼替佐米化疗，2 天后患者再次出现急性全心衰，心脏超声提示：左室射血分数 55%，重度肺动脉高压。积极治疗疾病稳定出院。（期间监测肌钙蛋白均正常）

结果 患者停用硼替佐米，以达雷妥尤单抗联合治疗 MM。患者未再出现心血管事件，病情好转。

结论 MM 在使用蛋白酶体抑制剂治疗时，有可能出现严重的心血管毒性反应。本病例 2 次肺动脉高压、全心衰均发生在硼替佐米用药第 2 天。考虑心脏事件与硼替佐米有直接关系。对有心血管疾病患者，在应用蛋白酶体抑制剂前需要积极控制心脏疾病，做好预防措施，保证患者治疗安全。

PO-1887

初诊多发性骨髓瘤患者 CD56、CD117、CD27 表达水平 及与临床分期、遗传学相关性分析

施青青、孙幸、倪军、孙梅、左华芹、王方方、顾健、吴蔚
江苏省苏北人民医院

目的 探讨初诊多发性骨髓瘤（multiple myeloma, MM）患者 CD56、CD117、CD27 表达特征，研究其与细胞遗传学及 Durie-Salmon 分期（DS）和国际分期体系（ISS）相关性分析。

方法 选取江苏省苏北人民医院 2019 年 1 月至 2021 年 12 月 85 例初诊多发性骨髓瘤患者作为研究对象，回顾 85 例患者应用多参数流式细胞术分析 CD56、CD117 和 CD27 表达水平，荧光原位杂交技术（FISH）检测 IGH 重排、1q21 扩增、13q14 缺失、P53 缺失，结合患者临床 DS 分期和 ISS 分期，分析初诊多发性骨髓瘤患者 CD56、CD117 和 CD27 与临床分期、遗传学异常的相关性。

结果 85 例初诊多发性骨髓瘤患者单克隆浆细胞，CD56、CD117、CD27 表达分别占 71.8%（61/85）、60%（51/85）、68.2%（58/85）。FISH 检测 IGH 重排、1q21 扩增、13q 缺失、P53 缺失阳性率分别为 57.6%（49/85）、51.8%（44/85）、50.6%（43/85）、14.1%（12/85）。CD56 表达在 ISS I - II 期与 III 期组中比较，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；在 DS I - II 期与 III 期组中比较，差异无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。CD27、CD117 的表达与 DS 分期、ISS 分期无关（ $P > 0.05$ ）。在 CD56+ 与 CD56- 组中比较，P53 缺失具有统计学差异（ $P < 0.05$ ）；在 CD117+ 与 CD117-、CD27+ 与 CD27- 组中比较，差异无统计学意义在（ $P > 0.05$ ）。1q21 扩增、13q14 缺失和 IGH 重排在 CD56+ 与 CD56-、CD117+ 与 CD117-、CD27+ 与 CD27- 组中比较，差异均无统计学意义（均 $P > 0.05$ ）。

结论 CD56 表达与初诊多发性骨髓瘤患者的 ISS 分期、P53 缺失相关，可作为评估初诊 MM 患者疾病进展的指标。

PO-1888

年龄相关多发性骨髓瘤临床特征及预后分析

霍研锟

郑州大学第一附属医院

目的 分析以 50 岁为界年轻多发性骨髓瘤 (MM) 患者与老年患者常见基因突变、细胞遗传学异常及预后差异。

方法 郑州大学第一附属医院血液科 2012 年 5 月至 2021 年 12 月收治的 252 例小于 50 岁及 192 例大于 50 岁 MM 患者病例资料，男女比例为 1.18:1，中位年龄 49 岁 (18 岁-87 岁)

结果 444 例患者分为年龄 ≤ 50 岁和 > 50 岁两组，年轻 MM 患者中 FAM46C 突变发生率高 ($p=0.042$)，余均无统计学差异。252 例年轻 MM 患者和 192 例老年患者中位总生存期分别为 1205.5 天和 491.5 天 ($p=0.029$)，中位无进展生存时间分别为 614 天和 491.5 天 ($p=0.048$)

结论 FAM46C 突变在两组患者中的差异性表达，年轻骨髓瘤患者预后较好提示年龄或可为影响预后的不良因素。

PO-1889

骨髓增生异常综合征并伴有孤立 Del(5q)合并意义未明的单克隆免疫球蛋白血症一例并文献复习

张阳、姜中兴

郑州大学第一附属医院

目的 探讨骨髓增生异常综合征并伴有孤立 Del(5q)合并意义未明的单克隆免疫球蛋白血症 (MGUS) 的患者发病之间的关联性及其治疗。

方法 回顾性分析 1 例 MDS (5q-) 合并意义未明的单克隆免疫球蛋白血症 (MGUS) 患者的临床资料，并进行相关文献复习。

结果 结合临床及相关检查，患者明确诊断为 MDS (5q-) 合并 MGUS，来那度胺治疗 3 月后患者达到 CR。

结论 MDS 与 MGUS 发病之间存在一定关联性，MDS 与 MGUS 同时发病国内尚鲜见相关报道，且来那度胺治疗安全有效。

PO-1890

Results from the randomized phase 3 DREAMM-8 study of belantamab mafodotin plus pomalidomide and dexamethasone (BPd) vs pomalidomide plus bortezomib and dexamethasone (PVd) in relapsed/refractory multiple myeloma (RRMM)

Susanne Trudel¹, Meral Beksac², Ludek Pour³, Sosana Delimpasi⁴, Hang Quach Quach⁵, Vladimir Vorobyev⁶, Michele Cavo⁷, Kazuhito Suzuki⁸, Pawel Robak⁹, Kristin Morris¹⁰, Amy Phillips-Jones¹¹, Xiaoou L. Zhou¹², Giulia Fulci¹², Neal Sule¹³, Brandon E. Kremer¹³, Joanna Opalinska¹³, Maria Victoria Mateos Manteca¹⁴, Meletios Athanasios Dimopoulos¹⁵

1. Department of Medical Oncology and Hematology, Princess Margaret Cancer Center, Toronto, Canada
2. Department of Hematology, Ankara Liv Hospital, Istinye University, Ankara, Turkey.
3. Department of Internal Medicine, Hematology and Oncology, University Hospital Brno, Brno, Czech Republic
4. General Hospital Evangelismos, Athens, Greece
5. University of Melbourne, St. Vincent's Hospital, Melbourne, VIC, Australia
6. Leningrad Regional Clinical Hospital (Russia, 94291, Saint-Petersburg, Prospect Lunacharskogo, 45)
7. IRCCS Azienda Ospedaliero-Universitaria di Bologna, University of Bologna, Bologna, Italy
8. Division of Clinical Oncology/ Hematology, Department of Internal Medicine, The Jikei University School of Medicine
9. Medical University of Lodz, Lodz, Poland
10. GSK, USA
11. GSK, UK
12. GSK, Waltham, MA, USA
13. GSK, Upper Providence, PA, USA
14. Hematology Department, University Hospital of Salamanca/IBSAL/Cancer Research Center-IBMCC (USAL-CSIC), Salamanca, Spain
15. Department of Clinical Therapeutics, School of Medicine, National and Kapodistrian University of Athens, Athens, Greece

Objective Use of triplet/quadruplet therapies for 1L MM raises the need for novel combinations at first relapse, which belantamab mafodotin (belamaf) combos may address. In DREAMM-7, BVd led to a significant improvement in progression-free survival (PFS) and a strong trend in improved overall survival (OS) vs daratumumab-Vd in patients (pts) with ≥ 1 prior therapy. We report results from DREAMM-8 (NCT04484623), which tested a different belamaf combo (BPd) and met its primary endpoint of independent review committee-assessed PFS at a prespecified interim analysis.

Methods DREAMM-8 is a phase 3, open-label, randomized, multicenter trial evaluating the efficacy and safety of BPd vs PVd in lenalidomide-exposed RRMM patients. Pts were randomized 1:1 to BPd (28-d cycles): belamaf 2.5 mg/kg IV (D1, C1), 1.9 mg/kg (D1, C2+) + pom 4 mg (D1-21, all C) + dex 40 mg (D1, QW, all C), or PVd (21-d cycles): pom 4 mg (D1-14, all C) + bortezomib 1.3 mg/m² SC (D1, 4, 8, 11 [C1-8]; and D1, 8 [C9+]) + dex 20 mg (day of and 1 day after bortezomib dose).

Results 155 pts were randomized to BPd and 147 to PVd. With a median (range) follow-up of 21.78 mo (0.03-39.23), median PFS (95% CI) was not reached (NR; 20.6-NR) with BPd vs 12.7 mo (9.1-18.5) with PVd (HR, 0.52; 95% CI, 0.37-0.73; $P < 0.001$). 12-month PFS rate (95% CI) was 71% (63-78%) with BPd vs 51% (42-60%) with PVd. ORR (95% CI) was 77% (70.0-83.7%) with BPd vs 72% (64.1-79.2%) with PVd; rate of complete response or better (95% CI) was 40% (32.2-48.2%) with BPd vs 16% (10.7-23.3%) with PVd. Median duration of response (95% CI) was NR (24.9-NR) with BPd vs 17.5 mo (12.1-26.4) with PVd. A positive trend favoring BPd was seen for OS (HR, 0.77; 95% CI, 0.53-1.14); follow up for OS is ongoing. Adverse events (AEs) were reported in $>99\%$ and 96% of pts in the BPd and PVd arms, respectively. Of pts treated with BPd, 89% had ocular AEs (CTCAE grade 3/4, 43%) vs 30% (grade 3/4, 2%) in the PVd arm. AEs were generally manageable, and broadly consistent with known safety profile of individual agents.

Conclusion The DREAMM-8 study demonstrated a statistically significant and clinically meaningful PFS benefit with BPd vs PVd in RRMM with ≥ 1 prior LoT. BPd also led to deeper and more durable responses, showed a favorable OS trend, and had a manageable safety profile.

Funding: GSK (207499)

Encore statement: 2024 American Society of Clinical Oncology, Inc. Reused with permission. This abstract was accepted and previously presented at the ASCO 2024 Annual Meeting. All rights reserved.

PO-1891

Incidence, risk factors and modified risk assessment model of venous thromboembolism in non-Hodgkin lymphoma patients

Wen Li, Rui Liu, Ying Shen, Gongzhizi Gao, Wanhong Zhao, Ju Bai, Aili He
The Second Affiliated Hospital of Xi'an Jiaotong University

Objective Venous thromboembolic events (VTE) are the second leading cause of death in cancer patients, with an incidence of 5% to 17% in lymphoma patients, higher in those with non-Hodgkin lymphoma (NHL). Present risk assessment models (RAMs) for VTE like the Khorana and ThroLy scores have limitations and are inadequately validated for NHL patients. Coagulation markers such as D-dimer (D-D), thrombin-antithrombin complex (TAT), and thrombomodulin (TM) have showed potential predictive value for cancer-associated VTE but lack extensive research in NHL.

Methods We collected data from newly diagnosed NHL patients to analyze characteristics and potential predictive risk factors for VTE. We evaluated the clinical applicability of the Khorana and ThroLy scores and improved the diagnostic efficiency of ThroLy score.

Results VTE developed in 7.09% of NHL patients. Independent risk factors for VTE included ECOG score ≥ 3 , PICC placement, clinical stage III/IV, mediastinal involvement, and history of VTE. We improved the ThroLy score by adjusting the hemoglobin cut-off and simultaneously combining it with D-dimer testing. Upon the combinative testing, TM and TAT levels were exclusively elevated in high-risk patients, further sequential testing of TM and TAT achieved a sensitivity of 66.7%, specificity of 100%, PPV of 100%, and NPV of 96.7%.

Conclusion VTE is a significant and common complication in NHL patients, our study highlighted several independent risk factors. The modified risk assessment model effectively predicted VTE risk in NHL patients, potentially optimizing VTE prevention and reducing healthcare costs.

PO-1892

多发性骨髓瘤患者运动认知和态度的质性研究

张颖、于姗姗、彭映
吉林大学第一医院

目的 通过调查多发性骨髓瘤患者对运动的认知和态度，为今后更好的开展多发性骨髓瘤运动提供借鉴。

方法 运用质性研究中的现象学研究方法，对本院 13 例曾在血液科治疗的多发性骨髓瘤患者进行深度访谈。

结果 得出 3 大主题：早期活动阻碍因素、活动方案不明确、家属参与重要性。

结论 多发性骨髓瘤对运动的相关知识知晓率低，但是希望得到医护人员的帮助，为其提供运动方

案来进行康复。同时也应重视家属的参与度，从而提高患者康复的信息，以更好地推动多发性骨髓瘤运动的开展。

PO-1893

普乐沙福或化疗联合 G-CSF 在多发性骨髓瘤外周血干细胞动员中有效性及安全性比较

徐明明
西安交通大学第二附属医院

目的 对比分析 PXF+G-CSF 与化疗+G-CSF 在 MM 外周血干细胞动员中的有效性及安全性的差异。

方法 回顾性分析 2016 年 1 月-2023 年 6 月在交大二附院血液科收治的 136 例 MM 患者采用 PXF 或化疗+G-CSF 进行 PBSC 动员的临床资料，对比分析不同动员方案在不良反应、抗生素使用、血制品输注情况、经济负担、移植后造血重建及免疫重建等方面的差异。

结果 1. PXF+G-CSF 组在采集 CD34+细胞数、采集成功率、优良率、单个核细胞数方面均显著高于化疗+G-CSF 组（均 $P<0.05$ ）。另外，PXF+G-CSF 组采集次数、动员至干细胞采集天数、动员期间住院总时间、感染例数、抗生素使用、骨髓抑制例数、动员相关不良反应均少于化疗+G-CSF 组（均 $P<0.05$ ）。但是 PXF +G-CSF 组动员期间平均总住院费用(50437.6±1978.88)元 vs. 化疗+G-CSF 组(45631.85±1766.72)元，差异无统计学意义（ $P=0.936$ ）。

2. PXF+G-CSF 组与化疗+G-CSF 组患者接受自体移植后的粒系、巨核系植入时间差异无统计学意义（ $P=0.903$ ， $P=0.329$ ）。普乐沙福组 A-ALC $\geq 0.5 \times 10^9/L$ 的患者有 39 例（97.5%）、ALC-15 ≥ 500 cells/ μl 的患者有 40 例（100%），显著高于化疗+G-CSF 组（ $P=0.015$ ， $P=0.025$ ）。

结论 1. PXF+G-CSF 动员首次成功率较高、采干数量多、优质动员比例高、动员至采干的时间短，干细胞采集次数少，且动员期间住院时间缩短。

2. PXF+G-CSF 动员无粒细胞缺乏、感染等并发症，安全性高，患者耐受性好；PXF+G-CSF 动员期间总费用并不高于化疗+G-CSF 动员，可能是更优的选择。

PO-1894

炎症指数与多发性骨髓瘤预后的相关性分析及列线图预测模型构建

廖云、黄纯兰
西南医科大学附属医院

目的 探讨由外周血全血细胞计数得出的一系列炎症指数，包括中性粒细胞与淋巴细胞比值（NLR）、单核细胞与淋巴细胞比值（MLR）和血小板与淋巴细胞比值（PLR）在评估多发性骨髓瘤（MM）患者预后中的意义，以构建出更合理的预后预测模型，指导患者的治疗。

方法 本研究对 2013 年 4 月至 2023 年 4 月在西南医科大学附属医院被确诊为多发性骨髓瘤的 168 名患者治疗前的 NLR、MLR 和 PLR 以及其他临床指标进行回顾性分析。两组间计数资料比较用 χ^2 检验比较组间差异；采用 ROC 曲线确定血液炎症相关指标的 cut-off 值，再根据患者的 NLR、MLR 及 PLR 的 cut-off 值进行分组。采用 Kaplan-Meier 生存曲线和 Log-rank 检验来进行生存分析和差异性比较，并构建 COX 比例风险模型，以分析影响 MM 患者预后的各种因素。纳入与 MM 预后有关的炎症指数，构建列线图模型预测 MM 患者疾病进展风险。用 ROC 曲线下面积(AUC)、一致性指数(C-index)来评估列线图预测精度。

结果 根据患者的 NLR、MLR 以及 PLR 的 cut-off 值, 将其分为高 NLR 组 (>2.23) 和低 NLR 组 (≤ 2.23)、高 MLR 组 (>0.35) 和低 MLR 组 (≤ 0.35)、以及高 PLR 组 (>150.8) 和低 PLR 组 (≤ 150.8)。与低 NLR 组相比, 高 NLR 组的临床分期、 $\beta 2$ -微球蛋白和肌酐水平都有显著的增加, 且高 NLR 组的疾病缓解程度明显低于低 NLR 组 ($P < 0.05$)。与低 MLR 组相比, 高 MLR 组的临床分期和 $\beta 2$ -微球蛋白水平更高, 疾病的缓解程度更低 ($P < 0.05$)。在高 PLR 组中, 疾病缓解深度明显低于低 PLR 组 ($P < 0.05$)。通过 Cox 回归单因素和多因素分析, 结果显示初诊 MM 患者的外周血 NLR 水平超过 2.23 是影响初诊 MM 患者预后的一个独立的危险因素 ($P < 0.05$)。列线图预后预测模型的训练集和验证集的 C-index 分别为 0.682 和 0.557, 训练集和验证集的 AUC 值分别为 0.883 和 0.729, 表明实际观测结果与理想预测结果具有较好的一致性。

结论 在 MM 患者中, 初诊时的外周血高 NLR 和 MLR 表明预后情况不佳, 但 PLR 与 MM 患者的预后情况没有直接关联。NLR 可作为 MM 独立的预后危险因素。我们还开发了一种能够有效地预测 MM 患者的疾病进展风险的列线图预后预测模型, 并具有较好的预测准确性。

PO-1895

Planning Ahead: Leveraging Machine Learning Algorithms to Predict Short-Term Treatment Response in Multiple Myeloma

Jiadao Xu, Peng Liu
Zhongshan Hospital, Fudan University

Objective Multiple myeloma (MM) is a heterogeneous hematologic malignancy with variable prognosis and treatment responses. Current prognostic models such as the International Staging System (ISS) and Revised ISS (R-ISS) are based on baseline characteristics at diagnosis and do not incorporate any alterations that may occur throughout the course of treatment. This study aims to develop a dynamic short-term treatment response prediction model for MM using machine learning algorithms.

Methods We evaluated 662 newly diagnosed MM patients treated at Zhongshan Hospital Fudan University between 2017 and 2021. By integrating lymphocyte subsets in peripheral blood (PB), cytokine data in PB, and multiparametric flow cytometry (MFC) expression patterns of malignant plasma cells in bone marrow (BM), at every two treatment cycles (Baseline, Cycle-2, Cycle-4, Cycle-6, and Cycle-8), we identified key biomarkers that predict treatment outcomes. After completing the procedures of data merging and normalization, the criterion used for selecting biomarkers for inclusion in the predictive model was based on whether the p-value of the t-test between negative groups (patients suffered from progression disease, stable disease, and minor response) and positive group (patients have stringent complete remission, complete remission, very good partial response, and partial response) was less than 0.05.

Results As a result, lymphocytes count ($p=0.0118$), percent of CD19+ B-lymphocytes in PB ($p<0.0001$), percent of CD3+ T-lymphocytes in PB ($p<0.0001$), percent of CD3+CD4+ T-lymphocytes in PB ($p=0.0017$), ratio of CD4+/CD8+ in PB ($p=0.0003$), IL-10 in PB ($p=0.0017$), percent of CD138+/CD38+ PCs in BM by MFC analysis ($p=0.0001$), and percent of CD27 on PCs ($p=0.0131$) were finally selected. We made a combination of R-ISS stage and the above dynamic biomarker features to build a Random Forest classifier. Then, we trained and evaluated the model separately for different target variables and dynamic Biomarker combinations at different time points. Finally, the random forest-supported model demonstrated improved accuracy in predicting short-term outcomes (the next treatment cycle). We then employed the following formula for calculating accuracy: $\text{Acc} = \frac{\text{number of correct predictions for positive samples}}{\text{number of positive samples} + \text{number of correct predictions for negative samples}} / \frac{\text{number of negative samples}}{\text{number of negative samples}}$. Additionally, other machine learning algorithms, including Naive Bayes, also supported our predictions, enhancing the robustness of our approach.

Conclusion The improved predictive capabilities of our model have practical implications for personalized treatment planning, enabling more timely and precise adjustments to therapy, potentially improving patient outcomes, and optimizing resource allocation. Furthermore, our research uncovered new insights into the role of specific immune cell subsets and cytokine fluctuations in treatment response, offering potential new avenues for therapeutic intervention.

PO-1896

SNHG15 通过调节 R-loop 介导的 DNA 损伤修复 在多发性骨髓瘤中促进药物耐药的机制研究

姚蓝、李婷婷、吴秋玲
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 多发性骨髓瘤 (MM) 是第二常见的血液系统恶性肿瘤, 占有恶性肿瘤的 1.8%。近年来, 随着新药物的引入, MM 的治疗发生了巨大变化。然而, 大多数患者最终会出现复发, 并且经常表现出多药耐药性。因此, 探索改善 MM 患者生存和预后的新机制和治疗策略至关重要。

方法 我们从 16 例新诊断的多发性骨髓瘤 (NDMM) 患者、6 例复发/难治性多发性骨髓瘤 (RRMM) 患者和 7 例正常人骨髓捐赠者的骨髓中分离了 CD138⁺细胞。我们使用含有针对 SNHG15 的短发夹 RNA 的绿色荧光蛋白的慢病毒、过表达慢病毒载体和对照慢病毒转染 MM 细胞系。从细胞中提取总 RNA, RT-qPCR 检测细胞 RNA 表达水平。提取细胞总蛋白, western blot 检测细胞蛋白表达水平。EdU 实验、CCK-8 试验、流式细胞术检测各组细胞的增殖、凋亡和耐药性。RNA pull down、RIP、IF 分析分子间的互作关系。NOD/SCID 小鼠体内人类肿瘤异种移植比较各组细胞体内成瘤效应。

结果 临床样本资料研究分析表明 SNHG15 主要定位在细胞核, 并且与多发性骨髓瘤的不良预后显著相关。通过体外构建 SNHG15 敲低/过表达 MM 细胞系, 表型实验表明体外 SNHG15 介导多发性骨髓瘤的细胞增殖, 抑制细胞凋亡并诱导细胞药物抵抗。GSEA 分析发现 SNHG15 的高表达与多发性骨髓瘤细胞系中的 DNA 双链损伤修复密切相关, 而 SNHG15 的下调导致多发性骨髓瘤细胞中 DNA 双链断裂的减少。体外互作实验表明 DDX5 参与调控 SNHG15 介导的 R-loop 形成。体内动物实验发现 SNHG15 的过表达可以增加肿瘤体积和重量, 并增强多发性骨髓瘤细胞对化疗药物治疗的抵抗。

结论 本项研究表明, SNHG15 的过表达可能会增加肿瘤中的 R-loop 形成, 导致 DNA 损伤修复增加, 最终促进 MM 耐药。该研究为了解 SNHG15 介导的 R 环形成在多发性骨髓瘤发病机制中的作用提供了重要见解, 为 MM 靶向治疗提供了新思路。

PO-1897

Identification of the genetic basis of extramedullary disease in multiple myeloma through targeted next-generation sequencing

Yanfang Zhang, Yun Luo
The Second Affiliated Hospital of Chongqing Medical University

Objective Extramedullary disease (EMD) is an advanced subset of multiple myeloma (MM), wherein clonal plasma cells can disseminate and infiltrate into other organ systems. Cytogenetic

abnormalities are present, and differences have been observed between classic MM and EMD. Little is known about the EMD genome and epigenetic background.

Methods We employed targeted next-generation sequencing (NGS) to analyze the genomic architecture of 22 newly diagnosed MM patients, with EMD (n = 7) and without EMD (n = 15).

Results Among the 22 cases, 12 cases (54.5%) exhibited mutations in genes associated with RAS pathways (7 KRAS, 5 KRAS, 1 NF1), and three cases (EMD n=2, MM n=1) exhibited variants involved in the cell-cycle regulation (2 CDKN2C, 1 RB). The variants related to the NF- κ B pathway (NFKB2, IKBKB, TRAF3 and NFKBIA), epigenetic/transcriptional regulation (IDH1, SETD2, ARID1A, ARID1B), and TP53 were only detected in MM patients without EMD patients. Interestingly, ADAMTS9 mutations (3/7) were significantly more frequent in patients with EMD than in those MM (P=0.023), and UP45 mutations (2/7) were only occurred in EMD patients. No similar findings have been reported thus far.

Conclusion EMD patients exhibited a different genomic and gene signatures, particularly the ADAMTS9 and USP45 mutations that we detected, which typically promote tumor cell invasion and metastasis. These mutations may promote EMD formation and serve as new adverse indicators. More data and larger prospective clinical studies are needed to confirm this hypothesis.

PO-1898

MRP 评分和 FIRST 简化版虚弱评分在真实世界新诊断 多发性骨髓瘤患者中的预后价值

姚琼¹、杨丽萍¹、王鑫炜²、杨慧¹、李林宇¹、赵洁¹、贺少龙¹、贡蓉¹、高志林¹、田卫伟¹

1. 山西白求恩医院（山西医学科学院）

2. 山西医科大学公共卫生学院

目的 探索骨髓瘤联盟的危险分层（Myeloma Research Alliance Risk Profile, MRP）评分和 FIRST 简化版虚弱评分在 NDMM 患者的应用效果。

方法 收集 2014 年 7 月 1 日至 2022 年 7 月 1 日山西白求恩医院血液科收治 205 例 NDMM 患者的临床资料。基于 MRP 评分和 FIRST 简化版虚弱评分，评估患者虚弱状态。使用 KM 方法分析不同虚弱分组早期 ≥ 3 级感染累积发生率、OS 和 PFS。采用 ROC 曲线比较两种评分对早期 ≥ 3 级感染累积发生率、OS、PFS 的预测价值，用 DeLong's 检验分析 AUC 差异。

结果 1. MRP 评分和 FIRST 简化版虚弱评分虚弱组患者早期 ≥ 3 级感染累积发生率均显著高于非虚弱组（52.54% vs 36.30%，51.85% vs 33.87%，P 均 < 0.05 ）。2. MRP 评分和 FIRST 简化版虚弱评分虚弱组患者 OS 和 PFS 均显著短于非虚弱组（OS: 34 个月 vs 76 个月和 36 个月 vs 76 个月；PFS: 15 个月 vs 33 个月和 16 个月 vs 34 个月；P 值均 < 0.001 ），同时有较高的死亡和疾病进展风险（OS: HR: 2.890 和 2.579；PFS: HR: 2.277 和 2.535）。3. 比较 MRP 评分和 FIRST 简化版评分对早期 ≥ 3 级感染累积发生率的预测性能不显著（AUC 值分别为 0.549 和 0.592），无统计学意义（P > 0.05 ）。4. 比较两种评分针对 OS 的预测性能，其 AUC 值分别为 0.664 和 0.631，无统计学差异（P > 0.05 ）；对 PFS 的 AUC 值分别为 0.622 和 0.618，无统计学意义（P > 0.05 ）。

结论 1. MRP 评分和 FIRST 简化版评分均能有效识别 NDMM 患者中早期高感染风险群体。2. MRP 评分和 FIRST 简化版虚弱评分可预测 NDMM 患者的预后。

PO-1899

多发性骨髓瘤患者既往或继发第二恶性肿瘤的临床特征及预后转归分析

许雪珠^{1,2}、刘睿^{1,2}、何爱丽^{1,2}、赵万红^{1,2}、王芳侠^{1,2}

1. 西安交通大学第二附属医院血液内科
2. 西安市血液疾病重点实验室

目的 探讨既往存在恶性肿瘤病史或多发性骨髓瘤(MM)继发第二恶性肿瘤患者的临床特点及预后转归。

方法 回顾性分析 2009 年 1 月到 2023 年 12 月就诊于西安交通大学第二附属医院的初诊 MM 患者的临床资料，从中检索出既往存在恶性肿瘤病史或继发第二恶性肿瘤的患者，评估其临床特征及预后转归。

结果 共纳入 696 例初诊 MM 患者，其中既往或者继发第二恶性实体肿瘤有 33 例。继发第二肿瘤者 13 例，发病率为 1.87%，其中血液系统肿瘤 3 例（骨髓增生异常综合征 1 例，急性淋巴细胞白血病 1 例，慢性粒细胞白血病 1 例），实体瘤 10 例（泌尿生殖系统 5 例，消化系统 3 例，呼吸系统 2 例），共有 3 例患者既往因 MM 接受过 CAR-T 治疗。既往恶性肿瘤病史组人数为 20，发病率为 2.87%，其中实体瘤 19 例（泌尿生殖系统 8 例，消化系统 8 例，呼吸系统 2 例，内分泌系统 1 例）。两组在第二肿瘤中位确诊年龄、第二肿瘤病种、恶性肿瘤诊断与 MM 诊断的中位间隔时间、DS 分期、ISS 分期、LDH、 β_2 微球蛋白、M 蛋白、无进展生存期、总生存期方面未见明显统计学差异。与继发组相比，既往病史组的 MM 中位确诊年龄较大（ $P=0.0192$ ）。继发组 MM 治疗完全缓解率可达 54.5%，显著高于既往病史组（ $P=0.0122$ ）。

结论 MM 患者中有 2.87% 的患者既往有恶性肿瘤病史，其确诊骨髓瘤时的年龄较继发组大，且该组人群 MM 治疗效果差。

PO-1900

既往有恶性肿瘤病史的多发性骨髓瘤患者的临床特征及预后转归分析

许雪珠^{1,2}、刘睿^{1,2}、何爱丽^{1,2}、赵万红^{1,2}、王芳侠^{1,2}

1. 西安交通大学第二附属医院血液内科
2. 西安市血液疾病重点实验室

目的 探讨既往有恶性肿瘤病史的多发性骨髓瘤(MM)患者的临床特点及预后转归。

方法 回顾性分析 2009 年 1 月到 2023 年 12 月就诊于西安交通大学第二附属医院的初诊 MM 患者的临床资料，从中检索出既往有恶性肿瘤病史的患者，评估其临床特征及预后转归。

结果 共纳入 696 例初诊 MM 患者，中位年龄为 62（38—91）岁。截至 2024 年 5 月 31 日，中位随访时间为 42 个月。既往有恶性肿瘤病史组人数为 20，发病率为 2.87%，中位发病年龄较一般 MM 人群显著增大，为 70（44—87）岁（ $P=0.0018$ ）。其中血液系统恶性肿瘤 1 例为 MDS，实体瘤 19 例（泌尿生殖系统 8 例，消化系统 8 例，呼吸系统 2 例，内分泌系统 1 例）。既往肿瘤的治疗方案包括放疗、化疗药物蒽环类、铂类、紫杉醇类、氟尿嘧啶类等。恶性肿瘤诊断与 MM 诊断间隔中位时间为 72 个月。MM 初始治疗方案包括烷化剂、免疫调节剂及硼替佐米。治疗后达到非常好的部分缓解及其以上的患者有 8 例（40%）。既往有恶性肿瘤病史的患者与无肿瘤病史的患者在 MM 初诊时的 DS 分期、ISS 分期、LDH、 β_2 微球蛋白、M 蛋白、无进展生存期方面未见明显统计学差异。与一般 MM 病人相比，既往有恶性肿瘤病史的患者中位生存时间显著缩短

($P=0.0427$)。

结论 MM 患者中有 2.78% 的患者既往有恶性肿瘤病史，该类人群 MM 的确诊年龄较大，预后相对较差，生存期较一般 MM 人群显著缩短。

PO-1901

重组人血小板生成素联合血小板生成素受体激动剂可促进 多发性骨髓瘤自体造血干细胞移植后造血重建

许雪珠^{1,2}、刘睿^{1,2}、赵万红^{1,2}、何爱丽^{1,2}、王芳侠^{1,2}

1. 西安交通大学第二附属医院血液内科

2. 西安市血液疾病重点实验室

目的 探讨重组人血小板生成素(rhTPO)联合血小板生成素受体激动剂(海曲泊帕)对多发性骨髓瘤(MM)自体造血干细胞移植后造血重建的影响。

方法 回顾性选取 2018 年 1 月到 2023 年 12 月于西安交通大学第二附属医院接受自体造血干细胞移植的 MM 患者，将其中使用 rhTPO 联合海曲泊帕的 35 例患者设为观察组，仅接受 rhTPO 治疗且基线无统计学差异的 60 例患者设为对照组，观察并比较两组患者粒系、巨核系的植活时间与血小板、红细胞输注及不良反应发生情况。所有患者均采用大剂量马法兰预处理方案。

结果 观察组中性粒细胞植入中位时间为 10 (6~15) d，血小板植入中位时间为 9 (3~13) d，均较对照组显著缩短(粒细胞： $P<0.001$ ；血小板： $P<0.001$)。观察组血小板输注量的中位数为 1 (0~5) 单位，G-CSF 使用总量中位数为 3000 (1150~6000) μg 。相较于对照组，观察组对 G-CSF、输血的依赖性更低(G-CSF： $P=0.01$ ；输血： $P=0.007$)。所有患者均未发生任何不良事件。没有患者因不良反应而停止海曲泊帕或 rhTPO 治疗。

结论 海曲泊帕联合 rhTPO 的治疗方案可促进多发性骨髓瘤自体造血干细胞移植后的粒系、巨核系的植活，同时降低输血依赖性。重要的是，加用海曲泊帕后，未观察额外不良反应的发生。

PO-1902

累及中枢神经系统多发性骨髓瘤患者的临床特征、 治疗结局及预后影响因素

李林宇¹、赵洁¹、高志林¹、朱秋娟¹、段丽祥²、张岚³、高国荣⁴、李志华⁵、田卫伟¹

1. 山西医科大学第三医院(山西白求恩医院 山西医学科学院 同济山西医院)

2. 运城市中心医院

3. 山西医科大学第一医院

4. 临汾市人民医院

5. 国药同煤总医院

目的 探讨累及中枢神经系统多发性骨髓瘤(CNS-MM)患者的临床特征、治疗结局。

方法 回顾性分析 2016 年 1 月 1 日至 2024 年 6 月 1 日期间在山西省多中心 CNS-MM 患者的临床资料，分析临床特征及预后。

结果 16 例患者纳入研究，4 例为原发性 CNS-MM。12 例为继发性 CNS-MM，从初诊到继发 CNS-MM 的中位发病间隔时间为 25.1 (8.3~53.6) 月。在 CNS 受累的具体情况中，8 例为脑实质受累，1 例为脑脊液受累，7 例出现神经系统受累症状，且均排除药物影响及其他疾病影响。在治疗方面，共 15 例患者接受治疗，包括药物联合治疗、放疗、鞘内注射、CAR-T 细胞疗法在内的综合治疗，具体到 CAR-T 细胞疗法，4 例患者接受了此类治疗，包括病例 4 (药物联合治疗+CAR-T 疗法)、

病例 5（药物联合治疗+放疗+CAR-T 疗法）、病例 6（药物联合治疗+放疗+CAR-T 疗法）和病例 10（药物联合治疗+CAR-T 疗法+鞘内注射）；此外，3 例患者接受了鞘内注射化疗药物，具体方案包括病例 10、病例 13（药物联合治疗+鞘内注射）和病例 16（仅鞘内注射）。治疗结果显示，所有患者中位总生存时间（OS）为 29.63（1.6~114.17）月。而确诊 CNS-MM 后的中位总生存期（OS）为 4.8（0.6~46.17）月，中位无进展生存期（PFS）为 3（0.6~34.0）月。原发 CNS-MM 患者有 3 例（病例 10-12）接受了治疗，确诊后中位 PFS 为 12.47（0.7-34.0）月，中位 OS 为 13.77（1.6-34.0）月。继发 CNS-MM 患者全部接受了治疗（病例 1-9、13-16），确诊后中位 PFS 为 2.37（0.6~17.67）月，中位 OS 为 4.5（0.2~46.17）月。接受非 CAR-T 治疗患者的中位 PFS 为 1.67（0.6~12.47）月，中位 OS 为 2.42（0.2~46.17）月；接受 CAR-T 细胞疗法的患者显示出了较长时间的生存，分别为 3 月、7.07 月、17.67 月、34 月。

结论 CNS-MM 患者的预后通常较差，但治疗选择的多样性为改善患者生存提供了可能。CAR-T 细胞疗法在延长患者生存期方面展现出显著潜力，未来的研究需要进一步探索和确定最佳的治疗策略，以期改善 CNS-MM 患者的临床结果。

PO-1903

基于孟德尔随机化分析研究静脉炎及血栓性静脉炎与多发性骨髓瘤的因果关系及血管生成素-1 受体水平的中介作用

张辉^{1,2}、吴婧亚³、卢学春^{1,2}

1. 山西医科大学

2. 中国人民解放军总医院第二医学中心血液病科

3. 江西冶金职业技术学院

目的 一些包括静脉炎及血栓性静脉炎的研究已经提出了与某些癌症增加的风险之间的关系，尤其是多发性骨髓瘤。静脉炎及血栓性静脉炎导致的长期炎症可能增加某些癌症的风险，但这并不意味着所有的静脉炎及血栓性静脉炎患者都会发展为多发性骨髓瘤，在一些研究中已经观察到某些炎症性疾病可能增加患者患有某些类型的癌症的风险。然而，对它们之间关系的潜在机制的研究仍然不足。本文探究静脉炎及血栓性静脉炎与多发性骨髓瘤之间的关系，使用孟德尔随机化（MR）方法来评估其因果关系，并利用两步孟德尔随机化分析揭示了血管生成素-1 受体水平在其中的潜在中介作用。

方法 采用双样本孟德尔随机化(MR)对 GWAS 数据 (finn-b-I9_PHELETHROM) 462,933 例静脉炎及血栓性静脉炎患者 9,851,867 个 SNP 作为暴露数据和 (ieu-b-4957) 372,617 例多发性骨髓瘤患者 8,615,746 个 SNP 作为结局数据进行全基因组关联汇总统计分析。此外，本研究利用两步孟德尔随机化分析鉴定出静脉炎及血栓性静脉炎和多发性骨髓瘤之间的中介因素血管生成素-1 受体水平 (ebi-a-GCST90012013)。采用 5 种 MR 方法，包括 MR Egger、加权中位数、逆方差加权(IVW)、简单模型和加权模型，对因果关系进行稳健性分析。以五种 MR 方法中至少 IVW 产生的 $P < 0.05$ 为标准，确定静脉炎及血栓性静脉炎对多发性骨髓瘤的因果效应显著，并进行敏感性分析来验证结果的可靠性。此外，利用两样本 MR 方法对中介因素结果分析，评估暴露对结果的因果效应 (β_0)，暴露对中介的因果效应 (β_1)，中介对结果的因果效应 (β_2)。最后通过计算得出暴露对结果的中介效应，中介比和暴露对结果的直接影响。

结果 ①两样本孟德尔随机化分析显示，静脉炎及血栓性静脉炎增加了 MM 的风险 ($OR=1.0049$ ， $95\%CI: 1.0012\sim 1.0085$ ， $P=0.0089$)，静脉炎及血栓性静脉炎对血管生成素-1 受体水平存在正向因果关系($OR=1.0527,95\%CI$ 为 $1.0173\sim 1.0922,P=0.0036$)，血管生成素-1 受体水平对 MM 表现为正向因果关系($OR=1.0059,95\%CI$ 为 $1.0019\sim 1.0101,P=0.0040$)；②敏感性分析结果表明因果关系稳健；③两步两样本孟德尔随机化分析发现，血管生成素-1 受体水平是静脉炎及血栓性静脉炎与多发性骨髓瘤正相关因果关系的中介因素。中介效应 $\beta_1 \times \beta_2 = 0.3151\%$ ，中介效应比 $B=(B_1 \times B_2)/B_0 = 6.444\%$ ，暴露对结果的直接影响 $\beta_0 - \beta_1 \times \beta_2 = 4.575\%$ 。

结论 静脉炎及血栓性静脉炎可增加患多发性骨髓瘤风险，血管生成素-1 受体水平是静脉炎及血栓性静脉炎与多发性骨髓瘤相关的潜在中介因素。这项研究证明了静脉炎及血栓性静脉炎对静脉炎及血栓性静脉炎的因果影响，并提供了两种疾病之间潜在的分子联系。

PO-1904

伴 t(11;14)初诊多发性骨髓瘤的生存分析

刘昀彤、安刚

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 分析 t(11;14)初诊多发性骨髓瘤（newly diagnosed multiple myeloma, NDMM）患者接受不同治疗方案下的生存结局，探讨不同方案的优劣势。

方法 回顾性分析 2010 年 1 月至 2021 年 6 月于中国医学科学院血液病医院就诊的 NDMM 患者作为研究对象，根据 iFISH 技术检测细胞遗传学异常情况，排除伴有高危遗传学异常的患者【高危定义为 del(17p)、1q21+、del(1p)、t(4;14)、t(14;16)】，纳入患者分为 t(11;14)组和非 t(11;14)标危组。

结果 本研究共纳入 t(11;14)患者 99 例和非 t(11;14)标危组 224 例。在接受蛋白酶体抑制剂（proteasome inhibitors, PI）单药为基础的治疗方案（如 BCD、PAD）的患者中，伴有 t(11;14)的患者的无进展生存期（progression-free survival, PFS）劣于标危组患者（41.2 vs. 73.6 个月； $P=0.054$ ），并转换为早期死亡率的升高（40 个月里程碑分析， $P=0.074$ ）。但在总队列和接受 PI 联合免疫调节剂治疗方案的患者中，t(11;14)组患者的 PFS 和 OS 与标危组相似。在接受维持治疗的患者中，接受自体造血干细胞移植（autologous stem cell transplant, ASCT）不再显著改善伴有 t(11;14)患者的 PFS 和 OS，但仍然改善标危组患者的预后。

结论 仅伴有 t(11;14)患者的预后与标危患者一致，可以获得长期生存。但 PI 单药对 t(11;14)患者的预后改善有限。此外，只要接受维持治疗，ASCT 或许不是 t(11;14)患者的必要选择。

PO-1905

t(11;14)多发性骨髓瘤患者的疗效动力学分析

刘昀彤、安刚

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨 t(11;14)初诊多发性骨髓瘤（newly diagnosed multiple myeloma, NDMM）患者疗效动力学与预后的关系。

方法 回顾性分析 2010 年 1 月至 2021 年 6 月于中国医学科学院血液病医院就诊的 NDMM 患者作为研究对象，使用 iFISH 技术检测细胞遗传学异常情况。高危组定义为伴有 del(17p)、1q21+、del(1p)、t(4;14)、t(14;16)，非高危患者分为标危组和 t(11;14)alone 组。

结果 本研究共纳入标危组患者 224 例，t(11;14)alone 患者 99 例，高危组 409 例。t(11;14)组患者的 PFS 和 OS 与标危组相似。然而，t(11;14)alone 组的 CR 率（50.0% vs. 66.8%，OR=0.50 [95% CI, 0.30–0.82]， $P=0.005$ ）和 MRD 阴性率（60.0% vs. 76.0%，OR 0.48 [95% CI, 0.27–0.84]； $P=0.009$ ）均明显低于标危组，反而与高危组接近。t(11;14)alone 组达 CR 时间显著长于标危组和高危组（t(11;14)alone: 7.85 个月，标危组: 5.16 个月，高危组: 6.21 个月， $P<0.05$ ），达 MRD 阴性时间也 longer（ $P<0.001$ ）。累积发生曲线显示 t(11;14)alone 组患者的达 CR 速度（t(11;14)alone vs. 标危 $P=0.004$; t(11;14)alone vs. 高危 $P=0.038$ ）和达 MRD 阴性速度（t(11;14)alone vs. 标危: $P<0.001$; t(11;14)alone vs. 高危 $P<0.001$ ）显著慢于标危组和高危组。

结论 尽管伴有 t(11;14)的 NDMM 患者只能达到较差的缓解深度，但生存结局仍然良好。这可能与这组患者缓解速度较慢有关。

PO-1906

伴有 MAF 易位的多发性骨髓瘤患者预后不良

刘昀彤、安刚

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 由于发生率较低，而且常常伴随其他高危遗传学异常，t(14;16)/t(14;20)在多发性骨髓瘤的预后价值受到质疑。本研究旨在验证 t(14;16)/t(14;20)在新诊断多发性骨髓瘤（newly diagnosed multiple myeloma, NDMM）患者中的独立预后价值。

方法 回顾性分析 2010 年 1 月至 2021 年 6 月于中国医学科学院血液病医院就诊的 NDMM 患者，所有患者使用 iFISH 技术检测细胞遗传学异常情况，根据是否伴有 t(14;16)/t(14;20)分为 MAF 易位组和非 MAF 易位组。

结果 MAF 易位发生在 4.2%（35/830）NDMM 患者。其中 82.9%（29/35）的 MAF 易位患者伴随其他高危遗传学异常【定义为 del(17p)、1q21+、del(1p)】，这显著高于对照组（ $P < 0.05$ ）。PSM 前分析显示，伴有 t(14;16)/t(14;20)的 NDMM 患者的无进展生存期（progression-free survival, PFS: 16.7 vs. 55.0 个月， $P < 0.001$ ）和总生存期（overall survival, OS: 36.0 vs. 未达到， $P < 0.001$ ）显著短于非 MAF 易位组。多因素 COX 回归分析显示，MAF 易位是 NDMM 患者 PFS 和 OS 的独立预后因素（ $P < 0.05$ ）。PSM 匹配得到 28 例患者伴 t(14;16)/t(14;20)和 81 例对照组，并得到相似的生存分析结果。在 R2-ISS 分期中，t(14;16)和 t(14;20)没有被纳入。分析显示，t(14;16)/t(14;20)可以将 R2-ISS II 和 III 期进一步区分为预后完全不同的两组患者（ $P < 0.001$ ）。

结论 本研究结果证明 t(14;16)/t(14;20)是多发性骨髓瘤患者重要的不良预后因素，有必要纳入预后风险分层。这组患者常常早期复发而生存期较短，应该考虑早期强化治疗延缓进展。

PO-1907

DREAMM-7 更新:玛贝兰妥单抗 (belamaf) + 硼替佐米和地塞米松 (BVd) 对比达雷妥尤单抗+硼替佐米和地塞米松 (DVd) 在治疗复发/难治性多发性骨髓瘤 (RRMM) 中的 3 期试验的亚组分析

María Victoria Mateos Manteca¹、Pawel Robak²、Marek Hus³、Chengcheng Fu⁴、Vera Zherebtsova⁵、Christopher Ward⁶、P. Joy Ho⁷、Ana Carolina de Almeida⁸、Roman Hajek⁹、Kihyun Kim¹⁰、Meletios Dimopoulos¹¹、Claudio Cerchione¹²、Nick Pirooz¹³、Astrid McKeown¹⁴、Benga Kazeem¹⁴、Hena Baig¹⁵、Lydia Eccersley¹⁶、Sumita Roy-Ghanta¹³、Joanna Opalinska¹³、Vania Hungria¹⁷

1. Hospital Universitario de Salamanca, Salamanca, Spain

2. Medical University of Lodz, Lodz, Poland

3. Medical University of Lublin, Poland

4. The First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, China

5. Gorodskaya Klinicheskaya Bol'nitsa Im. S.p. Botkina, Moscow, Russia

6. Royal North Shore Hospital, Sydney, NSW, Australia

7. Royal Prince Alfred Hospital, Camperdown, NSW, Australia

8. Centro de Pesquisa e Ensino em Saúde de Santa Catarina, Florianópolis, Brazil

9. University Hospital Ostrava and University of Ostrava, Ostrava, Czech Republic

10. Sungkyunkwan University, Samsung Medical Center, Seoul, Republic of Korea

11. National and Kapodistrian University of Athens, Athens, Greece

12. Hematology Unit, Istituto Romagnolo per lo Studio dei Tumori "Dino Amadori" - IRST IRCCS, Meldola, Italy

13. GSK, Upper Providence, PA, USA

14. GSK, Stevenage, UK

15. GSK, Mississauga, ON, Canada

16. GSK, London, UK

17. Clinica São Germano, São Paulo, Brazil

目的 患有 RRMM 且预后不良的患者 (pts)，如高危细胞遗传学或对主要药物难治的患者，仍然存在尚未满足的临床需求。DREAMM-7 (NCT04246047) 中，BVd 与标准治疗 DVd 相比，在 RRMM 患者中显示出统计学意义和临床意义的无进展生存期 (PFS) 获益。DREAMM-7 的更新进一步分析结果能更好地展示关键亚组的疗效。

方法 LOT \geq 1 次的患者随机 (1:1) 接受 BVd 或 DVd。主要终点是独立评审委员会评估的 PFS。次要终点包括总生存期 (OS)、缓解持续时间和客观缓解率 (ORR)。

结果 意向治疗 (ITT) 包括 494 名患者：BVd: 243 人；DVd: 251 人。BVd 的中位 PFS (mPFS) 为 36.6 个月，DVd 为 13.4 个月，BVd 的 ORR 为 82.7%，DVd 为 71.3%。BVd 的 CR 高于 DVd (34.6% vs 17.1%)。基线时，BVd 有 79 例 (33%) vs DVd 有 87 例 (35%) 对来那度胺 (LEN) 耐药。在 LEN 耐药亚组中，BVd vs DVd 的 mPFS 更优 (25 个月 vs 8.6 个月)，BVd 与 DVd 相比，ORR 更高 (84% vs 61%)。在 BVd 和 DVd 两组中，分别有 67 例 (28%) 和 69 例 (27%) 患者至少存在一种高危细胞遗传学异常。在此亚组中，BVd 的 mPFS 为 33.2 个月，DVd 为 10.5 个月，该亚组中，BVd 与 DVd 相比 ORR 更佳 (85% vs 67%)。

在 ITT 中，DVd 的死亡人数 (35%) 多于 BVd (22%)；两组均未达到中位 OS。两组所有受试者均发生了 \geq 1 级 AE，95% 的 BVd 受试者和 76% 的 DVd 受试者报告了 3/4 级 AE。50% 的 BVd 受试者和 37% 的 DVd 受试者报告了 SAE。BVd 与 DVd 相比，眼部 AE 发生率更高 (79% vs 29%)。

结论 DREAMM-7 证实了 BVd 对比 DVd 的 PFS 获益，在 2L+ RRMM 患者中，mPFS 提高了 23 个月。这些结果表明，BVd 在有大量未满足需求的关键亚组中具有疗效优势。

资金声明：GSK(207503)

PO-1908

2 例超高龄虚弱的高危多发性骨髓瘤患者 BCMA CAR-T 治疗的临床治疗体会

杨涵善、向茜茜、高力、刘波、李佳丽、曾韞璟、周沙、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探索 BCMA CAR-T 治疗超高龄虚弱的高危一线治疗后进展的多发性骨髓瘤（MM）患者的疗效与安全性。

方法 纳入 2023 年 12 月至 2024 年 5 月陆军军医大学新桥医院血液病医学中心 2 例多发性骨髓瘤患者，平均年龄 81 岁（80-82 岁），均为男性。1 例为 IgA-λ 型，1 例为 λ 轻链型，1 例伴 1q21 扩增和 TP53 阳性，1 例伴 1q21 扩增，危险度分层高危。2 例为肾功能（CDK）四期及以上，1 例需血液透析治疗；2 例均合并高血压、糖尿病，其中 1 例有结直肠癌、前列腺癌手术史并合并急性肺栓塞。2 例患者一线使用 VRD 方案诱导治疗后达到 VGPR，均因药物不耐受维持治疗不规范导致疾病进展。淋巴细胞单采后给与达雷妥尤单抗联合硼替佐米、地塞米松桥接治疗一个周期。给予氟达拉滨和环磷酰胺清淋预处理后输注 BCMA CAR-T 细胞（ $1\sim 6\times 10^6$ CAR+ cells/kg）。

结果 2 例患者清淋预处理后出现 III 级骨髓抑制，未使用 G-CSF，未出现严重感染及出血，造血恢复时间 5-7 天；1 例因预处理药物毒性所致肾功能损害加重进行了连续性肾脏替代治疗。BCMA CAR-T 细胞输注后均出现细胞因子释放综合征（CRS），1 例为 1 级，1 例 2 级，给与解热镇痛药物及地塞米松处理后好转；未出现免疫效应细胞相关神经毒性综合征（ICANS）。CAR-T 细胞扩增达高峰时间为 7-11 天，一月后复查仍可检测出 BCMA CAR-T 细胞低水平表达。治疗后疗效评估 1 例达 CR，1 例达 VGPR。目前定期随访中，1 例患者肾功恢复正常，1 例患者肾功部分恢复已脱离透析。

结论 BCMA CAR-T 细胞免疫治疗超高龄、虚弱、一线治疗后复发/进展的 MM 患者疗效较理想，且安全性可靠。

PO-1909

一例多发性骨髓瘤患者自体干细胞移植期间耐碳氢霉烯肺炎 克雷伯杆菌脓毒症合并播散性皮肤软组织脓肿的诊断和治疗

孙慧猛、王冰洁、梁曠隐、李渊、任汉云、董玉君
北京大学第一医院

目的 耐碳氢霉烯肺炎克雷伯杆菌（CRKP）是血液肿瘤患者中最常见的耐碳氢霉烯肠杆菌，是治疗相关死亡的重要原因，提升其诊断和治疗能力至关重要。

方法 回顾性分析一例多发性骨髓瘤（multiple myeloma, MM）患者移植期间 CRKP 感染的诊断和治疗经过，总结 CRKP 重症感染的诊治思路。

结果 61 岁男性，确诊为多发性骨髓瘤 IgGκ 型 III 期（DS 分期），多周期化疗后部分缓解。大剂量马法兰方案预处理后出现粒细胞缺乏。+4d 患者出现持续高热，给予比阿培南、万古霉素无效，加用替加环素。患者数小时后出现休克，予补液及粘菌素治疗。血培养为 CRKP，仅对替加环素、粘菌素及头孢他定阿维巴坦敏感。患者体温下降趋势，但持续 SIRS 状态，联合头孢他定阿维巴坦治疗，体温及炎症指标明显改善，但出现意识障碍、呼吸衰竭，行气管插管后一般情况好转，体温正常，炎症指标下降。但患者开始出现手指及上臂皮肤结节、下肢皮肤软组织肿胀、破溃，脓液培养为 CRKP，基因分型均为 ST11 K47。予抗感染及脓肿引流治疗，逐渐恢复。患者移植后随访 30 月，来那度胺维持，原发病稳定，一般情况良好。

结论 血液肿瘤患者在粒细胞缺乏状态时，非高毒力 CRKP 即可导致脓毒血症及全身播散感染，预后极差，及时确诊病原体及联合治疗能够改善部分患者结局。

PO-1910

多发性骨髓瘤患者的焦虑抑郁状况及影响因素分析

付蓉^{1,2}、高梦冉^{1,2,3}、张薇^{1,2}、刘洁^{1,2}、任建兰^{1,2}、申莉^{1,2,3}

1. 天津医科大学总医院

2. 天津市骨髓衰竭及癌性造血克隆防治重点实验室

3. 天津医科大学

目的 探讨多发性骨髓瘤患者焦虑抑郁的发生率及影响因素

方法 选取 2021 年 9 月—2023 年 10 月天津医科大学总医院血液科 335 例多发性骨髓瘤患者为研究对象。采用广泛性焦虑障碍量表（GAD-7）和抑郁自评量表（PHQ-9）评估患者焦虑抑郁情况，采用口述疼痛评分量表（VPRS）和总神经病变评分表缩减版（TNSr）评估患者疼痛及周围神经病变程度，整合患者个人信息、疾病信息、实验室检查等资料，分析患者焦虑抑郁的发生率和相关影响因素。

结果 多发性骨髓瘤患者焦虑、抑郁的发生率分别是 20%、27.2%，合并周围神经病变是出现焦虑抑郁的独立危险因素。

结论 多发性骨髓瘤患者焦虑抑郁的发生率较高，与其周围神经病变的严重程度显著相关。临床医生应重视神经症状的早期干预和情绪问题的评估管理，应对“身”“心”进行全程全方位管理！

PO-1911

1 例 IgE-κ 型多发性骨髓瘤临床检验诊断并文献复习

王显凤、朱颖、陈春英、邵萌、方志平、梁超、李昕权

北京迪安医学检验实验室有限公司，迪安诊断血液事业部

目的 报告 1 例 IgE-κ 型多发性骨髓瘤的实验诊断与相关文献复习。

方法 应用血清蛋白电泳、免疫固定电泳、骨髓细胞形态学、免疫分型、细胞遗传学及分子生物学等方法，定性定量鉴定患者临床标本，进行多发性骨髓瘤的诊断和分型，分析文献报道的 71 例 IgE 型多发性骨髓瘤的临床与检验资料。

结果 该患者先后接受 VCD 和 IRD 方案治疗已 30 月，临床表现好转，骨髓完全缓解，流式细胞检测残留细胞为 10^{-4} 水平，未达到较深度的微小残留病状态，骨髓瘤负荷仍很高。文献复习 1967-2020 年报道的 71 例 IgE 型多发性骨髓瘤，不足全部多发性骨髓瘤的 0.01%。以往 IgE 型 MM 多对常规化疗反应不佳，平均生存时间约 12.5 月，很少生存超过 24 月，本例还在临床观察中，生存时间已高于文献记录。

结论 结合临床，现代检验技术可以特异敏感的诊断 IgE 多发性骨髓瘤，指导临床探索更有效的治疗。

PO-1912

POEMS 综合征 31 例临床特征及诊治分析

邵晓雁、沈凯、贲宇、周荣富、陈兵
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 研究 POEMS 综合征患者的临床特征,探讨 POEMS 综合征患者的主要临床表现和相关检查结果的影响因素,提升临床医生对 POEMS 综合征的认识水平,减少该病的漏诊率和误诊率。

方法 回顾性分析在南京鼓楼医院就诊的 31 例 POEMS 综合征患者的临床资料,包括患者初诊年龄、性别、首发症状及就诊过程等,总结其临床特征、诊疗经过及转归。

结果 31 例 POEMS 综合征患者的中位发病年龄为 56 (34-76) 岁,男女之比为 1.89 : 1。自发病至明确诊断的时间为 6 个月 (2~36 个月)。患者初诊科室多为血液科 (38.6%)、神经内科 (38.50%)、肾内科 (15.4%)、消化科 (11.5%)、风湿免疫科 (3.8%)、骨科 (3.8%) 和胸外科 (3.8%),但确诊科室主要集中在血液内科和神经内科。患者常见症状包括周围神经病变 (87.1%),器官肿大 (74.2%)、内分泌功能异常 (80.6%)、单克隆性浆细胞疾病 (81.5%)、皮肤色素改变 (41.9%)。31 例患者中 27 例行免疫固定电泳检查,轻链以 Lamda 阳性为主,仅 1 例为 kappa 阳性,重链 IgA 阳性者 23 例,IgG 阳性者 4 例。治疗方案主要为硼替佐米和来那度胺,其中 11 例患者接受以硼替佐米为主方案的治疗,7 例患者接受以来那度胺为主的方案治疗。在临床可评估疗效的 10 例患者中,4 例达到 CRv,3 例达到 PRv,2 例达 NRv,其中接受自体造血干细胞移植的 3 例患者中,1 例达 CRv,2 例达 PRv。31 例中患者中误诊及漏诊率高达 41.9%。常见的误诊包括格林巴利综合征 3 例、周围神经病 2 例、肾病综合征 2 例、贫血 1 例、腰椎间盘突出 1 例、布加综合征 1 例和甲状腺功能减退 1 例,诊断不清 2 例。误诊及漏诊的主要原因为 POEMS 综合征临床表现多样且非特异,非血液专科医生不易识别。

结论 POEMS 综合征是一种少见的副肿瘤综合征,与浆细胞病变密切相关。由于起病隐匿,易误诊、漏诊,临床表现复杂多样且呈高度异质性,对于不明原因的慢性进展性周围神经病伴皮肤色素沉着应警惕该病,以免误诊误治疗,及时进行 M 蛋白的筛查有助于 POEMS 综合征的早期诊断。硼替佐米或来那度胺等药物可用于一线治疗,有条件者建议行自体造血干细胞移植。

PO-1913

PCDH10 inhibits proliferation, migration and angiogenesis of multiple myeloma cells via PI3K/AKT

Chensi Zeng, Chunyan Xiao, Yao Ding, Lingqian Zhang, Wu Jing, Yingy Nan, Yao Liu
Cancer Hospital, Chongqing University

Objective The aim of this study was to investigate the underlying molecular mechanism of the anticancer activity of PCDH10.

Methods We used pharmacological demethylation and transfection strategy to reactive the silenced gene. Proliferation rate was measured by MTT assay.

Results The result of transwell and tube formation assay indicated that PCDH10 significantly reduced cancer cells migration and invasion in vitro and suppressed angiogenesis. In addition, associated genes and proteins were tested by western blot, PCDH10 decreased the expression of PI3K, AKT, p-AKT, p-p70S6K, p-mTOR, cyclinD1, MMP-2, MMP-9 and VEGF.

Conclusion In conclusion, our research provided a direct evidence that PCDH10 prevented tumor growth and metastasis. PCDH10 may triggered a remarkable suppression of the PI3K/AKT signaling pathway in MM cells.

PO-1914

CAR-T 治疗复发难治性多发性骨髓瘤中早期生物学标志物对 CRS 发生及严重程度预警的研究

闫志凌、徐海浪、孙乾、张焕新、刘琼、曹江、陈伟、程海、李振宇、徐开林
徐州医科大学附属医院

目的 探讨嵌合抗原受体 T 细胞 (Chimeric Antigen Receptor T cell, CAR-T) 治疗复发/难治性多发性骨髓瘤 (R/R MM) 早期生物学标志物对 CRS 的发生及严重程度的预警作用。

方法 本研究纳入 2020 年 10 月至 2023 年 1 月在徐州医科大学附属医院血液科接受 CAR-T 细胞治疗、并进行早期生物学标志物检测的 56 例复发/难治性多发性骨髓瘤患者。分析 CAR-T 细胞输注后前 3 天 14 种生物学标志物浓度水平变化与细胞因子释放综合征(cytokine release syndrome, CRS) 的发生及严重程度的关系。

结果 CAR-T 细胞输注后 CRS 中位发生时间是细胞输注后第 8 天 (4-23), 中位持续时间是 3 天 (1-12)。47 (83.9%) 例患者发生了 CRS, 包括 43 (76.8%) 例轻度 CRS (1-2 级) 和 4 (7.1%) 例重度 CRS (3-5 级)。细胞输注后早期 IL-6 (OR:1.018,95%CI: 1.000-1.036) 和 IL-10 (OR:1.037,95%CI: 1.001-1.063) 浓度水平与 CRS 发生及严重程度密切相关。根据受试者工作曲线 (ROC) 及曲线下面积 (AUC) 分析得出 IL-6 和 IL-10 联合预测 CRS 价值最大。

结论 IL-10 和 IL-6 联合可作为 CAR-T 细胞治疗后 CRS 的早期预警标志物。

PO-1915

NCX1/Ca²⁺ promotes autophagy and decreases bortezomib activity in multiple myeloma through non-canonical NF κ B signaling pathway

Tingting Li, Jun Liu, Yao Liu
Affiliated Hospital of Zunyi Medical University

Objective Although bortezomib (BTZ) is the cornerstone of anti-multiple myeloma (MM) therapy, the inevitable primary and secondary drug resistance still seriously affects the prognosis of patients. New treatment strategies are in need. Sodium-calcium exchanger 1 (NCX1) is a calcium-permeable ion transporter on the membrane, and our previous studies showed that low NCX1 confers inferior viability in MM cells and suppressed osteoclast differentiation. However, the effect of NCX1 on BTZ sensitivity of MM and its possible mechanism remain unclear. Elucidate the molecular mechanism by which NCX1/Ca²⁺ regulates MM cell autophagy and thereby affects BTZ sensitivity, providing a theoretical basis for a deeper understanding of the BTZ resistance mechanism of myeloma and the development of new therapeutic targets.

Methods We investigated the effect of NCX1 on BTZ sensitivity in MM by immunohistochemistry, western blot, colony formation, flow cytometry and luciferase activity assay, focusing on the processes of autophagic flow by electron microscopy and confocal microscopy. And in vivo, the antitumor effects of NCX1 inhibition combined with BTZ treatment were proved by myeloma xenograft mouse model.

Results The findings can be summarized as follows: 1) High NCX1 expression in MM was positively correlated with serum calcium, β 2M, whereas low NCX1 expression had better OS in MM patients treated with BTZ. 2) Inhibition of NCX1 expression in MM cell lines synergized with BTZ to suppress MM cell viability and trigger apoptosis. 3) Inhibition of NCX1 can reverse the autophagic flux and BTZ resistance induced by the high extracellular calcium microenvironment.

4) The inhibitory effect of NCX1/Ca²⁺ on BTZ sensitivity may be associated with increased autophagy through activating the non-canonical NFκB signaling pathway. 5) NCX1-mediated extracellular calcium influx activated the NFκB2 signaling pathway, while NFκB2 activation promoted NCX1 transcription levels, thus forming a positive feedback loop between NCX1/Ca²⁺ and activation of the NFκB2 signaling pathway(Figure).Furthermore, we demonstrated that NCX1-knockdown combined with BTZ treatment produced superior antitumor effects in a subcutaneous xenograft model of MM mouse compared to either single treatment.

Conclusion This work implicates NCX1 as a potential therapeutic target in MM with BTZ resistance and provides novel mechanistic insights into its vital role in combating drug resistance.

PO-1916

多发性骨髓瘤合并糖尿病患者肾功能不全病因的早期鉴别模型构建

武晗¹、李曼宁¹、陈一瑞¹、童向民²

1. 浙江省人民医院

2. 杭州市第一人民医院

目的 多发性骨髓瘤（Multiple Myeloma, MM）是血液系统第二大恶性肿瘤，肾功能不全是常见并发症之一，合并肾功能不全患者常常预后较差，早期诊断和治疗对于改善患者预后至关重要。作为活动性骨髓瘤的诊断依据之一，患者是否存在肾功能不全与患者的诊断和是否需要启动治疗密切相关。但多发性骨髓瘤患者多合并糖尿病二者均可导致肾功能不全的发生，且多发性骨髓瘤相关肾功能不全和糖尿病肾病常缺乏病理诊断依据，为肾功能不全病因的诊断带来困难。对于新诊断的多发性骨髓瘤合并糖尿病患者，肾功能不全的病因直接影响到疾病的诊断及后续是否进行治疗的决定。因此，本研究基于临床常见实验室指标建立有效的鉴别诊断模型，以期在初诊患者中对肾功能不全病因进行初筛，为后续诊断及治疗方案选择提供方向。

方法 回顾性研究 2013-2023 年浙江省人民医院血液科 NDMM 伴 RI 患者 200 例、内分泌科 DM 伴 RI 患者 200 例及以肾功能不全就诊的 NDMM 合并 DM 患者 50 例。收集患者的临床、实验室资料。将 400 例患者以 7: 3 分为训练组和内部验证组，50 例 NDMM 合并 DM 及 RI 患者作为外部验证组。对变量进行单因素、多因素分析，建立 Logistic 回归模型；另外将所有变量纳入建立决策树模型，计算出两个模型的 ROC 曲线、AUC 值及 DCA 曲线评估模型的性能。

结果 训练组单因素分析中尿糖、总蛋白、白蛋白、球蛋白、白球比、葡萄糖、肌酐、肌酸激酶、血小板、血钙、血红蛋白在 MM 组和 DKD 组有统计学差异（ $P < 0.05$ ），多因素分析后尿糖（OR: 0.017, 95%CI: 0.002-0.110）、球蛋白（OR: 1.316, 95%CI: 1.058-1.737）、葡萄糖（OR: 0.51, 95%CI: 0.342-0.696）、血钙（OR: 8.601, 95%CI: 1.091-86.084）、血红蛋白（OR: 0.935, 95%CI: 0.907-0.959）纳入 Logistic 回归模型。该模型内部及外部验证 AUC 分别为 0.987（95% CI: 0.970-0.998）、0.832（95% CI: 0.708-0.935）；决策树模型内及外部验证 AUC 值为分别为 0.918（95% CI: 0.860-0.967）、0.893（95% CI: 0.819-0.960）。与 Logistic 回归模型相比，决策树模型在外部验证组表现出较好的预测性能；此外，决策树模型变量重要性图显示白球比、血红蛋白、肌酸激酶、球蛋白、葡萄糖、总蛋白、乳酸脱氢酶、肌酐、血小板是决策树模型中比较重要的 9 个变量，对预测结果有较大贡献。

结论 本研究建立了 Logistic 回归模型和决策树模型。在本研究中心决策树模型对 MM 合并 DM 患者 RI 病因诊断显示出更佳的效能，并对其进行决策树可视化；协助临床医生进行疾病早期鉴别和诊断，为患者最佳治疗方案提供思路，以期改善 MM 合并 RI 患者的临床预后。

PO-1917

通过抑制硫氧还蛋白可以促进多发性骨髓瘤细胞铁死亡事件的发生

刘家希、刘睿、缪吉玉、吕杨、许雪珠、翟梦、张茹、任晓敏、何爱丽
西安交通大学第二附属医院

目的 通过抑制硫氧还蛋白（Thioredoxin, TXN）的表达和功能，探究多发性骨髓瘤（Multiple Myeloma, MM）细胞铁死亡表型的变化。

方法 siRNA 技术敲低 MM 细胞系（RMP18226 和 MM.1S）中的 TXN，使用 TXN 抑制剂 Ferroptocide（FCD）处理 MM 细胞系并同时使用铁死亡抑制剂 Ferrostatin-1（Fer-1）进行挽救实验，检测细胞增殖情况、活性氧（ROS）水平以及脂质过氧化水平以明确细胞是否发生铁死亡。

结果 ①siRNA 敲低 TXN 以及 FCD 处理均可以导致 MM 细胞增殖受限（ $P<0.05$ ），FCD 处理导致的细胞增殖受限可以被 Fer-1 逆转；②siRNA 敲低 TXN 以及 FCD 处理细胞后，胞内 ROS 水平明显升高（ $P<0.05$ ），同时 FCD 导致的细胞 ROS 水平升高可以被 Fer-1 逆转；③siRNA 敲低 TXN 后 MM 细胞系内脂质过氧化水平升高（ $P<0.05$ ），联合铁死亡诱导剂 RSL3 共处理细胞后，细胞的脂质过氧化水平较单纯敲低 TXN 或单独使用 RSL3 明显升高（ $P<0.01$ ），提示下调 TXN 进一步增加了 MM 细胞系对铁死亡的敏感性；④FCD 处理 MM 细胞系后细胞的脂质过氧化水平升高（ $P<0.01$ ），且可以被 Fer-1 逆转。

结论 硫氧还蛋白不仅参与许多氧化还原反应，其亦可作为铁死亡抑制分子保护 MM 细胞免受铁死亡影响，增强细胞对铁死亡的抵抗。通过抑制 TXN 的表达或功能可以促进 MM 细胞铁死亡的发生，从而发挥抗 MM 的作用，是调控 MM 细胞铁死亡的潜在关键分子。

PO-1918

PD-1 敲减通过维持 CAR-T 细胞的记忆亚型、减少细胞耗竭来增强 CAR-T 细胞抗肿瘤效能

欧阳皖雁¹、金诗炜¹、徐南²、刘炜洋¹、赵涵¹、张刘庆庆¹、康立清²、陶怡¹、刘元昉¹、王焰¹、王瑾¹、刘峰¹、刘志强³、俞磊²、糜坚青¹

1. 上海血液学研究所，医学基因组学国家重点实验室，国家转化医学中心（上海），上海交通大学医学院附属瑞金医院

2. 上海优卡迪生物医药科技有限公司

3. 山东第一医科大学附属肿瘤医院质子临床研究中心

目的 尽管嵌合抗原受体 T 细胞（CAR-T）针对 BCMA 在治疗复发或难治性多发性骨髓瘤（RRMM）患者方面取得了令人鼓舞的成果，但 CAR-T 细胞的治疗过程中伴随的不良反应和功能障碍限制了其抗肿瘤疗效和广泛的临床应用。目前很多研究聚焦在如何完善 CAR-T 细胞结构而进一步提高 CAR-T 细胞的抗肿瘤效能。

方法 本研究将 PD-1 的 shRNA 片段整合到含有 OX-40 共刺激域的 BCMA-CAR 中，在 PD-1KD BCMA CAR-T 细胞接受单次或重复抗原刺激后，评估其表面 CAR 表达、细胞增殖、细胞杀伤、细胞因子产生以及亚群的变化。随后，在 RRMM 患者中开展 I 期临床试验，旨在评估 PD-1KD BCMA CAR-T 细胞治疗在 RRMM 患者中的初步安全性和疗效。

结果 与未敲减 PD-1 的 BCMA CAR-T 细胞相比，PD-1KD BCMA CAR-T 细胞治疗在能够减少 T 细胞耗竭、增加记忆 T 细胞的比例；在小鼠荷瘤模型中，PD-1KD BCMA CAR-T 具有更好的抗肿瘤效能。目前 7 例 RRMM 患者接受 I 期临床试验，其中 4 例至少有一个部位的髓外病灶（4/7，57.1%），4 例具有高危细胞遗传学特征（4/7，57.1%）。治疗反应方面，6 例有治疗反应（6/7，

85.7%)，4例达到严格完全缓解，1例达到完全缓解，1例达到部分缓解，1例病情稳定。安全性方面，患者中观察到轻度至中度细胞因子释放综合征，无神经毒性的发生。

结论 我们的研究展示了一种 CAR-T 细胞设计理念，其不具有抗原特异性，为提高 CAR-T 细胞治疗疗效提供了一种有效策略。

PO-1919

Clinical outcomes and microenvironment profiling in relapsed/refractory multiple myeloma patients with extramedullary disease receiving anti-BCMA CAR T cell-based therapy

Yuekun Qi, Kailin Xu
徐州医科大学血液病研究所

Objective Relapsed or refractory (R/R) multiple myeloma (MM) patients with extramedullary disease (EMD) have unfavorable prognosis and lack effective therapy. Chimeric antigen receptor (CAR) T-cell activities in relapsed or refractory EMD have yet to be determined; how EMD-specific microenvironment influences the clinical outcomes of CAR T cell therapy remains of great interest.

Methods In this prospective cohort study, patients were successively screened in a multicentre, phase 2 clinical trial between May 2017 and September 2023 (ChiCTR-OIC-17011272). Patients with histologically confirmed extra-osseous EMD were included and received combined anti-BCMA and anti-CD19 CAR T cells infusion. The safety/efficacy was assessed; immune microenvironment profiling was analyzed based on multiplex immunofluorescence of pretherapy EMD biopsy samples.

Results Thirty-one patients were included in the study. Overall response occurred in 90.3% (95% CI, 75.1–96.7) of medullary disease and 64.5% (47.0–80.2; $p=0.031$) of EMD. Discrepancies in treatment response were noted between medullary and extramedullary diseases, with EMD exhibiting suboptimal and delayed reactions, as well as shortened response duration. With a median follow-up of 25.3 months (range, 0.7–38.0), the median progression-free and overall survival were 5.0 months (95% CI, 1.1–8.9) and 9.7 months (4.8–14.6), respectively. Landmark analysis demonstrated that progression within 6 months post-infusion is strongly associated with an increased risk of death (HR, 4.58 [95% CI, 1.73–10.60]; $p=0.029$). Compared with non-EMD patients, patients with EMD showed inferior survival outcomes. Unique CAR-associated local toxicities at EMD were seen in 22.6% patients, and correlated with the occurrence and severity of systemic cytokine release syndrome. To the cutoff date, 65% treated patients experienced EMD progression, and BCMA⁺ progression constituted the main progression pattern in EMD. For biomarkers associated with EMD therapeutic effects, the interim $\Delta\text{SUV}_{\text{max}}$ were found to be reliable indicators of short-term response in EMD; high-risk cytogenetic abnormalities of del(17p) conferred resistance to CAR T-treatment in EMD, and thus leading to earlier progression. The combination of multiple markers enabled us to identify specific CD8⁺ T cell and CD68⁺ macrophage subsets in the tumor microenvironment (TME) of EMD at baseline. CD8⁺ T cells with exhausted phenotypes (PD-1⁺ LAG-3⁺ TIM-3^{+/-}) and tumor-associated M2 macrophages (CD68⁺ CD86⁻ CD163⁺), were significantly enriched in the tumor area. The infiltration of exhausted CD8⁺ T cells was the TME feature most associated with clinical efficacy and survival.

Conclusion CAR T cells have favorable activity in EMD, which may provide viable salvage options for these high-risk patients, but the long-term survival benefits may be limited. The pretherapy EMD immunosuppressive microenvironment potentially impacts treatment. Further efforts are needed to extend EMD remission and improve long-term outcomes.

PO-1920

胆固醇稳态与多发性骨髓瘤耐药性的相关性研究

校嘉翼

西安交通大学第一附属医院

目的 多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 是血液系统第二大肿瘤, 至今尚不能治愈。以硼替佐米 (bortezomib, Btz) 为代表的蛋白酶体抑制剂药物是目前最为成功的靶向化疗药物, 但 MM 最终都会产生耐药。已有研究显示, 高胆固醇血症与多发性骨髓瘤预后良好相关, 但胆固醇稳态对 MM 细胞的影响及其机制尚不清楚。本研究旨在探究胆固醇稳态如何影响 MM 细胞耐药的相关分子机制。

方法 采用人类 MM 细胞系, 通过药物和基因敲除方法调节胆固醇水平, 观察其对 MM 细胞凋亡及耐药性的影响。胆固醇水平及细胞凋亡通过流式细胞术测定。通过实时 PCR 和 Western blotting 技术评估相关信号通路的活性变化。

结果 实验结果显示, 降低胆固醇水平显著增加 MM 细胞的凋亡, 与对照组相比, 经胆固醇降低处理的 MM 细胞对 Btz 的敏感性显著提高。进一步的分子机制研究表明, 胆固醇的水平受 ATF4 信号通路的调控。

结论 研究发现胆固醇稳态与 MM 细胞的耐药性密切相关。通过调节胆固醇水平能够显著提高 MM 细胞对化疗药物的敏感性。这些发现为针对胆固醇代谢途径的治疗策略提供了科学依据, 展示了胆固醇代谢在 MM 治疗中的潜在应用价值。未来研究将进一步探索胆固醇代谢调控在临床上克服 MM 耐药性的可能性。

PO-1921

基于纳米抗体改造的单价或双价 BCMA-VHH-CAR-T 对多发性骨髓瘤细胞的杀伤作用研究

王远丽

荆州市中心医院

目的 本研究旨在深入探讨 BCMA-VHH-CAR-T 细胞治疗多发性骨髓瘤的分子机制, 我们设计出基于纳米抗体改造的单价和双价 BCMA-VHH-CAR 结构, 分别命名为 BCA1433A 和 BCAR005、BCAR4825、BCAR4×353 等。建立 BCMA-VHH-CAR-T 的稳转细胞。研究其对不同 BCMA 负荷的 MM 细胞的杀伤作用, 并进一步阐明 CAR 结构不同后对肿瘤细胞的影响。同时探究 CAR-T 作用于 MM 后, 肿瘤细胞表面 BCMA 的变化。评估不同 CAR 结构设计对疗效和毒性的潜在影响, 为临床应用提供理论基础和策略优化方案。

方法 1. 纳米抗体改造的 BCMA-VHH-CAR 的构建与鉴定, MM 细胞 BCMA 表达差异的检测。

(1) 构建单价或双价 BCMA-VHH-CAR-T 的稳转细胞株。通过流式、western blot、qPCR 验证目的基因成功导入。

(2) BCMA 在不同 MM 细胞中的表达差异。利用 RT-qPCR 定量比较 MM 细胞上的 BCMA 表达, 采用不同流式抗体和 western blot 抗体检测 MM 细胞上 BCMA 抗原的表达量及其差异。

2. 纳米抗体改造的单双价 BCMA-VHH-CAR-T 对 MM 细胞功能学分析

(1) 比较不同靶靶比下基于纳米抗体的单价或双价 BCMA-VHH-CAR-T 对 MM 细胞的杀伤作用, 筛选出效果较优的单价 BCA1433A, 双价 BCAR005, 并进行原代 BCA1433A/BCAR005 的杀伤验证以及体内模型抗肿瘤作用。

(2) BCA1433A/BCAR005 与 MM 细胞特异性识别作用研究。

3. 单/双价纳米抗体改造的 BCMA-VHH-CAR-T 对 MM 细胞杀伤作用的机制初探

(1) BCMA-VHH-CAR-T 与 MM 细胞共培养后, 靶抗原变化特点研究。

采用蛋白质组学初探 BCA1433A/BCAR005 对 MM 细胞杀伤作用的机制。

结果 1. 成功构建并鉴定基于纳米抗体改造的 BCAR005、BCAR4825、BCAR1433A、GSI5022、BCAR4×353、流式显示 CAR 质粒中 GFP 高表达, 并控制其 MFI 大体一致。

2. 在 E:T 分别为 0.5、2、5、8、10、20 时, BCAR005 对 MM.1S 识别、杀伤效果优于 BCAR1433A。

3. 单、双价 BCMA-VHH-CAR-T 对 MM 细胞杀伤作用机制可能缘由其蛋白质折叠和蛋白质定位异常所致, 并伴随着靶抗原 BCMA 的丢失。

结论 1. 双价的基于纳米抗体改造的 BCMA-VHH-CAR-T 对抗原高负荷的 MM.1S 具有明显杀伤作用。

PO-1922

趋化因子受体 CCR4 在多发性骨髓瘤细胞上的表达及作用

邹沙沙²、冯永怀^{2,3}、刘波¹

1. 遵义医科大学基础药理学重点实验室

2. 遵义医科大学附属医院血液内科

3. 东莞市人民医院血液内科

目的 探讨趋化因子受体 CCR4 在多发性骨髓瘤 (multiple myeloma, MM) 细胞系 (SKO007、U266 及 RPMI8226) 中的表达及 CCR4 对 MM 细胞增殖及凋亡的影响。

方法 1. 应用 Western blot 法检测 SKO007、U266 及 RPMI8226 细胞上 CCR4 的表达水平; 2. 通过慢病毒转染 SKO007 细胞, 嘌呤霉素进行筛选, 获得稳定敲减 CCR4 的 SKO007 细胞株; Western blot 鉴定 SKO007 稳转细胞株中 CCR4 的表达情况; 3. 采用 CCK8 法检测 CCR4 敲减 SKO007 细胞的增殖能力; 4. 应用 TUNEL 染色检测 CCR4 敲减 SKO007 细胞的凋亡情况。

结果 1. Western blot 结果表明, 与对照组相比, CCR4 在 SKO007、U266 及 RPMI8226 细胞上高表达 (SKO007 vs 对照组: 0.801 ± 0.092 vs 0.534 ± 0.057 , $P < 0.05$; U266 vs 对照组: 0.926 ± 0.056 vs 0.534 ± 0.057 , $P < 0.01$; RPMI8226 vs 对照组: 0.888 ± 0.092 vs 0.534 ± 0.057 , $P < 0.01$); 2. 成功构建稳定敲减 CCR4 的 SKO007 细胞。Western blot 结果显示稳定敲减 CCR4 的 SKO007 细胞的 CCR4 蛋白水平和对照组相比明显减少 (3.348 ± 0.165 vs 2.279 ± 0.163 , $P < 0.01$); 3. CCK8 法结果表明, 与对照组相比, CCR4 敲减的 SKO007 细胞的增殖能力被显著抑制 (Day1: 0.281 ± 0.002 vs 0.316 ± 0.003 , $P < 0.05$; Day2: 0.733 ± 0.010 vs 0.867 ± 0.014 , $P < 0.0001$; Day3: 1.204 ± 0.014 vs 1.647 ± 0.016 , $P < 0.0001$); 4. TUNEL 染色结果显示, 与对照组相比, CCR4 敲减的 SKO007 细胞的凋亡率 (%) 显著增加 (25.927 ± 5.704 vs 2.491 ± 0.191 , $P < 0.01$)。

结论 趋化因子受体 CCR4 在多发性骨髓瘤细胞系上高表达, CCR4 促进多发性骨髓瘤细胞的增殖, 抑制多发性骨髓瘤细胞的凋亡能力。

PO-1923

CART 细胞治疗 5 例复发难治性骨髓瘤伴髓外病变临床疗效分析

周莉莉

上海曜影医疗

目的 复发难治性多发性骨髓瘤 (MM) 伴髓外病变 (EMD) 总体预后不良, 可通过新药治疗, 包括

嵌合抗原受体 (CAR) T 细胞免疫治疗获益, 改善临床疗效。本研究回顾分析前期 5 例 RRMM 伴 EMD 患者 CART 细胞治疗后的临床疗效及安全性, 以促进真实世界临床数据积累。

方法 回顾分析本中心 2023 年 10 月至 2024 年 4 月, 接受 BCMA-CART (伊基仑赛注射液) 治疗的 5 例多发性骨髓瘤患者临床数据, 统计生物学信息、前期疗程数、桥接治疗、CART 回输后不良反应、维持治疗, 分析 CART 治疗的临床疗效及安全性, 分析随访 1 个月、3 个月的疾病缓解及安全性数据。

结果 2023 年 10 月至 2024 年 4 月, 纳入 5 例接受 BCMA-CART 细胞 (伊基奥仑赛注射液) 治疗的复发难治性多发性骨髓瘤伴髓外病变患者, 其中男性 2 例, 女性 3 例; 年龄 51-70 岁 (68 岁, 61 岁, 56 岁, 70 岁, 51 岁), M 蛋白类型包括 IgG-kappa 型 2 例, IgG-Lambda 型 1 例, IgA-Lambda 型 1 例, Lambda 轻链型 1 例; 前期治疗 4-7 线 (包括蛋白酶体抑制剂、免疫调节剂、CD38 单抗、塞利尼索、二次自体移植、化疗等);

髓外软组织肿块浸润部位包括: 肺部 1 例、骨旁软组织 4 例、肝脏 3 例、中枢 2 例 (脑实质, 脑膜, 眼), 盆腔巨大软组织包块 1 例。

CART 治疗前 5 例均为复发难治高危 MM, DS-III 期, R-ISS 3 期, 其中伴 TP53 缺失 3 例, 1q21 扩增 3 例, 双打击 3 例;

4 例接受放疗桥接 (6Gy-20Gy);

CART 治疗后不良反应: CRS 均为 1 级, 发热 5 例, 全身皮疹 2 例, 血细胞减少 5 例 (贫血 4 例, 严重血小板减少 3 例), 感染 3 例 (流感, 新冠, 肠道沙门菌), ICANS 1 例 (1 级), 低丙种球蛋白血症 3 例, Sezary 综合征复发 1 例;

CART 治疗疗效评估: CART 治疗后 1 个月 ORR 100%, 其中 CR 5 例, PR 1 例; 3 个月后评估 5 例患者均 CR;

3 例患者血象恢复后维持治疗, 包括泊马度胺 2 例, 西达本胺 1 例。

中位随访 5.6 个月 (3-8 个月), 5 例患者均为疾病完全缓解状态, 定期随访中。

结论 RRMM 伴 EMD 预后不良, 可通过 CART 治疗获益, 多线治疗后仍有高缓解率。如何促进长期疗效维持, 仍有待更多临床研究进一步明确。

PO-1924

调节性 B 细胞及相关细胞因子在多发性骨髓瘤中的表达及意义

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、马晓莉
兰州大学第二医院

目的 多发性骨髓瘤 (MM) 是第二大常见的血液系统恶性肿瘤, 研究表明, 免疫微环境紊乱在 MM 发病机制中起到重要作用。目前对 T 细胞相关免疫研究较为深入, 但对 B 细胞在 MM 中的作用研究较少, 尤其是调节性 B 细胞 (Bregs)。本研究通过分析 Bregs 及五种细胞因子在 MM 中的表达水平及其相关性, 探讨 Bregs 在 MM 中的免疫作用。

方法 选取 2021 年 12 月至 2023 年 12 月在兰大二院就诊的 MM 患者共 44 例, 其中新诊断多发性骨髓瘤 (NDMM) 组 28 例, 复发/难治多发性骨髓瘤 (RRMM) 组 16 例, 纳入健康对照组 14 例。采用流式细胞术检测外周血及骨髓 Bregs 细胞比例, 流式微球捕获芯片法检测血清细胞因子白细胞介素-6 (IL-6)、IL-8、IL-10、肿瘤坏死因子- α (TNF- α) 及干扰素- γ (IFN- γ) 浓度。采集 β 2-微球蛋白 (β 2-MG)、乳酸脱氢酶、血红蛋白及骨髓浆细胞 (BMPC) 比例等临床指标, 应用 R 4.2.1 分析 Bregs 比例与细胞因子、临床指标的相关性。

结果 1.与健康对照组相比, NDMM 组和 RRMM 组外周血 Bregs 细胞比例无明显差异 ($P>0.05$), 但两组骨髓 Bregs 比例均升高 ($P<0.05$)。NDMM 组和 RRMM 组骨髓 Bregs 比例均明显高于外周血 ($P<0.001$), 其中 NDMM 组骨髓和外周血 Bregs 比例均高于 RRMM 组 ($P<0.05$)。2.与健康对照组相比, NDMM 组 IL-6、IL-8、IL-10 表达水平升高 ($P<0.05$), TNF- α 、IFN- γ 降低 ($P<0.05$); RRMM 组 IL-6、IL-8 水平升高 ($P<0.05$), TNF- α 降低 ($P<0.05$)。RRMM 组

TNF- α 水平高于 NDMM 组 ($P<0.05$)，两组其余四种细胞因子水平无明显差异 ($P>0.05$)。3.对 MM 临床分期及危险度分层分析显示，在 NDMM 中，ISS I 期患者骨髓 Bregs 比例高于 ISS III 期，两两比较发现 ISS II 期 Bregs 比例与 I 期及 III 期均无明显差异 ($P>0.05$)。NDMM 标危组骨髓 Bregs 比例高于高危组 ($P<0.05$)。4.相关性分析表明，NDMM 骨髓 Bregs 比例与 IL-6、IL-8、IL-10 水平呈正相关，与 TNF- α 、IFN- γ 无相关性；与临床指标 β 2-MG、LDH 呈负相关，与 Hb 呈正相关，与 BMPC 无相关性。

结论 1. Bregs 及细胞因子 IL-6、IL-8、IL-10、TNF- α 在 MM 患者中异常升高或降低，提示 Bregs 等免疫因素可能参与了 MM 的发生、发展。2. NDMM 组和 RRMM 组骨髓中的 Bregs 比例均高于外周血，提示检测骨髓中的 Bregs 比检测外周血更具价值。

PO-1925

多发性骨髓瘤患者 T 细胞亚群 TIGIT 及相关细胞因子的表达水平与意义

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、周羿博
兰州大学第二医院

目的 多发性骨髓瘤 (MM) 是一种浆细胞恶性肿瘤，其发生发展与免疫微环境紊乱密切相关。T 细胞免疫球蛋白和基于酪氨酸的免疫受体抑制基序结构域 (TIGIT) 是一种免疫抑制分子，目前关于它在 MM 中的研究较少。本研究旨在检测 MM 患者中 TIGIT 以及白细胞介素 (IL) -4、IL-10、干扰素 γ (IFN- γ) 和转化生长因子- β (TGF- β) 的表达水平，以探讨 TIGIT 在 MM 免疫微环境紊乱及疾病的发生发展中的作用。

方法 收集 2022 年 12 月至 2023 年 12 月期间，于兰大二院住院的 43 例 MM 患者 (包括 35 例初诊和 8 例复发患者) 作为实验组，并设 15 例健康对照组。通过流式细胞术检测外周血 CD4+T、CD8+T 细胞和调节性 T (Treg) 细胞上 TIGIT 的表达水平，流式微球捕获芯片技术法检测外周血细胞因子 IL-4、IL-10、IFN- γ 及 TGF- β 的水平。应用 SPSS26.0 和 GraphPad9.0 软件进行统计学分析。

结果 1. 初诊和复发患者 CD8+T 细胞和 Treg 细胞上 TIGIT 的表达水平均高于健康对照组 (P 均 <0.05)；初诊患者 CD4+T 细胞上 TIGIT 表达水平高于健康对照组 ($P<0.05$)；CD8+T 细胞上 TIGIT 表达水平与 ISS 分期和危险分层相关，I 期 $<$ II 期 $<$ III 期 (P 均 <0.05)，标危 $<$ 高危 ($P<0.05$)；复发患者 CD8+T 细胞上 TIGIT 表达水平高于初诊患者 ($P<0.05$)，Treg 细胞上 TIGIT 表达水平略高于初诊患者 ($P>0.05$)。2. 初诊和复发患者 IL-10、TGF- β 水平均高于健康对照组 (P 均 <0.05)，IFN- γ 水平低于健康对照组 ($P<0.05$)；复发患者 IL-10、TGF- β 水平均高于初诊患者 (P 均 <0.05)。3. 相关性分析表明，MM 患者 CD8+T 细胞上 TIGIT 表达水平与 IL-10 水平呈正相关 ($r=0.3496$, $P<0.05$)，与 IFN- γ 水平呈负相关 ($r=-0.4263$, $P<0.05$)，与 β 2 微球蛋白水平 ($r=0.4036$, $P<0.05$)、浆细胞比例 ($r=0.3833$, $P<0.05$) 呈正相关；Treg 细胞上 TIGIT 表达水平与 IL-10 ($r=0.3828$, $P<0.05$)、TGF- β ($r=0.4183$, $P<0.05$) 水平呈正相关；CD4+T 细胞上 TIGIT 表达水平与乳酸脱氢酶 (LDH) 水平呈正相关 ($r=0.3608$, $P<0.05$)。

结论 1. TIGIT 在 MM 患者外周血 T 细胞亚群上异常表达，其中初诊 MM 患者 CD8+T 细胞上 TIGIT 表达水平与疾病危险分层、ISS 分期正相关，提示 TIGIT 可能参与了 MM 的发展与转归；2. MM 患者中细胞因子 IL-10、IFN- γ 、TGF- β 异常表达，并与 TIGIT 表达具有一定相关性，提示 TIGIT 与细胞 IL-10、IFN- γ 、TGF- β 可能共同参与了 MM 免疫微环境紊乱，值得进一步深入研究。

PO-1926

多发性骨髓瘤肾损伤患者免疫损害回顾性分析

刘亦菲²、边天月¹、袁仕会¹、李瑞¹、徐蕊¹、刘玉婷¹、刘华胜¹、陈颖¹

1. 西安交通大学第一附属医院

2. 西安交通大学医学院

目的 多发性骨髓瘤(multiple myeloma,MM)为浆细胞恶性肿瘤,临床表现具有异质性,存在肾损害的患者预后往往较差。目前 MM 患者肾损害机制存在多种解释,本研究旨在通过回顾性分析多发性骨髓瘤肾损伤患者免疫损害特征,以为多发性骨髓瘤肾损伤患者预后评价、治疗选择及疗效评估等方面提供临床依据。

方法 回顾性分析 2018-2022 年在西安交通大学第一附属医院诊断为多发性骨髓瘤合并肾损伤和非肾损伤患者,通过流式细胞仪检测技术分析外周血 T-reg 细胞表达情况及细胞因子水平差异,评估两组患者免疫功能状态。

结果 在外周血 CD4+CD25+CD127-Treg 细胞表达肾损伤组显著高于非肾损伤组,血清 IL-8、IL-10 水平肾损伤高于非肾损伤组 ($P<0.05$)。IL-6、IL-12p、IL-4、IFN- γ 、TNF- α 、IL-1 β 方面,两组无统计学差异。

结论 多发性骨髓瘤肾损伤患者 Treg 细胞表达较高,提示其免疫损害较非肾损伤组更重,其可通过 IL-8、IL-10 等免疫抑制因子产生下游免疫抑制作用,可能是致使肿瘤细胞发生免疫逃逸,导致疾病早期复发或进展的因素之一,也可能是导致肾损害发生的免疫因素之一。

PO-1927

BCMA CAR-T 细胞治疗肾功能储备不足的复发/难治多发性骨髓瘤患者的安全性及有效性研究

吕雨琦、王林钦、黄莹、冯友琴、祖成、洪睿敏、胡永仙、黄河

浙江大学医学院附属第一医院

目的 部分复发/难治多发性骨髓瘤 (R/R MM) 患者存在肾功能不全,探讨肾功能储备不足是否作为 CAR-T 细胞治疗禁忌症,提供 CAR-T 细胞治疗慢性肾脏病 (CKD) G4-5 期的 R/R MM 患者的安全性证据,以期更好指导患者知情同意及开展安全的临床实践。

方法 收集 2018.4 至 2022.12 于浙大一院接受 BCMA CAR-T 细胞治疗的 R/R MM 患者信息。11 例于入院前处于 CKD 终末期 (G4-5 期) 患者纳入研究。细胞因子释放综合征 (CRS) 诊断分级参照 Lee 2014 及美国血液与骨髓移植学会共识。国际骨髓瘤工作组标准用于评估疗效及肾功能转归。研究遵守赫尔辛基宣言,受试者均知情同意。

结果 纳入男性患者 6 例、女性 5 例,中位年龄 58.0 ± 9.2 岁,平均接受 3 线治疗。9 例患者 CKD 4 期,2 例 CKD 5 期。患者均发生 CRS 反应,3 级及以上 CRS 2 例。5 例患者于 CAR-T 细胞回输后发生急性肾损伤 (AKI),其中 3 级 AKI 1 例。3 级 AKI 患者予以妥珠单抗管理 CRS 反应,减少非甾体抗炎药使用;在加强利尿、降尿酸接受血透后,患者肾功能恢复至基线。评估疗效及转归:CR 患者 5 例,VGPR 患者 2 例,PR 患者 4 例;1 例获得肾脏完全反应,1 例肾脏部分反应,3 例肾脏微小反应。

结论 肾功能储备不足并非 CAR-T 细胞治疗的绝对禁忌症,在规范的临床管理下,BCMA CAR-T 细胞治疗 CKD 终末期的 R/R MM 患者的安全性良好。

PO-1928

LGR4 通过 TGF- β 1/Smad 信号通路调控 多发性骨髓瘤细胞生物学行为的机制研究

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、移志刚
兰州大学第二医院

目的 本研究拟通过细胞实验探究亮氨酸重复序列 G 蛋白偶联受体 4 (LGR4) 对多发性骨髓瘤 (MM) 细胞增殖、凋亡、细胞周期的影响, 明确潜在的分子机制; 并通过动物实验探究 LGR4 对 MM 小鼠肿瘤生长和骨质破坏的影响。这将为 MM 的治疗提供新的靶点。

方法 1.使用 GEPIA 数据库和 TIMER 数据库分析 LGR4 在泛癌组织中的表达及其与预后的关系; 随后通过 CCLE 数据库分析 LGR4 在 MM 中的表达情况。2.采用 qRT-PCR 和 WB 检测 LGR4 在 MM 患者中表达水平。3.分析 LGR4 的表达与 MM 患者预后的相关性。4.WB 和免疫荧光检测 LGR4 在 MM 细胞系中的表达和定位; 通过慢病毒构建敲减和过表达 LGR4 的 MM 细胞株, 采用 CCK-8、EdU 染色、流式细胞术、WB 检测敲减和过表达 LGR4 对 MM 细胞周期的影响。5.蛋白质组学测序筛选下游的作用靶点。6.qRT-PCR 检测下游靶点 TGF- β 1 在 MM 中的表达。7.采用 Spearman,s 相关性分析 LGR4 与 TGF- β 1 表达的相关性; Co-IP 实验验证 LGR4 与 TGF- β 1 之间的相互作用。8.在稳定敲减 LGR4 的 RPMI-8226 和 AMO-1 细胞中加入 5ng/ml 人重组 TGF- β 1 作用 24h 后, 流式细胞术和 WB 检测细胞周期、凋亡的变化; 采用 WB 检测 TGF- β 1/Smad 信号通路中总 Smad2 和 Smad3、p-Smad2 和 p-Smad3 的表达变化。9.构建 MM 小鼠皮下移植瘤模型, 并通过免疫组化检测蛋白表达。10.构建 MM 小鼠骨损伤模型, 通过 Micro-CT 扫描和 HE 染色检测 LGR4 对胫骨骨质破坏的影响。

结果 1.LGR4 在 MM 中表达升高。2.LGR4 在 MM 细胞系主要定位于细胞膜。3.敲减 LGR4 可抑制 MM 细胞增殖。敲减 LGR4 可显著增加 MM 细胞的凋亡率。过表达 LGR4 后 MM 细胞呈相反生物学功能。4.蛋白质组学鉴定共发现 82 个差异蛋白, 验证并选择 TGF- β 1 作为下游靶蛋白。5.TGF- β 1 在 MM 患者中高表达, 且与患者总生存期、无事件生存期、进展后生存期负相关。LGR4 与 TGF- β 1 的表达水平正相关; Co-IP 实验进一步证实 MM 细胞中 TGF- β 1 与 LGR4 存在相互作用。6.TGF- β 1 可部分逆转敲减 LGR4 对 MM 细胞周期的影响。7.敲减 LGR4 后小鼠肿瘤生长的体积、重量较对照组小。敲减 LGR4 后可抑制小鼠移植瘤中 Ki-67、TGF- β 1、p-Smad2、p-Smad3 蛋白表达。8.敲减 LGR4 后小鼠胫骨的骨密度、骨体积分数、骨小梁数目、骨小梁厚度较对照组大; 骨小梁分离度、骨表面积骨体积比较对照组小。敲减 LGR4 后小鼠胫骨的骨小梁数量较对照组增多。

结论 1.LGR4 在 MM 患者和细胞中高表达, 且与患者 M 蛋白类型、不良预后相关。2.LGR4 可促进 MM 细胞的增殖、抑制凋亡、诱导细胞周期 G1 期改变。3.敲减 LGR4 可抑制 MM 小鼠移植瘤的生长和骨破坏。

PO-1929

多发性骨髓瘤 MCL-1 及 IL-6、IL-8、TNF- α 的表达 及相关性分析

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、滕远
兰州大学第二医院

目的 多发性骨髓瘤 (Multiple myeloma, MM) 是一种常见的血液肿瘤, 其发生发展与免疫微环境紊乱密切相关。髓细胞白血病-1 (myeloid cell leukemia-1, MCL-1) 是一种促进肿瘤发生、抑制细胞凋亡和增强恶性细胞耐药的致癌基因。在 MM 患者中, 白介素-6 (Interleukin-6, IL-6) 能显著诱

导 MCL-1 表达增加, 但 MCL-1 是否还与 IL-8、TNF- α 等免疫因素有关尚不清楚。本研究旨在观察 MCL-1 及细胞因子 IL-6、IL-8、TNF- α 等在 MM 中的表达水平以及它们之间的关系, 探讨其在 MM 的发生发展中可能的免疫作用。

方法 收集 2022 年 12 月至 2024 年 1 月期间, 于兰州大学第二医院住院的初诊 MM 患者 39 例, 并设健康对照组 20 例。通过酶联免疫吸附实验 (Enzyme linked immunosorbent assay, ELISA) 测定外周血中的 MCL-1 水平, 应用流式微球芯片捕获法 (Cytometric bead array, CBA) 检测外周血细胞因子 IL-6、IL-8、TNF- α 的水平。应用 SPSS 27.0 软件进行统计分析。

结果 1. 初诊 MM 患者中 MCL-1 及 IL-6、IL-8、TNF- α 的表达明显高于健康对照组 ($P < 0.01$); MCL-1 水平与 ISS 分期及危险度分层有关, 而 IL-6、IL-8、TNF- α 在不同 ISS 分期及危险度分层无显著性差异 ($P > 0.05$)。2. MCL-1、IL-6、IL-8 的表达水平在伴肾损伤的 MM 患者中均明显升高, 差异具有统计学意义 ($P < 0.05$); MCL-1 ($r = 0.48, P < 0.01$)、IL-6 ($r = 0.355, P < 0.05$)、IL-8 ($r = 0.365, P < 0.05$) 与肾损伤的发生均呈正相关。3. 相关性分析表明, MCL-1 与 IL-6 ($r = 0.657, P < 0.01$)、IL-8 ($r = 0.586, P < 0.01$)、 β 2-MG ($r = 0.704, P < 0.05$)、浆细胞比例 ($r = 0.436, P < 0.01$) 呈正相关, 与 TNF- α 水平无显著相关性。4. ROC 曲线评估 MCL-1 及 IL-6、IL-8、TNF- α 对 MM 的诊断预测价值, 曲线下面积分别为 0.746、0.845、0.887、0.724。

结论 1. 初诊 MM 患者 MCL-1、IL-6、IL-8、TNF- α 表达升高, 且 MCL-1 表达水平与 ISS 分期、肾损伤相关, 这可能对 MM 早期诊断有重要价值。2. MCL-1 与 IL-6、IL-8 水平呈正相关, 推测上述细胞因子可能通过调节 MCL-1 表达进而影响 MM 的进展, 需要进一步研究。

PO-1930

多发性骨髓瘤肾损害的免疫学特征及预测模型的构建

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、王蕊
兰州大学第二医院

目的 研究多发性骨髓瘤 (MM) 伴有肾损害 (RI) 患者的免疫学特征, 探究不同分期及危险分层 MM 伴有 RI 及非 RI 患者的免疫学差异, 筛选 MM 发生 RI 的危险因素, 建立包含免疫学指标的 MM 发生 RI 的临床预测模型, 是本研究的主要内容。

方法 收集 2017 年 1 月 1 日至 2023 年 10 月 31 日就诊于兰大二院血液科的初诊 MM 患者临床资料, 根据肌酐清除率情况 ($< 40 \text{ mL/min}$) 分为 RI 组 60 例与非 RI 组 128 例, 使用 SPSS 26.0 软件比较两组基线资料、临床指标及不同分期和危险分层下的 16 项免疫指标。通过 Lasso 回归筛选 MM 发生 RI 的预测变量, 使用 R 4.3.1 软件建立 MM 发生 RI 的临床预测模型, 模型以列线图的形式展示, 并通过 Bootstrap 法进行模型内部验证, 通过模型一致性指数, 绘制受试者工作特征曲线, 计算曲线下面积以评估该模型的预测效能。

结果 1、RI 组中性粒细胞数、CD8+T 细胞比例、中性粒细胞/淋巴细胞比值 (NLR)、IL-6、IL-10 较非 RI 组升高 ($p < 0.05$), 淋巴细胞数、淋巴细胞/单核细胞比值 (LMR)、CD4/CD8 比值较非 RI 组降低 ($p < 0.05$)。2、标危 RI 组 CD8+T 细胞比例、IL-6、IL-10 较非 RI 组升高 ($p < 0.05$), CD4/CD8 比值较非 RI 组降低 ($p < 0.05$); 高危 RI 组中性粒细胞数、NLR、IL-6、IL-8、IL-10 较非 RI 组升高 ($p < 0.05$), 淋巴细胞数、LMR、CD4/CD8 比值较 RI 组降低 ($p < 0.05$)。3、R-ISS-III 期 RI 组中性粒细胞数、NLR、IL-1、IL-6、IL-8 较非 RI 组升高 ($p < 0.05$), 淋巴细胞数、LMR 较非 RI 组降低 ($p < 0.05$); R-ISS-I 和 R-ISS-II 期 RI 组 CD8+T 细胞比例、IL-6、IL-10 较非 RI 组升高 ($p < 0.05$), CD4+T 细胞比例、CD4/CD8 比值较非 RI 组降低 ($p < 0.05$)。4、通过 Lasso 回归筛选出 NLR、LMR、IL-10、CD8+T 细胞比例、LDH、HGB 构建的多发性骨髓瘤肾损害的临床预测模型, 一致性指数为 0.830, 校准曲线与标准曲线接近, 平均绝对误差为 0.023。受试者工作特征曲线下面积为 0.830 (95%CI: 0.769-0.891, $p < 0.01$)。

结论 MM 伴 RI 患者表现出更加显著的免疫指标异常, 与 DS 分期、R-ISS 分期及危险分层呈正相关。特别是 DS-III 期、R-ISS-III 期和高危患者, 其免疫指标异常更为明显。通过 NLR、LMR、IL-

10、CD8+T 细胞比例、LDH、HGB 这 6 个预测变量，构建了一个新的预测 MM 发生 RI 的临床预测模型。该模型展现出较好的预测效能和稳定性，为临床预测和管理 MM 伴 RI 患者提供了一种新工具。

PO-1931

多发性骨髓瘤患者免疫学指标与骨髓瘤骨病相关性及其预测价值

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、魏依昕
兰州大学第二医院

目的 本研究旨在了解多发性骨髓瘤（MM）患者免疫学特征，探讨多发性骨髓瘤骨病（MMBD）患者临床免疫学指标与骨病分级的相关性及其骨病风险因素，为临床诊疗提供依据。

方法 收集 2018 年 1 月 1 日至 2023 年 12 月 31 日就诊于兰大二院血液科的初诊多发性骨髓瘤患者 170 例，包括患者基线资料、骨病情况、ISS 和 DS 分期与常规检验指标（血象、生化指标、骨髓浆细胞比例、FISH 检验等），以及 26 项免疫学指标（十二项细胞因子、淋巴细胞亚群、Treg 细胞、白细胞计数、中性粒细胞/淋巴细胞比例等）。按骨病分级标准对患者进行分组，0~1 级为无骨损组（无溶骨性损害），2~4 级为骨损组（有溶骨性损害）。使用 SPSS 27.0 软件对两组患者上述指标进行比较和统计学分析。对组间差异指标进行相关性分析，并通过多因素分析筛选 MM 患者合并溶骨性损害的风险因素，建立 logistic 回归模型，计算优势比（OR）及 95% 置信区间，绘制受试者工作特征曲线（ROC）曲线并计算曲线下面积（AUC），探究骨髓瘤骨病的独立危险因素并评估其预测价值。

结果 中位年龄为 59 岁，男性患者 98 例（57.7%），女性患者 72 例（42.3%），男女比例为 1.36:1，男性多于女性。无骨损组共 34 例（20.00%），骨损组共 136 例（80.00%）。无骨损组与骨损组患者基线资料间无统计学差异（ $P > 0.05$ ）。与无骨损组相比，骨损组患者表现为较高的 DS 分期、初诊浆细胞比例、 β_2 -Mg、 Ca^{2+} 和肌酐水平，免疫学指标中的中性粒细胞数目（NE）、中性粒细胞/淋巴细胞比例（NLR）、SII 评分、细胞因子 IL-1 β 与 IL-10 明显升高（ $P < 0.05$ ），IL-8 水平及肾小球滤过率较低（ $P < 0.05$ ）；骨损组患者存在更多的 D13S319 缺失（ $P < 0.05$ ）。相关性分析提示骨损组患者 IL-10 水平与 β_2 -Mg 及 IL-1 β 呈正相关，NE、SII 评分与浆细胞比例呈负相关。Logistic 回归分析显示 IL-1 β 和 Ca^{2+} 是影响初诊 MM 患者发生溶骨性损害的独立危险因素。绘制 ROC 曲线评估 IL-1 β 和 Ca^{2+} 对 MM 患者发生溶骨性损害的预测效能，AUC 分别为 0.630（95%CI: 0.531~0.729）和 0.705（95%CI: 0.605~0.806），两项指标联合比单指标预测效能更高，AUC 为 0.752（95%CI: 0.660~0.845）。

结论 骨损组 MM 患者细胞因子 IL-1 β 与 IL-10 水平升高、IL-8 水平降低，提示免疫因素可能参与了 MMBD 的发生发展；多因素分析提示 IL-1 β 和 Ca^{2+} 可以作为 MM 患者出现溶骨性骨损害的独立危险因素，对 MMBD 的预测和早期诊断有重要价值。骨损组患者细胞遗传学更容易发生 D13S319 缺失。

PO-1932

塞利尼索联合苯达莫司汀、硼替佐米和地塞米松方案 治疗伴髓外病变的多发性骨髓瘤

曾韞璟、向茜茜、刘红云、周沙、杨涵善、刘波、李佳丽、饶军、李甫、蔺诗佳、唐书翰、高力
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 评估塞利尼索联合苯达莫司汀、硼替佐米、地塞米松（X-BenBD）方案治疗伴髓外病变的多

发性骨髓瘤的有效性和安全性。

方法 纳入本中心 2021 年 12 月至 2023 年 12 月之间诊断为伴髓外病变的多发性骨髓瘤患者 10 例，所有患者均接受塞利尼索联合苯达莫司汀、硼替佐米和地塞米松方案治疗。（塞利尼索：60~80mg 口服，每个治疗周期的 D1、8、15、22；苯达莫司汀：70~90mg/m² 静脉滴注，每个治疗周期的 D1、2；硼替佐米：1.3mg/m² 皮下注射，每个治疗周期的 D1、8、15、22；地塞米松：20mg 静脉滴注或口服，每个治疗周期的 D1、2、8、9、15、16、22、23）。疗效评估按照 IMWG 标准，不良反应评估按 CTCAE v5.0 标准。本研究经陆军军医大学第二附属医院伦理委员会审核批准通过。

结果 共入组患者 10 例，男性 5 例、女性 5 例，中位年龄 58 岁（47~73），其中骨旁 EMD 5 例，非骨旁 EMD 5 例，既往中位治疗线数 2（1~8）。可评估疗效的患者 8 例，最佳疗效：CR 1 例，VGPR 1 例，PR 4 例，SD 2 例，其中有 2 例达到 MRD 阴性。6 例患者在 1 疗程后达到 PR。主要不良反应为恶心（10/10）、呕吐（7/10）、血细胞减少（8/10），有 4 例患者因为不良反应不耐受退出。

结论 X-BenBD 方案治疗伴髓外病变的多发性骨髓瘤安全有效。本方案起效快，大部分患者 1~2 疗程可达 PR 以上疗效。缺点是消化道反应重，因不良反应不耐受退出的患者较多。需要进一步优化治疗方案及不良反应管理方案。

PO-1933

骨髓间充质干细胞对多发性骨髓瘤的影响机制研究

杨娟^{1,2}、王飞清^{1,2}、李艳菊³、唐东昕^{1,2}、刘洋^{1,2}

1. 贵州中医药大学第一附属医院

2. 贵州中医药大学

3. 贵州医科大学附属医院

目的 背景 骨髓微环境与多发性骨髓瘤细胞生长、存活及耐药性密切相关，近年来两者之间的关联已成为研究的热点，然而骨髓间充质干细胞在年轻及衰老状态下对多发性骨髓瘤的研究鲜有报道。

目的 探究年轻及衰老的骨髓间充质干细胞条件培养液对多发性骨髓瘤的影响机制。

方法 经 Ficoll 梯度离心及贴壁纯化法提取人骨髓间充质干细胞并通过流式鉴定表型，使用 H₂O₂ 制备骨髓间充质干细胞的衰老模型，并通过 β-半乳糖染色进行衰老鉴定。收集年轻及衰老状态的骨髓间充质细胞上清液，超滤浓缩离心后制备条件培养液。将年轻及衰老的骨髓间充质干细胞条件培养液分别作用于多发性骨髓瘤（RPMI8226 及 U266）细胞，通过 MTT、流式周期及侵袭实验检测作用后多发性骨髓瘤细胞的增殖及侵袭能力，通过蛋白免疫印记实验验证细胞中 Gactin-3、IL-6、VEGF 蛋白表达、肿瘤干性因子表达、EMT 及 PI3K/Akt/NF-κB 通路的表达情况，进一步通过生物信息学验证 Gactin-3、IL-6、VEGF 表达量与多发性骨髓瘤患者之间的生存预后关系。

结果 成功提取人骨髓间充质干细胞及制备 H₂O₂ 诱导的衰老骨髓间充质干细胞模型。将年轻及衰老的骨髓间充质干细胞条件培养液分别作用于多发性骨髓瘤细胞（RPMI8226 及 U266）后，我们发现年轻及衰老的骨髓间充质干细胞条件培养液能明显促进多发性骨髓瘤细胞的增殖、侵袭能力及肿瘤干性因子的表达，且衰老骨髓间充质干细胞促进作用更为显著，进一步研究发现可能通过 Gactin-3、IL-6、VEGF 影响 PI3K/Akt/NF-κB 通路活化有关。此外生物信息学显示 Gactin-3、IL-6、VEGF 的表达量与多发性骨髓瘤患者生存率成负相关。

结论 骨髓间充质干细胞可能通过 Gactin-3、IL-6、VEGF 介导 PI3K/Akt/NF-κB 通路活化从而影响多发性骨髓瘤的增殖，且当骨髓间充质干细胞衰老时作用更为显著。

PO-1934

多发性骨髓瘤患者自我管理现状调查及影响因素分析

赵孟利、赵鲜珺、黄蓉、张春风、黄惠桥
广西医科大学第二附属医院

目的 本研究旨在调查多发性骨髓瘤患者自我管理现状及影响因素，为临床医护工作者根据个体情况提供更有针对性的护理，以提高其生活质量。

方法 便利抽样法选取广西某三甲医院住院治疗的 152 例多发性骨髓瘤患者作为研究对象，采用一般资料调查表、自制多发性骨髓瘤患者自我管理问卷进行问卷调查，该问卷包括自我护理管理（8 个条目），自我信息管理（5 个条目），自我症状管理（4 个条目），日常生活管理（8 个条目），自我心理管理（4 个条目），共 29 个条目。问卷总 Cronbach's α 系数为 0.939；KMO 为 0.915，Bartlett's 球形检验的 $\chi^2=3191.060$ ， $P=0.000$ ，说明该调查问卷表具有良好的信效度。

结果 本组研究多发性骨髓瘤患者共 152 例，男性 125 例(82.2%)，女性 27 例(17.8%)；年龄 35~73 岁，平均(56.87 \pm 10.35)岁；文化程度：小学及以下 24 例(15.8%)，初中 59 例(38.8%)，高中 46 例(30.3%)，中专及以上 23 例(15.1%)；居住地：城市 18 例(11.8%)，乡镇 90 例(59.2%)，农村 44 例(28.9%)。多发性骨髓瘤患者自我管理总得分（93.84 \pm 22.049）分；自我护理管理，自我信息管理，自我症状管理，日常生活管理、自我心理管理得分分别为（25.55 \pm 8.598、15.99 \pm 5.338、13.30 \pm 4.311、25.99 \pm 8.334、13.01 \pm 4.124）。单因素分析结果显示：影响多发性骨髓瘤患者自我管理的影响因素有：年龄、文化程度、家庭经济情况、有无骨痛、对疾病了解程度（ $p<0.05$ ）。

结论 多发性骨髓瘤患者的自我管理处于低水平，进一步分析多发性骨髓瘤自我管理现状的影响因素（不同年龄、文化程度、经济状况、有无骨痛、对疾病了解程度），医护人员为患者制定个性化的自我管理策略提供了重要参考。希望通过综合干预，帮助患者克服各种困难，提高其自我管理能力和进一步改善治疗效果和生活质量。未来的研究和实践应进一步深入探究和完善多发性骨髓瘤患者自我管理的策略，为患者提供更全面、个性化的护理服务，助力其早日康复。

PO-1935

Absolute Lymphocyte Count Prior to Lymphodepletion Impacts Outcomes in Multiple Myeloma Patients Treated with Chimeric Antigen Receptor T Cells

Yang Liu, Yan zhiling, chen wei, sang wei, Li depeng, Xu kailin, Li zhenyu
The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

Objective Chimeric antigen receptor (CAR) T cell therapy has shown unprecedented response rates in patients with relapsed/refractory (R/R) multiple myeloma (MM). However, the factors associated with immediate response and durable remission have not been fully elucidated. This study aimed to investigate the impact of prelymphodepletion (pre-LD) absolute lymphocyte count (ALC) on the outcomes of CAR T cell therapy and cytokine release syndrome (CRS).

Methods A receiver operating characteristic curve was used to determine the optimal cutoff value of pre-LD ALC. The correlation of pre-LD ALC with deep response (defined as very good partial response or better), CRS, and long-term outcomes was analyzed in 85 patients with R/R MM who received CAR T cell treatment.

Results The median pre-LD ALC was 1.0 $\times 10^9/L$ (range, 0.1 to 2.9 $\times 10^9/L$). The optimal cutoff value of pre-LD ALC was 0.75 $\times 10^9/L$. Twenty-two patients (26%) had a low pre-LD ALC (<0.75 $\times 10^9/L$), and 63 patients (74%) had a high pre-LD ALC ($\geq 0.75 \times 10^9/L$). The deep response rate was

significantly higher in patients with a high pre-LD ALC compared with patients with a low pre-LD ALC (76% versus 41%; $P = .002$). Patients with a low pre-LD ALC had significantly inferior overall survival (OS) and progression-free survival (PFS) compared with those with a high pre-LD ALC (median OS, 15.4 months versus not reached [$P < .001$]; median PFS, 8.4 months versus 27.3 months [$P < .001$]). No correlation between pre-LD ALC and CRS was observed.

Conclusion Our data indicate that pre-LD ALC may be a useful indicator to predict the outcomes of CAR T cell therapy in patients with R/R MM.

PO-1936

A combination of pre-infusion serum ferritin, CRP and IL-6 predicts outcome in relapsed/refractory multiple myeloma patients treated with CAR-T cells

Yang Liu, zhu feng, chen wei, yan zhiling, sang wei, li depeng, xu kailin, Li zhenyu
The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University

Objective Chimeric antigen receptor - T (CAR-T) cell therapy has shown remarkable efficacy in patients with relapsed/refractory multiple myeloma (R/R MM). However, a subset of patients still experienced progression or relapse, and the predictors of prognosis are little known. We analyzed the inflammatory markers before CAR-T cell infusion, to clarify their correlation with survival and toxicity.

Methods This study involved 109 R/R MM patients who received CAR-T therapy between June 2017 and July 2021. Inflammatory markers, including ferritin, c-reactive protein (CRP), and interleukin-6 (IL-6) before CAR-T cell infusion were detected and then categorized by quartiles. Adverse events and clinical outcomes were compared between patients with upper quartile of inflammatory markers and patients with lower three quartiles of inflammatory markers. An inflammatory prognostic index (InPI) based on these three inflammatory markers was developed in this study. Patients were divided into 3 groups according to the InPI score, progression-free survival (PFS) and overall survival (OS) were compared among the groups. In addition, we explored the correlation between cytokine release syndrome (CRS) and pre-infusion inflammatory markers.

Results We found that the pre-infusion high ferritin (hazard ratio [HR], 3.382; 95% confidence interval [CI], 1.667 to 6.863; $P = .0007$), high CRP (HR, 2.043; 95% CI, 1.019 to 4.097; $P = .044$), and high IL-6 (HR, 3.298; 95% CI, 1.598 to 6.808; $P = .0013$) were significantly associated with inferior OS. The formula of the InPI score was based on the HR value of these 3 variables. Three risk groups were formed: (good, 0 to 0.5 point; intermediate, 1 to 1.5 points; poor, 2 to 2.5 points). Median OS for patients with good, intermediate, and poor InPI was not reached, 24 months, and 4 months, respectively, and median PFS was 19.1 months, 12.3 months, and 2.9 months, respectively. In the cox proportional hazards model, poor InPI remained an independent prognostic factor for PFS and OS. Pre-infusion ferritin was negatively associated with CAR T-cell expansion normalized to baseline tumor burden. Spearman correlation analysis showed that pre-infusion ferritin and IL-6 levels positively correlated with the grade of CRS ($P = .0369$ and $P = .0117$, respectively). The incidence of severe CRS was higher in patients with high IL-6 compared with patients with low IL-6 (26% vs. 9%, $P = .0405$). Pre-infusion ferritin, CRP and IL-6 were positively correlated with each peak values within the first month after infusion.

Conclusion Our results suggest that patients with elevated inflammation markers before CAR-T cell infusion are more likely to have poor prognosis.

PO-1937

疼痛评估的及时准确性在多发性骨髓瘤患者中的应用及影响研究

杜严兴、陶俊

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 本研究旨在探讨疼痛评估的及时准确性在多发性骨髓瘤患者中的应用及其对治疗效果和生活质量的影响。采用前瞻性队列研究设计，选取确诊为多发性骨髓瘤并伴有疼痛症状的患者作为研究对象。通过使用标准化的疼痛评估工具，如视觉模拟评分（VAS）和疼痛日记，对患者的疼痛程度进行定期评估。分析评估结果与治疗调整之间的关联性，以及疼痛控制对患者生活质量的影响。

方法 研究分为两组，一组接受及时准确的疼痛评估和相应的治疗调整，另一组则按照常规程序进行疼痛管理。比较两组患者在疼痛控制、生活质量评分、药物使用情况和满意度等方面的差异。

结果 研究发现，及时准确的疼痛评估能够显著提高多发性骨髓瘤患者的疼痛控制效果，减少不必要的药物使用，并提高患者的生活质量。此外，及时评估组的患者对治疗的满意度更高，且在后续的治疗中显示出更好的依从性。

结论 及时准确的疼痛评估对于多发性骨髓瘤患者的疼痛管理至关重要，它不仅能够改善疼痛控制效果，还能提高患者的生活质量和治疗满意度。因此，建议在多发性骨髓瘤患者的治疗过程中，应重视疼痛评估的及时性和准确性。

PO-1938

减低剂量 Pcd 方案治疗虚弱 RRMM 患者的多中心、开放标签临床研究赵洁¹、田卫伟¹、刘文华²、高国荣³、魏明霞⁴、谢云霞¹、贡蓉¹、马梁明¹、隗佳⁵

1. 山西白求恩医院（山西医学科学院）

2. 山西省人民医院

3. 临汾市人民医院

4. 长治医学院附属和平医院

5. 华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 探索根据 IMWG 标准评估为虚弱的复发/难治多发性骨髓瘤（Relapsed and Refractory Multiple Myeloma, RRMM）患者，予减低剂量 Pcd 方案再诱导化疗的疗效及安全性。

方法 本研究收集 2022 年 7 月至 2024 年 4 月山西 4 个中心 15 例 RRMM 患者，经 IMWG GA 评估为 unfit，患者接受减低剂量的 PCd（泊马度胺 2mg/d 1-21d，环磷酰胺 50mg 隔日口服，地塞米松 10mg/w（1-4w），5mg/w（5-8w））方案治疗，并定期评估其疗效、生活质量及不良反应。

结果 纳入患者中位年龄为 73 岁（57-82），男性 8 例占 53.3%，女性 7 例占 46.7%，100% 患者 ECOG 评分 ≥ 2 分，其中 ≥ 3 分患者占 86.7%（13/15），ISS III 期患者占 86.7%（13/15），R-ISS III 期患者占 60%（9/15），10 例（66.7%）伴有高危细胞遗传学改变，2 例（13.3%）患者伴有髓外软组织累及，基线时除贫血以外的血细胞低下患者占 86.7%。中位随访时间中位随访时间 7（2-15）个月，经减低剂量 Pcd 方案治疗后，总体反应率（Overall Response Rate, ORR）为 60.0%，其中完全缓解（Complete Response, CR）率为 26.7%，中位无进展生存期（progression-free survival, PFS）5.0（3.5-6.5）个月，中位总生存期（overall survival, OS）24.0 个月。主要包括骨髓抑制、皮疹、胃肠道反应等，并未出现血栓、周围神经病变、重症感染，26.7% 患者因血液学毒性后期化疗剂量调整。虚弱患者未观察到更多 3 级以上的 TEAEs。

结论 本研究表明全口服减低剂量 Pcd 方案在虚弱 RRMM 患者中具有较好的疗效和安全性，相较于标准治疗方案，减低剂量 Pcd 方案在疗效上并未显著降低，为虚弱患者争取到改善一般体能状态的

机会以及下一步治疗的可能。为 RRMM 患者虚弱阶段一种可行的治疗选择。

PO-1939

异常蛋白条带在治疗后多发性骨髓瘤患者中的临床意义

周涵、肖晗
中南大学湘雅三医院

目的 据报道，多发性骨髓瘤（MM）患者在诊疗过程中可出现轻链或重链成分与基线诊断时不同的异常蛋白条带（APB）。APB 在 MM 患者中的预后作用尚有争议。本研究目的是总结新药时代下 APB 的发生率，临床病程，并探讨 APB 在 MM 患者中的预后意义。

方法 研究者回顾性分析了于 2016 年 1 月 1 日至 2022 年 12 月 31 日期间于中南大学湘雅三医院诊断并接受治疗的 541 例 MM 患者临床数据，探索引起 APB 发生的相关因素，对 APB 组及非 APB 组疗效分布组成进行分析，并对两组生存结局进行比较。采用 SPSS 27.0 进行数据分析。

结果 60 例（11%）MM 患者出现 APB，其中，22 例（36.7%）患者为寡克隆蛋白（OB），32 例（53.3%）患者为单克隆蛋白（IgS），还有 6 名（10.0%）同时出现 OB 及 IgS。APB 发生的中位时间为诊断后 11.92 月（范围：0-78 月），平均持续存在时间为 5.55 月（范围：0-28 个月）。接受自体造血干细胞移植（ASCT），达雷妥尤单抗及三联诱导治疗后的 MM 患者更倾向发生 APB，其中 ASCT 是 APB 发生的最有力影响因素（OR=12.632，95%CI：6.732-22.548；P<0.001）。APB 组疗效分布明显优于非 APB 组（Z=-4.029，P<0.001），总缓解率及高质量缓解率均较高（98.3% VS 60.8%， $\chi^2=5.852$ ，P=0.016；76.7% VS 53.1%， $\chi^2=11.531$ ，P<0.001）。中位随访 35 个月，经历 APB 的 MM 患者的中位总生存期（OS）未达到，未经历 APB 的 MM 患者的 OS 为 51 个月（P<0.001）；APB 组中位无进展生存期（PFS）为 48 个月，无 APB 组为 36 个月（P=0.004）。多因素 Cox 回归表明，相较于无 APB 患者，经历 APB 的 MM 患者倾向拥有更长 OS 及 PFS（OS：HR=0.567，95%CI：0.301-1.068；PFS：HR=0.764，95%CI：0.479-1.220）。但这种 APB 相关的生存益处并未在各治疗亚组中观察到。在经历 APB 的患者中，出现 OB 及 IgS 类型的 MM 患者生存结局无明显差异。出现 APB 但未接受 ASCT 的 MM 患者的 PFS 及 OS 均不劣于接受 ASCT 的患者（OS：P=0.994；PFS：P=0.148）。

结论 本研究表明，APB 的出现与 MM 患者的良好预后有关，其预后意义仍待在更大样本量，更长随访时间的研究队列中进一步研究。

PO-1940

以专科护士为主导的医护联合一体化全程管理模式 在多发性骨髓瘤患者中的应用研究

林欢
西安交通大学第一附属医院

目的 探讨以专科护士为主导的医护联合一体化全程管理模式在多发性骨髓瘤患者中的应用效果。

方法 选取 2022 年 6 月至 12 月在我科住院治疗的 108 例多发性骨髓瘤患者为对照组，对其实施常规护理及管理；2023 年 1 月至 6 月在我科室住院治疗的 113 例多发性骨髓瘤患者为实验组，对其实施以专科护士为主导的医护联合一体化全程管理模式，通过建立医护联合一体化的多发性骨髓瘤全程管理团队，针对患者不同时期的特点及需求，为患者提供包括症状护理、用药护理、通路护理、心理护理、健康教育、延续护理等，从患者住院治疗到回归家庭进行全程化管理。比较两组患者在疼痛程度、用药依从性、自我管理能力和生活质量及满意度之间的差异。

结果 实验组患者在用药依从性、自我管理能力和生活质量及满意度评分均高于对照组，疼痛评分低于对照组。

结论 对多发性骨髓瘤患者实施以专科护士为主导的医护联合一体化全程管理模式，能够提高患者治疗及用药依从性，缓解疼痛程度，提升自我管理能力和生活质量，减少不良反应的发生，提高患者满意度。

PO-1941

多发性骨髓瘤患者基于硼替佐米联合方案治疗后网织红细胞成熟参数的变化及与免疫和临床指标的相关性研究

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、张雨潇
兰州大学第二医院

目的 通过观察初诊多发性骨髓瘤 (Newly diagnosed multiple myeloma, NDMM) 患者基于硼替佐米联合治疗后网织红细胞及成熟参数的变化，同时研究其与免疫指标、疾病特征、预后指标的相关性，探讨多发性骨髓瘤患者基于硼替佐米联合方案治疗后网织红细胞成熟参数的变化及与免疫和临床指标的相关性和意义，以期为临床干预提供参考。

方法 选取 2021 年 12 月至 2023 年 1 月兰州大学第二医院血液科收治的 NDMM 患者 31 例为实验组，纳入同期体检中心的健康志愿者 20 例为对照组。采用全自动血细胞分析仪检测血常规、网织红细胞及成熟参数，流式微球捕获芯片技术法检测 IL-6、TNF- α 、IFN- γ 等细胞因子。常规生化分析仪检测 ALB、LDH、 β 2-MG、CRP，骨髓涂片检测浆细胞比例。

结果 1. NDMM 患者治疗后网织红细胞绝对值 (RET#)、网织红细胞百分比 (RET%)、未成熟网织红细胞 (IRF)、中荧光强度网织红细胞 (MFR%)、高荧光强度网织红细胞 (HFR%)、白细胞 (WBC)、中性粒细胞绝对值 (ANC) 表现为先降后升，RET# 治疗后第 4 天最低，第 7 天回升；RET%、IRF 第 7 天最低，第 10 天回升；MFR%、HFR%、WBC、ANC 治疗第 10 天最低，第 13 天回升。低荧光强度网织红细胞 (LFR) 治疗后逐渐升高，第 7 天升至最高，第 10 天起下降。截至观察结束第 16 天网织红细胞及成熟参数、WBC、ANC 均未恢复至治疗前水平。2. 相关性分析表明，NDMM 患者治疗前网织红细胞及成熟参数与浆细胞比例、 β 2-MG、CAR (CRP/ALB)、MM 危险分层、LDH 具有相关性 ($P < 0.05$)；浆细胞比例、CAR、MM 分层与 LFR% 负相关 ($P < 0.05$)；MM 分层、CAR 与 HFR%；MM 分层、 β 2-MG 与 MFR%；MM 分层、CAR 与 IRF；CAR 与 RET%；LDH 与 RET# 正相关 ($P < 0.05$)；IL-6、TNF- α 、IFN- γ 与治疗前网织红细胞及成熟参数无明显相关性 ($P > 0.05$)；3. 以治疗前 LDH 250U/L 为界对比治疗后网织红细胞及成熟参数，MFR% 第 7 天，HFR% 第 1、16 天，IRF 第 7、10 天差异有统计学意义 ($P < 0.05$)；以治疗前浆细胞比例 60% 为界对比治疗后网织红细胞及成熟参数，IRF 第 4、7 天，LFR% 第 4、7 天差异有统计学意义 ($P < 0.05$)；以治疗前 β 2-MG 5500ng/L 为界对比治疗后网织红细胞及成熟参数，LFR% 第 4 天差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 1. NDMM 患者治疗后网织红细胞及成熟参数较 WBC、ANC 敏感，能更好的反映骨髓抑制、恢复，是骨髓重建的最佳监测指标。2. 治疗前网织红细胞及成熟参数在一定程度上可以反映疾病严重程度。3. NDMM 患者治疗前 β 2-MG、LDH 越高，浆细胞比例越高治疗后骨髓抑制越明显，可根据以上指标提前行临床干预。

PO-1942

多发性骨髓瘤 IL-18 及相关细胞因子、 β2-微球蛋白的表达水平及意义

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、谢芳
兰州大学第二医院

目的 本研究旨在通过观察 IL-18、IL-8、IL-6、IL-1β 及 β2-MG 等在 MM 中的表达水平及相关性分析，探讨 IL-18 等免疫因素在 MM 发生发展中的免疫作用。

方法 收集 2021 年 12 月至 2023 年 1 月在兰州大学第二医院就诊的初诊 MM 患者 29 例（R-ISS 分期：I 期 3 例、II 期 17 例、III 期 9 例），健康对照组 14 例，采用酶联免疫吸附实验（Enzyme linked immunosorbent assay, ELISA）检测外周血 IL-18，流式微球分析法（Cytometric bead array, CBA）法检测外周血细胞因子 IL-1β、IL-6、IL-8 及 β2-MG 水平，并分析与 MM 免疫紊乱之间的关系，应用 SPSS 26.0 软件进行相关性分析。

结果 1.与健康对照组相比，初诊 MM 组 IL-18 表达显著减低（ $P<0.05$ ），IL-18 表达水平与 R-ISS 分期及危险度分层有关，其中 R-ISS I 期>R-ISS II 期>R-ISS III 期（ $P<0.05$ ），低危组>高危组（ $P<0.05$ ）；2.初诊 MM 组 IL-6、IL-8、β2-MG 表达均显著高于健康对照组（ $P<0.05$ ），其中 IL-6 表达水平与 R-ISS 分期有关，R-ISS III 期>R-ISS II 期>R-ISS I 期（ $P<0.05$ ），而 IL-8 与分期无关；IL-1β 在对照组与实验组中表达无显著性差异（ $P>0.05$ ）；3.相关性分析表明，IL-18 表达水平与 β2-MG 表达呈负相关，与 IL-1β、IL-8 表达水平无相关性，β2-MG 与 MM 患者肾功能不全呈正相关，IL-6 与 MM 患者骨破坏呈正相关。

结论 1.初诊 MM 患者 IL-18、β2-微球蛋白、IL-6、IL-8 均异常表达，且 IL-18、IL-6 异常表达与 MM 的 R-ISS 分期相关，提示它们可能共同参与 MM 的免疫微环境紊乱。2.IL-18 表达水平的降低与 β2-微球蛋白表达水平的升高呈负相关，两者可能通过 NLRPS- caspase-1 途径影响免疫微环境，值得进一步研究。

PO-1943

维奈克拉治疗 14 例 t(11;14)阳性浆细胞疾病患者的回顾性分析

刘昀彤、安刚
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 观察维奈克拉治疗浆细胞疾病的疗效及不良反应。

方法 回顾性分析 2020 年 1 月至 2023 年 9 月就诊于中国医学科学院血液病医院接受维奈克拉治疗的 13 例多发性骨髓瘤和 1 例原发性浆细胞白血病患者临床资料，分析其疗效及不良反应。

结果 14 例中男性 7 例，女性 7 例；中位年龄 58.5（34-66）岁；初次诊断至应用维奈克拉的中位时间 18.5（5-80）个月；所有患者均为荧光原位杂交的 t(11;14)阳性，8 例患者伴有 1q21+或 del(17p)的其他高危遗传学异常，5 例患者有髓外病变。1 例患者为原发难治，其余 13 例复发难治患者中位既往治疗线数 2（1-9）线，7 例患者既往对 PIs 和 IMiDs 二重耐药，6 例对 PIs、IMiDs 及 CD38 单抗三重耐药，2 名患者为自体造血干细胞移植（ASCT）后复发。所有患者均采用维奈克拉为基础方案治疗，3 例采用 Ven-KD 方案，2 例采用 Ven-SPD 方案，2 例采用 Ven 单药治疗，余联合方案各 1 例。总缓解率为 75%（9/12），其中严格意义的完全缓解（sCR）3 例，非常好的部分缓解（VGPR）1 例，部分缓解（PR）3 例，微小缓解（MR）2 例。截至末次随访时间，死亡 9 例，3 例患者维持无进展生存，中位持续缓解时间为 5.5（0.1-23.7）个月，中位 PFS 为 2.7（0.2-24.5）个月，中位 OS 为 10.8（2.9-31.2）个月。≥3 级 AE 主要为中性粒细胞减少（4 例）、血小

板减少（3例）、感染（6例）， ≥ 3 级AE发生率为57.1%（8/14），无导致死亡的AE发生，9例患者因PD死亡。

结论 以维奈克拉为基础的方案治疗t(11;14)阳性浆细胞疾病患者疗效较好，安全性可控，特别是早期规律使用以及联合免疫治疗的患者得到了长期深度缓解。

PO-1944

靶向抑制自噬增强伊布替尼的体内外抗骨髓瘤效应

冯娟、陈协群

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 多发性骨髓瘤（MM）目前仍不可治愈，自噬通路异常激活是其重要的耐药机制之一。伊布替尼在MM中显示出一定的治疗前景，本研究围绕伊布替尼对MM自噬的调控及自噬在伊布替尼抗MM效应中的作用进行研究，旨在探索提高伊布替尼治疗MM有效性的策略。

方法 用MTT、流式及Western blot等技术检测伊布替尼对MM细胞系增殖与凋亡的影响；用Western blot、PCR、透射电镜及ChIP探索伊布替尼对MM细胞自噬反应的调控及其机制；通过MTT、流式及Western blot等技术，观察伊布替尼联合自噬抑制剂后，对MM细胞增殖、凋亡及自噬程度的影响；运用裸鼠皮下荷瘤模型，观察抑制自噬对伊布替尼体内抗MM效应的影响。

结果 1. 伊布替尼抑制MM细胞活力、诱导细胞凋亡，并活化MM细胞自噬反应；2. 伊布替尼下调SIRT1，上调组蛋白H4K16乙酰化（H4K16ac），促进LC3B启动子区的H4K16ac募集，进而活化LC3B基因转录；3. 自噬抑制剂3-MA、HCQ及BAF可协同伊布替尼促进MM细胞凋亡，并抑制伊布替尼诱导的自噬通路活化；4. HCQ与伊布替尼合用能显著抑制裸鼠皮下浆细胞瘤体生长。

结论 1. 伊布替尼诱导MM细胞DNA损伤及凋亡，同时活化MM细胞自噬通路，其机制涉及到组蛋白H4K16ac表观调控；2. 伊布替尼在MM中所诱导的自噬为保护性自噬，靶向抑制自噬能够增强伊布替尼的体内外抗MM活性。

PO-1945

多发性骨髓瘤中循环正常浆细胞和肿瘤浆细胞的临床特征及意义

蔡梦洁、朱明清、白霞、梅仁、戴兰、沈文红、杨卓琦

苏州大学附属第一医院

目的 使用多参数流式细胞术检测多发性骨髓瘤（MM）患者在初诊、治疗六个月和12个月后循环正常浆细胞（CNPCs）和循环肿瘤浆细胞（CTPCs）的变化，并评估两者与临床和实验室参数以及预后之间的相关性。

方法 回顾性分析2018年9月至2023年3月就诊于苏州大学附属第一医院的35例初诊多发性骨髓瘤患者外周血及骨髓的流式细胞术结果，进一步分析两者与临床特征及预后的相关性。

结果 35例MM患者初诊时外周血中均检测出了循环浆细胞（CPCs），其中，11例患者外周血只检测出CNPCs（31.4%），24例患者外周血中检测出CTPCs（68.6%）。CNPCs的比例中位数为0.015%，CTPCs的比例中位数为0.12%，初诊MM患者外周血中CNPCs比例显著低于CTPCs的比例（ $P=0.0008$ ）。CNPCs比例与骨髓肿瘤浆细胞比例无显著相关性（ $P=0.265$ ），而CTPCs比例与骨髓肿瘤浆细胞比例具有显著相关性（ $P=0.0073$ ）。治疗6个月后，CNPCs组中50%患者骨髓流式细胞术结果为正常多克隆性浆细胞，CNPCs组中42.8%患者骨髓流式细胞术结果为正常多克隆性浆细胞，两组无显著性差异；治疗12个月后，CNPCs组中75%患者骨髓流式细胞术结果为正常多克隆性浆细胞，CNPCs组中81.2%患者骨髓流式细胞术结果为正常多克隆性浆细胞，

两组无显著性差异。相比于 CNPCs 组, CTPCs 组完全缓解率更低, 出现溶骨病变的概率更高。

结论 CTPCs 比例与患者骨髓中 TPCs 相关, 并且具有较差的预后, 而 CNPCs 可能有较好的缓解率相关, 多发性骨髓瘤患者外周血中 CNPCs 比例较低。

PO-1946

塞利尼索联合美法仑预处理治疗 多发性骨髓瘤的疗效及安全性初步探索

李佳丽、饶军、向茜茜、曾韞璟、李甫、周沙、董松、刘红云、杨涵善、刘波、高力、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 美法仑(Melphalan, Mel) 200mg/m² 目前是多发性骨髓瘤(Multiple myeloma, MM)的自体造血干细胞移植(Auto hematopietic stem cell transplantation, auto-HSCT)的标准预处理方案。塞利尼索是一种口服的选择性核输出蛋白抑制剂, 多项研究显示塞利尼索和双功能烷基化剂在骨髓瘤治疗中具有协同作用。因此, 我们研究了美法仑联合塞利尼索预处理对 auto-HSCT 多发性骨髓瘤患者的疗效。此研究旨在评估自体移植预处理塞利尼索联合美法仑治疗多发性骨髓瘤患者的有效性和安全性。

方法 纳入的符合自体造血干细胞移植条件的多发性骨髓瘤患者, 移植前疗效达到≥部分缓解(PR), 或通过诱导或挽救性治疗未获得完全缓解(CR)的患者。患者接受预处理移植方案为-3 天和-2 天 60mg,口服,美法仑 70mg/m²,第 3 天和第 2 天(美法仑总剂量 140mg/m²), 观察移植后患者的疗效和安全性。

结果 2023 年 6 月至 2023 年 12 月, 共 11 例 MM 患者接受了 auto-HSCT 治疗,基线特征包括:中位年龄为 54 岁(范围 47-70), 男:女=4:7; IgG 亚型=8, IgA 亚型=1, 轻链型=2; DS-III 期患者占 36.3%, ISS-III 期患者占 27.3%,1q21 阳性患者占 27.3%, TP53 缺失患者占 18.2%, 7 例患者合并髓外病变; 诱导治疗中位数为 6(4-18 周期), 所有患者均接受含硼替佐米诱导和免疫调节剂治疗, 其中 18.2%患者接受了达雷妥尤单抗治疗。移植前疗效 PR 患者 6 例, VGPR 患者 5 例, 输注干细胞 CD34 + 5.1×10⁶/kg(范围 1.08-15.1)。移植后中位中性粒细胞植入时间为 11 天(范围 9-13 天), 中位血小板植入时间为 14(范围 11-16 天)。auto-HSCT 移植后疗效评估: CR 患者 6 例, VGPR 2 例, PR 3 例, ORR 为 72.7%,CR 转化率为 54.5%。未发现预处理治疗相关的死亡病例, 治疗相关不良事件包括:9 例患者出现中性粒细胞减少伴发热患者、7 例腹泻、5 例恶心、1 例肝功能异常、4 例口腔黏膜、2 例血流感染。

结论 初步研究结果提示塞利尼索与美法仑联合预处理可优化 ASCT 效率,治疗耐受性良好,不影响造血植入。

PO-1947

eGFR 年变化率对多发性骨髓瘤患者死亡风险的预测作用

刘香
四川大学华西医院

目的 背景: 肾功能损害是多发性骨髓瘤(MM)患者死亡率不良因素。然而, 估计肾小球滤过率(eGFR)动态变化(即年变化率)与 MM 预后的关联尚不明确。

方法 我们回顾性纳入了 1735 例 MM 患者, 并进行了前瞻性监测肌酐水平和生存状况。利用研究期间所有可用的 eGFR 值计算 eGFR 变化率。根据 eGFR 年变化率的三分位数(-3.5 和 0.5

ml/min/1.73m²/年)将患者分为“下降”、“稳定”和“增加”三组。利用 Cox 比例风险回归和限制性立方样条分析探讨 eGFR 年变化率与全因死亡率的关系。

结果 eGFR 变化率与死亡风险呈 U 型关系(非线性趋势的 p 值<0.001),大幅度的 eGFR 下降和增加均与增加的死亡风险相关。相比于稳定组,下降组的死亡风险增加了一倍(风险比[HR] 2.25, 95% CI 1.87-2.72, p <0.001),即使在肾功能正常的患者中也是如此。同样,与稳定组相比,增加组在 MM 患者中也与增加的死亡风险相关,尤其是在基线未发生肾功能损害的患者中(HR 4.16, 95% CI 2.94-5.89, p <0.001)或在随访期间从未发生肾的患者中(HR 2.45, 95% CI 1.97-3.05, p <0.001)。

结论 MM 患者中, eGFR 年变化率可比是否发生肾损更早预测 MM 死亡风险,在 MM 中可能是肾功能结局的一个有用的替代终点。

PO-1948

Evaluation of therapeutic safety and efficacy of UC-MSC therapy for Critical limb ischemia: a single-arm single-center and open-label clinical trial

Ruiyu Yang

Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

Objective The scale of clinical trials for using UC-MSC in the treatment of CLI needs improvement, and the underlying mechanisms of stem cell-mediated immunity remains unclear.

Methods We administered UC-MSC intramuscularly to 36 CLI patients, and assessed their condition at months 3 and months 6. And in this study, we conducted a single-arm, single-center, open-label clinical study in which UC-MSC (4×10^7 - 7×10^7 UC-MSC /m²) were injected into the diseased lower limb muscles.

Results During the 12-month observation period, the major amputation-free survival rate was 86.1%, and the amputation-free survival rate was 83.3%. Additionally, there was a significant reduction in patients' pain scores, with a 72.2% ulcer healing rate and a 79.3% improvement in cold sensation

Conclusion Our results suggest that UC-MSC greatly demonstrates the potential to treat CLI.

PO-1949

靶向肝素辅因子 II 的 RNA 干扰作用促进血友病的止血治疗在比格犬中的实验

张雨阳、林文熠、胡豫、唐亮
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 寻找一种新的血友病治疗方式,即通过 RNA 干扰方式靶向一种可灭活凝血酶的重要抗凝蛋白,肝素辅因子 II (HCII),并进行大动物体内实验推动该治疗方式的临床转化。筛选出的小干扰 RNA (siRNA)与 N-乙酰半乳糖胺(GalNAc)共价结合(GalNAc-HCII)可促进药物靶向肝脏,观察 siRNA-HCII 在比格犬体内的药代及药效反应。

方法 设计针对比格犬 HCII mRNA 序列的 siRNA,在体外对原代犬肝细胞进行 siRNA 转染;利用 qRT-PCR 检测 HCII 相对于管家基因 GAPDH 的 mRNA 丰度;利用 Western blot 测定 HCII 蛋白相对于内参 GAPDH 的水平。siRNA-HCII 与 N-乙酰半乳糖胺(GalNAc)共价结合形成 GalNAc-HCII;比格犬静脉注射经 CY3 染料标记的 GalNAc-HCII (GalNAc-HCII-CY3),通过荧光显微镜观察组

织冰冻切片荧光；比格犬静脉注射 GalNAc-HCII，利用茎环法 qRT-PCR 检测不同时间点血浆及肝脏中的药物水平；比格犬单次及多次皮下注射不同剂量 GalNAc-HCII，利用酶联免疫吸附实验（ELISA）检测不同时间点血浆 HCII 抗原水平。

结果 GalNAc-HCII-CY3 在肝脏切片中的荧光强度明显高于其他组织，该药物特异性地靶向肝脏并在给药后 4 小时出现最大荧光强度，而其他器官未观察到药物积聚；GalNAc-HCII 对 HCII 蛋白水平呈剂量依赖性抑制，单次注射后第 5 天 HCII 水平达到最低值，多次给药 2 周后 HCII 蛋白可维持低水平（~20%）较长时间。

结论 GalNAc-HCII 具有显著的肝脏靶向性，在比格犬体内可维持较长时间且能有效抑制血浆及肝脏 HCII 蛋白水平。

PO-1950

作为新型抗凝靶点的因子 XIa 抑制剂：最新临床研究进展

夏云晴、唐亮、胡豫

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 本文将从临床应用的角度总结抗凝剂的发展以及现有 XI 因子抑制剂临床试验的最新进展。

方法 为了找到相关研究，我们检索了 Embase、PubMed 和 Cochrane 图书馆以及临床试验数据库。我们总结了纳入的文献，包括作者、年份、药物类型、药物名称、参与人群和临床注册号。采用 Mantel-Haenszel 随机效应模型评估荟萃分析的集合效应大小。报告的相对风险比 (RR) 含 95% 置信区间 (CI)。为衡量研究间的异质性，采用了 Cochran's 检验和 I² 检验。当 $p < 0.10$ 和 $I^2 > 50\%$ 时，则判定存在统计学意义上的显著异质性。对每项结果都绘制了森林图。使用漏斗图和 Egger 检验对发表偏倚进行目测评估。

结果 我们共有 33 项临床试验被纳入我们的搜索筛选范围。其中，22 项临床试验已完成并公布结果，6 项已完成但未公布结果，5 项正在招募中。收录文献中有 7 项临床试验评估了 FXIa 抑制剂的疗效和安全性。

结论 迄今为止进行的临床试验表明，XIa 因子是未来抗凝血的潜在目标。XIa 因子抑制剂可能会在未来抗凝剂的开发中发挥重要作用。

PO-1951

Anxiety and health-related quality of life in patients with immune thrombocytopenia: a longitudinal multi-scales survey

Jing Zhang, Renchi Yang

中国医学科学院血液病医学

Objective Aim: We aim to report on the changes in health-related quality of life and psychological status of Chinese patients with immune thrombocytopenia (ITP), in order to provide better treatment and psychological counseling for specific patients.

Methods We used questionnaires, clinical observations, and medical records to evaluate different facets such as physical well-being, mental health, social engagement, and life contentment among 216 newly diagnosed ITP patients at different time points (week1/week4/week20). The survey questionnaire includes the following 5 items: ITP-PAQ, SF-36, Hamilton Anxiety Rating Scale (HAMA), European Quality of Life-5 Dimensions (EQ-5D-

5L), and FACIT-F scale. These data were then analyzed in SPSS software to derive meaningful insights into the experiences of individuals living with ITP.

Results Result: Female patients consistently scored lower on the ITP-PAQ at all time points compared to males (male 72.66, female 65.45 at w1, $p=0.007$), but their scores increased over time and the difference between the two groups decreased (male 88.21, female 81.16 at w20, $p=0.086$). Age-wise, a marked improvement in quality of life is observed in the 30-39 age group, escalating from 67.20 at W1 to a striking 88.21 at W20. Occupation is another major factor, farmers and retired people scored less compared with those who are working in city (farmers and retired people: 60.63, others: 80.36, $P=0.001$). As for Fatigue measured by FACIT-F, the initial observation reveals significant gender differences in fatigue levels at W1, with females reporting higher mean scores (16.36) compared to males (11.98), indicating greater fatigue among women. This difference, however, diminishes over time, as evidenced by the closing gap at W4 and the reversal at W20, where males report significantly higher fatigue levels (18.16) than females (12.00). A significant gender disparity is evident across multiple SF-36 dimensions, particularly at the initial time point (W1), where males reported notably higher scores in physical functioning (FP), role physical (RF), bodily pain (BP), general health (GH) than females. The treatment modalities show varying impacts on SF-36 scores, with no single treatment leading to uniformly high scores across all domains. Occupational differences in anxiety levels are statistically significant ($p=0.019$), students and retirees show a tendency towards higher anxiety levels. European Quality of Life-5 Dimensions reveals the same tendency as SF36 that older people showed more depression and difficulty in daily work($P=0.03$).

Conclusion The examination of gathered data and statistical outcomes indicates that although a large number of participants exhibited satisfactory physical health and psychological stability, a notable subset encountered difficulties in everyday functions, especially relating to physical discomfort, emotional health, and social engagement. Therefore, customized care and assistance approaches are advocated to enhance the life quality and psychological well-being of individuals impacted by ITP.

PO-1952

DPN 抗体降低小鼠缺血性脑卒中再灌注 损伤血栓-炎症的机制研究

赵益明、钱爽
苏州大学附属第一医院

目的 本研究旨在探讨 PDPN 阻断性抗体对缺血性脑卒中小鼠 I/R 诱导的血栓炎症的治疗作用的机制

方法 6-8 周龄雄性 C57BL/6 小鼠, 应用颈内动脉线栓法构建大脑中动脉阻塞模型 (MCAO), 采用 (1) Garcia 神经评分评估小鼠神经功能, 并用 FJC 染色检测脑组织神经元损伤情况。(2) 采用 TTC 染色检测小鼠脑梗死体积变化, 免疫荧光染色检测微血管血栓形成, Drabkin 试剂检测脑 Hb 含量, 蛋白印迹检测 caspase-1 和 GSDMD-N 表达。

在体外实验中用小鼠小胶质细胞系 (BV2 细胞) 构建氧糖剥夺/复氧 (OGD/R) 损伤模型, 设置 control 组、OGD/R+PBS 组、OGD/R+ α -PDPN 组。

结果 在体内试验中, 与 MCAO+PBS 对照组相比, TTC 染色显示 MCAO+ α -PDPN 组大脑局部脑梗死体积显著减少 ($P<0.05$), Garcia 神经评分显示 MCAO+ α -PDPN 组神经功能评分显著提高 ($P<0.05$), FJC 染色显示 α -PDPN 减轻了神经元损伤 ($P<0.05$), 免疫荧光显示 MCAO+ α -PDPN 组微血栓沉积减少 ($P<0.05$), MCAO+ α -PDPN 组 TAT 浓度降低 ($P<0.05$), 而脑 Hb 含量没有明显差异 ($P>0.05$), 蛋白印迹显示 α -PDPN 组皮质组织小胶质细胞中 caspase-1、GSDMD-N 蛋白表达降低 ($P<0.05$), ELISA 显示 MCAO+ α -PDPN 组 IL-1 β 与 IL-18 水平显著降低 ($P<0.05$)。

在体外实验, 与 OGD/R+PBS 组相比, OGD/R+ α -PDPN 组小胶质细胞中 caspase-1、GSDMD-N

蛋白表达降低 ($P < 0.05$), MCM 与内皮细胞共培养, 上清液 IL-1 β 与 IL-18 水平显著降低。含 α -PDPN 的 MCM 组内皮细胞 ZO-1、occludin 蛋白上升, ICAM-1 和 VWF 下降, 内皮细胞活力显著上升。

结论 PDPN 阻断性抗体可通过抑制小胶质细胞 caspase-1/GSDMD 途径, 减轻急性缺血性卒中的血栓炎症反应, 间接减轻内皮细胞损伤, 改善和保护脑损伤。

PO-1953

Machine Learning–Driven Immune Thrombocytopenia Prediction for Glucocorticoids Treatment Response: a Prospective NICHE Cohort

Jia Chen, Ting Sun, Yunfei Chen, Lei Zhang
Chinese academy of medical science

Objective The initial management of immune thrombocytopenia (ITP) typically involves the administration of corticosteroids, which elicit favorable responses in 50%–85% of the patients. However, a significant proportion, i.e., 80% of adults do not respond adequately to corticosteroids. The mechanisms and biomarkers predicting the response of glucocorticoids treatments are elusive.

Methods We performed a metabolomic profiling of peripheral blood plasma samples collected from ITP patients admission in a National Longitudinal Cohort of Hematological Diseases (NICHE, NCT04645199). Machine learning algorithms were conducted to discover novel biomarkers to predict ITP patient treatment responses.

Results Out of the 63 patients who received corticosteroids, 38 showed a favorable response, whereas 25 patients did not. We then used the screening criteria mentioned earlier to identify the differences in metabolites between the two groups: responders and non-responders. The responders group had 160 metabolites that were up-regulated and 429 metabolites that were downregulated, showing significant differences compared to the non-responders group. Further, we used Lasso regression and Boruta algorithm for feature selection, and identified that ten metabolites, 24-epi-Brassinolide, N-[[4-[(pyridin-2-ylamino)methyl]phenyl]methyl]pyridin-2-amine, N-Phosphotaurocyamine, Rugulosin, Strictosidine, Vignatic acid A, Okenone, 2,4-cis-Asimicinone, PC(20:3(5Z,8Z,11Z)/20:2(11Z,14Z)), Asn-Thr-Ile-Arg, were closely associated with the response to corticosteroid treatment. These variables were comprehensively evaluated using the Random Forest, Xgboost, and Gradient Boosting Regression Trees (GBRT) algorithms, and the overlap of the top five significant metabolites to be Vignatic acid A, 24-epi-Brassinolide, and Okenone. These compounds participate in the modulation of T and B lymphocyte activity, thereby enhancing immune tolerance and safeguarding immune cells from oxidative stress-induced damage, which is essential for the preservation of immune system homeostasis.

Conclusion This study revealed metabolic alterations, and a potential biomarker predicting the glucocorticoids response on ITP, thereby highlighting the clinical significance of the metabolome in this patient population.

PO-1954

Integrating chemokines and machine learning algorithms for diagnosis and bleeding assessment in primary immune thrombocytopenia patients: a prospective cohort study

Qing Wen, Ting Sun, Jia Chen, Yang Li, Xiaofan Liu, Huiyuan Li, Rongfeng Fu, Wei Liu, Feng Xue, Mankai Ju, Huan Dong, Xinyue Dai, Wentian Wang, Ying Chi, Renchi Yang, Yunfei Chen, Lei Zhang
Hematology Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences (Institute of Hematology)

Objective Primary immune thrombocytopenia (ITP) is an autoimmune bleeding disorder, and the involvement of chemokines has been proven pivotal in its pathogenesis. However, the value of chemokines in diagnosis and disease assessment remains insufficiently established. We aimed to discover new markers that can aid in accurate diagnosis and bleeding evaluation in ITP patients by quantifying multiple chemokine profiles.

Methods In the discovery cohort, a Luminex-based assay was employed to quantify concentrations of multiple chemokines in plasmas. These levels were subjected to comparative analysis using a prospective cohort from the National Longitudinal Cohort of Hematological Diseases (NICHE, NCT04645199) including 60 ITP patients and 15 healthy controls (HCs). Additionally, comparative evaluation was conducted between a subgroup of 12 ITP patients characterized by bleeding episodes (ITP-B, as defined by an ITP-2016 bleeding grade ≥ 2) and 33 ITP patients without bleeding episodes (ITP-NB, as defined by an ITP-2016 bleeding grade ≤ 1). Machine learning algorithms further identified chemokines that could be used to diagnose ITP and assess bleeding risk. Candidate biomarkers were verified using enzyme-linked immunosorbent assay-based testing of validation cohort samples (25 HCs and 46 ITP patients).

Results In the discovery cohort, the findings indicated significant differences in the concentrations of 10 chemokines between ITP patients and HCs; the ITP-B group exhibited differences in levels of 13 chemokines compared to the ITP-NB group. Machine learning algorithms further identified CCL17, CCL22, and CCL26 as promising indicators for accurate diagnosis and CCL21, CXCL8, CXCL10, CCL8, CCL3, and CCL15 as biomarkers for assessing bleeding risk. Receiver operating characteristic (ROC) curves revealed the potential value of these chemokines in diagnosing ITP and assessing bleeding risk. Consistent with these findings, our ELISA results in the validation cohort revealed significant differences in the plasma concentrations of CCL17, CCL22, and CCL26 between the ITP and HC groups, and CCL21, CXCL8, CXCL10, CCL8, CCL3, and CCL15 between the ITP-NB and ITP-B groups. Notably, ROC analysis demonstrated that these biomarkers respectively have high accuracy for diagnosing ITP and assessing bleeding risk.

Conclusion In conclusion, this study shows that specific chemokines hold promise as novel biomarkers for diagnosis and evaluation of bleeding in patients with ITP. The findings are likely to pave the way for future advancements in diagnostic tests and bleeding assessment tools based on multiple chemokines, facilitating accurate diagnosis and bleeding evaluation in ITP patients.

PO-1955

Alfalfa-inpatient-CAT 评估模型： 属于住院肿瘤患者的血栓风险评估模型

吴桂兰¹、陈文君¹、牛培广¹、吴淑仪¹、吕美娜²、江少均³、吴婷婷¹、张进华¹

1. 福建省妇幼保健院
2. 福建医科大学附属协和医院
3. 福建医科大学附属第一医院

目的 从住院肿瘤患者的实际情况出发，构建针对住院肿瘤患者的 VTE 风险评估模型。

方法 根据纳排标准纳入患者，采集患者基本信息；对纳入的所有变量进行单因素分析和二元 Logistic 回归的多因素分析，建立适合住院肿瘤患者的 VTE 风险评估模型。采用 Hosmer-Lemeshow 检验和受试者工作特征曲线（receiver operating characteristic curve, ROC）曲线检验模型的拟合度和鉴别效能，并采用验模数据库的患者数据进行外部人群的验证。

结果 本研究共纳入 944 例符合要求的肿瘤患者，其中血栓组 472 例，对照组 472 例。通过单因素和多因素分析，最终建立了住院肿瘤患者的 VTE 风险评估模型：Alfalfa-inpatient-CAT 评估模型，风险因素主要包括：化疗、高血压，VTE 病史，近一个月内的手术史，PICC 置管处理、D 二聚体 ≥ 1.805 ($\mu\text{g/mL}$)、PT <12.85 (秒)、血红蛋白 ≤ 114.5 (g/L) 和 CRP ≥ 7.575 (mg/L)。H-L 检验结果 $P=0.353>0.05$ ，($\chi^2=8.872$, $v=8$)；ROC 曲线下面积为 0.906，95%CI 为 (0.881-0.930)， $P<0.001$ ；在验模数据库中的真实性评价显示，高危人群（得分 ≥ 3 分）中发生血栓的风险为 72.63%，明显高于低危人群（得分 0-2 分）27.37%，且 $\chi^2=144.00$, $V=1$, $P<0.001$ ，综上认为该模型具有较好的拟合度和鉴别效能。

结论 精准、有效的 VTE 风险评估模型可以帮助医护人员识别 VTE 高风险的患者，故本研究针对高血栓风险的住院肿瘤患者开发了新的 VTE 风险评估模型--Alfalfa-inpatient-CAT，以期在不断优化中，能为住院肿瘤患者的临床治疗提供一定的参考。

PO-1956

预测服用抗凝药物患者发生颅内出血的新评分

马福新、吴桂兰、常思洁、张进华
福建省妇幼保健院

目的 抗凝药物主要包括华法林和利伐沙班，广泛用于房颤患者预防血栓栓塞性疾病(如缺血性卒中)。虽然抗凝剂已经成功地降低了此类事件的风险，但长期使用抗凝剂可能会增加大出血的风险。颅内出血(ICH)是一种相对常见的类型，其结果是灾难性的，通常导致死亡或严重的神经功能障碍。我们的目的是确定与使用抗凝药物的患者脑出血相关的因素，并建立一个预测模型，为脑出血的临床评估提供一个有效的工具。

方法 我们回顾性分析了 2010 年 1 月至 2021 年 7 月中国南方一家教学医院使用抗凝药物的患者。数据来自患者病历住院系统。在开发队列中，采用 logistic 回归、曲线下面积(AUC)和柱线图建立预测模型。使用 AUC、校准曲线、交叉验证和 Hosmer-Lemeshow 检验对模型进行内部验证、分析鉴定和校准。

结果 这研究纳入了 617 例接受抗凝药物治疗的患者。多因素分析显示，男性、脑白质疏松、高跌倒风险、APTT ≥ 45.4 s、FIB ≥ 4.2 g/L 是脑出血的独立危险因素， β 受体阻滞剂是脑出血的保护因素。利用这 6 个因子构建模型，AUC 值为 0.883。在验证队列中，该模型具有良好的判别能力 (AUC=0.801)和校准能力，5 倍交叉验证 Kappa 值为 0.483。

结论 基于 6 个因素，我们推导并验证了患者使用抗凝药物的脑出血预测模型。它可能是帮助减少脑出血发生的有效工具。

PO-1957

Reduced doses of emicizumab achieve good efficacy: results from a national-wide multicenter real-world study in China

Yuan Xu¹, Ying Wang², Runhui Wu³, Changcheng Zheng⁴, Li Zhang⁵, Weiqun Xu⁶, Xiaoqin Feng⁷, Hua Wang⁸, Xiangshan Cao⁹, Liya He¹⁰, Tianyang Xue¹¹, Mingwei Jin¹¹, Bingshou Xie¹², Jing Ling¹³, Lirong Sun¹⁴, Rui Su¹⁵, Hongbo Cheng¹⁶, Yongjun Fang¹⁷, Bai Li¹⁹, Ziqiang Yu²⁰, Ailing Xue²¹, Mei Sun²², Li Yang²³, Zeping Zhou²⁴, Jiao Jin²⁶, Hu Zhou²⁵, Min Zhou²⁷, Rong Chen²⁸, Juan Xiao²⁹, Man-Chiu Poon¹⁸, Wei Liu¹, Lei Zhang¹, Feng Xue¹, Renchi Yang¹

1. State Key Laboratory of Experimental Hematology
2. Shenzhen Children's Hospital, Shenzhen, China
3. National Center for Children's Health, Beijing Children's Hospital, Capital Medical University, Beijing, China.
4. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of USTC, Division of Life Sciences and Medicine, University of Science and Technology of China, Hefei, China.
5. Department of Hematology, Children's Hospital of Chongqing Medical University, Chongqing, China.
6. Children's Hospital, Zhejiang University School of Medicine, Hangzhou, China.
7. Pediatrics, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, China.
8. Xi'an Children's Hospital, Xi'an, China.
9. Suzhou BenQ Medical Center, The Affiliated BenQ Hospital of Nanjing Medical University, Suzhou, China.
10. Guangzhou Women and Children's Medical Center, Guangzhou Medical University, Guangzhou, China.
11. Xuzhou Star Hospital, Xuzhou, China.
12. Department of Hematology, Wenzhou People's Hospital, Wenzhou, China.
13. Department of Hematology, Children's Hospital of Soochow University, Suzhou, China.
14. Department of Pediatrics, Affiliated Hospital of Qingdao University, Qingdao, China.
15. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of Xiamen University, Xiamen, China.
16. Department of Hematology, Jiangxi Provincial People's Hospital Affiliated to Nanchang University, Nanchang, China.
17. Department of Hematology/Oncology, Children's Hospital of Nanjing Medical University, Nanjing, China.
18. Departments of Medicine, Paediatrics and Oncology, Cumming School of Medicine, University of Calgary, Calgary, Alberta, Canada.
19. Department of Pediatrics, The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University, Zhengzhou, China.
20. National Clinical Research Center for Hematologic Diseases, Jiangsu Institute of Hematology, The First Affiliated Hospital of Soochow University, Suzhou, China.
21. Zibo Central Hospital, Zibo, China.
22. Qilu Hospital of Shandong University Dezhou Hospital, Dezhou, China.
23. Department of Hematology, Affiliated Hospital of Nantong University, Nantong, China.
24. Department of Hematology, The Second Affiliated Hospital of Kunming Medical University, Kunming, China.
25. Affiliated Cancer Hospital of Zhengzhou University, Henan Cancer Hospital, Zhengzhou, China.
26. Department of Pediatrics, Affiliated Hospital of Guizhou Medical University, Guiyang, China.
27. Chengdu Women's and Children's Central Hospital, Chengdu, China.
28. Hematology Department, Chengdu Third People's Hospital, Chengdu, China.
29. Peking Union Medical College Hospital, Beijing, China.

Objective Reduced doses of emicizumab improve the affordability among patients in developing countries. However, the relationship between variant dose selection and efficacy in the real world of China is still unclear. This study aimed to investigate the efficacy and safety of emicizumab especially in those on reduced dose regimens in a real-world setting.

Methods We carried out a multicenter study from 28 hospitals between June 2019 and June 2023 in China and retrospectively analyzed the characteristics including demographics, diagnosis, treatment, bleeding episodes, and surgical procedures.

Results In total, 127 patients with hemophilia A, including 42 with inhibitors, were followed for a median duration of 16.0 (IQR: 9.0-30.0) months. Median age at emicizumab initiation was 2.0

(IQR: 1.0-4.0) years. Median (IQR) consumption for loading and maintenance was 12.0 (8.0-12.0) and 4.2 (3.0-6.0) mg/kg/4 weeks, respectively. While on emicizumab, 67 (52.8%) patients had no bleeds, whereas 60 (47.2%) patients had any bleeds, including 26 with treated bleeds. Compared to previous treatments, patients on emicizumab had significantly decreased annualized bleeding rate, annualized joint bleeding rate, target joints and intracerebral hemorrhage. Different dosages had similar efficacy except the proportion of patients with treated spontaneous bleeds and target joints. Adverse events were reported in 12 (9.4%) patients. Postoperative excessive bleeding occurred following 2 of 9 procedures.

Conclusion This is the largest study describing patients with HA receiving emicizumab prophylaxis on variant dose regimens in China. We confirmed that non-standard dose is efficacious and can be considered where full-dose emicizumab is ill affordable.

PO-1958

重组人血小板生成素治疗儿童和青少年慢性原发性免疫性血小板减少症的疗效与安全性：一项多中心、随机、双盲、安慰剂对照的 III 期临床试验

马静瑶¹、张晓莉²、赵立波¹、吴小艳³、姚艳华⁴、刘炜⁵、王晓欢⁶、鞠秀丽⁷、师晓东⁸、孙立荣⁹、郑莉莉¹⁰、刘淑¹⁰、钱珺¹⁰、吴润晖¹

1. 首都医科大学附属北京儿童医院
2. 中山大学附属第一医院
3. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
4. 苏州大学附属儿童医院
5. 郑州大学附属儿童医院
6. 山西省儿童医院
7. 山东大学齐鲁医院
8. 首都儿科研究所附属儿童医院
9. 青岛大学附属医院
10. 沈阳三生制药有限责任公司

目的 免疫性血小板减少症 (ITP) 在儿童中是一种常见的出血性疾病，其中大约 20-30% 的患儿可能进展为慢性 ITP (CITP)，这严重威胁患儿的健康与生活质量。治疗 CITP 时，既要追求疗效提升，也需严格监控治疗的安全性。重组人血小板生成素 (rhTPO) 作为一种通过皮下注射给药的促血小板生成药物，能够模拟内源性 TPO 的作用机制，快速促进骨髓巨核细胞的增殖与分化，有效提升血小板生成，且避免了胃肠吸收对药效的潜在影响。虽然 rhTPO 在成人 ITP 患者中已经展现出良好的疗效和安全性，但其在儿童及青少年群体中的应用尚缺少广泛的临床研究支持。本研究的目的在于评估 rhTPO 在儿童及青少年 CITP 患者中的安全性与有效性。

方法 本研究采用多中心、随机、双盲、安慰剂对照的 III 期临床试验设计，分为两个阶段进行。第一阶段是开放性、自身对照、单臂探索性研究，纳入 12 例患者，主要目的是评估 rhTPO 的安全性和耐受性。第二阶段为多中心、随机、双盲、安慰剂对照研究，共纳入 56 例患者，按 3:1 的比例随机分配至 rhTPO 试验组和安慰剂对照组。主要终点设定为总体有效率，次要终点包括血小板计数的基线变化值、群体药代动力学模型相关 PK 参数、以及 rhTPO 抗体和中和性抗体的发生率等。

结果 在第一阶段，rhTPO 在 6 至 17 岁的 ITP 患儿中显示出良好的耐受性，未观察到与药物相关的严重不良事件。1 例受试者在给药后 28 天检测出低滴度 (1:4) ADA 阳性，在给药后 26 周时转为阴性。第二阶段中，rhTPO 治疗组的总体有效率显著高于安慰剂组 (58.5% 对比 13.3%)，首次应答的中位时间为 8 天。试验组中有 24 例患者达到了完全反应 (CR)，占比 43.9%，另有 11 例患者达到了有效 (R)，占比 20.7%；而对照组中仅有 2 例患者达到 R，占比 13.3%。血小板计数自治疗第 4 天起显著增加，并在停药后第 4 天达到峰值，平均血小板计数增加幅度为 $21.7 \times 10^9/L$ 。

rhTPO 治疗组的出血事件发生率显著低于对照组（56.1%对比 80%）。在安全性评价中，rhTPO 的不良反应发生率与对照组相当，主要表现为轻微、一过性症状，未观察到严重不良反应。第二阶段中有 1 例受试者检出 ADA 阳性，但未检测出中和性抗体。

结论 本研究结果表明，rhTPO 在治疗 6-17 岁儿童或青少年 CITP 患者中不仅显示出显著的疗效，同时也展现了良好的安全性。不良反应轻微，且未发现严重不良反应，为儿童 CITP 提供了一个更为安全、可靠的治疗选择。

PO-1959

罗沙司他作为缺氧诱导因子-1 α 调节剂在免疫性血小板减少症治疗中的潜在应用：一项孟德尔随机化研究

马静瑶、吴润晖

首都医科大学附属北京儿童医院

目的 免疫性血小板减少症（ITP）是一种常见的自身免疫性出血性疾病，以血小板计数降低导致不同程度的出血症状为其主要特点。目前学界认为骨髓巨核细胞成熟障碍在 ITP 发生发展中起到关键作用。缺氧诱导因子-1 α （HIF-1 α ）在调控造血干细胞分化、巨核细胞成熟及血小板生成等方面起着至关重要的作用。近期研究揭示 ITP 患者骨髓中 HIF-1 α 表达水平降低，提示其可能参与 ITP 的发病过程。罗沙司他是一种新型口服药物，通过调节 HIF-1 α 水平促进红细胞生成和血管生成，已获批准用于治疗慢性肾病贫血。基于此，本研究采用孟德尔随机化（MR）方法，利用罗沙司他靶基因 EGLN1 的表达数量性状基因座（eQTLs）作为工具变量，旨在评估罗沙司他与 ITP 之间的因果关联及其药物安全性，进而探讨罗沙司他作为 HIF-1 α 调节剂在 ITP 治疗中的潜在应用。

方法 本研究基于 IEU OpenGWAS project 公开数据库，获取了罗沙司他靶基因 EGLN1、EGLN2 和 EGLN3 的 eQTLs 数据，以及 ITP 的全基因组关联研究（GWAS）数据和 39 种可能的不良反应的 GWAS 数据。通过 P 值小于 1×10^{-5} 的标准筛选与 EGLN1 高度相关的 eQTLs，并利用 PhenoScanner 工具排除与混杂因素和结局相关的单核苷酸多态性（SNPs），确保 SNPs 位于 EGLN1 基因顺式作用区域 $\pm 300\text{kb}$ 范围内。最终，从 EGLN1 的 eQTLs 数据中筛选出 308 个与 ITP 关联的 SNPs 和 850 个与不良反应关联的 SNPs。本研究采用 MR-Egger 回归、随机效应逆方差加权法（IVW）、加权中位数法（WME）等多种回归模型，以筛选出的 eQTLs 作为工具变量，评估罗沙司他与 ITP 的因果关系。对两个独立的 ITP GWAS 数据集进行 MR 分析，并通过元分析合并结果，增强统计效力。与此同时采用 MR 方法评估罗沙司他与 39 种不良反应之间的关联。

结果 1.罗沙司他与 ITP 的因果关联：通过对 EGLN1 基因 eQTLs 与 ITP 的 GWAS 数据集进行孟德尔随机化分析，我们发现罗沙司他抑制剂与 ITP 的患病风险降低相关。在对两个数据集进行 Meta 分析时，我们发现 EGLN1 抑制剂在两个不同的 ITP 数据集中均存在因果关系，且都可能降低 ITP 患病风险。

2.罗沙司他的药物安全性评估：我们对罗沙司他靶基因 EGLN1 的 eQTLs 和 39 种可能会引起的不良反应进行了孟德尔随机化分析，以评估罗沙司他的药物安全性。我们未在罗沙司他与这 39 种不良反应的关联性分析中发现显著相关性。

结论 本研究通过 MR 方法证实罗沙司他可能成为 ITP 的潜在治疗药物，且具备良好的药物安全性，为 ITP 治疗提供了新视角。

PO-1960

在流体剪切力作用下凝血因子Ⅷ及血小板对 ADAMTS13 酶切 vWF 的影响

陈露阳、赵艺鸿、王佩、张金玲、金圣宇
延边大学附属医院（延边医院）

目的 研究凝血因子Ⅷ（FⅧ）及血小板在流体剪切力作用下对血管性血友病因子裂解酶（ADAMTS13）酶切血管性血友病因子（vWF）的影响。为进一步探究血栓性血小板减少性紫癜（TTP）发病机制和治疗奠定基础。

方法 1.制备 ADAMTS13 质粒，将构建的 ADAMTS13 质粒转染到 HEK293 细胞，表达、并纯化重组 ADAMTS13。2.利用流体剪切力模型模拟血流提供剪切力，观察 ADAMTS13 在 FⅧ和血小板的协同作用下裂解人脐静脉内皮细胞（HUVECs）分泌的 vWF 多聚体的能力。

结果 1.流体剪切力作用下，FⅧ可增加 ADAMTS13 对超大血管性血友病因子多聚体（UL-vWF）的裂解能力（ $P<0.001$ ）。2.流体剪切力作用下，血小板可增加 ADAMTS13 对 UL-vWF 的裂解能力（ $P<0.001$ ）。3.流体剪切力作用下 FⅧ及血小板共存可增加 ADAMTS13 对 UL-vWF 的裂解能力（ $P<0.001$ ）。

结论 在流体剪切力作用下 FⅧ及血小板增强 ADAMTS13 酶切 vWF 多聚体的能力。

PO-1961

使用直接口服抗凝药的非瓣膜性房颤患者合用地尔硫卓的有效性和安全性分析

黄新海、吴桂兰、马福新、张进华
福建省妇幼保健院暨妇儿医院

目的 由于目前地尔硫卓与直接口服抗凝药（DOACs）合用的临床效果仍未充分研究，特别是在慢性肾脏病（CKD）人群中。本研究旨在评估使用 DOAC 的非瓣膜性房颤（NVAF）患者合用地尔硫卓的有效性和安全性，以及在 CKD 患者中疗效和安全性是否存在差异。

方法 这项研究基于中国 15 个中心的数据，包括 4768 名服用 DOACs 的房颤患者（利伐沙班（ $n=2488$ ），达比加群（ $n=2280$ ））。分别在使用 DOACs，达比加群，利伐沙班的人群中根据有无合用地尔硫卓将患者分为两个亚组：合用地尔硫卓组和未合用地尔硫卓组。采用逻辑回归分析研究在上述三类人群中合用地尔硫卓相较于未合用地尔硫卓发生总出血、大出血、小出血、中风、血栓栓塞和全因死亡的风险。

结果 在 10 个月的平均随访期间中，发生总出血 553（11.5%）例，其中大出血 128（2.6%）例，非大出血 425（8.9%）例，发生血栓事件 68（1.4%）例，其中中风 42（0.8%）例，全因死亡 206（4.3%）例。在调整混杂因素后，我们发现达比加群或利伐沙班合用地尔硫卓的 NVAF 患者没有出血结局风险增加的证据，也没有观察到两组在血栓风险的差异，在 CKD 患者中亦是如此。在非 CKD 患者（ $eGFR \geq 60 \text{ mL/min} / 1.73 \text{ m}^2$ ）中，DOACs 合用地尔硫卓的全因死亡风险更高相较于未合用地尔硫卓 [OR 1.538, 95% CI (0.994-2.380), $P=0.054$]，这一结果接近有统计学意义。

结论 达比加群或利伐沙班合用地尔硫卓的 NVAF 患者，与未合用地尔硫卓相比，在出血和血风险面并未有显著性差异，在 CKD 患者和非 CKD 患者中亦是如此。对于临床上需合并使用中度 CYP3A4 和 P-gp 抑制剂的房颤患者来说，降低利伐沙班的用量可能是减少出血风险的有效措施，并且不会增加血栓风险。

PO-1962

中国血友病 A 患者使用 Octocog Alfa 治疗临床结局： 国际 AHEAD 研究 1 年随访

吴润晖¹、李振宇²、孙竞³、杜新⁴、张心声⁵、王纓⁶、胡群⁷、周荣富⁸、Joan Gu⁹、Randy Guerra⁹、Pooja Oberai⁹、杨仁池¹⁰

1. 首都医科大学附属北京儿童医院
2. 徐州医科大学附属医院
3. 南方医科大学南方医院
4. 深圳市第二人民医院, 深圳大学第一附属医院
5. 山东省血液中心
6. 深圳市儿童医院
7. 华中科技大学同济医学院同济医院
8. 南京鼓楼医院, 南京大学医学院附属鼓楼医院
9. 武田美洲开发中心
10. 中国医学科学院血液病医院

目的 报告 AHEAD 中国亚组患者接受 octocog alfa 1 年随访结果。

方法 数据来自 AHEAD 第 9 次中期结果(数据截止: 2022 年 7 月 15 日), 一项前瞻性、非干预、多中心研究。主要终点为关节健康, 由 Gilbert 评估。描述性数据包括人口统计学、年出血率(ABRs)、年关节出血率(AJBRs)和不良事件(AEs)。使用负二项分布广义线性混合效应模型(GLMM)进行 ABR/AJBR 事后分析。该研究经中国伦理委员会和人类遗传资源管理办公室批准, 获患者知情同意。中国患者 2020 年 6 月开始登记。

结果 共 168 例患者(均为男性), 113 例预防治疗, 53 例按需治疗, 1 例免疫耐受诱导, 1 例方案未知。重型 HA(n=80)平均±SD 年龄 20.6±12.4 岁, 中间型 HA(n=85)平均±SD 年龄 22.6±14.3 岁。与按需治疗比, 预防治疗 ABRs/AJBRs 更低。预防治疗第 1 年 ABRs/AJBRs 为 0 患者比例较筛选期更高。GLMM 模型出血率降低>99%。25 例(14.9%)发生 39 次 AEs, 8 例(4.8%)发生 8 次严重 AE(与治疗可能有关: 抗 FVIII 抗体; 与治疗可能无关: 骨折、过敏性紫癜; 与治疗无关: 关节病、肛瘘、阑尾炎[均 n=1]; 颅内出血[n=2])。

结论 与按需治疗比, octocog alfa 预防治疗出血更低, 探索性模型分析显示, 无论 HA 严重程度, 第 1 年 ABRs/AJBRs 均显著降低。

PO-1963

AAV 载体介导的遗传性蛋白 C 缺乏症基因治疗研究

吴婷婷、唐亮

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 蛋白 C (PC) 在凝血酶、血栓调节蛋白、内皮细胞 PC 受体的共同作用下激活为活化的蛋白 C (APC), APC 裂解活化的凝血因子 V 和活化的凝血因子 VIII, 抑制两者的活性, 从而发挥抗凝作用。遗传性 PC 缺乏症是中国人人群中常见的遗传性易栓症, 由编码 PC 的基因 PROC 突变引起, PC 缺乏的患者表现出血栓形成倾向。遗传性 PC 缺乏尚未有根治方法, 因此本研究对遗传性 PC 缺乏症的基因治疗进行了初步探索。

方法 选用 AAV 作为基因治疗的载体, 搭载编码野生型小鼠 PC 的 cDNA 序列 (mProc), 构建基因治疗药物 AAV-mProc。以 PROC 基因敲除杂合子小鼠 (Proc+/-) 作为遗传性 PC 缺乏症的治疗模型。通过尾静脉注射给药 AAV-mProc。采用发色底物法检测小鼠血浆 PC 活性。qRT-PCR 检测 PC mRNA 的表达。同时, 对给药后的副作用进行监测。

结果 通过尾静脉注射给药后, 观察到 PC 活性的增加呈现出剂量依赖性。最高治疗剂量组 (2.00E+12 vg/kg) 至第 6 周达到最高水平, 约 116% 正常值水平, 随后波动于 100% 正常值水平, 在 12 周的观察期间内尚未出现明显下降。qRT-PCR 检测肝脏组织 PC mRNA 的表达量增加, 免疫荧光染色观察到标记的 PC 荧光强度增加。在研究周期内, 未观察到严重的副作用。TNF- α 在 AAV-mProc 注射后第 7 天较治疗前升高, 随后下降至正常水平。IL-4 在注射后第 7 天升高, 随后下降。其余细胞因子 IL-10、IP-10、IL-5、IL-6 与治疗前相比, 均未有明显升高。在治疗后第 6 周时, AST 和 ALT 出现短暂的轻微升高, 后降至正常水平。

结论 尾静脉系统性注射给药 AAV8-mProc 可以提高 Proc \pm -小鼠 PC 的活性水平, 且未观察到严重的副作用。以 AAV 为载体的基因补充治疗, 可能是遗传性 PC 缺乏症的一种潜在的治疗策略。

PO-1964

流体剪切力下中性粒细胞胞外诱捕网、血小板对 ADAMTS13 裂解 vWF 的研究

王佩、陈露阳、张金玲、金圣宇
延边大学附属医院 (延边医院)

目的 研究流体剪力作用下中性粒细胞胞外诱捕网 (NETs)、血小板 (PLT) 在血管性血友病因子裂解酶 (ADAMTS13) 裂解血管性血友病因子 (vWF) 多聚体过程中的作用, 为探索血栓性血小板减少性紫癜 (TTP)、免疫血栓的形成机制与治疗靶点提供新见解。

方法 利用流体剪切力模型模拟血流提供流体剪切力, 用免疫荧光显微镜观察 ADAMTS13 裂解 HUVECs 释放的特大血管性血友病因子 (UL-vWF) 多聚体情况, 在培养基中加入 NETs 和 PLT 一起孵育, 观察 UL-vWF 多聚体的变化, ELISA 和 Western blot 分别测定不同条件下培养基中 vWF 抗原量的变化和蛋白裂解片段的数量。

结果 在流体剪切力下, ADAMTS13 迅速裂解 HUVECs 释放的 UL-vWF, 裂解过程依赖于培养时间、温度、ADAMTS13 浓度和剪切力大小。加入 NETs 和血小板后培养基中 HUVECs 释放 UL-vWF 多聚体的量增加, ADAMTS13 裂解 UL-vWF 多聚体的能力减弱。

结论 在流体剪切力下 NETs 及血小板减弱 ADAMTS13 裂解 UL-vWF 多聚体能力, 促进免疫血栓的形成, 靶向 NETs-PLT 轴可能是一种潜在的治疗策略。

PO-1965

Caprini 评分高危严重血小板减少的血液肿瘤患者出血与血栓事件的临床分析

王静、许芳、苟敏、陈斌、王书、师秋梅、李秋灵、余静、张兰、杨美琪、汤姣、严蝶、肖岩
绵阳市中心医院

目的 探讨血栓高危伴严重血小板减少且未进行抗凝治疗的血液肿瘤患者发生出血和血栓的相关危险因素及两者并存时的临床特征分析。

方法 选取 2022 年 7 月至 2023 年 6 月连续收治在绵阳市中心医院血液内科住院的 Caprini 评分 ≥ 5 分, 且入院时因血小板计数最低值 $< 50 \times 10^9 / L$ 未予以预防性抗凝治疗的 446 例血液肿瘤患者。根据患者住院期间是否发生出血分为出血组与非出血组; 是否发生血栓分为血栓组和非血栓组。收集所有患者的临床信息和可能引起出血或血栓的一些相关因素, 采用单因素、多因素二元 Logistic 回归分析进行影响因素分析, 运用描述性统计分析对出血和血栓并存的情况进行分析, 应用入院时血

血小板计数绘制 ROC 曲线评价其对血栓形成的预测价值。

结果 1)单因素分析显示：与非出血组相比，出血组中白血病、髓系肿瘤、合并肺部感染率、留置静脉导管中 CVC、2 个静脉导管管腔比例更高 (P 均 <0.05)，静脉导管留置时间更短、初始血小板及整个病程中血小板计数最小值更低、凝血酶原时间更长 (P 均 <0.05)，两组间 CCI ($P=0.001$)具有统计学差异；与非血栓组相比，血栓组中血栓史、初始血小板计数、2 个静脉导管管腔比例、肠外营养比例、应用镇静剂比例、接受自体造血干细胞移植比例更高 (P 均 <0.05)，白血病比例更低 ($P=0.006$)；2)多因素 Logistic 回归分析显示：血液肿瘤中淋巴瘤 ($OR=0.122$, 95% CI 0.029-0.524, $P=0.005$)、血小板计数最小值 ($OR=0.925$, 95% CI 0.893-0.959, $P<0.001$) 是出血的保护性因素，CCI ($OR=1.331$, 95% CI 1.049-1.687, $P=0.018$) 是出血的独立危险因素；血栓史 ($OR=17.284$, 95% CI 1.666-179.291, $P=0.017$)、2 个静脉导管管腔 ($OR=7.852$, 95% CI 1.025-60.169, $P=0.047$)、使用镇静剂 ($OR=34.969$, 95% CI 1.582-772.771, $P=0.024$) 是血栓形成的独立危险因素；3) 出血和血栓并存时，与入院时相比，出血与血栓发生时中位血小板计数更低 ($P=0.007$)，但出血与血栓发生时血小板计数无统计学差异；4) 入院时血小板计数对血栓形成有较好的预测价值，AUC 为 0.735(95% CI 0.613-0.858, $P=0.003$)。

结论 对于淋巴瘤以外的 VTE 评估为高风险的血液肿瘤在面临血小板计数降低时，尤其是合并高 CCI 指数、出血的风险防控优先于血栓预防。对于 VTE 评估高风险的淋巴瘤患者，血小板计数 $42.5 \times 10^9 /L$ 以上，尤其是合并其他 VTE 高风险因素时，仍推荐预防性抗凝治疗。

PO-1966

Thalidomide induce response in patients with corticosteroid-resistant or relapsed ITP by upregulating Neuropilin-1 expression

Ruiting Wen, Guocai Wu, Huimin Pan, Yongtao Liang, Zhigang Yang
Department of Hematology, Central People's Hospital of Zhanjiang

Objective Immune thrombocytopenia (ITP) is an immune-mediated acquired autoimmune hemorrhagic disease. About one-third of patients are unresponsive to first-line therapies. Thalidomide (THD) as an immunomodulatory agent, is now used to treat several autoimmune disorders. Therefore, we assessed the safety and efficacy of THD in corticosteroid-resistant or relapsed ITP patients, and preliminarily explore its mechanism.

Methods 50 newly-diagnosed ITP patients and 47 healthy volunteers were enrolled in this study. Additionally, 17 corticosteroid-resistant or relapsed ITP patients were recruited, with 7 cases in the rhTPO + THD group and 10 cases in the THD monotherapy group. Overall response rate at 6, 12, and 24 months were assessed. Levels of Neuropilin-1 (NRP-1), regulatory T cells (Tregs) and regulatory B cells (Bregs) were detected.

Results Expression of NRP-1, Tregs and Bregs were reduced in newly-diagnosed ITP patients. In vitro, THD treatment upregulated expression of NRP-1 and Tregs only in ITP patients. As for corticosteroid-resistant or relapsed ITP patients, overall response rate at 6, 12, and 24 months was 85.7%, 57.1% and 100% in the rhTPO + THD group and 60%, 75% and 83.3% in the THD group, respectively. Additionally, rhTPO plus THD or THD therapy significantly increased the levels of NRP-1, Tregs and Bregs in responders.

Conclusion Our study shows for the first time that NRP-1 is involved in the pathogenesis of ITP, THD could induce response in ITP patients by upregulating NRP-1 expression and restoring the proportion of Tregs and Bregs. THD might be served as a novel therapeutic agent in corticosteroid-resistant or relapsed ITP patients.

PO-1967

血友病 A 合并巨大假性肿瘤的多学科协作治疗

王帅、崔维顶、王勇、王宏、卢瑞南
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 为提高血友病中心诊疗水平，推动血友病患者复杂手术的可操作流程和技术可行性，我院血友病中心开展多学科协作诊疗指导下血友病患者复杂手术。

方法 经江苏省人民医院血友病 MDT 团队成员科室骨科、结直肠外科、肝脏 ICU、放射医学影像科、检验科、麻醉科、药学部、输血科、医务处的协作下，我院开展血友病患者巨大假瘤破溃清创抢救。患者历经 7 次全麻手术，治疗长达 114 天。

结果 患者经江苏省人民医院血友病 MDT 团队多学科协作诊疗，接受了复杂的手术及综合治疗。最终，患者成功康复，伤口完全愈合，通过助行器恢复了独立行走能力。

结论 血友病患者涉及手术治疗时，需血友病中心专业团队协作诊治，在充分准备和精准治疗指导下，血友病患者同样可获得手术治疗时机，获得良好的康复，提高生活质量。

PO-1968

分娩季节与住院分娩期间静脉血栓栓塞症风险关联的队列研究

李倩、王宏飞、王华芳、邓君、程志鹏、唐亮、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 季节与住院患者静脉血栓栓塞症（VTE）的发生有关。尚无研究探索季节是否与孕妇住院分娩期间 VTE 风险有关。本研究旨在探讨分娩季节与孕妇住院分娩期间 VTE 风险的关系。

方法 本队列研究纳入 2017 年 1 月至 2022 年 12 月期间准备在湖北省 7 家定点医疗机构分娩的孕晚期妇女。根据分娩季节进行分组。随访住院分娩期间新发 VTE 的信息。

结果 约 0.28%（104/37,778）的孕妇在住院分娩期间发生新发 VTE。模型调整后，与春季分娩的孕妇相比，夏季、秋季和冬季组在住院期间发生 VTE 的风险增加。夏季、秋季和冬季组的 OR 分别为 2.59 [1.30, 5.15]，2.83 [1.43, 5.60]和 2.35 [1.17, 4.75]。联合组（夏季+秋季+冬季）的孕妇在住院期间发生 VTE 风险高于春季分娩组（OR，2.59 [1.39, 4.85]）。

结论 与春季分娩孕妇相比，夏季、秋季和冬季分娩的孕妇在住院期间发生 VTE 风险增加。

PO-1969

神经肌肉电刺激预防低危 VTE 患者 发生下肢深静脉血栓的临床研究

王珂、郭学军
濮阳油田总医院

目的 探讨神经肌肉电刺激（NMES）预防下肢深静脉血栓（DVT）的作用机制及临床疗效，为 DVT 的临床预防提供循证医学依据。

方法 将 2023 年 6 月到 2024 年 3 月于濮阳油田总医院就诊的 74 例低危 VTE 患者纳入研究对象，随机分为三组，其中对照组 27 例，实验组 27 例，健康教育组 20 例。对照组给予间歇性充气加压装置干预，实验组给予神经肌肉电刺激干预，健康教育组给予 VTE 相关讲座，入院 5d 后比较三组

下肢深静脉血栓形成情况、血栓四项（凝血酶-抗凝血酶复合物、血栓调节蛋白、组织型纤溶酶原激活物-纤溶酶原激活物抑制剂复合物、纤溶酶- $\alpha 2$ 纤溶酶抑制剂复合物）指标水平，比较实验组、对照组不良事件的发生率、主观指标（医患满意度）评分。

结果 入院 5d 后三组均未发生 DVT，实验组医患满意度均高于对照组，两组对比具有统计学意义（ $P < 0.05$ ），实验组不良事件发生率低于对照组，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ），实验组、对照组血浆中 TAT、PIC、t-PAIC、TM 水平较干预前、健康教育组均下降，且实验组低于对照组，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 NMES 可以降低血浆中 t-PAIC、TAT、PIC、TM 水平，对机体血管内皮、凝血和纤溶系统产生影响，具有较高的安全性及医患满意度，可成为预防 VTE 新选择。

PO-1970

一个新的缺失突变导致遗传性 FX 缺陷症的家系分析及致病机制研究

付栋彦

山西医科大学第二医院

目的 对一个新的缺失突变导致遗传性凝血因子 X 缺陷症家系进行基因突变分析，并研究其分子致病机制。

方法 通过全外显子二代测序（NGS）筛选出先证者的基因突变位点，采用一代测序法（Sanger 测序）进行验证。血液凝固法检测先证者及其家系成员的 FX 活性（FX:C），Sanger 测序分析其家系成员的突变位点。采用 Mutation Taster 在线生物信息学软件预测该突变位点的致病性；SWISS-MODLE 软件模拟野生型和突变型三维蛋白模型分析该突变位点对蛋白结构和功能的影响。通过构建质粒，转染人胚肾 293T 细胞（HEK 293T），RT-PCR 方法分析突变位点的剪接情况，qRT-PCR 方法对 F10 基因 mRNA 水平进行定量分析。

结果 凝固法检测到先证者 FX:C 为 36.42%，为中型 FX 缺陷症。NGS 分析发现先证者第 8 号外显子携带一个缺失的杂合突变：c.902_919del(p.Ala301_Glu306del)，Sanger 测序分析显示其家系部分成员（母亲与外祖父）也检测到相应的缺失突变。在线生物信息学软件预测 c.902_919del 突变为致病突变，致病分数达到 0.999；三维蛋白模型分析显示，c.902_919del 突变使得蛋白结构一条 β 链缺失一条 β 链缩短，并且造成与其相邻氨基酸连接的氢键丢失。mRNA 剪接分析显示该突变未发生选择性剪接改变，qRT-PCR 结果显示表达 c.902_919del 突变型的细胞中 F10 基因 mRNA 水平和野生型 mRNA 水平差异无统计学意义。

结论 本例遗传性 FX 缺陷症家系与 F10 基因第 8 号外显子的 c.902_919del(p.Ala301_Glu306del) 杂合突变有关。

PO-1971

190 例静脉血栓栓塞症住院患者临床资料分析

崔藏月、王宏飞、唐亮、胡豫

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探究本院静脉血栓栓塞症（VTE）住院患者的临床资料，为 VTE 的防治工作提供临床参考。

方法 回顾性分析华中科技大学同济医学院附属协和医院血管外科自 2021 年 12 月至 2023 年 10 月收治的 190 例 VTE 住院患者的临床资料。

结果 共纳入 VTE 患者 190 例，其中男性 103 例，女性 87 例，男女比例为 1.18: 1，发病年龄在

13~90岁。在190例VTE患者中,单发下肢深静脉血栓形成(DVT)103例,单发肺血栓栓塞症(PTE)4例,单发门静脉血栓13例,下肢DVT合并PTE61例,下肢DVT合并门静脉血栓3例,下肢DVT合并下腔静脉血栓5例,门静脉血栓合并肾静脉血栓1例。肥胖、下肢静脉功能不全和损伤或骨折为VTE的常见危险因素。在172例下肢DVT患者中,170例(98.84%)由下肢静脉超声确诊,2例(1.16%)由CT静脉造影(CTV)确诊;65例PTE患者全部由CT肺动脉造影(CTPA)确诊。除2例(1.05%)存在抗凝禁忌的患者外,188例(98.95%)VTE患者都接受了抗凝治疗,190例VTE患者中有120例置入了下腔静脉滤器(inferior vena cava filter, IVCF)。

结论 VTE与多种危险因素相关,其中肥胖、下肢静脉功能不全和损伤或骨折在临床中较为常见,静脉超声和CTPA在VTE的诊断中具有重要价值,抗凝治疗是最基础、最广泛应用的VTE治疗方法。

PO-1972

妊娠合并血栓性血小板减少性紫癜(TTP)1例并文献复习

孙楠楠、汤平、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 提高对妊娠合并血栓性血小板减少性紫癜的认识。

方法 回顾性分析我院1例妊娠合并TTP患者的临床资料并进行相关文献复习。

结果 患者,女,29岁,主因发现血小板减少1月余于2023.12.20入住我院。患者1月前至当地医院行孕期体检(孕10周)时发现血小板减少,无出血表现,未治疗。3天前出现双下肢出血点,于我院门诊查血常规示血小板 $15\times 10^9/L$,遂入住我科。查血常规:白细胞 $10.47\times 10^9/L$,血红蛋白 $71g/L$,血小板 $10\times 10^9/L$,RET% 16.74%;外周血涂片:破碎红细胞计数8%;凝血六项:D-二聚体 $0.42mg/L$,余正常;LDH 989 U/L;尿常规:隐血1+,蛋白1+;ADAMTS13活性2.28%,ADAMTS13抗体阳性(+);明确诊断为妊娠合并血栓性血小板减少性紫癜。患者妊娠合并TTP,病情凶险,病死率高,治疗过程可能对胎儿造成影响,与患者及家属沟通后放弃保胎。积极启动血浆置换,并给予糖皮质激素抑制免疫治疗;复查血小板恢复正常后,于2023.12.27至产科行超声引导下钳夹术终止妊娠,术后继续口服泼尼松治疗,激素逐渐减量,多次复查血小板均正常。2024.01.28于当地医院复查血小板再次降至 $10\times 10^9/L$,再次入住我科,查DAMTS13活性2.29%,考虑疾病复发,再次启动血浆置换,并地塞米松联合小剂量利妥昔单抗(100mg/每周,连用4周)抑制免疫,后患者血小板逐步升至正常,停用血浆置换,激素逐步减量,患者痊愈后出院。现患者每月定期复查血常规均正常,截止2024.4月未再复发。

结论 结合文献复习,TTP是一种致死性临床急危重症,病情凶险,病死率高,妊娠可能是急性发作的触发因素。早期诊断、及时有效的治疗对于疾病转归至关重要。对于经血浆置换及激素治疗后短期内复发的患者,及时联合利妥昔单抗治疗,可以显著提升临床缓解率,降低复发率。

PO-1973

血栓形成与深静脉血栓在临床中的研究

周喆
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨出、凝血机制以及凝血因子在深静脉血栓的形成。

方法 来我院就诊深静脉血栓患者100例为观察组,同时选取到我院进行体检人群50例为对照组,通

通过对患者的凝血酶原时间、凝血时间、出血时间以及血小板计数等多个指标进行分析,通过血常规检查,血管超声检查,血管造影检查等检查血管内皮、血小板、血液凝固与凝固调节等方面。

结果 纳入研究的观察组患者住院后和对照组清晨抽取空腹静脉血 3ml 于抗凝管中,采用 ELISA 方法对观察组和对照组患者进行检测,检测项目包括 P-选择素、内皮素-1、D 二聚体以及血栓调节蛋白。

结论 深静脉血栓形成是指各种原因导致的血液在深静脉内凝结,使静脉血液回流受阻,好发于左侧下肢。多数血栓形成后无症状,不易发觉,仅有少部分的患者会出现明显的下肢肿胀、局部触痛等症状。当血栓脱离时,将会形成栓塞等严重后果。

PO-1974

西罗莫司治疗原发免疫性血小板减少症的临床疗效观察 及有关发病机制的研究

孟海涛、张利东、刘喜、冯雅青
大同市第三人民医院

目的 原发免疫性血小板减少症 (ITP) 是一种血液系统自身免疫性疾病,以单纯血小板减少为特征。其发病机制复杂,并且缺乏标准的临床治疗方法。现有治疗 ITP 的常规一、二线药物疗效有限,有必要探索新的治疗方法。西罗莫司作为一种哺乳动物雷帕霉素 (mTOR) 靶向抑制剂,已被证明具有较强的免疫抑制特性,为其治疗 ITP 提供了理论依据。本研究旨在评估西罗莫司作为二线药物在 ITP 患者中的临床疗效。

方法 共纳入 20 例经标准的一线或常规二线药物治疗无效或复发的 ITP 患者口服西罗莫司,成人起始剂量为 2-4 mg/d,维持剂量为 1-2 mg/d,儿童起始剂量为 1-2 mg/d,维持剂量为 0.5-1 mg/d,必要时调整剂量,使治疗期间西罗莫司的血药浓度维持在 5-15ng/mL,观察血小板计数变化,评估治疗效果。同时分析 ITP 患者治疗前后及正常对照人群外周血 Treg 细胞比例变化。

结果 3 个月后,总有效率为 60%(12/20),30% 的患者 (6/20) 达到完全缓解 (CR),30% 的患者 (6/20) 达到部分缓解 (PR)。6 个月时的 CR 率与 3 个月时的评估保持一致。所有患者服药期间未发生严重不良反应,安全性和耐受性良好。ITP 患者接受西罗莫司治疗前 Treg 细胞比例同正常对照人群相比无统计学差异,经西罗莫司治疗后 Treg 细胞比例上升。

结论 西罗莫司治疗 ITP 有较好的临床疗效,可作为 ITP 二线治疗的一种较好选择;并可增加 Treg 细胞。

PO-1975

催产素调节中性粒细胞胞外陷阱改善深静脉血栓形成

谢沁颖、魏求哲、梅恒、胡豫
华中科技大学

目的 本研究的目的是探讨催产素 (OT) 对中性粒细胞胞外陷阱 (NETs) 形成的调控作用及催产素治疗对深静脉血栓 (DVT) 形成的影响。

方法 通过 Western Blot、免疫荧光、流式检测中性粒细胞催产素受体 (OXTR) 的表达。通过 Sytox Green 染色、免疫荧光、Western Blot 检测佛波醇-12-肉豆蔻酸酯-13-乙酸酯 (PMA) 诱导 NETs 的形成及催产素对 NETs 形成的影响及相关机制。通过流式检测催产素处理对中性粒细胞的活性氧 (ROS) 生成的影响。通过 ELISA 检测 DVT 患者催产素水平及循环 NETs 标志物。随后,建立 DVT 小鼠模型,验证催产素体内治疗对小鼠深静脉血栓形成的保护作用。

结果 催产素受体 OXTR 在人类和小鼠的中性粒细胞上表达。OT 通过作用于其受体 OXTR 抑制中性粒细胞 ROS 生成, 进而抑制 PAD4 和 MPO 表达及 NE 核易位, 显著抑制 PMA 诱导的 NETs 的形成。DVT 患者的循环 NETs 标志物及催产素水平升高。OT 全身治疗降低了小鼠深静脉血栓形成率及血栓大小, 减少了血栓组织中 NETs 形成及循环 NETs 标志物水平。使用 OXTR 阻断剂 L-368,699 可抵消催产素对 DVT 形成的保护作用。

结论 研究结果首次证实催产素可以通过抑制 ROS/PAD4 信号轴减轻 NETs 形成从而改善小鼠 DVT。我们的工作提供了神经系统通过调节中性粒细胞参与无菌炎症的证据。

PO-1976

Mim8 在血友病 A 患者中的安全性、耐受性、药代动力学和药效学: FRONTIER1 扩展研究

杨仁池¹、Pratima Chowdary²、Steven R. Lentz³、Lidia Gil⁴、Francisco J. López-Jaime⁵、Jerzy Windyga⁶、Ildir Licaj⁷、Irina Matytsina⁸、Johnny Mahlangu⁹

1. 中国医学科学院血液病医院

2. Katharine Dormandy Haemophilia and Thrombosis Centre, Royal Free Hospital, London, United Kingdom

3. Department of Internal Medicine, University of Iowa, Iowa City, IA, United States

4. Department of Hematology and Bone Marrow Transplantation, Poznań University of Medical Sciences, Poznań, Poland

5. Hospital Universitario Regional de Málaga, Málaga, Spain

6. Department of Hemostasis Disorders and Internal Medicine, Laboratory of Hemostasis and Metabolic Diseases, Institute of Hematology and Transfusion Medicine, Warsaw, Poland

7. Novo Nordisk A/S, Madrid, Spain

8. Novo Nordisk A/S, Søborg, Denmark

9. Department of Molecular Medicine and Haematology, University of the Witwatersrand, National Health Laboratory Service, and Charlotte Maxeke Johannesburg Academic Hospital, Johannesburg, South Africa

目的 Mim8(denecimig)是一种新型、全人源化的双特异性抗体, 可模拟 FVIIIa 活性, 用于治疗伴或不伴 FVIII 抑制物的血友病 A 患者。在 FRONTIER1 研究的 1/2 期剂量递增研究部分, Mim8 的耐受性良好。本研究报告 FRONTIER1 多剂量递增(MAD)扩展期研究数据。

方法 完成 FRONTIER1MAD 初始 12 周剂量递增的重型血友病 A 患者(12-64 岁)进入扩展期研究, 直到 176 周。给药剂量按照体重范围皮下注射, 体重 30-59.9 kg 的患者予较低剂量。主研究期, 根据不同体重、给药梯度和频次, 共设置 5 个队列, 予相应的给药方案。扩展期中, 患者转换至与 3 期试验方案一致的维持剂量。主要终点: 治疗期间出现的不良事件(TEAE)。次要终点: 注射部位反应(ISR)和抗 Mim8 抗体。记录药代动力学(PK)、药效学(PD)和出血事件信息。

结果 41 例患者进入扩展期研究, 39 例患者暴露于维持剂量。总 Mim8 暴露时间为 69.5 年。

扩展期中, 5 例(12.2%)患者发生了 7 次严重 TEAE, 均与 Mim8 无关, 均已恢复或正在恢复。TEAE 的发生率、类型或严重程度无剂量依赖性。485 次注射中, 6 例(14.6%)患者发生 6 次(1.2%) ISR。未检测到 Mim8 的超敏反应及抗 mim8 抗体。在 QW 和 Q4W 维持剂量期, 分别有 21/31 例(67.7%)和 8/9 例(88.9%)患者发生零出血事件。

维持剂量期, Mim8 暴露稳定在目标范围 4.3–7.1 $\mu\text{g}/\text{dL}$ 内。扩展期凝血酶峰值稳定, 维持剂量期保持在 150-200 nM 的目标范围内。未观察到 D-二聚体、凝血酶原片段 1+2 或纤维蛋白原水平的剂量依赖性变化。

结论 FRONTIER1 扩展期本研究中, Mim8 耐受性好, 未观察到重大安全问题或抗 Mim8 抗体。Mim8 的安全性数据与主研究一致。各剂量下, Mim8 的 PK/PD 特性一致。

PO-1977

广东省 ITP 患儿和照料人生活质量及其影响因素的初步研究

林慧玲、叶铁真

广州医科大学附属妇女儿童医疗中心

目的 免疫性血小板减少症 (Immune Thrombocytopenia, ITP), 是一种获得性自身免疫性出血性疾病, 儿童年发病率约为 4~5/10 万。临床研究证据显示: ITP 的治疗不能仅以血小板计数和出血症状作为决策依据, 还需要结合患儿及其家庭的生活质量进行综合衡量。因此有必要在临床工作中, 将生活质量得分作为诊疗依据之一。然而, 如何有效地利用生活质量问卷辅助临床决策, 探讨影响因素, 近年国内外研究相对缺乏。

方法 本研究在 KIT 和 PedsQL™ 两种国际常用的生活质量评估工具的基础上, 结合本地广东的地域、生活、文化等特点, 对 PedsQL™ 和 KIT 进行整合和修订。形成了儿童 ITP 生活质量调查问卷 (C-KID), 包括基本信息问卷、儿童量表和照料人量表。SPSS 2021 统计验证 C-KID 的信效度; 计算量表得分的均值±标准差, 评估 ITP 患儿及其照料者的生活质量; 使用方差分析、Mann-Whitney Test、Kruskal-Wallis 检验比较不同因素对于生活质量的影响。

结果 ①根据单样本均值的样本量计算得到最小样本量为 33 例。②C-KID 儿童量表总体 Cronbach's α 系数为 0.89, 其中四个维度 (病情治疗相关、社交相关、生活相关、情绪相关) Cronbach's α 系数均 ≥ 0.73 。照料人量表总体 Cronbach's α 系数为 0.94。③使用 C-KID 从 2023 年 3 月至 7 月于我中心门诊收集数据, 共收集病例 71 例, 其中纳入研究的 ITP 患儿 60 例及其照料人 63 例。患儿性别男 31 例, 女 29 例; 新诊断 36 例、持续性 11 例、慢性 13 例; 既往出现出血事件 36 例, 未出现出血事件 24 例; ≤ 1 岁 5 例, 1-12 岁 53 例, ≥ 12 岁 2 例。儿童量表得分为 70.1 ± 15.9 分, 各维度得分分别为 25.1 ± 5.4 分, 10.2 ± 2.6 分, 14.6 ± 3.7 分, 20.1 ± 7.4 分。④照料人年龄为 36.8 ± 9.6 岁, 其中母亲 46 人 (73%), 父亲 7 人, 祖父母 8 人, 其他 2 人。<30 岁 12 人, 30-50 岁 43 人, >50 岁 8 人。初中及以下学历 24 人, 高中及中专 7 人, 大专、本科及以上学历 32 人。照料人量表得分 28.0 ± 17.8 分。⑤照料人量表得分显著低于儿童, 有统计学意义 ($P=0.000$); 不同年龄、性别、病程和有无出血事件的患儿, 不同年龄、学历、与患儿关系的照料人, 其生活质量分值差异均无统计学意义。

结论 C-KID 是国内首个以 KIT 作为蓝本, 整合改良的中文版儿童 ITP 生活质量调查问卷。经检验, 其可信度高, 与 KIT 和 PedsQL™ 均可用于临床对 ITP 患儿生活质量进行评估。本研究中患儿及其照料人量表得分均受影响, 照料人量表得分显著低于儿童。所分析的患儿及其照料人的不同因素, 与量表分值差异无统计学意义与国外大部分研究结果一致, 仍需后续扩大样本量, 延长观察时间, 增多数据采集时间点, 方可更全面的探讨儿童 ITP 生活质量影响因素。

PO-1978

Genetically predicted plasma metabolites mediate the causal relationship between gut microbiota and primary immune thrombocytopenia (ITP)

Yang Hong, Kai Shen, Cuiling Zhang, Xiaoqing Dong, Rongfu Zhou, Bing Chen
Nanjing Drum Tower Hospital affiliated to Nanjing University

Objective Primary immune thrombocytopenia (ITP) is an immune-mediated hematologic disorder characterized by a reduction in platelet count, increasing the risk of bleeding, with an annual incidence of approximately 3 per 100,000. Recent studies have indicated a close association between alterations in gut microbiota and the development of ITP. However, the mechanisms by

which gut microbiota influence the occurrence and progression of ITP through plasma metabolites remain poorly understood. There is evidence suggesting extensive interactions between gut microbiota and plasma metabolites, implying a potential role for gut microbiota in influencing ITP through alterations in plasma metabolites, which requires further investigation.

Methods In this study, summarized GWAS data (including 211 gut microbiota taxa, 1400 plasma metabolites or ratios, and an ITP patient cohort) were retrieved from the MiBioGen and GWAS Catalog databases. Using a two-sample Mendelian randomization (MR) approach, we screened gut microbiota and plasma metabolites potentially causally related to ITP. We further identified plasma metabolites serving as mediators through which gut microbiota affect ITP and calculated the strength of the mediation effect. To ensure result stability, we primarily used the inverse variance weighted (IVW) method as the main judgment index. We also utilized MR Egger and inverse variance weighted methods to detect heterogeneity in the results, and employed MR-Egger and MR-PRESSO methods to assess the presence of pleiotropy, with leave-one-out analysis to determine the presence of outliers.

Results 8 gut microbiota taxa, including family Porphyromonadaceae ($P=0.047$), genus *Alistipes* ($P=0.009$), genus *Eubacteriumoxidoreducens* group ($P=0.002$), genus *Intestinimonas* ($P=0.004$), genus *LachnospiraceaeNK4A136* group ($P=0.045$), genus *LachnospiraceaeUCG010* ($P=0.032$), genus *RikenellaceaeRC9* gut group ($P=0.012$), and genus *Senegalimassilia* ($P=0.028$), were found to have causal relationships with ITP. Reverse MR analysis combined with sensitivity analysis showed genus *LachnospiraceaeNK4A136* group ($P<0.001$), genus *LachnospiraceaeUCG010* ($P=0.003$), and genus *RikenellaceaeRC9* gut group ($P<0.001$) to have reverse causal relationships with ITP. Furthermore, after excluding six plasma metabolites with pleiotropy, namely Threonate levels ($P=0.023$), Behenoylcarnitine (C22) levels ($P=0.004$), X-23780 levels ($P=0.035$), Phosphate to oleoyl-linoleoyl-glycerol ratio ($P=0.042$), Nonadecanoate levels ($P=0.034$), and 2'-deoxyuridine to cytidine ratio ($P=0.032$), 39 plasma metabolites were found to be causally related to ITP ($P<0.05$). Eleven plasma metabolites were identified through two-sample Mendelian randomization analysis as having causal relationships between gut microbiota and plasma metabolites. Finally, using the delta method, it was calculated that Sphingomyelin levels (8.0%, 95%CI: 0.9% to 11.5%, $P=0.047$) and Glucose-to-mannose ratio (6.5%, 95%CI: 0.7% to 9.5%, $P=0.039$) are intermediates for genus *Intestinimonas* influencing ITP, while Bilirubin (Z,Z) to etiocholanolone glucuronide ratio (5.6%, 95%CI: 4.7% to 6.9%, $P=0.043$) is an intermediate for genus *Senegalimassilia* influencing ITP.

Conclusion Gut microbiota can influence the development of ITP through changes in plasma metabolites. Sphingomyelin levels, Glucose-to-mannose ratio, and Bilirubin (Z,Z) to etiocholanolone glucuronide ratio are newly discovered intermediates through which gut microbiota influence ITP, providing potential indicators and targets for clinical diagnosis and treatment. This study highlights the intricate relationship between gut microbiota and plasma metabolites in the context of ITP, suggesting new avenues for clinical diagnosis and treatment.

PO-1979

一个遗传性出血性毛细血管扩张症家系的致病变异分析

王润发、孙小娇、徐海霞、孙黎、马浩然
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 对一例疑似遗传性出血性毛细血管扩张症 (HHT) 患者及其家系进行遗传学分析, 明确遗传病因, 为 HHT 的临床诊断提供依据。

方法 对武汉康圣达医学检验所 2020 年 9 月送检的一例患者进行全外显子组测序检测, 综合表型, 确定候选致病变异位点, 同时采集先证者妹妹、妹妹的女儿、妹妹的外孙等家系成员的外周血样本进行 Sanger 测序验证。

结果 收集先证者的临床资料及家族史，先证者表现为从中年开始，反复鼻出血，入院初步检查结果胃镜下黏膜可见小血管迂曲，舌面上“草莓舌”，小血管迂曲。先证者妹妹、妹妹的女儿、妹妹的外孙均有相同症状，先证者母亲也有类似症状。经过 WES 测序发现先证者 ACVRL1 基因上检测到杂合错义变异 c.772G>A(p.Gly258Ser)，家系成员变异分析证实，先证者两个妹妹及其两个妹妹的女儿、一名外孙共 5 人均均为 c.772G>A(p.Gly258Ser)杂合子，且有 HHT 表型；先证者儿子、女儿及一名外孙女均为野生型且无 HHT 表型，先证者及其家系成员表型及基因型共分离。c.772G>A(p.Gly258Ser)变异在人群频率数据库(gnomAD)未收录，生信软件预测为有害变异，同时据文献报道在一个 HHT 家系的先证者中检测到 c.772G>A(p.Gly258Ser)杂合变异<PMID:31220907>，报道中其他受影响的亲属基因型尚不明确。根据 ACMG 指南，判断 c.772G>A(p.Gly258Ser)为可能致病变异。

结论 结合患者的临床表型及基因检测结果，怀疑患者为 ACVRL1-Gly258Ser 变异导致的遗传性出血性毛细血管扩张症(hereditary hemorrhagic telangiectasia,HHT) (OMIM:600376)，该疾病是一种常染色体显性遗传疾病，以鼻衄、毛细血管扩张和多器官血管发育不良为特点。本案例先证者及部分有临床症状的家系均为 c.772G>A(p.Gly258Ser)杂合子，高度怀疑该变异位点是该家系患者发病的遗传基础，但其致病机制有待于进一步研究。通过 WES 可以对遗传病患者进行全面的筛查，有助于发现新的疾病相关的致病位点，有助于患者的临床诊断。

PO-1980

新型高效 PDI 抑制剂通过靶向 b'x 区域高效抑制血栓形成

张丽丽¹、吕珂玉¹、王浩¹、郑贵娟²、徐旭林¹、黄明东³、姚广民²、方超¹

1. 华中科技大学同济医学院基础医学院药理学系

2. 华中科技大学同济医学院药学院

3. 福州大学化学学院

目的 胞外蛋白质二硫键异构酶 Protein disulfide isomerase (PDI) 通过催化二硫键重排影响凝血相关蛋白功能和血栓形成，是新型抗栓药物靶点。我们前期工作发现了一种具有双二氢查尔酮结构的新的高效 PDI 抑制剂 8-2 (JACS 2023)，本研究旨在评估 8-2 的抗血栓作用。

方法 胰岛素还原实验检测 PDI 酶活性；采用分子对接、色氨酸荧光法、重组 PDI 片段拯救实验分析 8-2 作用模式；血小板聚集、粘附、扩展实验用于评估血小板功能；采用激光诱导微血管损伤模型评估 8-2 对血栓形成的影响；采用乳酸脱氢酶 LDH 释放实验评估 8-2 细胞毒性，尾出血和隐静脉出血实验评价生理性止血功能。

结果 8-2 能直接结合 PDI 蛋白的 b'x 片段，高效抑制 PDI 酶活性 ($IC_{50}=0.23 \mu M$)，但不影响 PDI 家族其他成员如 ERp57、ERp72、ERp5 活性。8-2 剂量依赖性抑制凝血酶诱导的血小板聚集，其 IC_{50} ($2.27 \mu M$) 低于临床现有 PDI 抑制剂异槲皮素 ($21.61 \mu M$)。8-2 显著抑制血小板在胶原上的黏附和扩展。在激光诱导的微血栓模型中，8-2 浓度依赖性抑制血小板聚集，且抑制效率高于异槲皮素。8-2 在体内和体外的抗栓效应能够被 PDI 的 b'x 片段逆转。8-2 不增加 LDH 释放量，也不延长小鼠出血时间。

结论 化合物 8-2 通过与 PDI 的底物结合域 b'x 相互作用抑制 PDI 活性，减少血小板活化和血栓形成，但不影响生理性止血，是一种潜在新型抗栓药物。

PO-1981

FXIII-C3 联合自身抗体和感染相关自身免疫性 FXIII 缺乏症

邓君、罗珊珊、王雅丹、胡德胜、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 自身免疫性 FXIII 缺乏症是一种罕见的溶血性疾病，伴有严重出血和高死亡率。然而，患者为什么对致病性感染表现出高度易感性，以及感染如何进一步触发 FXIII 自行性耗竭仍不清楚。

方法 采用 ELISA 检测 FXIII 自身抗体和 FXIII-C3 联合自身抗体。蛋白印迹分析补体活化试验中 FXIII 自身抗体对 C3 裂解的影响。构建小鼠模型用于对白色念球菌感染的易感性分析。白色念珠菌-血小板共培养后通过流式或免疫荧光显微镜定量 B 细胞表面 CD154 以及与 CD40 的共定位，再分析 CD154-CD40 对 B 细胞活化的影响。

结果 我们首次在自身免疫性 FXIII 缺乏症患者中发现 FXIII-C3 联合自身抗体。这种自身抗体通过中和 FXIII 引起异常凝血和广泛出血，并通过络合 C3 阻断 C3 裂解，从而抑制补体活化和补体介导的适应性免疫反应。自身抗体介导的受损免疫反应增加了宿主对致病性感染的易感性。致病性感染进一步触发血小板活化并诱导 CD154 释放，并与 B 细胞表面 CD40 相互作用，进而诱导 B 细胞活化来产生更多自身抗体，从而形成自行性 FXIII 消耗循环。

结论 我们发现感染诱导的自身免疫信号的自行性循环存在于自身免疫性 FXIII 缺乏症的患者中，这是由补体功能障碍和 CD154-CD40 调节轴诱导的。这项工作将为此类自身免疫性疾病发病机制提供新的视角和治疗指导，以便更好地治疗自身免疫性 FXIII 缺乏症。

PO-1982

ADAMTS13 抑制血栓性血小板减少性紫癜补体异常激活机制研究

邓君、罗珊珊、丁雅洁、孙玉阳、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 血栓性血小板减少性紫癜 (TTP) 中 ADAMTS13 缺乏引起补体异常激活导致多器官受损的机制尚不明确。阐明其在 TTP 发病过程中的作用与机制对 TTP 患者的诊疗具有重要意义。

方法 采用 ELISA 检测 TTP 及健康人血浆 ADAMTS13 活性及 sC5b-9 水平，检测不同剂量重组 ADAMTS13 影响脂多糖 (LPS) 激活补体系统生成的 C5b-9 水平，检测重组 ADAMTS13 与各补体因子的相互作用水平。采用流式检测重组 ADAMTS13 影响酵母聚糖 (Zymosan) 表面生成的 C3 转化酶水平。另外，采用表面等离子共振检测重组 ADAMTS13 与 CFB 的亲合力水平。

结果 1. TTP 患者血浆 sC5b-9 水平是健康人的 2.1 倍 ($p = 0.0092$)，TTP 患者存在补体异常激活。2. 不同剂量重组 ADAMTS13 (0.5ug, 2ug, 4ug) 分别对 LPS 激活补体系统的 sC5b-9 生成减少 (9%, $p = 0.2786$; 33%, $p = 0.0870$; 38%, $p = 0.0283$)。3. 重组 ADAMTS13 (0.5ug) 与 CFB (0.5ug) 的相互作用水平是 PBS 对照的 6 倍 ($p = 0.0332$)。4. 重组 ADAMTS13 (1ug) 抑制 Zymosan 表面 47% ($p = 0.0032$) 的 C3 转化酶生成。5. 重组 ADAMTS13 与 CFB 的平衡解离常数 25.3nM，亲和力较强。

结论 ADAMTS13 与 CFB 特定区域发生相互作用来抑制 C3 转化酶的形成，参与补体激活的抑制调节过程。ADAMTS13 缺乏将导致抑制补体激活的能力减弱，这与 TTP 患者补体异常激活加剧器官损伤的现象密切相关。

PO-1983

治疗性血液成分单采快速降脂的临床应用 (附 209 例高脂血症的观察)

许惠利

上海新虹桥国际医学中心

目的 通过治疗性脂蛋白单采对 209 例高脂血症进行治疗, 以达到快速降脂的作用, 并进行临床观察。

方法 将 209 例高脂血症患者纳入本研究, 使用泰尔茂 Spectra Optia 血液分离系统+EC-50W 血浆成分分离器进行治疗性脂蛋白单采, 术前后分别检测患者的 TC、TG、HDL-C、LDL-C, 对指标进行对比、观察和分析。

结果 治疗性脂蛋白单采后 TC 下降比例(男: 38.3%, 女: 43.9%), TG 下降比例(男: 55.2%, 女: 63%), HDL-C 下降比例(男: 29.3%, 女: 39.2%), LDL-C 下降比例(男: 39.1%, 女: 45%)。所有患者均无不良事件发生。本组研究有 6 例出现与抗凝剂相关的低血钙反应, 补钙治疗后症状缓解。

结论 高脂血症是 ASCVD 的致病性危险因素。目前临床上主要用他汀、贝特类药物降脂, 该类药降脂治疗达标缓慢, 且发现该类药可能引发肌病、肝毒性等不良反应。ASFA 发布的《治疗性血液成分单采术临床实践指南》推荐脂蛋白单采可达到快速降脂的效果。作者对 209 例高脂血症进行治疗性脂蛋白单采, 结果显示: 能达到快速降脂(约 40%-60%)的作用, 是治疗高脂血症的物理疗法之一, 不良反应极低, 且安全性极好, 在当今血脂异常高发之际, 是值得进行推广的快速降脂技术。

PO-1984

血清白蛋白、遗传易感性和静脉血栓栓塞的风险: 一项基于人群的队列研究

孙玉阳、邓君、胡豫

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨血清白蛋白(ALB)、遗传易感性与静脉血栓栓塞(VTE)风险之间的关联及其联合效应。

方法 这是一项基于人群的队列研究, 主要分析包括来自英国生物银行的 417,113 名参与者。使用 Cox 比例风险模型计算 VTE 的风险比(HRs)和 95%的置信区间(CIs)。采用 Kaplan-Meier 曲线来可视化不同 ALB 水平下 VTE 的累积风险, 并利用限制性立方样条(RCS)模型探讨 ALB 水平与 VTE 风险之间的暴露-反应关系。ALB 与遗传易感性的相互作用进行了乘法和加法测试。

结果 在中位随访 13.5 年期间, 英国生物银行的 417,113 名参与者中共确诊了 11,502 例 VTE 病例。较低的血清白蛋白(ALB)水平与较高的 VTE 风险相关。与低遗传风险和最高 ALB 水平的人群相比, 具有高遗传风险和最低 ALB 水平的个体具有最高的 VTE 风险(HR: 3.89, 95%CI: 3.41-4.43)。低 ALB 和遗传风险评分(PRS)的相加交互作用增加了高遗传风险个体的发生 VTE 风险。

结论 低 ALB 水平与 VTE 风险增加相关, 并且呈线性剂量-反应关系。ALB 与遗传易感性对 VTE 风险具有相加交互作用。ALB 可以作为预测 VTE 风险的生物标志物。

PO-1985

Chemokine CXCL13 facilitates anti-FVIII inhibitory antibody development in hemophilia A patients and murine models

Yingyu Chen, Liping Luo, Xing An, Yali Wang, Qiaoyun Zheng
Fujian Institute of Hematology

Objective The development of anti-factor VIII (FVIII) neutralizing antibodies (inhibitors) remains challenging complication in hemophilia A (HA) patients undergoing prophylactic FVIII replacement therapy. The pathogenesis of FVIII inhibitor formation remains unclear. Chemokine CXCL13, a key ligand for follicular helper T cells (TFHs), in the context of inhibitor development were assessed in the present study.

Methods A total of 113 HA patients, with and without inhibitors, along with 72 healthy volunteers, were enrolled. FVIII-deficient HA mice and C57BL/6 mice with or without recombinant human FVIII immunization were included.

Results Abnormally elevated levels of CXCL13 were found in HA patients, with a 2.0-fold increase in patients with inhibitors compared to those without. Similarly, CXCL13 levels were significantly elevated in both HA and C57BL/6 mice with FVIII inhibitors. The proportions of circulating and splenic TFHs were markedly higher in inhibitor patients and murine models and positively correlated with CXCL13 levels. Moreover, CXCL13 could facilitate FVIII-primed murine CD4⁺ T cell proliferation in vitro. Plasma levels of B cell activating factor and the inflammatory biomarker HMGB1 were significantly increased in both human and animal inhibitor cohorts. An increased frequency of germinal center B cells was observed in splenocytes from FVIII inhibitor mice.

Conclusion The findings of this study suggest that CXCL13 play a pivotal role in the microenvironment of anti-FVIII antibody development. Targeting CXCL13 may offer a potential therapeutic approach for FVIII inhibitors in HA.

PO-1986

Anti-mCD20 in combination with α -mCXCL13 monoclonal antibody inhibits anti-FVIII antibody development in hemophilia A mice

Yingyu Chen, Qiaoyun Zheng, Na Zhang, Yuanhua Cai
Fujian Medical University Union Hospital, Fujian Institute of Hematology

Objective Anti-factor VIII (FVIII) antibody development poses a significant challenge in hemophilia A (HA) patients receiving FVIII protein replacement therapy. There is an urgent need for novel therapeutic strategies to inhibit the production of anti-FVIII inhibitory antibodies (inhibitors) in HA. This study aimed to investigate a combination monoclonal antibody (mAb) therapy targeting CXCL13 and CD20 on the development of anti-FVIII antibodies in a HA murine model, along with the underlying mechanisms involved.

Methods Monoclonal antibodies targeting mouse CD20 (18B12) with an IgG 2a backbone and mouse CXCL13 (2C4) with an IgG 1 backbone were synthesized. HA mice with FVIII inhibitors were established.

Results The combination therapy of anti-mCD20 with α -mCXCL13 mAb significantly suppressed anti-FVIII inhibitory and non-inhibitory antibody development and induced FVIII tolerance. Mechanismly, this combination therapy led to a marked reduction in the frequencies of peripheral

and splenic follicular helper T cells, along with sustained depletion of bone marrow and splenic plasma cells. Notably, the combination mAb therapy was found to skew the immune system towards FVIII immune tolerance induction through the expansion of regulatory T cells in HA mice with preexisting FVIII immunity.

Conclusion The concurrence of blockage of CD20 and neutralization of CXCL13 hold promise as a therapeutic strategy for HA patients with inhibitors.

PO-1987

儿童低凝血酶原血症-狼疮抗凝物综合征 6 例报告并文献复习

全美洁
河北省儿童医院

目的 加深对儿童低凝血酶原血症-狼疮抗凝物综合征的认识。

方法 回顾性分析河北省儿童医院血液肿瘤科 6 例低凝血酶原血症-狼疮抗凝物综合征患儿的临床特征、实验室检查指标、诊治经过及转归，并进行相关文献复习和讨论。

结果 LAHPS 女性多发 (5/6, 83.3%)；6 例患儿均继发于感染，感染病原不明确；临床主要表现为不同程度的出血，以鼻出血多见 (5/6, 83.3%)，出血严重程度与凝血酶原活性无明显相关性；6 例患儿中未经特殊治疗缓解者 1 例 (1/6, 16.6%)，经过替代治疗缓解者 5 例 (5/6, 83.3%)。

结论 LAHPS 极其罕见，我科住院 6 例患儿均继发于感染（非重型感染），临床表现为出血及低凝血酶原血症，6 例患儿预后良好。

PO-1988

1 例 F8 基因大片段缺失及断裂点确认的血友病 A 家系遗传学分析

刘丽琼、钟瑾、徐海霞、孙黎
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 检测一个血友病 A 患者家系凝血因子 VIII 基因 (F8) 的大片段缺失突变情况，明确 F8 基因的突变类型及断裂点，为家系提供遗传咨询。

方法 联合应用长距离 PCR、多重连接探针扩增技术 (multiplex ligation-dependent probe amplification, MLPA) 和 Sanger 测序技术对一个血友病 A 家系的先证者 (男性) 及母亲进行 F8 基因变异检测。

结果 长距离 PCR 结果显示先证者 F8 基因未检测到外显子 3-7，MLPA 结果发现先证者外显子 3-6 半合子缺失。Sanger 测序技术证实，外显子 3-7 及其周围的内含子区域存在以下半合子缺失：c.319_787del(p.L107Vfs*1)、c.787+1_+14978del、c.788-118delT、c.788-112_788-61del52，均未见文献和数据库报道，且这些半合子缺失均遗传于先证者母亲。

结论 血友病 A 为伴 X 染色体隐性遗传病。通过 Sanger 测序技术，我们确定一例 F8 基因外显子 3-6、外显子 6 及 7 的内含子区域的半合子缺失突变：c.319_787del (p.L107Vfs*1)、c.787+1_+14978del、c.788-118delT、c.788-112_788-61del52，这些变异均未见文献和数据库报道。确认断裂点分别在外显子 3 的 c.318_319 之间 (外显子 3 上的 c.266_318 未见缺失) 和外显子 7 的内含子上 c.788-157_788-156 之间，导致大片段 c.319_787+14978 缺失。其中外显子 3-6 缺失的部分 c.319_787del (p.L107Vfs*1) 让蛋白序列从 2351 个氨基酸缩短至 107 个氨基酸，导致蛋白翻译提前终止并且缩短了 2244 个氨基酸。先证者的临床症状符合血友病 A，由此推测该大

片段缺失导致蛋白功能失活，最终导致凝血因子VIII活性丧失。

PO-1989

Peripheral blood lymphocyte subsets in factor VIII inhibitor-positive patients with severe hemophilia A: A case-control study

Zhiping Guo

Department of Hematology, Pukou District Central Hospital, Pukou Branch of Jiangsu Province Hospital, The First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University

Objective The present study aimed to investigate different peripheral lymphocyte subsets in patients with severe hemophilia A (HA) and factor VIII (FVIII) inhibitor production.

Methods For this, 15 age-matched cases of FVIII inhibitor-positive (IP), FVIII inhibitor-negative (IN) and healthy controls were selected for study. Flow cytometry was used to analyze the peripheral lymphocyte subsets, including T, B, natural killer (NK) and NKT cells. The T cell subsets included CD3+CD4-CD8- [double negative T (DNT)], CD3+CD4+CD8+ [double-positive T (DPT)], CD3+CD4+CD8- and CD3+CD4-CD8+ T cells. Pairwise comparisons of absolute lymphocyte subset values were conducted among the three groups. The cut-off value for absolute lymphocyte counts was determined using receiver operating characteristic curve analysis.

Results The results demonstrated that the absolute value of DNT cells in the IN group was significantly lower than that in the healthy control group ($P=0.008$). In addition, the absolute value of DNT cells in the IP group was higher than that in the IN group and lower than in the healthy controls, but these differences were not statistically significant. Although not statistically significant, the absolute values of total T, B, DPT and CD4+ cells were lower in the IN group compared with the IP group, and lower in the IP group compared with the healthy control group. There were no statistically significant differences in CD8+, NK and NKT cells among the IN, IP and healthy control groups. The cut-off value for absolute DNT cells in the IN group was $<115/\mu\text{l}$.

Conclusion The decrease in absolute values of DNT cells in patients may contribute to the establishment of FVIII immune tolerance. If the DNT value is $>115/\mu\text{l}$, clinicians should be vigilant for possible FVIII inhibitor production, especially on days prior to FVIII exposure.

PO-1990

Interaction of protein S and Mer contributes to the reduced protein S levels in uncomplicated pregnancy

Yanyan Shao, Yang Xu, Qian Liang, Guanqun Xu, Yu Liu, Wenman Wu, Qiulan Ding, Xuefeng Wang, Jing Dai
Ruijin Hospital, Shanghai Jiaotong University School of Medicine, Shanghai, China.

Objective The decrease of protein S (PS) during pregnancy is mainly described as estrogen (E2)-mediated downregulation of PROS1 expression. Aside from the renowned role as a coagulation inhibitor, PS, together with growth arrest specific 6 (Gas6), functions as a ligand for TAM (Tyro3, Axl, and Mer) receptors. Here, we investigated plasma levels of soluble TAM receptors and their complicated changes associated with low PS levels during uncomplicated pregnancy.

Methods A total of 215 pregnant participants were included and divided based on their gestational trimesters. Plasma soluble TAM receptors and ligands PS/Gas6 levels were assessed by ELISA, and correlations were analyzed. Anti-inflammatory type 2 (M2) macrophages were

adopted mimicking decidual macrophages in vitro, and titrations of E2 were added into cells to investigate the potential role of E2 on M2 macrophages.

Results Both soluble Mer (sMer) and sTyro3 demonstrated increase in pregnant group. sMer specifically showed a gradual increase with the increase of gestational weeks, which negatively correlated with reduced PS ($r=-0.24$). Otherwise, an unaltered Gas6 and decreased sAxl levels were observed during pregnancy, suggesting that Gas6-Axl signaling is not activated in uncomplicated pregnancy. In vitro titrations of E2 into M2 macrophages turned out that at concentrations comparable to the 1st trimester of pregnancy, membrane Mer (mMer) mRNA demonstrated significant increase, further Western blot analysis of cell lysates confirmed the increased E2-mediated mMer expression.

Conclusion Based on our findings, we suggest that the increase of sMer in plasma was attributed to the increased E2-mediated mMer expression of decidual-like macrophages, which led to the increased binding of PS with mMer, ultimately resulting in the reduction of PS in circulation. These data, taken altogether, offers an alternative explanation for the reduced PS levels in uncomplicated pregnancy.

PO-1991

一例获得性凝血因子V缺乏症及文献复习

陈美薇、应晓杨
大连大学附属中山医院

目的 总结获得性凝血因子V缺乏症 (Acquired Factor V Deficiency, AFVD) 临床表现特点, 探讨AFVD的诊治经验。

方法 报道一例AFVD患者的临床表现、实验室化验指标、诊治经过并进行相关的文献复习。

结果 87岁, 男性, 因反复齿龈出血2周入院。无遗传性凝血因子缺乏病史及家族史。主要化验结果: 血常规+网织红细胞: WBC: $6.95 \times 10^9/L$, HGB: 129g/L, PLT: $164 \times 10^9/L$, RET%: 1.81%↑; FIB: 4.05g/L↑, PT: 121s↑, APTT: 199.4s↑, INR 11.87↑, 凝血因子V活性测定 $< 1\%$ ↓, 凝血因子V抑制物定量 9.12BU/mL↑; 抗磷脂抗体8项: 抗磷脂抗体IgM: 47.8MPLU/mL↑, 抗B2糖蛋白I抗体IgM: 61AU/mL↑, 余各项指标正常。抗核抗体+ENA抗体谱: 抗核抗体(1:1000)阳性, 抗RO-52抗体弱阳性, 抗线粒体M2抗体阳性。胸部CT、全腹部+盆腔CT: 未提示存在占位性病变。综上, 考虑患者可能为自身免疫性疾病导致获得性V因子缺乏, 临床予环磷酰胺联合甲泼尼龙清抗体治疗, 治疗后复查凝血因子V活性测定为69.1%, 凝血因子V抑制物定量为0.00BU/mL, 嘱其激素逐渐减停, 血液科门诊规律随诊中。

结论 获得性V因子缺乏症是一种罕见的凝血异常疾病, 目前主要推荐方案包括支持治疗和免疫抑制剂治疗。但因无V因子制剂替代治疗, 主要为输注新鲜冰冻血浆, 另外可输注浓缩血小板悬液(血小板中含有V因子)或基因重组的因子VII(旁路替代治疗)。免疫抑制剂可使用包括糖皮质激素、环磷酰胺等, 还可选择静注人丙种球蛋白, 对于难治/复发患者可以给予利妥西单抗注射液治疗, 其他疗法可考虑血浆置换等。

PO-1992

儿童原发性免疫性血小板减少症慢性病程的高危因素及预后情况分析

徐倩、周敏、史美龄
成都市妇女儿童中心医院

目的 探索可能预测儿童 ITP 慢性化的初诊高危因素，分析儿童慢性 ITP 缓解情况。

方法 回顾性分析自 2018 年 01 月 01 日至 2022 年 12 月 31 日期间成都市妇女儿童中心医院收治的初诊 ITP 儿童，规律随访至少 1 年，通过检索电子病历、门诊或电话随访等方式收集患儿的一般资料、实验室检查、治疗及疾病转归等。

结果 共纳入 662 例，中位发病年龄 2 (0.69, 4.27) 岁，男女比例 1.26: 1。依据病程：慢性组共 112 例 (83.1%)，非慢性 550 例 (16.9%)。单因素分析显示初诊年龄、起病病程、疫苗接种、出血分级、中性粒细胞小于 $1.5 \times 10^9/L$ 、初诊血小板计数、淋巴细胞计数、甲状腺功能、IgG、IgA、IgM、TPO 水平差异有统计学意义。多因素分析显示：初诊大年龄、隐匿病程是 CITP 的独立高危因素；中性粒细胞减少可能是预后保护因素。年龄及隐匿病程两因素联合预测，ROC 曲线下面积提升至 0.795，敏感度和特异度分别为 80.4% 和 64.4%。在病程第 1 月、3 月、1 年、3 年、5 年的累积缓解率分别为 40%、68%、83.1%、89.9% 和 90%；112 例 CITP 在第 3 年、5 年的累积缓解率分别为 41.7%、59.3%。

结论 初诊年龄偏大和隐匿病程是预测 CITP 的危险因素，两者联合预测效力可能优于单一指标；病初合并中性粒细胞减少可能是 CITP 的保护因素。随着病程延长，自发缓解率逐渐降低，但仍有缓解可能。

PO-1993

TMPRSS9 基因突变与静脉血栓栓塞疾病的相关性研究

夏云晴、唐亮、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 我们想要探索 TMPRSS9 基因的变异在静脉血栓栓塞疾病中是否具有一定的功能意义。

方法 收集华中科技大学附属协和医院确诊为静脉血栓栓塞疾病 (VTE) 的患者，同时收集无血栓性疾病病史和家族史的健康体检患者。进行一项基于人群的病例对照研究检测 TMPRSS9 基因的突变类型及其频率。利用在线致病性预测工具对错义突变进行致病性评估，我们综合各种预测工具的预测结果，将有两个及以上预测结果为有害突变的位点认为是致病性突变。我们还对突变位点进行了蛋白分子模拟。随后将筛选出的有害突变构建突变质粒，转染 HEK-293T 细胞，检测 mRNA 水平 TMPRSS9 的基因表达。

结果 在 TMPRSS9 基因中，rs200206860 (c.692C>T) VTE 组参与者携带 T 等位基因的频率明显高于对照组 ($\chi^2 = 0.057$; OR: 1.907; 95%CI= 1.808-2.011)，rs62120714 (c.917G>A) VTE 组参与者携带 A 等位基因的频率明显高于对照组 ($\chi^2 = 0.004$; OR: 1.460; 95%CI=1.128-1.889)，rs146529608 (c.1709C>T) VTE 组携带 T 等位基因的频率高于对照组 ($\chi^2 = 0.1$; OR: 1.906; 95%CI=1.807-2.010)。我们注意到，rs372254805 (c.334C>T) 精氨酸突变为终止密码子，属于一种蛋白质截断突变中的无义突变。一共有 10 个位点可能是致病性突变，分别为 rs17685098 (c.217C>T)、rs372254805 (c.334C>T)、rs758572916 (c.562C>T)、rs200206860 (c.692C>T)、rs62120714 (c.917G>A)、rs146529608 (c.1709C>T)、rs369734929 (c.2399C>T)、rs199503794 (c.2545C>T)、rs7247162 (c.2812G>A)、rs752580832 (c.3087C>G)。RT-PCR 结果显示，空载质粒 TMPRSS9 基因 mRNA 基本不表达，10 个错义突

变位点质粒的 *TMPRSS9* 基因 mRNA 表达与野生型 WT 相比, c.334C>T、c.692C>T、c.1709C>T 突变有明显统计学差异, 其余突变无明显统计学差异。

结论 *TMPRSS9* 基因的错义突变可能与静脉血栓栓塞疾病发生具有相关性。

c.334C>T、c.692C>T、c.917G>A、c.1709C>T 位点的无义突变和错义突变在 *TMPRSS9* 基因突变影响静脉血栓发生中具有重要意义。

PO-1994

747 例出血、血栓和血小板异常患者的诊断性高通量测序结果分析

蔡耀华、胡豫、唐亮

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 将血栓与出凝血性疾病检测 panel 用于临床检测, 可用于检测血栓与出凝血相关的多种基因结构, 为开展出凝血疾病功能学、家系验证、评估疾病风险等研究提供较全面的框架和基础。

方法 收集就诊于武汉协和医院的 747 例怀疑患有遗传性出血、血栓和血小板计数/功能异常 (BTPD) 的患者的临床资料, 并使用自主研发的 BTPDs 相关基因 Panel (涵盖 101 个基因) 对其进行检测, 结合自建的中国人群静脉血栓遗传信息背景数据库及 ACMG 规则判断变异位点的致病性。

结果 根据临床表型明确分子诊断率, 所有血栓、凝血、血小板计数/功能异常患者的总诊断率为 402/747 53.8%。共检出 521 个疾病相关变异, 其中 78% 是 (可能) 致病变异, 其他是意义不明的变异。血栓性疾病的诊断率分别为 59.6% (18 岁以下)、52.8% (19 岁至 50 岁) 和 42.0% (50 岁以上)。出血性疾病的诊断率随年龄增长而降低: 分别为 74.1%、69.3% 和 64.0%。血小板疾病的诊断率分别为 53.8%、78.6% 和 66.7%。年龄发病分析显示突变携带者的疾病发病年龄较早。

结论 本研究建立的 BTPDs 相关基因 Panel 信息全面, 能对多种血栓与出凝血性疾病联合检测, 特别是对于出现血栓或出血症状的年轻人。利于评估血栓与出凝血性疾病的遗传、复发和患病风险等。

PO-1995

重组 ADAMTS13 用于遗传性血栓性血小板减少性紫癜患者的预防治疗: 3b 期继续研究的中期分析

Paul Coppo¹、Parth Patwari²、Björn Mellgård²、Hong Li²、Marie Scully³、Masanori Matsumoto⁴、Jerzy Windyga⁵、Thomas L Ortel⁶、Spero Cataland⁷、Paul Knoebl⁸、Ziqiang Yu⁹、Linda T Wang²

1. National Reference Center for Thrombotic Microangiopathy, Paris, France

2. Takeda Development Center Americas

3. Department of Haematology, University College London Hospitals

4. Department of Blood Transfusion Medicine, Nara Medical University

5. Department of Hemostasis Disorders and Internal Medicine

6. Duke University

7. Department of Internal Medicine, Ohio State University

8. Department of Medicine 1, Division of Hematology and Hemostasis, Medical University of Vienna

9. National Clinical Research Center for Hematologic Diseases

目的 评价遗传性血栓性血小板减少性紫癜 (cTTP) 患者接受 rADAMTS13 长期预防治疗的疗效和安全性。

方法 这项 3b 期、前瞻性、开放标签、多中心、继续研究 (NCT04683003) 入组了 0-70 岁的 cTTP 患者。患者既往在一项随机、交叉、关键性试验 (NCT03393975) (延展队列) 中接受过 rADAMTS13

预防治疗(12个月)和标准治疗(血浆输注,6个月),或未参加关键性试验(非延展队列)。列出预先计划的中期分析的延展队列数据(数据截止日期:2022.08.12)。患者接受静脉注射 rADAMTS13 40 IU/kg 预防治疗,每周或隔周一次。主要终点为长期安全性/耐受性,主要评估与 rADAMTS13 相关的不良事件(AE)和严重 AE (SAE)的发生率。次要终点包括急性和亚急性 TTP 事件,以及非急性 TTP 临床症状的发生率。

结果 对 29 例患者(平均年龄 \pm SD: 40.4 \pm 12.1 岁;62%为女性)的数据进行了分析。rADAMTS13 治疗的中位(范围)持续时间为 0.7 (0-1.4)年。未观察到治疗相关 AE,也未观察到导致 rADAMTS13 停药的 AE。患者均未产生 ADAMTS13 中和抗体。rADAMTS13 预防治疗期间未发生急性 TTP 事件,亚急性 TTP 事件和 TTP 临床症状发生率与关键性试验中 rADAMTS13 预防治疗发生率相当,且大部分低于既往标准治疗。

结论 在这项继续用药研究的延展队列中,rADAMTS13 预防治疗期间未发生药物不良反应,且未产生中和抗体。rADAMTS13 持续治疗 \leq 1.4 年可预防急性 TTP 事件,并减少亚急性事件和 TTP 临床症状。

PO-1996

An Innovative Approach for Estimating FVIII Level and Designing Personalized Dosing in the Prophylactic Treatment of Hemophilia A

Zipeng Wei,Jianxing Zhou,Wei Huang,Xuemei Wu
福建医科大学药学院

Objective Hemophilia A is a rare and severe X-linked recessive bleeding disorder primarily affecting males. It is characterized by a deficiency of coagulation factor VIII (FVIII). To prevent spontaneous bleeding and irreversible joint damage, patients need regular injection of FVIII to maintain its levels above a target threshold. Precision therapy with FVIII is recommended for all patients with hemophilia A, but an individualized regimen based on the pharmacokinetic (PK) parameters requires pre-experiment. According to the International Society on Thrombosis and Haemostasis, patients should undergo 10-11 blood collections within 48 hours postdosing to obtain accurate FVIII PK parameters. However, intensive sampling in a short period is challenging in clinical practice.

To predict the level at specified time and design personalized dosing, we proposed a method for estimating FVIII PK parameters using 4 levels within 48 hours after administrated a test dose based on the principle of the classical two-compartment model.

Methods PK profiles of FVIII after dosing in the virtual populations were generated from a published population pharmacokinetic model coupled with Monte Carlo simulation. The simulated coagulation factor levels were considered as the reference (Cref). FVIII levels at six sampling points after dosing were estimated with method 1 and the method proposed by Lisheng Cai (Method 2), and compared with Cref. PK data from three patients with severe haemophilia A were retrospectively collected to further validate the accuracy of two method.

Results In the adult group, the maximum mean deviations for methods 1 and 2 were 0.43% (\pm 0.35%) and -36.31% (\pm 6.67%), with corresponding maximum RMSEs of 0.12% and 28.44%. For the paediatric group, the maximum mean deviations for methods 1 and 2 were 0.13% (\pm 0.25%) and -34.27% (\pm 6.74%), with maximum RMSEs of 0.05% and 25.33%. In three actual patients, mean deviations using method 1 were 0.32%, 1.34%, and 0.24%. Mean deviations using method 2 were 13.37%, -16.86%, and 56.66%.

Conclusion The proposed method for estimating FVIII PK parameters and levels demonstrates high accuracy and has the potential for precision dosing. The built-in CDSS for FVIII is user-friendly and easy to implementation in the clinic.

PO-1997

一例携带 VWF Gly1609Arg 突变的 2A 型血管性血友病家系 出血表现严重的病因及机制研究

张子琪、丁秋兰、王学锋
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 临床发现一家系，其女性患者具有月经出血量多引发休学，剖腹产后大出血等症状。本文为探讨该家系出血症状严重的病因及致病机制。

方法 对患者进行 VWD 实验室诊断和 VWF 基因测序。在 AtT20 细胞中对重组全长 VWF 进行了蛋白表达，对与 ADAMTS13 反应前后的野生型和突变型全长 VWF 进行 ELISA、胶原结合实验、VWF 多聚体电泳和微流控实验。对在 293 细胞中稳定表达的 VWF A2 结构域片段进行了热稳定性实验和高效液相色谱分析。同时进行了分子动力学模拟来对突变导致的严重出血机制进行深入解释。

结果 基因检测结果显示，患者家系携带 VWF Gly1609Arg 突变。VWF 实验室诊断实验反映出，患者的 VWF 抗原和活性水平稍低，VWF:Act/VWF:Ag<0.7，VWF 高分子量多聚体缺乏，符合 2A 型血管性血友病的临床表型。同时患者 VWF:CB 水平明显下降，VWF:CB/VWF:Ag<0.1。体外蛋白表达实验表明，rG1609R-A2 片段表现出较差的热稳定性，比 rWT-A2 更快地被 ADAMTS13 水解。全长 VWF 重组蛋白的水解结果与患者的血浆结果类似，添加尿素作为变性剂，或体外施加流体动力模拟体内剪切环境都会导致突变 VWF: CB 的更显著降低，同时高剪切力状态下突变 VWF 与血小板的结合减弱是由于 VWF 胶原结合能力下降引起的。

结论 根据结果，我们将 Gly1609Arg 突变分为 II 组 2A 型 VWD 突变。突变导致 VWF 结构不稳定，从而对 ADAMTS13 切割的敏感性增加，使 VWF 多聚体减少和活性下降，尤其导致 VWF 胶原结合能力的显著降低。切割后 VWF 的胶原结合位点可能会被屏蔽，进一步减弱 VWF 的胶原结合能力。综上，VWF 胶原结合的显著降低是该家系出现严重出血症状的主要原因，VWF:CB 方法也需成为 VWD 诊断的重要依据。

PO-1998

血液肿瘤并发静脉血栓栓塞症的相关危险因素分析

王佩
邢台市第一医院

目的 围绕血液肿瘤并发静脉血栓栓塞症的相关危险因素进行分析，旨在明确相关危险因素，以有效预防静脉血栓栓塞症发生。

方法

通过检索知网、万方医学网等文献数据库，从流行病学、发病机制、风险评估模型的条目、临床使用抗凝药物等方面，对血液肿瘤的静脉血栓栓塞症进行分析，旨在为医护在工作中对血液肿瘤患者风险因素的评估提供依据，进而早期对高风险患者提供预防及干预措施。

结果 静脉血栓形成为血液肿瘤病人的常见并发症，严重影响病人的生存质量及预后。血液肿瘤并发静脉血栓栓塞症的相关危险因素较多，并发静脉血栓栓塞症可进一步损害患者健康，并增加治疗难度，需要尽快给予相应干预措施对病情进行控制；而对于血液肿瘤患者，也需要优先开展静脉血栓栓塞症预防工作，降低风险以对其健康提供保障。

结论 血栓形成为血液肿瘤病人的常见并发症，严重影响病人的生存质量及预后。血液肿瘤并发静脉血栓栓塞症的相关危险因素较多，并发静脉血栓栓塞症可进一步损害患者健康，并增加治疗难度，

需要尽快给予相应干预措施对病情进行控制；而对于血液肿瘤患者，也需要优先开展静脉血栓栓塞症预防工作，降低风险以对其健康提供保障。

PO-1999

住院血液肿瘤患者静脉血栓栓塞预警信息化系统的构建与应用

吕静、刘婷婷、蒋翠婷、邓于宏
重庆大学附属肿瘤医院

目的 目的：构建住院血液肿瘤患者静脉血栓栓塞（Venous Thromboembolism, VTE）预警信息化系统，以提升医护人员对 VTE 的防治意识和水平，及时对有 VTE 风险的患者进行干预。

方法 方法：通过组建 VTE 防治工作组，构建以信息化为基础的，多学科协作下的 VTE 预警信息化系统，联通医疗和护理电子病历系统，进行风险自动评估和预警、分级预防与治疗辅助决策、VTE 质量控制管理。

结果 VTE 预警信息化系统实施后，我中心逐步实现了对所有住院患者的 VTE 风险评估全覆盖；与实施前相比，VTE 高风险患者的基础预防措施、物理预防措施和药物预防措施的落实率均有提升（ $P < 0.001$ ）。信息系统用户体验评价 4 个维度中，预警及时维度评分最高，为（ 9.06 ± 2.49 ）分。

结论 住院血液肿瘤患者 VTE 预警信息化系统的构建与应用，可助力高效、高质量地开展院内 VTE 防治工作，提升 VTE 防治水平，更好地保障患者的医疗安全和质量。

PO-2000

糖皮质激素联合不同类型促血小板生成药治疗重症 ITP 的短期疗效、安全性比较

李仁霞、周泽平
昆明医科大学第二附属医院

目的 比较单用糖皮质激素、糖皮质激素联合 rh-TPO、糖皮质激素联合 TPO-RA 三种方案治疗重症 ITP 的短期疗效、安全性，为治疗重症 ITP 选择安全、有效的方案提供依据。

方法 筛选 2021.1.1-2023.10.31 我科重症 ITP 患者。纳入使用上述三种治疗方案的患者，收集一般资料和治疗资料。

结果 一共纳入 88 例重症 ITP 患者。激素单药组 36 例，rh-TPO 组 27 例，TPO-RA 组 25 例。三组患者的基线数据无明显差异。三种治疗方案的短期总体反应率分别为 96.6%、100.0%、88.0%（ $P = 0.175$ ）。三组平均住院费用分别为 9064.86±3257.52 元、22431.57±7927.91 元、16430.15±9927.80 元，两两比较 p 值均 < 0.05 。rh-TPO 组的中位起效时间（2 天）快于激素单药组（3 天）和 TPO-RA 组（3 天）， $P = 0.005$ 、 0.028 。rh-TPO 组的中位血小板峰值、治疗后中位最大血小板增幅均高于激素单药组（ $83 \times 10^9/L$ vs $57 \times 10^9/L$, $p = 0.008$, $79 \times 10^9/L$ vs $54.5 \times 10^9/L$, $p = 0.008$ ）。三种方案治疗后的出血症状改善时间、血小板输注次数、治疗后出血评分均无明显差异。在新诊断患者中，中位起效时间在联合用药组之间无差异。在非新诊断患者中的短期疗效、艾曲泊帕和海曲泊帕的短期疗效以及三组之间的不良反应率均无差异。

结论 三种方案在短期内对患者治疗均是有效的，总体反应率、不良反应发生率无差异。rh-TPO 组疗效优于 TPO-RA 组和单用激素组，但成本相对较高。TPO-RA 组与单用激素组的疗效相似。艾曲泊帕和海曲泊帕的疗效相似。

PO-2001

间充质干细胞治疗肿瘤化疗所致全血细胞减少 1 例

刘超、王卫敏、王亚楠、孟小莉
郑州大学第一附属医院

目的 明确间充质干细胞治疗肿瘤化疗所致全血细胞减少的安全性及有效性。

方法 回顾性分析 1 例间充质干细胞治疗并进行相关文献的复习。

结果 患者，女，53 岁，因确诊卵巢子宫内膜样癌行卵巢癌根治术，术后规律接受 5 个疗程力朴素联合卡铂方案化疗。第 5 次化疗结束第 7 天首次发现全血细胞减少，以血小板减少为主，白细胞 $1-3 \times 10^9/L$ ，HGB $90-100g/L$ ，血小板 $1-10 \times 10^9/L$ ，骨穿结果符合化疗后骨髓抑制，期间予以粒细胞集落刺激因子、人血小板生成素联合海曲泊帕乙醇胺治疗 1 月，白细胞可恢复正常，血小板持续小于 $10 \times 10^9/L$ ，血红蛋白进行性下降。后更改为阿伐曲泊帕、十一酸睾酮治疗 4 月，血常规提示白细胞 $1-3 \times 10^9/L$ ，HGB $60-75g/L$ ，血小板 $1-10 \times 10^9/L$ ，因经济原因停用阿伐曲泊帕，继续口服十一酸睾酮 5 月，血象无回升，红细胞输注间隔约 30 天，血小板输注间隔约 7 天。后予以输注脐带间充质干细胞 $6 \times 10^6/次$ ，每 4 周 1 次，共 4 次，血常规提示血红蛋白于第 2 次输注后恢复正常，血小板于第 3 次输注后脱离输注，目前距离第 4 次输注间充质干细胞约 2 周，血小板 $25-30 \times 10^9/L$ 。患者近 1 年因全血细胞减少未行化疗，末次输注间充质干细胞后复查全腹部平扫及增强 CT、卵巢癌标志物均未见异常。

结论 本例患者卵巢癌化疗后全血细胞减少约 1 年，TPO 及 TPO 受体激动剂无效，输注间充质干细胞后白细胞、血红蛋白恢复正常，血小板脱离输注。目前距首次间充质干细胞输注 4 月，评估卵巢癌仍为缓解状态。初步认为间充质干细胞治疗肿瘤化疗所致全血细胞减少安全、有效，但仍需大宗研究进一步证实。

PO-2002

慢性粒细胞白血病合并重度出血 1 例

刘超、王卫敏、王亚楠、孟小莉
郑州大学第一附属医院

目的 与 ph 染色体阴性的骨髓增殖性肿瘤合并出血相比，慢性粒细胞白血病合并出血相对少见，本文旨在提高临床医师对该现象的认识。

方法 回顾性分析我院确诊的 1 例慢性粒细胞白血病合并出血患者的临床资料，并进行相关文献的复习。

结果 患者，男，76 岁，主因“发现右肩胛区皮下血肿 8 天”就诊。患者入院前 8 天无明显诱因出现右肩胛下皮下血肿，范围约 $10cm \times 15cm$ ，伴疼痛、波动感，无发热、外伤史。既往高血压、糖尿病、陈旧性脑梗死病史，未服用相关药物。入院查血常规白细胞计数 $205 \times 10^9/L$ ，红细胞计数 $2.17 \times 10^{12}/L$ ，血红蛋白 $68g/L$ ，血小板计数 $198 \times 10^9/L$ 。外周血细胞分类：中性分叶 34%，中性杆状 21%，淋巴 5%，单核 1%，嗜酸粒 4%，嗜碱粒 6%，早幼粒 2%，中性中幼粒 18%，中性晚幼粒 8%，原始+幼稚 1%。凝血试验：PT、TT、APTT 及 FDP 正常，Fib $4.88 g/L$ ，D-Dimer $0.64mg/L$ 。血栓弹力图（TEG）：R 5（5-10）min，K 0.9 min，Angle 77 deg，MA 73.6 mm。凝血因子全套：VWF 活性 467.7%，余均正常。抗磷脂抗体及狼疮抗凝物均未见异常。腹部彩超示：脾大。融合基因筛查提示 BCR-ABL 融合基因阳性，结合骨髓涂片、流式免疫分型及骨髓活检，明确诊断为慢性粒细胞白血病慢性期。住院期间予以降白细胞、碱化、水化、降压、降糖对症支持治疗，确诊后予以 TKI 靶向治疗，患者皮下血肿逐渐吸收，无新发出血。患者末次就诊，复查血常规、凝血功能、凝血因子全套等均正常范围，无新发出血灶。

结论 骨髓增殖性肿瘤合并出血在 ph 染色体阴性的骨髓增殖性肿瘤中相对多见, 根据报道可达 8.2%, 其中 PV 和 PMF 中可达 9.4%左右, ET 合并出血的患者约 3.2%; 慢性粒细胞白血病合并出血则比较罕见。有研究认为既往血栓形成事件、出血史、应用抗凝药物、脾大是 MPN 患者发生出血事件的危险因素。目前认为获得性血管性血友病可能是 MPN 患者合并出血的潜在机制。

PO-2003

血浆 vWF 活性对急性肺栓塞的预测价值

王晶、吕成兰、周东明、周敏
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 研究血浆血管假性血友病因子(vWF)活性水平对急性肺栓塞(PE)的预测价值。

方法 选择于我院治疗的 100 例急性肺栓塞患者作为 PE 组,另选择同期门诊经年龄和性别校正的 100 例患者作为非 PE 对照组(既往有肿瘤及自身免疫病史的患者不纳入本研究),比较两组 vWF 活性水平,分析血浆 vWF 活性水平对 PE 的预测价值。

结果 对照组比较,PE 组 vWF 活性水平显著升高(186.7% vs.115.9%, $p<0.001$)。多因素 Logistic 回归分析显示,vWF 水平为 PE 的独立危险因素($OR=1.10,p<0.001$)。ROC 曲线分析显示,血浆 vWF 活性水平预测 PE 的曲线下面积(AUC)为 0.832 (95%CI=0.79-0.9)。

结论 血浆 vWF 活性水平是急性肺栓塞的独立危险因素,对急性肺栓塞具有一定的预测价值。

PO-2004

Surgical experience in people with hemophilia A or B with and without inhibitors receiving fitusiran

Alok Srivastava^{1,2}, Pencho Georgiev³, Toshko Lissitchkov⁴, Margaret V. Ragni⁵, Wentao Zhang⁶, Laurel A. Menapace⁷, Yuqian Shen⁸, Zhiying Qiu⁸, Marja Puurunen⁷, Shauna Andersson⁷, Marek Demissie⁷, Steven W. Pipe⁹

1. Department of Haematology, Christian Medical College, Vellore India

2. Centre for Stem Cell Research, inStem, Vellore, India

3. University Multiprofile Hospital for Active Treatment "Sveti Georgi" and Medical University Plovdiv, Bulgaria

4. Clinic Specialized Hospital for Active Treatment of Haematological Diseases, Sofia, Bulgaria

5. University of Pittsburgh and Hemophilia Center of Western Pennsylvania, Pittsburgh, PA, United States

6. Sanofi, Shanghai, China

7. Sanofi, Cambridge, MA, United States

8. Sanofi, Bridgewater, NJ, United States

9. Departments of Pediatrics and Pathology, University of Michigan, Ann Arbor, MI, United States.

Objective Fitusiran, a subcutaneous, investigational siRNA therapeutic lowers antithrombin with the goal of increasing thrombin generation and rebalancing hemostasis in people with hemophilia (PwH) A or B, regardless of inhibitor status. For the management of perioperative hemostasis, Bleed Management Guidelines (BMG) with reduced dose and/or frequency of clotting factor concentrates (CFC) or bypassing agents (BPA) were implemented. Here, we described the hemostatic outcomes of major surgeries conducted while on fitusiran prophylaxis in PwHA/B aged ≥ 12 years, regardless of inhibitor status.

Methods All major surgeries in the fitusiran clinical development program until June 2023 were evaluated, including participants on the 80 mg monthly and revised antithrombin-based dose regimen. Informed consent and ethics committee approval were obtained for all studies. Procedures conducted during fitusiran prophylaxis and antithrombin (AT) activity $<60\%$ were included. Major surgeries included: opening into a major body cavity, operation on a joint, removal of an organ, operative alteration of normal anatomy, crossing of a mesenchymal barrier,

dental extraction of molar teeth or ≥ 3 nonmolar teeth, or tooth implantation. Analysis was provided for day of surgery (Day 0). Investigators/surgeon assessed peri-operative hemostatic control based on the International Society on Thrombosis and Haemostasis 4-point response scale (excellent/good/moderate/poor).

Results Sixty major surgeries (24 in inhibitor patients) were performed. In 47 (78.3%) major surgeries, BMG were followed, and reduced doses were used as perioperative prophylaxis. Four major surgeries were conducted without additional CFC/BPA. Hemostatic control on the day of the surgery was rated excellent/good in 30/31 (97%) cases following BMG and 9/10 (90%) cases not following BMG. ATIII concentrate was used to reverse the pharmacodynamic effect of fitusiran in 7 surgeries with an excellent/good hemostatic outcome. No major treatment - related safety concerns were identified perioperatively. Postoperative thrombosis occurred only when dosing exceeded BMG recommendations in 2 participants.

Conclusion Major surgeries can be safely and effectively conducted during fitusiran prophylaxis when BMG are followed, irrespective of inhibitor status. Reversal of lowered AT is not necessary.

PO-2005

Safety and efficacy of the fitusiran revised antithrombin-based dose regimen (AT-DR) in people with haemophilia (PwH) A or B, with or without inhibitors (ATLAS-OLE)

Guy Young¹,Kaan Kavakli²,Robert Klamroth³,Tadashi Matsushita⁴,Flora Peyvandi^{5,6},Steven W. Pipe⁷,Savita Rangarajan^{8,9},Ming-Ching Shen^{10,11},Alok Srivastava^{12,13},Jing Sun¹⁴,Huyen Tran¹⁵,Chur-Woo You¹⁶,Bulent Zulfikar¹⁷,Wentao Zhang¹⁸,Laurel A. Menapace¹⁹,Chuanwu Zhang²⁰,Marja Puurunen¹⁹,Marek Demissie¹⁹,Gili Kenet²¹,Guy Young

1. Hemostasis and Thrombosis Center, Cancer and Blood Disease Institute, Children's Hospital Los Angeles, University of Southern California, Los Angeles, CA 90027, USA
2. Department of Pediatric Hematology and Oncology, Ege University Faculty of Medicine Children's Hospital, Izmir, Turkey
3. Department for Internal Medicine and Vascular Medicine, Haemophilia Treatment Centre, Vivantes Hospital im Friedrichshain, Berlin, Germany
4. Department of Transfusion Medicine, Nagoya University Hospital, Nagoya, Japan
5. Fondazione Istituto di Ricovero e Cura a Carattere Scientifico Ca' Granda Ospedale Maggiore Policlinico Angelo Bianchi Bonomi Hemophilia and Thrombosis Center, Milan, Italy
6. Department of Pathophysiology and Transplantation, Università degli Studi di Milano, Milan, Italy
7. Departments of Pediatrics and Pathology, University of Michigan, Ann Arbor, MI
8. Advanced Centre for Oncology, Haematology & Rare Diseases, KJ Somaiya Super Specialty Hospital, Mumbai, India
9. Advanced Centre for Oncology, Haematology & Rare Diseases Faculty of Medicine, University of Southampton, Southampton, UK
10. Department of Internal Medicine, Changhua Christian Hospital, Changhua, Taiwan
11. Department of Laboratory Medicine and Department of Internal Medicine, National Taiwan University Hospital, Taipei, Taiwan
12. Department of Haematology, Christian Medical College, Vellore India
13. Centre for Stem Cell Research, inStem, Vellore, India
14. Department of Hematology, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, China
15. Ronald Sawers Hemophilia Treatment Center, The Alfred, Monash University, Melbourne, Victoria, Australia
16. Department of Pediatrics, Eulji University School of Medicine, Seoul, South Korea
17. Division of Pediatric Hematology-Oncology, Istanbul University Oncology Institute, Istanbul, Turkey
18. sanofi
19. Sanofi, Cambridge, MA, USA
20. Sanofi, Waltham, MA, USA
21. The National Hemophilia Centre, The Amalia Biron Thrombosis Research Institute, Sheba Medical Centre, Ramat Gan, Israel.

Objective Fitusiran, a subcutaneous (SC) investigational siRNA therapeutic, lowers antithrombin (AT) to increase thrombin generation and rebalance haemostasis in people with haemophilia

(PwH) A or B, regardless of inhibitor status. We report interim safety and efficacy of the fitusiran antithrombin-based dose regimen (AT-DR) in a Phase 3 open-label extension (OLE) study (ATLAS-OLE; NCT03754790).

Methods Males aged ≥ 12 years with severe haemophilia A or B, with or without inhibitors, who completed a fitusiran Phase 3 study were enrolled. The original 80 mg SC monthly (QM) dose regimen [ODR] was adjusted to the AT-DR, targeting AT activity levels 15–35% to mitigate adverse events. Participants received fitusiran prophylaxis 50 mg or 20 mg every other month (Q2M) or QM. Doses were individually adjusted to achieve target AT activity. Safety was compared with the ODR across all fitusiran studies, and efficacy was compared with control groups in the parent studies.

Results Overall, 227 participants were enrolled. Mean (standard deviation) AT level was 23.5 (4.6) on AT-DR. 78% of participants were on Q2M regimens; 38% required zero and 56% required one dose adjustment to achieve AT 15–35%. Safety analyses included all participants exposed to fitusiran ($n=270$ ODR, $n=286$ AT-DR). For ODR, total patient (pt)-years of exposure was 306.8 (≥ 12 months exposure $n=101$). For AT-DR, total pt-years of exposure was 486.0 (≥ 12 months exposure $n=238$). The exposure-adjusted incidence rate of adverse events was substantially reduced on AT-DR: thrombotic events (TE) (ODR 2.28 vs AT-DR 0.82/100 pt-years), alanine aminotransferase/aspartate aminotransferase >3 upper limit of normal (ODR 16.62 vs AT-DR 2.26/100 pt-years), and cholecystitis/cholelithiasis (ODR 14.67 vs 2.26/100 pt-years). All TE had significant contributing risk factors. Median annualized bleeding rate (IQR) was 3.7 (0.0;7.5); 1.9 (0.0;5.6) in PwH with inhibitors and 3.8 (0.0;11.2) in PwH without inhibitors. Superior bleed control was demonstrated vs on-demand clotting factor concentrates (CFC)/by passing agents (BPA) in PwH with or without inhibitors (73% and 71% reductions, $p<0.0006$, 0.0001 , respectively). Bleed rate was reduced by 70% vs BPA prophylaxis ($p=0.0002$) and was comparable with CFC prophylaxis ($p=0.6$).

Conclusion In this study, the fitusiran AT-DR targeting AT levels of 15–35% improved the safety profile substantially versus the ODR and maintained bleed protection in PwH A or B, with or without inhibitors, with most on a Q2M regimen.

PO-2006

Met343Val 突变导致活化蛋白 C 呈现 低活性构象并引发血栓形成

周世界、赖哲、吴希、王学锋、戴菁、陆晔玲
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 蛋白 C (PC) 是一种维生素 K 依赖性丝氨酸蛋白酶，能被凝血酶-血栓调节蛋白 (TM) 复合物激活为活化蛋白 C (APC)，然后在蛋白 S 的辅助下灭活凝血因子 Va 和 VIIIa，从而发挥抗凝作用。我们筛查出两名患有静脉血栓的无关联患者，本研究对其进行表型检测、家系调查和基因分析，并探讨 PC-M343V 突变的分子发病机制。

方法 构建野生型和突变型 PC 表达质粒，分别转染入 HEK-293 细胞进行稳定表达。利用离子亲和层析和离子交换层析进行蛋白纯化，并在后续凝血试验中进行功能表征。利用分子动力学模拟 (MD) 探究突变后蛋白质构象改变。

结果 基因检测发现患者携带同一个 PROC 杂合突变 c.1153A>G, p.Met343Val (M343V)。成功转染野生型与突变型 PROC 质粒后，野生型和突变型 PC 正常表达。凝血试验显示，凝血酶-TM 对突变体 PC 的活化作用受到轻微不利影响。APC-M343V 对显色底物的裂解能力显著降低，以及对 Na^+ 的亲合力严重下降。此外，APC-M343V 对 FVa 的抑制能力明显减弱。MD 分析表明，Val343 可能失去了与 Trp380 之间的潜在氢键，使 Trp380 向靠近 His211 的方向偏移，从而遮挡底物结合入口并破坏催化三联体的稳定性。

结论 M343V 突变会影响突变所在位点与 Trp380 的相互作用，从而对 APC 的活性中心构象、特异性结合口袋及 Na⁺结合均产生不利影响，最终损害 APC 的抗凝活性，导致血栓形成。

PO-2007

A Single-center Study of Patients with Rare Isolated Acquired Clotting Factor Deficiencies other than acquired Hemophilia A

Dandan Yu, Feng Xue, Xiaofan Liu, Yunfei Chen, Rongfeng Fu, Ting Sun, Xinyue Dai, Mankai Ju, Huan Dong, Renchi Yang, Wei Liu, Lei Zhang
Institute of hematology and Blood disease hospital

Objective Isolated acquired clotting factors deficiency (ACFDs) are rare hemorrhagic disorder mainly caused by antibodies directly neutralizing or accelerating the clearance of factors. Their rarity and heterogeneity may lead to difficulty in diagnosis and management. Our study describes different features of isolated ACFDs to improve our understanding of these diseases and provide practical recommendations for their management.

Methods Clinical characteristics of patients with isolated acquired factor II, V, IX, X, XI, XII, XIII, and Von Willebrand Factor (VWF) deficiencies were collected from the Blood Disease Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences between July 1997 and December 2021 and analyzed retrospectively.

Results A total of 54 rare isolated ACFD patients were enrolled in our study, mainly including 20 acquired factor V deficiency (AFVD) patients and 16 acquired factor X deficiency (AFXD) patients. The median age at diagnosis of all rare isolated ACFD patients was 55 years. Hematologic malignancies (n=18, 51.4%) and autoimmune diseases (n=12, 34.3%) were the predominant associated conditions in rare isolated ACFD patients. The median time to diagnose all rare isolated ACFD patients was 60 days. Ten (18.5%) rare isolated ACFD patients had no bleeding and two (3.7%) rare isolated ACFD patients showed venous thromboembolism (VTE). Subcutaneous hemorrhage was the most common bleeding phenotype affecting 61.4% (27/44) of patients. Hemostatic treatment was applied to 41 (41/54, 75.9%) rare isolated ACFD patients. Thirty-seven (68.5%) rare isolated ACFD patients received immunosuppressive therapy (IST) and 10 (18.5%) rare isolated ACFD patients received chemotherapy targeting primary diseases. Twenty-two (61.9%) rare isolated ACFD patients achieved CR, and 9 (21.4%) rare isolated ACFD patients died.

Conclusion Rare isolated ACFDs are underestimated, delayed diagnosed, and lack effective therapy. Clinicians should raise awareness for recognizing and managing rare isolated ACFD patients to avoid morbidity and mortality.

PO-2008

TLR-9 激动剂通过 Caspase -11- GSDMD 介导 TF 活性升高激活噬血细胞综合征中的凝血级联反应

吕柯冰、李菲
南昌大学第一附属医院

目的 噬血细胞综合征 (Hemophagocytic lymphohistiocytosis, HLH) 是一种危及生命的免疫系统疾病，以过度免疫激活而引发细胞因子风暴、多器官功能障碍和凝血异常为特征。有研究表明活化

炎性小体引起的焦亡是巨噬细胞活化综合征（Macrophage activation syndrome, MAS）发病机制的核心。在此基础上，我们进一步评估参与焦亡的重要通路 Caspase-11-GSDMD 在 HLH 发生发展中的作用。

方法 我们通过反复为 Caspase-11^{-/-}或 GSDMD^{-/-}及其野生型对照小鼠注射 Toll 样受体 9 (toll-like receptor 9, TLR-9) 激动剂 CPG 建立 HLH 小鼠模型。收集血液及肝脾肺组织等样本评估 HLH 相关指标、器官损伤以及凝血障碍的发生。用 CPG 和干扰素 (IFN) γ 刺激 WT、Caspase-11^{-/-}或 GSDMD^{-/-}小鼠的腹膜巨噬细胞，评估细胞表面磷脂酰丝氨酸 (phosphatidylserine, PS) 外翻比例，组织因子 (tissue factor, TF) 表达及活性。用临床初治 HLH 患者的外周血检测 Caspase-4 (Caspase-11 的人类同源物) 和 GSDMD 的表达以及 TF 活性。

结果 Caspase-11 或 GSDMD 的缺失或应用 GSDMD 抑制剂可显著改善 CPG 引起的 HLH 相关指标异常、器官损伤和凝血异常，改善生存率。Caspase-11 或 GSDMD 缺陷的巨噬细胞在 CPG 刺激后 TF 活性升高。HLH 患者中 Caspase-4-GSDMD 通路激活，蛋白表达以及 TF 活性与凝血等临床指标具有相关性。

结论 Caspase-11-GSDMD 通路至少部分参与了 HLH 的发生发展，并能够通过 PS 外翻介导 TF 活化促进凝血异常的发生。这些发现拓宽了我们对 HLH 发病机制的理解，可能为治疗 HLH 提供一种新策略。

PO-2009

F8 IVS22 INV 杂合变异致女性血友病 1 例报告

郑湧智、乐少华
福建医科大学附属协和医院

目的 探讨 F8 IVS22 INV 杂合变异致女性血友病的临床特征。

方法 回顾性分析 1 例 F8 IVS22 INV 杂合变异致女性血友病患儿的临床资料并复习相关文献。

结果 患儿，女，11 个月，以“反复发热伴面色苍白 5 月余”就诊我院。5 个月余前出现发热，伴面色苍白，伴呕吐，无抽搐、昏迷，就诊当地医院，当时查体：中度贫血外观，皮肤散在瘀斑，前囟稍膨隆，四肢关节无肿胀；查血常规：Hb67g/L，白细胞及血小板正常；生化全套：无异常；凝血四项：APTT117.5s，其余正常；凝血因子活性（输注血浆后检测）：VIII 因子 12.6%，IX、XI、XII 因子活性正常；头颅 CT：左侧颞顶部硬膜外血肿，左侧大脑半球血肿及左侧蛛网膜下腔出血。诊断：血友病 A、颅内出血、失血性贫血、呼吸道感染；予输注新鲜冰冻血浆、凝血因子 VIII、悬浮红细胞、甘露醇脱水、抗感染等处理后，症状缓解，复查凝血四项：APTT65.1s；血常规：血红蛋白 115g/L；头颅 MR 左侧颞顶部硬膜外血肿，左侧大脑半球硬膜下积血，均为亚急性期，左侧蛛网膜下腔出血。办理出院后输注凝血因子 VIII 200IU/次，每 5 天输注 1 次，共输注 5 次。入院前 3 天再次出现发热、呕吐，伴面色苍白，就诊我院，查：凝血四项：APTT101s；血常规：Hb：90g/L；凝血因子活性：VIII 因子活性小于 1%，IX、XI、XII 因子活性正常；APTT 纠正实验：无异常；血浆凝血因子 VIII 抗体小于 0.4BU/ml；血管性假性血友病因子：67.0%；头颅 CT：大脑镰、左侧额顶部硬膜下出血；个人及家族史：外祖父：血友病甲（已逝）；母亲：2015 年瑞金医院基因检测血友病 F8 IVS22 INV 变异杂合携带者；患儿 2021.7（胎儿产前绒毛基因检查）：F8 IVS22 INV 杂合变异。诊断：血友病 A、颅内出血、失血性贫血、呼吸道感染；予凝血因子 VIII 400IU q12h*3 天，呋塞米、地塞米松、头孢曲松等处理后，症状缓解；随后定期予凝血因子 VIII 预防治疗。

结论 F8 IVS22 INV 杂合变异也可导致女性血友病，可能与 X 染色体非随机失活有关。

PO-2010

4 例血友病 B 基因治疗护理体会

李珍珍、杨林花、武瑞红、张爱荣、程君君
山西医科大学第二医院

目的 探讨血友病 B 基因治疗中护理的重要性。

方法 对我中心 4 名血友病 B 基因治疗的患者从输注到随访给予相应的护理指导及护理观察。

结果 结果：通过对 4 名血友病基因治疗的患者进行跟踪随访一年，得到护理服务及指导在临床护理工作有参考意义。

结论 护理服务的全程关注，对基因治疗患者减少恐惧心理，积极配合治疗，参与随访起关键作用，值得临床借鉴。

PO-2011

Increasing FVIII expression in hemophilia A with CRISPR-Cas9

Lidong Zhao^{1,2}, Duanyang Wang², Yanchun Ma², Juan Ren², Lixia Hao², Sijun Bai³, Jiaoyu Zhao², Lei Wang², Jiawei Zheng², Dongyan Fu², Yalin Yu², Linhua Yang², Gang Wang²

1. Linfen Central Hospital

2. The Second Hospital of Shanxi Medical University

3. Shanxi Provincial People's Hospital

Objective Hemophilia A is an X-chromosome-linked inherited haemorrhagic disorder. Its pathogenesis is due to a mutation in the F8 gene leading to reduced activity of coagulation factor VIII and clinical manifestations of coagulation dysfunction. Currently, the main therapy is on exogenous coagulation factor VIII replacement therapy. The advent of CRISPR/Cas9 gene therapy is considered to have significant potential for haemophilia A, potentially enabling a cure for the disease.

Methods We successfully constructed and packaged two viral vectors: the vector AAV8-sgRNA-SaCas9 targeting the mROS26 locus and the donor vector AAV8-BDD-F8. Gene editing therapy was performed on F8KO mouse using tail vein injection of viral vectors. The goal was to achieve knock-in at the target locus through non-homologous end joining (NHEJ) to enhance the expression of FVIII protein in hemophilia A mouse.

Results We found that hemophilia A mice injected simultaneously with two viral vectors, AAV8-sgRNA-SaCas9 and AAV8-BDD-F8, underwent integration at the target site using NHEJ. This resulted in the successful insertion of BDD-hF8 into the mROSA26 locus, expression of hFVIII protein in the liver of mice, and elevated plasma FVIII levels that persisted for at least 3 months.

Conclusion Our study utilized CRISPR-Cas9 gene editing technology to achieve efficient expression of FVIII in hemophilia A mice, correcting the genetic defect and laying the groundwork for future treatment of hemophilia A.

PO-2012

芦曲泊帕治疗复发难治原发免疫性血小板减少症疗效观察

陈亚丽、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 探讨复发难治性原发免疫性血小板减少症的有效治疗方案。

方法 回顾性分析 2023-08-01 日至 2024-05-01 日我院收治的复发难治性免疫性血小板减少症患者，接受芦曲泊帕治疗至少 1 月的患者病历资料，分析其疗效并进行文献复习。

结果 3 例经确诊的复发难治性原发免疫性血小板减少症患者。其中 1 例 68 岁男性患者，确诊原发免疫性血小板减少症 5 年，疾病反复发作，糖皮质激素、丙球、海曲泊帕、艾曲泊帕、阿伐曲泊帕、利妥昔单抗等开始起效，之后再用无效，后接受芦曲泊帕后 6 天脱离输血，14 天血小板升至正常，后维持治疗中，目前口服 2 月血小板正常。1 例 14 岁女性，确诊原发免疫性血小板减少 10 年余，反复糖皮质激素、丙球治疗，开始起效，后无效，并且糖皮质激素不良反应较重，后应用 TPO、海曲泊帕、艾曲泊帕、阿伐曲泊帕等开始有效，后续反复复发后无效，1 月前接受芦曲泊帕治疗，5 天脱离输注血小板，12 天血小板升至正常，目前仍维持治疗中，血小板正常，有轻微皮疹，无其他特殊不适。另外 1 例 16 岁男性患者，确诊复发难治性免疫性血小板减少 2 年，糖皮质激素、丙球、利妥昔单抗、TPO、海曲泊帕、艾曲泊帕、阿伐曲泊帕等开始有效，后无效，维 A 酸联合达那唑等无效，接受芦曲泊帕治疗后 7 天脱离输注血小板，18 天血小板升至正常，现维持治疗 2 月，血小板仍正常，无不可耐受的不良反应。

结论 芦曲泊帕可以有效治疗复发难治原发免疫性血小板减少症。

PO-2013

KNG1 基因 c.618T>G 错义突变和 c.1165C>T 无义突变引起 Cys206-Cys218 二硫键断裂和 HMWK 蛋白 D5 结构域截断导致遗传性高分子量激肽原缺陷症

张福勇
广西医科大学第一附属医院

目的 高分子量激肽原（HMWK），由 KNG1 基因编码，是一种多功能的糖蛋白，与血液凝固启动、肿瘤生长、炎症性疾病、心血管疾病等病理过程密切相关。对一例高分子量激肽原（HMWK）缺乏症伴孤立性 APTT 延长的女性子宫平滑肌瘤患者的临床表型、基因突变和分子发病机制进行研究。

方法 通过 APTT 纠正试验、内源性凝血因子活性检测和血栓弹力图进行临床表型分析。二代测序检测 KNG1 基因突变位点；Clustal X 2.1 对突变位点的保守性进行分析；利用 FATHMM、Mutation taster、PolyPhen-2、PROVEAN、SIFT 等生物信息学软件预测突变位点的致病危害性；使用 SWISS-MODEL 和 PyMOL 软件进行蛋白建模，分析突变对蛋白结构和功能的影响。

结果 PTT 纠正实验显示患者凝血因子缺乏，但内源性凝血因子检测中，FVIII、IX、XI、XII 活性正常且血栓弹力图 R 值延长，提示罕见接触系统因子缺乏。将加入钙离子前的孵育时间延长为 20min，初步鉴别诊断为 HMWK 因子缺乏。基因测序发现 KNG1 基因存在两个突变位点：5 号外显子 c.618T>G 导致 p.Cys206Trp 错义突变，10 号外显子 c.1165C>T 导致 p.Arg389X 无义突变。生物信息学分析发现两个突变位点氨基酸具有高度保守性，并预测这些突变位点具有致病性。蛋白建模分析显示，Cys206 突变为 Trp 后，导致 Cys206-Cys218 二硫键断裂，影响蛋白正常折叠和功能；而 Arg389X 突变导致 HMWK 蛋白 D5 结构域截断，使蛋白含量下降，以上两个突变共同影响凝血系统中的 HMWK 的激活。

结论 KNG1 基因 c.618T>G 和 c.1165C>T 复合杂合突变引起 p.Cys206Trp 错义突变及 p.Arg389X 无义突变, 其中 p.Cys206Trp 错义突变为首次报道。这些突变导致 HMWK 功能缺失, 引起缓激肽系统缺乏, 从而导致 APTT 显著延长。本研究不仅明确了患者的凝血因子缺乏症, 还揭示了其分子发病机制, 为罕见凝血因子缺乏症的诊断和治疗提供了重要参考。该患者 KNG1 基因突变与子宫平滑肌瘤是否存在关系仍需进一步研究。

PO-2014

香附酮 (Alpha-Cyperone) 对血小板活化功能的影响

张钊、周向慧、程志鹏、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 血栓性疾病严重威胁人类的生命健康, 其中以脑梗、心梗为代表的动脉血栓的始动于血小板活化, 进而引发血小板黏附、聚集等过程, 因此寻找高效而安全的抗血小板药物是十分必要的。香附酮是中药香附子的天然成分, 研究表明, 香附酮具有抗肿瘤、抗抑郁、抗炎、抗氧化等药理作用。香附酮的潜在抗血小板活化功能使其有望成为新的防治动脉血栓药物。

方法 体外环境下评估不同浓度香附酮对洗涤血小板聚集及铺展的影响。多组学技术检测香附酮调控血小板活化的机制。建立小鼠 FeCl₃ 颈动脉血栓模型与下腔静脉血栓模型, 探究香附酮对动脉血栓及静脉血栓形成的影响。

结果 体外环境下, 胶原、凝血酶、ADP 激动下的给药浓度由低到高聚集程度受抑制程度逐渐增强, U46619 与花生四烯酸激动下聚集情况则无明显差异。且随着香附酮浓度升高血小板的铺展面积逐渐减小。蛋白凝胶电泳提示香附酮预处理的血小板活化过程中的 P-AKT 及 P-ERK 表达下降。连续给药 21 天与 27 天时, 实验组小鼠与对照组相比, FeCl₃ 诱导的颈动脉血栓形成时间明显延长, 静脉血栓形成情况无统计学差异。

结论 香附酮对血小板的磷酸化过程及活化过程有明显的抑制效果, 同时一定程度上抑制动脉血栓的形成。

PO-2015

PDE 抑制剂改性血液净化膜的构建及其抗血小板和血液相容性研究

府晓
中南大学湘雅医院

目的 血液净化膜在人工肾、人工肝、体外膜肺氧合等领域应用广泛。但是在血液净化过程中, 膜-血接触面会诱发血栓形成, 这在很大程度上限制了其临床的应用。血小板可作为抑制膜血栓的有效靶点, cAMP 是血小板胞内信号传导中重要的第二信使, 而 PDE 具有水解 cAMP 的作用, 它可以降低血小板胞内 cAMP 水平, 促进血小板聚集。因此通过抑制 PDE 或可有效地抑制血小板功能。双嘧达莫(DIP)是临床常用的血小板 PDE 抑制剂, 此外研究表明 DIP 还有抗炎及抗氧化作用, 因此我们推测 DIP 有良好的血液相容性, 适合用于膜改性。

方法 我们首次将 DIP 改性聚醚砜 (PES), 并采用浸没沉淀相转化法制备 DP 膜。傅里叶红外光谱和 X 射线光电子能谱用来测定膜表面化学结构和元素组成, 扫描电镜和原子力显微镜用来观察膜的膜截面和表面。我们重点研究了 DP 膜对血小板粘附、活化、聚集、分泌 4 种生理功能的影响以及 PDE-cAMP 胞内信号通路在其中的作用。

结果 DP 膜的傅里叶红外光谱在 1350、1525 和 3380 cm^{-1} 处分别出现了新的振动峰,提示存在 DIP 新的-OH、-C=N 及-C-N 峰位。同时 XPS 检测显示 DP 膜在约 399eV 处出现了 DIP 特征性的 N1s 元素。以上均说明双啞达莫已成功共混至膜表面。

四组膜 SEM 1000x 下均为由致密层和多孔支撑层组成的非对称指状结构,说明共混 DIP 后没有改变透析膜非对称性膜结构。进一步原 AFM 观察了四组膜的表面光滑程度,DP 膜比 PES 膜表面更加光滑。

在 SEM 2000 \times 下,PES 膜表面粘附的血小板数量较多;5000 \times 下,PES 膜表面血小板相互通过形成的伪足,聚集成团块状,形成微小血栓。随着 DIP 共混比例升高,粘附血小板数量及伪足形成均逐渐减少,2000 \times 下 DP3 膜表面血小板仅少量散在分布,5000 \times 下仍可见无伪足形成的圆形血小板。

P 选择素表达于活化的血小板表面,其有跨膜 P 选择素(CD62P)和可溶性 P 选择素(sP 选择素)两种变型,因此我们同时评估了改性膜对两种 P 选择素的影响。DP2 和 DP3 组的 CD62P、sP 选择素均较 PES 组明显降低。除了血小板表面受体的激活,血小板活化还依赖于细胞内的信号传导。本实验中,DP2、DP3 组 PDE 水平较 PES 组明显降低。同时 DP1-3 组的 cAMP 较 PES 组均升高。在血小板聚集试验中,PES 组的聚集率在 20s 时即开始快速升高,且在约 80s 左右已基本达到最大聚集率;而随着 DIP wt%升高,血小板聚集的开始升高时间和最大聚集率时间均逐渐延长。在活化后的释放功能测定中,DP2 和 DP3 的 PF4 和 β -TG 水平明显低于 PES 组,且二者与 PDE 水平均呈正相关。

结论 本研究成功制备了一种新型 DIP/PES 改性血液净化膜,DP 膜可通过抑制血小板胞内 PDE-cAMP 信号信号,从而显著抑制血小板的粘附、活化、聚集和释放功能。DP 透析膜在危重症患者血液净化或有良好的应用前景。

PO-2016

基于 ABO 血型的 VWF 抗原和活性检测在深静脉血栓形成风险评估中的应用

闫彬^{1,2}、胡天喜^{1,2}、杜伟鹏^{1,2}

1. 南阳市中心医院

2. 南阳市血栓与止血重点实验室

目的 基于 ABO 血型探讨血浆 VWF 抗原 (VWF:Ag) 和活性 (VWF:GPIbM) 在深静脉血栓形成 (DVT) 风险评估中的临床价值。

方法 选择 2021 年 3 月-2022 年 12 月就诊的 163 例 DVT 患者为病例组,同期 135 例健康体检者为对照组,检测两组的 ABO 血型、血浆 VWF:Ag 和 VWF:GPIbM 水平。采用卡方检验分析两组在 ABO 血型分布上的差异,成组 t 检验或非参数 Mann-Whitney U 检验比较两组 VWF:Ag 和 VWF:GPIbM 水平。通过受试者工作特征曲线 (AUC) 评估 VWF 检测在预测 DVT 事件中的临床价值。应用二元 Logistics 回归分析 DVT 事件的危险因素及其独立危险因素。

结果 (1) DVT 组和对照组在 O 型和非 O 型、A 型和非 A 型、B 型和非 B 型、AB 型和非 AB 型血型分布之间的差异无统计学意义 ($P>0.05$); (2) 与对照组相比,DVT 组的血浆 VWF:Ag 和 VWF:GPIbM 水平无论是在总体还是各 ABO 血型分布之间均显著升高 (P 均 <0.01); (3) 与 DVT 组 O 型人群相比,非 O 型人群的血浆 VWF:Ag 和 VWF:GPIbM 水平显著升高 (219.74 ± 63.64 vs 162.21 ± 56.03 , $[228.10(185.15,249.10)$ vs $148.25(116.48,225.48)$), t 分别为 4.566、4.066, P 均 <0.01); (4) VWF:Ag 判断 DVT 事件的 AUC 为 0.855,截断值为 142.40%,敏感度为 82.2%,特异度为 72.6%; VWF:GPIbM 判断 DVT 事件的 AUC 为 0.861,截断值为 141.15%,敏感度为 84.7%,特异度为 71.1%。VWF:Ag 和 VWF:GPIbM 均为发生 DVT 事件的危险因素 (P 均 <0.05)。在调整了 ABO 血型后,VWF:Ag $>142.40\%$ 和 VWF:GPIbM $>141.15\%$ 是发生 DVT 事件的主要独立

危险因素（优势比分别为 13.961、17.615，95%可信区间分别为 7.654-25.464、9.155-33.892）。
结论 非 O 型 DVT 患者的 VWF:Ag 和 VWF:GPIbM 显著高于 O 型患者，VWF:Ag>142.40%和 VWF:GPIbM>141.15%是发生 DVT 事件的主要独立危险因素，基于 ABO 血型的 VWF 检测有助于为 DVT 精准防控提供思路。

PO-2017

Structural instability of antithrombin caused by SERPINC1 p.Met313Thr variant is associated with venous thromboembolism

Changming Chen, Xi Wu, Lei Li, Jing Dai, Xuefeng Wang, Qiulan Ding
Ruijin Hospital affiliated to Shanghai Jiaotong University, School of Medicine

Objective Inherited antithrombin (AT) deficiency, caused by mutations in SERPINC1, is associated with venous thromboembolism (VTE). Routine functional methods may miss certain pathogenic variants, emphasizing the importance of genetic diagnosis. In this study, 3 unrelated VTE patients with normal AT activities and antigen levels were identified with SERPINC1 p.Met313Thr (c.938T>C) variant, which was previously reported to be associated with VTE, but the detailed mechanism had not been illustrated. In this study, we aim to determine the pathological VTE mechanism of p.Met313Thr variant through in vitro experiments.

Methods The study received approval from the Ethics Committee of Ruijin Hospital. Informed consent was obtained from all relevant individuals. Anti-FXa, anti-FIIa activity and antigen levels of AT were tested in plasma from probands. In vitro, wild-type AT (AT-WT) and mutant-AT (AT-M313T) proteins were expressed and analyzed by SDS-PAGE and Western Blot (WB). The second-order association rate constants (k_2) and stoichiometry of inhibition (SI) towards thrombin or FXa by AT-WT and AT-M313T were measured both in the absence and presence of pentasaccharide (H5) or heparin. The thermal stability was tested by incubating at 42 °C. Polymerization of AT was determined at gradient temperature (30-70 °C) or over a time course. Latent AT formation in purified protein was detected by Native-Urea PAGE following incubation at 50 °C, with results validated in plasma samples from probands and controls (NPP).

Results Three probands showed normal AT activities and antigen levels (Ag 109.7±6.4%, Anti-FXa 106.7±10.1%, Anti-FIIa 92.0±5.8%). AT migrated slightly slower than WT-AT in SDS-PAGE and showed higher k_2 in both the absence and presence of H5 or heparin. The SI values showed no significant difference. In both plasma and purified proteins, the activity of M313T-AT decreased dramatically over time at 42 °C, while that of WT-AT remained stable. AT-M313T exhibited reduced resistance to heat and showed a propensity for latent AT formation rather than polymer. Furthermore, higher levels of latent AT were detected in plasma from probands compared to normal pooled plasma.

Conclusion The SERPINC1 p.Met313Thr variant exhibited thermal instability and a tendency for latent AT formation. This result may imply a transient AT deficiency, potentially leading to thrombosis under specific stress conditions, such as fever. Native-Urea PAGE could serve as a supplementary experiment to detect structural abnormalities of AT.

PO-2018

间断小剂量醋酸泼尼松维持治疗 原发免疫性血小板减少症疗效观察

彭弦薇、陈婉琴、刘安贵、余丹、陈永升、赖颖晖
广西医科大学第二附属医院

目的 原发免疫性血小板减少症（primary immune thrombocytopenia, ITP）是常见的出血性疾病，常常伴随出血风险、疲劳症状。糖皮质激素是目前有效的一线治疗手段，短期疗效好，但部分患者表现出激素依赖。因此，我们尝试探索更小的糖皮质激素剂量，即间断小剂量泼尼松口服维持治疗。**方法** 回顾性分析了广西医科大学第二附属医院自 2018 年 1 月 1 日至 2023 年 4 月 30 日就诊的 ITP 接受了大剂量糖皮质激素冲击后有反应的 15 名患者，均予间断小剂量泼尼松口服维持治疗：①泼尼松 20mg qw ②泼尼松 15mg biw ③泼尼松 20mg biw ④泼尼松 25mg biw ⑤泼尼松 30mg biw。根据血小板计数评估疗效、安全性，调整激素剂量或频次。**结果** 间断小剂量醋酸泼尼松维持治疗时间范围为 0.3~40.5 个月，中位维持治疗时间为 7.5 个月，ORR 为 86.7%，坚持治疗患者中 6 个月时持续反应率（substance response, SR）88.9%（8/9），为其中 1 例维持治疗 0.3 个月复发，1 例维持 8.7 个月复发，均调整 TPO-RA 治疗。**结论** 间断小剂量泼尼松维持治疗 ITP 可能取得较好的长期疗效。

PO-2019

干扰整合素 $\beta 3$ /Src 相互作用的小分子 化合物的抗血栓与抗肿瘤双重效应

陈嘉宜¹、刘双¹、阮铮¹、沈艳²、王侃侃¹、奚晓东¹、毛建华¹
1. 上海交通大学医学院附属瑞金医院，上海血液学研究所，组学与疾病全国重点实验室
2. 上海交通大学医学院附属瑞金医院实验医学研究中心

目的 探究干扰整合素 $\beta 3$ /Src 互作的小分子化合物 DCDBS84 及其衍生物的抗血栓与抗肿瘤效应。**方法** 基于 RGT 肽与 Src SH3 互作的晶体结构筛选获得的小分子 DCDBS84，可同时解离血小板内 $\alpha IIb\beta 3$ 及肿瘤细胞内 $\alpha v\beta 3$ 与 Src 的互作。对 DCDBS84 进行结构改造，将其侧链基团取代为环戊烯基与萘环，得到活性更高的新化合物 C109 与 C116。通过体外血小板功能实验（伸展、粘附、聚集、纤维蛋白凝块回缩和可溶性纤维蛋白原结合）、Bioflux 流体实验、体内实验（ $FeCl_3$ 颈动脉血栓、激光损伤小动脉及剪尾流血模型）分析 C109 与 C116 对血栓形成和出血的影响。通过细胞增殖实验、划痕实验、在固相纤维蛋白原上粘附实验探究 DCDBS84 对不同肿瘤细胞增殖、迁移和粘附的影响。**结果** 1、与 DCDBS84 相比，C109 与 C116 更有效地抑制由外向内信号介导的血小板功能，如：伸展、粘附、聚集、纤维蛋白凝块回缩等，而不影响与可溶性纤维蛋白原的结合；流体实验及体内血栓模型表明 C109 与 C116 更有效地减少了血栓形成，出血时间与对照组无差异。2、DCDBS84 能够抑制表达 $\beta 3$ 的乳腺癌细胞 MDA-MB-231 的增殖、划痕区域生长和粘附；对不表达 $\beta 3$ 的乳腺癌细胞 MCF-7 没有影响，但可抑制转染 $\beta 3$ 的 MCF-7 的增殖、迁移和粘附，对转染 $\beta 3\Delta 759$ (ΔRGT) 的 MCF-7 影响介于两者之间。**结论** DCDBS84 及其衍生物具有强效且安全的抗血栓效应，同时具有抗肿瘤作用。

PO-2020

Src SH3 结构域 E97 突变的抗血栓效应及相关生物学功能研究

刘双¹、陈嘉宜¹、阮铮¹、沈艳²、王侃侃¹、毛建华¹、奚晓东¹

1. 上海交通大学医学院附属瑞金医院, 上海血液学研究所, 组学与疾病全国重点实验室

2. 上海交通大学医学院附属瑞金医院实验医学研究中心

目的 探索 Src SH3 结构域 E97 突变的抗血栓效应及对相关生物学功能的影响。

方法 基于 RGT 肽与 Src SH3 互作的晶体结构, 我们鉴定出 Src E97 在 $\beta 3$ /Src 互作中发挥重要作用。我们创建了 Src^{E97A} 转基因小鼠, 该小鼠血小板内 $\alpha IIb\beta 3$ 及其他细胞内 $\alpha v\beta 3$ 与 Src 的互作同时被解离。通过体外血小板功能实验 (伸展、粘附、聚集、纤维蛋白凝块回缩和可溶性纤维蛋白原结合)、Bioflux 流体实验、体内实验 (FeCl₃ 颈动脉血栓、激光损伤小动脉及剪尾流血模型) 分析 Src^{E97A} 小鼠对血栓形成和出血的影响; 对 Src^{E97A} 小鼠进行全身表型分析探究对相关生物学功能的影响。

结果 与野生型 (WT) 小鼠相比, Src^{E97A} 小鼠能够显著抑制血小板伸展、粘附、聚集、纤维蛋白凝块回缩等外向内信号介导的血小板功能, 而代表内向外信号的结合可溶性纤维蛋白原的能力未受影响; 流体实验及体内血栓模型表明 Src^{E97A} 小鼠能够有效抑制血栓形成, 出血时间与 WT 小鼠无差异。Src^{E97A} 小鼠在体重、脏器指数、血常规、血涂片等与 WT 小鼠无明显差别。Src^{E97A} 小鼠组织切片 HE 染色显示肺部有炎症表型, 包括肺泡壁增厚及肺部炎细胞浸润; RNA-seq 聚类分析发现 Src^{E97A} 小鼠肺部 T 细胞受体信号通路及 T 细胞分化相关通路改变较明显。

结论 Src E97 位点有望成为新的低出血风险的抗血栓靶点, 并对 T 细胞相关通路介导的生物学功能产生影响。

PO-2021

Pleiotropic effects of different exonic nucleotide changes at the same position contribute to hemophilia B phenotypic variation

Huayang Zhang, Changming Chen, Qiulan Ding

Department of Laboratory Medicine, Ruijin Hospital, Shanghai Jiaotong University School of Medicine, Shanghai, China

Objective The disease-causing effects of genetic variations often depend on their location within a gene. Exonic changes generally lead to alterations in protein production, secretion, activity, or clearance. However, owing to the overlap between proteins and splicing codes, missense variants can also affect messenger RNA splicing, thus adding a layer of complexity and influencing disease phenotypes. To extensively characterize a panel of 13 exonic variants in the F9 gene occurring at 6 different factor IX positions and associated with varying severities of hemophilia B (HB).

Methods Computational predictions, splicing analysis, and recombinant factor IX assays were exploited to characterize F9 variants.

Results We demonstrated that 5 (38%) of 13 selected F9 exonic variants have pleiotropic effects. Although bioinformatic approaches accurately classified effects, extensive experimental assays were required to elucidate and deepen the molecular mechanisms underlying the pleiotropic effects. Importantly, their characterization was instrumental in developing tailored RNA therapeutics based on engineered U7 small nuclear RNA to mask cryptic splice sites and compensatory U1 small nuclear RNA to enhance exon definition.

Conclusion Overall, albeit a multitool bioinformatic approach suggested the molecular effects of multiple HB variants, the deep investigation of molecular mechanisms revealed insights into the HB phenotype-genotype relationship, enabling accurate classification of HB variants. Importantly, knowledge of molecular mechanisms allowed the development of tailored RNA therapeutics, which can also be translated to other genetic diseases.

PO-2022

遗传性凝血因子XI缺乏症基因突变分析及分子机制研究

于雅琳

山西医科大学第二医院

目的 收集遗传性凝血因子XI缺乏症的患者，寻找致病基因并探讨其分子机制。

方法 (1) 采用查阅门诊或住院病历的方式，收集山西医科大学第二医院 2022 年 12 月以来的遗传性凝血因子XI缺乏症的患者，检测患者的凝血功能、凝血因子XI活性 (FXI: C)，通过全外显子二代测序 (NGS) 筛选出患者的基因突变位点，提取患者 DNA，采用 PCR 扩增联合 Sanger 测序法，对患者的突变位点进行验证，并与数据库比对确认 FXI 突变。(2) 应用 Clustalw 网站分析突变位点氨基酸在物种进化过程中的保守性。应用 4 个在线生物信息学软件 (PolyPhen-2、Mutation taster、Fathmm、PROVEAN) 对新发错义突变进行致病性分析。(3) 通过 SWISS-MODEL 进行同源建模，使用 Pymol 软件对新发突变进行蛋白质突变前后的结构变化分析，探讨可能的分子机制。

结果 在收集到的 8 名患者中，共测出 1 例纯合突变，2 例杂合突变，5 例复合杂合突变；错义突变 6 个，无义突变 4 个，其中已报道的突变 8 个 (p.G418V、p.W519X、p.W246X、p.W519S、p.W246C、p.Q281X、p.C500W、p.G354X)，新发突变 2 个 (p.G417V、p.C283F)。两个新发突变的氨基酸位于保守区域，4 个在线生物信息学软件预测均显示致病突变，蛋白模型分析显示，由于氨基酸的突变，氨基酸之间的氢键作用发生变化，导致蛋白结构改变，从而对蛋白质的功能产生影响。

结论 位于 11 号染色体上的突变 c.1249G>A p.G417V 和位于 8 号染色体上的突变 c.848G>T p.C283F 是导致患者凝血因子XI活性降低的主要原因。

PO-2023

79 例获得性血栓性血小板减少性紫癜患者临床特点总结及分析

卢聪、江慧雯、吴耀辉、胡俊斌

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 收集我中心 10 年间获得性血栓性血小板减少性紫癜 (TTP) 患者的诊断和临床诊疗经过，总结经验，提高临床诊治水平。

方法 回顾性分析 2013 年 4 月至 2024 年 3 月就诊于华中科技大学附属协和医院的 79 例获得性 TTP 患者的临床资料，观察和评价疗效以及预后相关影响因素。

结果 79 例患者中继发性 TTP 占 51.7%，以自身免疫性相关疾病多见。男女比例为 1:2.29，发病中位年龄 48 岁 (14-77 岁)。均急性起病，临床表现以三联征多见，包括血小板减少 (96.2%)、MAHA (93.1%)、神经系统症状 (89.6%)，其中大多数患者 (86.0%) 血小板在 30G/L 以下，48.1% 患者血小板重度减低 (<10G/L)，并发较高出血风险。发热患者 (50.4%)、肾脏损伤 (35.9%) 相对少见。大多数患者伴有明显的 LDH 升高，中位值为 972U/L (166-2671U/L)。在起病初期进行 ADAMTS13 活性检测的 49 例患者中，78.2% 患者活性呈重度减低 (<10%)，2 例

患者活性完全正常（100%）。14例发生死亡，死亡率达17.7%；60例患者接受血浆置换(PEX)治疗联合大剂量糖皮质激素，49例在治疗过程中好转，有效率达81.6%，好转患者血浆置换中位次数为10次[3-18次]。26例患者同时联合利妥昔单抗治疗，23例患者疗效评估为好转。血浆置换次数($p<0.001$)、加用利妥昔单抗治疗($p=0.034$)、不伴神经系统症状($p=0.042$)、adamts13酶活性 $>20%$ ($p=0.06$)与较好的治疗效果相关。共有45例患者观察到PLT恢复至150G/L以上，恢复中位天数为第11天[4-29天]；经COX回归分析，仅有血浆置换次数足够($p=0.026$)以及尽早加用利妥昔单抗($p=0.05$)是血小板维持正常水平的独立因素。

结论 TTP大部分患者在起病时ADAMTS13活性呈重度减低，血浆置换仍然是获得性TTP最重要的治疗，尽早启动TPE可降低死亡率，使血小板恢复正常。当疗效不佳时尽早加用利妥昔单抗，可以提高治疗缓解率。两种治疗方法对迅速提升患者血小板至正常水平疗效确切。

PO-2024

血小板表面 GP Iba 的粘蛋白样区域与 Siglec-9 顺式结合 从而发挥抑制血小板活化的作用

摄渊婷¹、李瑾²、刘红梅²、齐燕¹、秦怡玉²、贾乙²、曾东风¹

1. 陆军军医大学陆军特色医学中心（大坪医院）

2. 陆军军医大学药学与检验医学系

目的 在正常生理条件下，血小板通过抑制信号维持其处于“自稳”状态，防止不必要的激活引起自发性血栓的形成，但维持其稳态的机制尚不完全清楚。在本研究中，我们旨在探讨 Siglec-9 是否具有负调控作用，并鉴定 Siglec-9 在血小板上的配体

方法 使用 PF4-cre:Siglec-Eflox/flox 敲除小鼠模型和人血小板体外培养系统。此外，在血小板上表达并使用 Siglec-9 配体的重组糖蛋白。

结果 Siglec-E 条件性敲除可导致体内外血小板凝血活性显著增加，该结果表明 Siglec-9/E 在血小板活化中发挥抑制性生理作用。Siglec-9 配体是具有 $\alpha 2, 3$ -连接唾液酸末端结构的 O-连接糖蛋白，配体的蛋白质载体是 GP Iba 的粘蛋白样区域。我们的数据进一步表明，血小板上的配体不能通过反式与其他细胞上的 Siglec-9 结合，这表明血小板上的配体起着自我调节的作用。此外，实验结果表明，外源性特异性配体激活 Siglec-9 通路可以抑制血小板的活性。这些数据证明了 GP Iba 在抑制血小板活化方面与先前报道所不同的作用，并提供了一种新的血小板稳态机制

结论 GP Iba 和 Siglec-9 的 MLR 之间的顺式结合对血小板活化起到了“停车制动器”的作用。这一发现为新型抗血小板药物提供了一个潜在的靶点。

PO-2025

Lower Proportion of Double-negative T cells Predicted Better Outcomes of Immune Tolerance Induction in Hemophilia A Patients with High-titer Inhibitors

Zhengping Li, Runhui Wu
Beijing Children's Hospital

Objective It remains unclear why some patients develop Factor VIII immune tolerance, while others do not. Many clinical parameters have been identified as predictors of immune tolerance induction (ITI) outcomes, including inhibitor-titer at ITI-start, peak historical inhibitor-titer, and peak titer while on ITI. The immunologic indicators to predict ITI outcomes still lack. Despite the

potential association between lymphocytes immune imbalance and FVIII inhibitor development in HA, it is surprising that little is known about whether peripheral immune changes are related to the outcomes of ITI. Hence, this study will focus on the potential role of lymphocytes subsets in the tolerance induction for severe hemophilia A (SHA) children with high-titer inhibitors. Our findings may provide new markers for the prediction of ITI progression and facilitate the optimization of ITI regimens.

Methods From January 2022 to January 2024, a prospective single-center cohort study was conducted on SHA children aged ≤ 8 years, with a peak historical inhibitor-titer 5 – 200 Bethesda Units (BU)/mL, who underwent ITI using the recombinant Factor VIII (SCT800). Flow cytometry analysis was employed to evaluate the proportions and numbers of peripheral lymphocytes subsets before ITI, including T cells, B cells and NK cells.

Results A total of 27 patients were enrolled, comprising 19 (70.4%) in success (S)-group, and 8 in non-success (NS)-group. Patients in both groups had similar clinical baseline variables. Among all analyzed lymphocyte subsets, only TCR- $\alpha\beta^+$ CD4 $^-$ CD8 $^-$ double-negative T cells (DNTs) demonstrated a significant difference between 2 groups. The proportion of DNTs in total T cells (1.6% vs. 2.4%, $p = 0.007$) was significantly lower in the S-group than NS-group, with a decreasing trend observed in the absolute number of DNTs (54/uL vs. 261/uL, $p = 0.042$). The cut-off value of DNTs proportion for predicting a higher ITI success rate was $\leq 2.25\%$ (area under ROC-curve, 0.78; sensitivity, 0.938, specificity, 0.545).

Conclusion In conclusion, expanded proportion of DNTs in total T cells in peripheral blood might be involved in immune responses to ITI therapy. Lower proportions of DNTs are more likely to lead to higher ITI success rates. This study would have given novel insights into the pathogenicity of DNTs in SHA patients with high-titer inhibitors. Future prospective study and the mechanism investigation of DNTs will contribute to confirm the predictive value of DNTs for ITI outcomes.

PO-2026

Causal Inference for the Recommendation Model to Assign Immunosuppressants to Low-dose Immune Tolerance Induction Individualized in Severe Hemophilia A Patients with Inhibitors

Zhengping Li, Runhui Wu
Beijing Children's Hospital

Objective Some patients will be difficult to tolerate and/or unresponsive to first-line immune tolerance induction (ITI). As an alternative second-line approach, adding a further intervention during ITI, such as immunosuppressants (IS) were suggested. The appropriate criteria of combining with IS during ITI for the “poor-ITI-response” patients remains unclear. The study aimed to preliminarily develop a recommendation model to help clinicians make a proper decision about combining IS during low dose (LD)-ITI treatment.

Methods This was a single-center, retrospective study on severe hemophilia A (SHA) children with high-titer inhibitors (HTI) undergoing LD-ITI with/without IS for ≥ 24 months. A recommendation model was developed to assign IS to LD-ITI individualized utilizing the causal inference based on clinical features.

Results Total 195 SHA-HTI patients were included, with success rate of 74.4%. Shorter mean interval-time (from inhibitor-diagnosis to ITI-start) (11.9 vs. 20.1 months), younger age at ITI-start (4.0 vs. 6.1 years), lower immediate pre-ITI inhibitor-titer (33.8 vs. 81.5 Bethesda Units [BU]/mL), historical peak inhibitor-titer (60.5 vs. 110.0 BU/mL) and peak inhibitor-titer during ITI (55.7 vs. 146.4 BU/mL) were found in success group.

Total 61.0% (119/195) patients received consistent recommendation of the model compared with that from clinicians, including 77.3% (92/119) achieving success. Total 39.0% (76/195) patients

gained inconsistent recommendations, including 30.3% (23/76) patients failed to eradicate inhibitors.

Compared to 195 patients, older age at ITI-start (8.9 vs. 4.5 years) and longer interval-time (25.5 vs. 14.0 months) were found in 23 patients with inconsistent recommendation and failure outcome.

Conclusion A recommendation model was developed to assign IS to LD-ITI individualized utilizing the causal inference and machine learning, displaying relatively satisfactory consistence with judgements from clinicians. The model implied the older age at ITI-start and longer interval-time may be potential predictors of adding IS in LD-ITI.

PO-2027

血小板参数对原发性免疫性血小板减少症患者疗效的指导作用

崔代政、叶絮
广州医科大学附属第二医院

目的 回顾性研究原发性免疫性血小板减少症 (ITP) 患者血常规中血小板平均体积 (MPV)、血小板平均分布宽度 (PDW)、大血小板比例 (P-LCR) 和血小板压积 (PCT) 的分布特征及经治疗后参数变化对疗效的指导作用。

方法 初步选取 2017 年 1 月至 2023 年 12 月期间广州医科大学附属第二医院血液内科住院治疗的 ITP 患者共 113 例作为研究对象。纳入患者严格根据 2020 年中国成人 ITP 诊治专家共识标准诊断。所有被研究患者均不合并感染、妊娠、精神或肿瘤疾病, 并接受过药物治疗。根据患者血小板参数是否可测量, 将患者分为阳性组 (可测量) 和阴性组 (不可测量), 分析患者第 30 天治疗有效组和无效组不同时间点参数阳性是否存在差异。在出现差异的时间点, 根据治疗前和治疗后患者血小板参数是否可测量, 将患者分为 A、B、C、D 四组, D 组患者仅 2 例, 仅分析 ABC 三组。回顾性分析比较 ABC 三组患者的基础资料、疾病分期、实验室检查结果、治疗前后血小板参数变化、治疗方案及不同时间节点 PLT 水平等指标。

结果 1. 113 例患者中, 治疗 30 天后有效患者 80 例, 无效患者 33 例。入院参数阳性和阴性组、治疗 3 天参数阳性组和阴性组间疗效无显著差异 (P 均 >0.05)。治疗 7 天后参数阳性组与阴性组间疗效存在显著差异, 阳性组疗效明显好于阴性组 ($P < 0.001$)。

2. 对 ABC 三组患者治疗 30 天后疗效分析对比发现, 三组疗效总体存在统计学差异 ($\chi^2=30.819$, $P < 0.001$)。进一步两两比较得到, AB 组间疗效存在差异 ($P=0.004 < 0.017$), BC 组间疗效存在差异 ($P < 0.001$), AC 组间疗效无明显差异 ($P=0.07 > 0.017$)。

3. 将具有显著差异的因素进行单因素 logistic 回归分析, 再将其中有意义的变量进行多因素 logistic 逐步回归分析, 得出患者疗效主要与入院时疾病严重程度 (OR: 8.28, 95%CI: 1.92~35.63, $P < 0.05$)、治疗 1 周时的 PDW (OR: 0.11, 95%CI: 0.02~0.65, $P < 0.05$)、P-LCR (OR: 5.67, 95%CI: 1.34~23.91, $P < 0.05$) 和 PCT (OR: 3.47, 95%CI: 1.51~7.98, $P < 0.05$) 变化趋势有关, 与治疗 1 周时的 MPV 变化趋势无关。

结论 1. ITP 患者治疗前后血小板参数是否可测量及变化趋势可以指导患者的疗效, 治疗前参数不可测量并且经治疗 1 周后参数变为可测量的患者与参数持续可测量的患者疗效相当, 均提示较好的疗效, 参数持续不可测量的患者疗效最差。

2. 对于治疗前后血小板参数持续可测量的患者, 治疗后 P-LCR 和 PCT 水平升高均提示疗效良好, 并且 P-LCR 略优于 PCT。治疗后 PDW 升高与疗效呈负相关, 可能与血小板体积异质性增大有关。MPV 变化与疗效无明显相关。

PO-2028

Kabuki Syndrome Complicated by Severe Immune Thrombocytopenia: Identification of a Novel Pathogenic Mutation

Xinmiao Qu, Feng Xue, Wei Liu, Yunfei Chen, Renchi Yang, Xiaofan Liu, Lei Zhang, Rongfeng Fu
Institute of Hematology and Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

Objective Kabuki syndrome (KS) constitutes a rare congenital disorder characterized by multiple systemic abnormalities and predominantly stems from pathogenic mutations in the KMT2D or KDM6A genes. Truncating-type mutations in KMT2D which lead to the loss of the SET domain always result in more severe and characteristic manifestation. The concurrent presentation of KS, immune thrombocytopenia (ITP), and autoimmune thyroiditis (AIT) has been scarcely reported in the literature. Although treatment of KS is focused on symptomatic combination therapy, the immune dysregulation inherent to KS poses challenges in addressing complications. We aimed to elucidate a new KMT2D mutation and provide basis for facilitating treatment.

Methods This report detailed a distinct case involving a 9-year-old KS patient with concomitant severe ITP and AIT in the absence of any familial history. Genomic DNA was extracted from the patient's peripheral blood and investigated using Whole-exome sequencing (WES). The conformational changes of KMT2D protein were predicted using SWISS-MODEL. PCR targeted amplification and Sanger sequencing were performed to confirm the mutation and familial pedigree in the candidate gene.

Results The patient presents with specific facial features, neurodevelopmental dysfunction, skeletal and organ anomalies, developmental delay and liver abnormalities. A novel genetic aberration was identified in this patient: a previously unreported truncating-type mutation in KMT2D (c.8796_8797delGA, p.Lys2933Thrfs*8), leading to the loss of the crucial SET domain in the KMT2D protein, exacerbating the hallmark clinical features of KS. To manage ITP relapse, a therapeutic regimen incorporating methylprednisolone and recombinant human thrombopoietin (rhTPO), selected for its minimal hepatic impact, was administered, yielding a sustained improvement in platelet count.

Conclusion This report not only broadens our understanding of the genetic landscape for KS but also underscores the therapeutic potential of rhTPO in managing KS with ITP, especially in patients with liver abnormalities.

PO-2029

FIX 信号肽致病突变通过多种机制导致 B 型血友病

沈国民¹、高蒙²、陈龙²、杨金龙²、董世霞¹、曹青²、崔梓涵¹、董艳艳¹、刘红丽¹、沈滢²、杨海平²、郝振宇⁵、张磊⁶、Li, Weikai³、Tie, Jian-Ke⁴

1. 哈尔滨医科大学

2. 河南科技大学

3. 圣路易斯华盛顿大学

4. 北卡罗纳大学——教会山分校

5. 扬州大学

6. 中国医学科学院天津血液病研究所

目的 1) 探索信号肽突变的基因型与表型的关系, 并探索其背后的潜在分子机制; 2) 维生素 K 是否为携带相同 FIX 信号肽突变的 B 型血友病患者具有不同的临床表型的潜在因素。

方法 本研究利用 FIX 凝血活性实验和 ELISA 实验分析 FIX 信号肽突变体对分泌的 FIX 活性、抗原表达, Gla 结构域 γ -羧基化的影响; 用免疫印迹分析了突变体对分泌和胞内抗原表达的影响, 以及信号肽切割; 用报告基因结合激光共聚焦技术分析突变对 FIX 胞内定位的影响, 用 mini-gene 实验分析突变对前体 mRNA 剪切的影响; 用维生素 K 滴定实验分析维生素 K 对突变体分泌功能 FIX 抗原的影响。

结果 研究发现信号肽 h-region 突变 (I17N, L20S, L23P, L24P) 影响信号肽的翻译共转运功能, 进而影响 FIX 分泌; c-region 突变 (A26D, C28R/Y/W) 不同程度地影响信号肽的切割、信号肽的翻译共转运、和前体 mRNA 剪切。突变体 c.82T>G 完全导致异常剪切, 产生一个 6-nt 删除的 mRNA 产物, 该产物影响了信号肽的切割, 并最终影响 FIX 分泌。突变体 c.53G>T, c.77C>A, c.82T>C, 和 c.83G>A 部分影响前体 mRNA 剪切。对大部分突变体, 增加维生素 K 浓度可以增加功能性 FIX 的分泌。

结论 FIX 信号肽变异通过错义突变影响信号肽的功能, 或通过影响前体 mRNA 剪切导致血友病; 错义突变通过影响信号肽的切割和翻译共转运导致 FIX 分泌减少; 维生素 K 可能改善一些突变体患者的出血症状。

PO-2030

Regulating Coagulation Homeostasis through Size-dependent Specific Binding of Negatively Charged Gold Nanoparticles to VKDPs

Shixin Li, Zhenyu Hao
Yangzhou university

Objective Vitamin K-dependent proteins (VKDPs), including coagulation and anticoagulation factors, are essential for maintaining coagulation homeostasis by participating in the coagulation cascade. Selective intervention in VKDPs shows promise for regulating this cascade. In this study, we designed gold nanoparticles of various sizes to specifically target VKDPs, aiming to achieve precise regulation of coagulation homeostasis.

Methods This study combined molecular docking, molecular dynamics simulations, and in vitro/in vivo experiments to investigate the interactions between gold nanoparticles and VKDPs, as well as their regulatory effects on coagulation homeostasis.

Results In this study, we engineered negatively charged gold nanoparticles (GNPs) for targeted modulation, focusing on three key VKDPs: coagulation factor X (FX), coagulation factor IX (FIX), and anticoagulation protein C (PC). Through simulations and experiments, we discovered that the interaction between GNPs and VKDPs is size-dependent, with ~ 2.8 nm GNP exhibits a higher binding affinity with FX than with FIX and PC. GNPs of this size can alter the spatial conformation of FX by immobilizing its Gla and functional domains. This not only reduces its affinity to bind to the lipid membrane but also impedes its activation efficiency. Consequently, both in vitro and in vivo coagulation assays reveal a significant increase in clotting time.

Conclusion The study identifies the optimal size of negatively charged GNPs for managing thrombosis and introduces a novel approach to regulate the coagulation cascade.

PO-2031

成人原发性免疫性血小板减少症不同治疗方案的选择和疗效： 一项中国多中心回顾性研究

屠玲榕、黄健
浙江大学医学院附属第一医院

目的 探讨不同治疗方案疗效，为临床用药提供依据。

方法 回顾性评估了 251 例 ITP 患者的治疗方案和疗效。123 人自 2021 年 10 月至 2022 年 8 月在浙江大学附属第一医院就诊，128 人自 2014 年 10 月至 2023 年 5 月在浙江大学附属第四医院就诊。

结果 118 例为新诊断患者，133 例为持续性/慢性患者。两组均以单药为主，其次是两药联合。新诊断患者中，激素（28.0%）和 rhTPO（10.2%）是最常用的单药疗法，中位缓解时间（TTR）为 15.5（IQR：13-20）和 14 天（IQR：11-15）。激素联合 rhTPO（13.5%）是最常用的两药联合疗法，TTR 为 13 天（IQR：12-17）。在持续性/慢性患者中，激素（18.8%）和 TPO-RA（16.5%）是最常用的单药疗法，TTR 为 14（IQR：12-22）和 15 天（IQR：14-20）。激素联合 rhTPO（12.8%）是最常用的两药联合疗法，TTR 为 13 天（IQR：12-16）。104 例为重症 ITP，重症患者更多采用两药联合（40.4%）。激素联合 rhTPO（18.3%）和 rhTPO 联合 IVIg（9.6%）最常用，TTR 为 13（IQR：12-17）和 13 天（IQR：12-18）。单药中激素最为常见（24.0%），TTR 为 14.5 天（IQR：13-17）。

结论 真实世界中，单药仍是 ITP 主要治疗选择，而重症 ITP 为两药联合。两药联合并未获得更短的 TTR 或更好的效果，联合疗法的临床应用仍存在争议。

PO-2032

凝血功能异常与 T/NK 细胞淋巴瘤相关噬血细胞综合症 早期高死亡率相关

叶琇锦¹、李黎¹、汪露露^{1,2}、熊梦琦^{1,2}、朱丽霞¹、陈蓉蓉^{1,2}、何静松¹
1. 浙江大学医学院附属第一医院
2. 浙江大学医学院

目的 凝血功能异常是噬血细胞综合症（HLH）常见的现象，本研究旨在分析 T/NK 细胞淋巴瘤相关噬血细胞综合症（T/NK-LAHLH）凝血参数特征及其与 30 天死亡率的关系。

方法 纳入 2017 年 1 月至 2022 年 8 月在浙江大学附属第一医院以 HLH 起病随后组织病理诊断为 T/NK 细胞淋巴瘤的 84 例患者。分析比较 30 天内死亡组和 30 天内存活组的凝血参数。

结果 总体中位年龄为 52 岁（范围 18-81 岁），男女比例为 51 比 33，总体死亡率为 76.4%，其中，30 天内 29 例患者死亡，死亡率为 34.5%。分析比较 30 天死亡组（29 例）和 30 天存活组（55 例）患者的凝血参数发现，死亡组诊断 HLH 时纤维蛋白原水平明显低于存活组（中位水平：1.21g/L 比 1.82g/L， $P=0.004$ ），凝血酶原时间（PT，中位水平：13.7s 比 12.5s， $P=0.005$ ）、活化部分凝血活酶时间（APTT，中位水平：45.1s 比 34.8s， $P<0.001$ ）明显长于存活组，两组之间 D-二聚体水平无显著差异。根据国际血栓与止血学会（ISTH）弥散性血管内凝血（DIC）诊断标准，总体有 26 例（31%）达到了显性 DIC 标准，其中 30 天内死亡组有 16 例（55%）达到了显性 DIC 标准，30 天存活组 10 例（19%）达到了显性 DIC 标准，差异有显著统计学意义（ $P<0.001$ ）。

结论 本研究表明，DIC 在 T/NK-LAHLH 早期死亡中很常见，凝血功能异常，特别是纤维蛋白原降低、APTT 和 PT 明显延长可能有指导治疗和评估预后的潜力。

PO-2033

利妥昔单抗治疗获得性血友病 A 的疗效及影响因素： 河南省多中心病例回顾性分析

刘艳慧¹、雷平冲¹、包丰昌¹、朱尊民¹、陈胜梅²、王叨²、王瑞娟³

1. 河南省人民医院
2. 郑州大学附属第一医院
3. 南阳市中心医院

目的 探讨利妥昔单抗治疗获得性血友病（AHA）的临床疗效及相关影响因素。

方法 回顾性分析 2015 年 1 月至 2023 年 10 月期间，就诊于河南省人民医院、郑州大学第一附属医院及南阳市中心医院的有完整可分析数据的 18 例 AHA 患者。

结果 所有 AHA 患者接受利妥昔单抗为基础的方案。利妥昔单抗一线缓解率为 87.5%(7/8)，利妥昔单抗二线或挽救治疗缓解率为 80%(8/10)。Cox 模型分析结果显示：患者年龄、凝血因子 VIII（FVIII）活性以及 FVIII 抑制物滴度等因素均不影响利妥昔治疗疗效。

结论 利妥昔单抗或可能够克服高滴度抑制物对预后的不利影响。

PO-2034

DNA 过甲基化抑制巨核细胞生成在造血干细胞移植后 血小板重建不良发病的机制研究

唐雅琼^{1,2,3}、宋晓斐^{1,2,3}、张紫妍^{1,2,3}、韩悦^{1,2,3}

1. 苏州大学附属第一医院
2. 江苏省血液研究所
3. 国家血液病临床医学研究中心

目的 血小板重建不良（DPR）是异基因造血干细胞移植后常见且严重的并发症，具体机制尚不明确，极大程度影响移植患者预后。近年来研究发现 DNA 甲基化修饰参与造血干细胞增殖分化过程，然而，其是否参与 DPR 巨核重建过程，及其具体机制尚不明确。

方法 通过对 DPR 患者全基因组甲基化测序，发现巨核系 DNA 甲基化修饰改变；结合体内外验证，探索 DNA 甲基化调控移植后巨核系造血的具体机制。

结果 本研究中，我们发现 DPR 患者 HSCs 及巨核前体细胞（MKPs）DNA CpG 岛显著过甲基化；去甲基化药物可促进小鼠巨核细胞生成，伴随 MKPs 转录起始区及 CpG 岛甲基化 CG 水平显著下调，及相应转录组改变。DNA 甲基转移酶 3A，DNMT3A 在体外抑制原代 HSCs 向巨核细胞分化。小鼠移植模型中，回输过表达 DNMT3A 的 HSCs 可阻碍受体鼠血小板重建。我们进一步通过 DNMT3A CHIP-seq，结合 GEO 数据库，发现在巨核细胞生成过程中，DNMT3A 可直接与 ETS1 及 RUNX1 结合，并发挥甲基化作用。

结论 我们发现移植后 DPR 患者巨核系存在 DNA 过甲基化现象，去甲基化药物可促进巨核细胞增殖分化；DNMT3A 通过巨核相关基因甲基化修饰负向调控巨核细胞生成过程。

PO-2035

HMGB1-TLR4 通路通过 BMSCs 调节 ITP 患者巨噬细胞极化状态

梁子杨、张国扬、刘晓燕、刘红云、谢双锋、聂大年、马丽萍
中山大学孙逸仙纪念医院

目的 巨噬细胞极化失衡是免疫性血小板减少症（ITP）的关键机制，但分子调控机制尚不明确。本研究旨在探究高迁移率族蛋白 1（HMGB1）在调节骨髓间充质干细胞功能中的作用，特别是与巨噬细胞极化失衡的关联。

方法 收集 ITP 患者临床样本，检测骨髓巨噬细胞极化状态、BMSCs 的免疫调节能力及 HMGB1 水平。并使用 HMGB1、（HMGB1+TLR4 抑制剂 TAK242）等处理 BMSCs，检测其增殖、凋亡及调节巨噬细胞 M1/M2 极化能力变化。利用 RNA 干扰技术敲低 BMSCs 的 TLR4 水平，将其注入被动型 ITP 小鼠体内，观察其对血小板计数、巨噬细胞极化情况的影响。

结果 HMGB1 水平与 ITP 体内巨噬细胞极化失衡、BMSCs 功能受损的严重程度存在正相关性。体外实验显示，HMGB1 对 BMSCs 调节巨噬细胞极化失衡的能力产生负面效应，尤其在炎症因子作用下更为显著。在分子水平上，HMGB1 通过结合 BMSCs 上 TLR4 受体促进了下游 MyD88 依赖性途径的激活，且应用 TLR4 抑制剂干预恢复了其对巨噬细胞极化失衡的调节能力，并抑制了 MyD88 依赖性途径的激活。同时，在被动型 ITP 小鼠模型中，输注 si-TLR4-BMSCs 可逆转 HMGB1 诱导的血小板减少，并减少巨噬细胞向 M1 的过度极化。

结论 在 ITP 中，HMGB1-TLR4 通路的激活影响 BMSCs 功能并加剧巨噬细胞 M1/M2 极化失衡，靶向 HMGB1-TLR4 途径或可成为恢复 BMSCs 免疫调节能力的潜在策略。

PO-2036

Characterization of the antibodies from a patient with Hypoprothrombinemia-Lupus Anticoagulant

Haoyang Wu^{1,2}, Qiulan Ding¹, Xuefeng Wang^{1,2}

1. Department of Laboratory Medicine, Ruijin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China X. Xie², X. Wu¹, Y. Shao¹, G. Xu¹, Y. Liu¹, L. Zhang¹, Q. Ding¹, and X. Wang³

2. College of Health Science and Technology, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

Objective Lupus anticoagulant (LA) is a class of antibodies against phospholipid-binding proteins, leading to venous and arterial thrombosis and pregnancy loss. However, LA is also found in patients with Hypoprothrombinemia-Lupus Anticoagulant (HLAS), a rare syndrome with hemorrhage as the main symptom. Here, we report a patient with HLAS and characterize the antibodies purified from the patient to provide information on the influence of the antibodies on prothrombin activity and thrombin generation.

Methods The prothrombin activity level was measured by the prothrombin time-based and chromogenic substrate assays and the antigen level of prothrombin was measured by enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA). ELISA was used to measure anti-phospholipid (aPL) antibodies. Protein A was used to purify the whole IgG antibodies from the patient and the purified antibodies were spiked into the Normal pooled plasma (NPP) and tested for prothrombin activity by chromogenic substrate assays and thrombin generation by thrombin generation test (TGT). The parameters including endogenous thrombin potential (ETP), peak, and lag time were analyzed

Results A 46-year-old female patient presented to our clinic with four to five episodes of melena. She had thrombocytopenia for about 20 years, while the platelet count became normal after

splenectomy 10 years earlier. She also reported other bleeding symptoms including menorrhagia and easy bruising. The patient resulted positive in LA testing and the aPL including anti-cardiolipin antibodies (aCL), anti- β 2-glycoprotein I antibodies, and anti-phosphatidylserine/prothrombin antibodies(aPS/PT) were all positive. The prothrombin activity level was 14.2% and 13.5% measured by prothrombin time-based and chromogenic substrate assays respectively, and the antigen level of prothrombin was 16.5%. The kinetic of thrombin substrate hydrolysis by the NPP spiked with the purified antibodies was similar to that of NPP spiked with normal control. Interestingly, the ETP and the peak of the patient's plasma were both 0 and the ETP of the NPP spiked with the purified antibodies was the same as the NPP spiked with normal control. However, the lag time of the NPP spiked with the purified antibodies was significantly longer (>10 min) and the peak was lower (98.8nM, NPP 238.44nM). The prolonged lag time and decreased peak could be corrected by 50 μ g/ml phospholipid. The introduction of sTM and APC had a profound effect on thrombin generation in the NPP, while similar treatments had little effect on the NPP spiked with the purified antibodies.

Conclusion The antibodies from the HLAS patient led to the clearance of the prothrombin and caused a strong anticoagulant effect in thrombin generation. However, the antibodies didn't neutralize the prothrombin activity and caused activated protein C resistance in the normal pooled plasma with normal prothrombin levels

PO-2037

Notch1 regulates hepatic thrombopoietin production

Yueyue Sun^{1,2,3}, Yingying Li^{1,2,3}, Xiang Chu^{1,2,3}, Jie Zhang^{1,2,3}, Lingyu Zeng^{1,2,3}, Kailin Xu^{1,2,3}, Jianlin Qiao^{1,2,3}

1. Blood Diseases Institute, Xuzhou Medical University, Xuzhou, China 221002

2. the Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University, Xuzhou

3. Key Laboratory of Bone Marrow Stem Cell, Jiangsu Province, Xuzhou, China 221002

Objective Notch signaling regulates cell-fate decisions in several developmental processes and cell functions. However, a role for Notch in hepatic thrombopoietin (TPO) production remains unclear.

Methods thrombocytopenia in mice with hepatic Notch1 deficiency, and so investigated TPO production and other features of platelets in these mice. We found that the liver ultrastructure and hepatocyte function were comparable between control mice and Notch1-deficient mice. However, the Notch1-deficient mice had significantly lower plasma TPO and hepatic TPO mRNA levels, concomitant with lower numbers of platelets and impaired megakaryocyte differentiation and maturation, which were rescued by addition of exogenous TPO.

Results We noted Additionally, JAK2/STAT3 phosphorylation was significantly inhibited in Notch1-deficient hepatocytes, consistent with the RNA-seq analysis. JAK2/STAT3 phosphorylation and TPO production was also impaired in cultured Notch1-deficient hepatocytes after treatment with desialylated platelets.

Conclusion Consistently, hepatocyte-specific Notch1 deletion inhibited JAK2/STAT3 phosphorylation and hepatic TPO production induced by administration of desialylated platelets in vivo. Interestingly, Notch1 deficiency downregulated the expression of HES5 but not HES1. Moreover, desialylated platelets promoted the binding of HES5 to JAK2/STAT3, leading to JAK2/STAT3 phosphorylation and pathway activation in hepatocytes. Hepatocyte Ashwell-Morell receptor (AMR) (asialoglycoprotein receptor 1, ASGR1) physically associates with Notch1 and inhibition of AMR impaired Notch1 signaling activation and hepatic TPO production. Furthermore, blockage of DII4 on desialylated platelets inhibited hepatocyte Notch1 activation and HES5 expression, JAK2/STAT3 phosphorylation and subsequent TPO production. In conclusion, our study identifies a novel regulatory role of Notch1 in hepatic TPO production, indicating that it might be a target for modulating TPO level.

PO-2038

Recurrent CVST occurred in a ALL child with mutated lipoprotein lipase gene during Asp therapy

Shiyuan Wang, jun Li, xiaoming liu, lixian chang, beibei zhao, li zhang, yao zou, min ruan, xiaofan zhu
儿童血液

Objective A clinical case of childhood Acute lymphoblastic leukemia (ALL) prompted us to reconsider the application the L-Asparaginase (L-Asp), the pathogenesis and management of asparaginase-related hyperlipidemia and cerebral venous sinus thrombosis (CVST).

Methods A 9-year-old boy was admitted to our hospital and diagnosed as intermediate-risk B cell ALL (B-ALL). According to Chinese Children Cancer Group study ALL-2020 (CCCG-ALL-2020) protocol (ClinicalTrials.gov NCT: 04293562), he began remission induction therapy [Vincristine, Daunorubicin, prednisone, and pegasparaginase (PEG-Asp)] on March 20, 2023. On day 30 of induction, the child suffered a 3-minute-long nighttime seizure, manifesting as disturbance of consciousness, diplopia, cyanosis of the lips, ptyalism, and tremors in the extremities. Then these symptoms were promptly alleviated with an intramuscular injection of phenobarbital 0.1g. Subsequent brain magnetic resonance venography (MRV) revealed multiple thrombosis. The patient continued with mannitol, phenobarbital, fibrinogen and other symptomatic supportive treatments from day 30 to day 33. Since his stable condition and mild symptoms, anticoagulant therapy has not initiated.

On day 33, the boy experienced another seizure lasting nearly 1 minute. Phenobarbital 0.1g was administered immediately, alleviating these symptoms gradually. An urgent brain CT revealed intracranial thrombosis combined with hemorrhage, and MRV indicated that thrombosis in the superior sagittal sinus, cortical veins and sinus confluence. He was transferred to intensive care unit (ICU) for further treatment. Immediate anticoagulation therapy was initiated with heparin at a dose of 0.2ml every 12 hour (q12h). After 15 consecutive days of heparin administration, his neurological symptoms relieved significantly, and MRV scans showed that thrombus and hemorrhage had resolved. On December 5, 2023, the boy was readmitted due to wandering pain in the lumbar, back, and hip. Brain CT scan identified multiple thromboses in the left transverse and sigmoid sinuses, and Magnetic resonance imaging (MRI) and MRV revealed multiple thrombi in the left internal jugular vein, sigmoid sinus, transverse sinus and sinus confluence. Immediate anticoagulation therapy with heparin 0.2ml every 12 hours was administered.

Additionally, a thrombophilia workup was performed to evaluate the acute thrombosis of unknown origin. He was found hypofibrinogenemia and hyperlipidemia. Genetic testing was performed to investigate potential thrombophilia-related and dyslipidemia-related genetic disorders as causes of abnormal hyperlipidemia and CVST. No thrombophilia-related gene mutation was detected, but a heterozygous mutation in lipoprotein lipase (LPL) gene was identified, associated with autosomal recessive inheritable LPL deficiency, indicating a high likelihood of hyperlipidemia.

Results In this clinical case, we speculate that dyslipidemia-related gene mutation may contribute to HTG, increasing the risk of CVST. Accordingly, it is prudent to monitor baseline lipid profile and relevant gene testing and continue periodic monitoring throughout the course of ALL therapy, a limitation we acknowledge in this case. Considering the lack of guidelines for the use of fibrates-lipid-lowering drugs in children, atorvastatin 10mg was initiated for lipid-lowering treatment. Despite this intervention, TG level remained significantly elevated. Consequently, atorvastatin was discontinued, and fenofibrate 0.1g was introduced, resulting in a substantial decrease in TG level. Continuation therapy was commenced on December 21, 2023, and PEG-Asp was temporarily suspended due to persistently high TG level.

Debate continues regarding the safety of L-Asp re-exposure, dose adjustment, or permanent discontinuation after CVST, and decisions about re-challenging with L-Asp who experienced L-Asp-induced HTG and CVST. Due to the potential negative impact of PEG-Asp on coagulation function and lipid levels, the long-acting PEG-Asp was replaced with short-acting Erwinia L-asparaginase (Erwinia-Asp). After third terms of Erwinia-Asp, lipid testing results revealed a

recurrence of severe hypertriglyceridemia (HTG). Consequently, Asp was promptly discontinued. Therefore, we recommend that pediatric ALL patients who experienced CSVT receive anticoagulation therapy as early as possible. As to prophylactic anticoagulation in pediatric ALL patients, further research is required to ascertain its necessity.

The patient is now in long-term lipid-lowering therapy with fenofibrate, and intermittent TG levels are within normal range. Consequently, we emphasize the urgent need for developing management strategies and standard guidelines for patients who developed HTG and CVST during ALL therapy.

Conclusion In the treatment of childhood ALL, L-Asp is a critical component, playing a crucial role in both the induction and intensification phase, but always contributes to several unique and potentially lethal toxicities. Genetic screening for thrombophilia-related mutation before L-Asp treatment, as well as lipid level monitoring during treatment course, and dyslipidemia-related gene mutation when necessary, may be of clinical significant for clinical decisions.

PO-2039

G6PD controls thrombopoiesis by monitoring TMOD3-regulated actin reorganization

Min Xin¹, Yanyan Xu², Xuemei Fan², Jing Dai¹

1. Ruijin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

2. Department of Biochemistry and Molecular Cell Biology, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

Objective To investigate the role and underlying mechanism of G6PD in platelet biogenesis and platelet functions.

Methods The maturation and differentiation of MKs were evaluated by flow cytometry, immunofluorescence and confocal microscopy. Seahorse assay, glucose metabolic flux and metabolomics were used to determine the level of metabolism. Immunoprecipitation, mass spectrometry and WB were used to explore the further molecular mechanism.

Results We found that patients with severe G6PD deficiency had higher platelet counts. A similar phenotype existed in G6pd^{-/-} mice and G6pd^{-/-} MKs exhibited enhanced PPF. No significant differences in the metabolism of substance and energy in platelets were shown and G6pd^{-/-} platelet had normal functions. We then found that G6PD was able to interact with tropomodulin-3 (TMOD3), a negative regulatory protein of actin cytoskeleton reorganization. This interaction was shown to be in a NADP⁺-dependent manner and enhance the binding of TMOD3 to ACTIN. Addition of NADP⁺ to MKs increased the colocalization of TMOD3 and ACTIN that hinders the assembly of actin filament, which further confined the process of pro-platelets formation.

Conclusion Our study reveals that G6PD confines pro-platelets formation of megakaryocytes by interacting with TMOD3 in a NADP⁺-dependent manner to negatively regulate the reorganization of the actin cytoskeleton.

PO-2040

Mechanism of Bile acid in regulating platelet function and thrombotic diseases

Xianghui Zhou, Xin Zhou, Zhao Zhang, Zhipeng Cheng, Yu Hu

Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective Platelet aggregation is essential for normal hemostatic process. However, aberrant platelet activation causes cardiovascular diseases such as thrombosis, atherosclerosis, and

myocardial infarction. Therefore, it is particularly important to further study mechanisms of regulating platelet activation. Bile acids (BAs) play important roles in eliminating cholesterol and solubilizing lipid nutrients. However, the role of bile acids on platelets remains to be elaborated. Therefore, it's significant to explore the functions of bile acids in platelet activation and clarify mechanisms of bile acids in platelet homeostasis.

Methods Platelet aggregation and flow cytometric analysis were used to explore the role of BAs in platelet activation. Ferric chloride-induced carotid injury model was used to establish the influence of BAs on thrombus formation in mice. Proteomic analysis revealed the important role of NCK1 in the inhibition of collagen-stimulated platelet activation by bile acids.

Results We found that secondary bile acids have more inhibitory effects on platelet activation than primary bile acids, and among secondary bile acids, lithocholic acid (LCA) has the most significant inhibitory effect. In the process of platelet activation, the inhibition of bile acid on Ca^{2+} internal flow exhibited a concentration - dependent effect. Bile acids suppressed platelet activation via Syk, PLC γ 2, PI3K, Akt and ERK1/2 pathway. In addition, we found that NCK1 deficiency significantly suppresses the activity of platelets, and inhibits arterial thrombosis. Phosphorylated proteomics analysis revealed that phosphorylation at the serine site of Syntaxin-11 was inhibited by LCA in platelet, suggesting that Syntaxin-11 may play an important role in platelet activation.

Conclusion Conclusions: Bile acids play critical roles in platelet activation via Syk, PLC γ 2, PI3K, Akt and ERK1/2 pathway, which was associated with NCK1. Anti-platelet studies of bile acids provide theoretical basis for the development of new antiplatelet agents.

PO-2041

TLR-7 在免疫性血小板减少症发病机制中的研究

韩宇、周虎
河南省肿瘤医院

目的 免疫性血小板减少症(immune thrombocytopenia, ITP)是一种以血小板生成减少和破坏增多为特征的自身免疫性疾病。B 细胞免疫耐受丧失是 ITP 发病的免疫学基础。TLR 与 TLR 基因多态性强调了 TLR 在自身免疫性疾病中的意义。本研究以新诊断 ITP 患者为研究对象, 分析 ITP 患者 B 细胞内 TLR-7 的表达量及其与血小板计数的相关性, 本研究初步探讨了 TLR-7 在 ITP 发病机制中的研究, 进而可以为将来 ITP 的靶向调节和治疗奠定基础。

方法 收集 32 例新诊断 ITP 患者为实验组 (ITP 组), 20 例正常体检患者为对照组。流式细胞术检测 CD19+细胞内 TLR-7 蛋白的表达。进一步分析 ITP 患者 CD19+细胞内 TLR-7 蛋白的表达量与血小板计数的相关性。

结果 流式细胞术法检测到 ITP 组 (n=32) CD19+细胞内 TLR-7 蛋白的平均荧光强度 (60.02±4.71) 显著高于阴性对照组 (n=20, 43.81±6.59, P<0.05)。ITP 患者 CD19+细胞内 TLR-7 蛋白的表达量与血小板计数呈负相关, 但没有统计学意义, P=0.07。

结论 ITP 患者 CD19+细胞内 TLR-7 蛋白的表达量较对照组是增高的; ITP 患者 CD19+细胞内 TLR-7 蛋白的表达量与血小板计数呈负相关。本研究推测 ITP 患者自身抗原通过 Toll 样受体 7 激活 B 细胞, 破坏免疫耐受, 产生自身抗体, 进而有自身抗体及其自身抗体抗原复合物引起损伤。

PO-2042

Clinical and molecular characterization of 20 patients with (hypo)dysfibrinogenemia associated with bleeding complications

Liyang Zhou, Xuefeng Wang, Qiulan Ding
Ruijin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

Objective To investigate the clinical manifestations, laboratory features, genotypic spectrum and pathogenic mechanisms of 20 congenital (hypo)dysfibrinogenemia patients with a bleeding tendency.

Methods 20 unrelated patients were included in this study (13 female and 7 male). Fibrinogen functional activity (Fg:C) and its antigen level (Fg:Ag) were measured by Clauss method and immunoturbidimetric assay, respectively. Hypodysfibrinogenemia patients were diagnosed by Fg:C and Fg:Ag lower than the normal range with ratios of Fg:C/Fg:Ag < 0.7, while dysfibrinogenemia patients were diagnosed by low Fg:C and normal Fg:Ag level with ratios of Fg:C/Fg:Ag < 0.7. Whole exome sequencing was used for mutation screening, and verified by sanger sequencing. SIFT, PolyPhen-2 and Mutation Taster were applied to determine the pathogenicity of novel variants. ISTH Bleeding Assessment Tool (ISTH-BAT) was used to quantify the bleeding manifestations. Statistical analysis was performed using IBM SPSS Statistics 24. Possible mechanisms of bleeding in (hypo)dysfibrinogenemia were investigated based on literature review.

Results 11 patients were diagnosed with dysfibrinogenemia and 9 patients were diagnosed with hypodysfibrinogenemia. The overall bleeding score median (range) was 6 (2-8) in hypodysfibrinogenemia patients, and 4 (2-8) in dysfibrinogenemia patients. There was no significant difference in either bleeding score or fibrinogen activity between dysfibrinogenemia and hypodysfibrinogenemia patients. However, bleeding symptoms seem more serious in female than in male patients with hypodysfibrinogenemia ($p < 0.001$) but not dysfibrinogenemia. Neither Fg:C, Fg:Ag, nor Fg:C/Fg:Ag was correlated with ISTH-BAT score in either dysfibrinogenemia, hypodysfibrinogenemia patient groups individually or the two patient groups combined.

Easy bruising (55.6%) and oral cavity bleeding (55.6%) were the most common bleeding manifestations. Other bleeding symptoms that were observed in our study included epistaxis (27.8%), menorrhagia (27.8%), postpartum hemorrhage (22.2%), post-injury hemorrhage (11.1%), bleeding after tooth extraction (11.1%), defective wound healing (11.1%), post-surgery hemorrhage (5.6%), placental abruption (5.6%) and cerebral hemorrhage (5.6%).

A total of 18 different mutations were identified, 7 in FGA (38.9%), 3 in FGB (16.7%) and 8 in FGG (44.4%). Causative mutations were mainly missense mutations (15, 83.3%), followed by frameshift (2, 11.1%) and one novel splice site mutation. Of the 10 novel variants identified and predicted pathogenic by three prediction tools, 7 were found in hypodysfibrinogenemia patients: FGA p.C55Y, p.C68F, FGB p.C95R, p.Y407R and FGG c.307+5G>T, p.W279R, p.S358fs; while the rest 3 were found in dysfibrinogenemia patients: FGA p.L506fs, FGG p.C106Y, p.K292N. In dysfibrinogenemia, two hotspot mutations, FGA Arg35 and FGG Arg301 were identified in 55.5% patients.

Conclusion Variant types and locations rather than fibrinogen level are more likely to be related to bleeding phenotypes.

Possible mechanisms in dysfibrinogenemia include: missense variations in fibrinogen central E domain (thrombin cleavage sites and α -chain knob), fibrinogen D domain, disulfide bridge formation between fibrinogen chains, and frameshift variations in the α C-domain affect the functional region of the fibrin polymerization.

As to possible mechanisms in hypodysfibrinogenemia: Besides common mechanisms in dysfibrinogenemia resulting in fibrinogen dysfunction, some variants in the C-terminal end of the beta and gamma chains, and cysteines changing into other residues generating unpaired

cysteine, could lead to defective fibrinogen assembly and secretion, causing reduced fibrinogen antigen level in circulation.

PO-2043

Molecular Analysis of F12 Gene in a Pedigree with Factor XII Deficiency: Identification of a Novel Pathogenic Mutation

Xinmiao Qu, Xiaofan Liu, Yujiao Jia, Yuhua Wang, Lei Zhang, Rongfeng Fu
Institute of Hematology and Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

Objective Factor XII (FXII) is the initiating protein of endogenous coagulation system. Congenital FXII deficiency is a rare disease resulting from mutations in the F12 gene. The clinical manifestations of congenital FXII deficiency vary significantly, with some individuals being asymptomatic while others may present with thrombotic symptoms. The incidence rate and underlying mechanism of congenital FXII deficiency remain unclear. We aimed to elucidate a new F12 mutation and provide molecular analysis.

Methods This report detailed clinical manifestations, family survey, biochemical examinations and gene diagnosis in a proband pedigree (fifth-degree relatives) with congenital FXII deficiency. Genomic DNA was extracted from the proband's peripheral blood and investigated using Whole-exome sequencing (WES). The conformational changes of F12 protein were predicted using SWISS-MODEL. PCR targeted amplification and Sanger sequencing were performed to confirm the mutation and familial pedigree in the candidate gene.

Results The proband was a post myocardial infarction (MI) patient. The proband's mother, father, grandfather, one uncle and two aunts all have suffered MI, and another aunt has suffered deep vein thrombosis (DVT). Furthermore, his mother, another uncle and grandfather also have suffered cerebral infarction (CI). A novel genetic aberration was identified in this pedigree: a previously unreported truncating-type mutation in F12 (c.303_304delGA, p.H101Qfs*36), leading to the loss of the crucial domain in the F12 protein.

Conclusion This report not only broadens our understanding of the genetic landscape for congenital FXII deficiency but also reveals underlying molecular mechanism.

PO-2044

5-羟色胺受体 7 (5-HTR7) 在免疫性血小板减少中对巨核细胞生成的作用及机制探究

周萌^{1,2,3,4}、韩好好^{1,2,3,4}、戚嘉乾^{1,2,3,4}、张紫妍^{1,2,3,4}、李学谦^{1,2,3,4}、吴德沛^{1,2,3,4}、韩悦^{1,2,3,4}

1. 苏州大学附属第一医院
2. 国家血液病临床医学研究中心
3. 江苏省血液研究所
4. 苏州大学造血干细胞移植所

目的 免疫性血小板减少症 (ITP) 一直以来被认为是一种自身免疫失稳态导致的疾病, 但是近年来有观点认为 ITP 中巨核细胞分化异常也是 ITP 发病的一个重要机制, 然而这方面的研究相对匮乏。5-羟色胺受体 7 (5-HTR7) 是最近发现的 5-HT 受体, 关于其是否调控巨核细胞的生成及在 ITP 发病机制中的作用尚不清楚。本文拟从临床样本检测出发, 通过体内外实验, 揭示 5-HTR7 在 ITP 中介导巨核细胞分化障碍的调控方式, 以提高对 ITP 发病机制的认识, 并为临床提供潜在的治疗靶点。

方法 采用 10x 单细胞转录组测序的方法探索 ITP 患者和健康对照 (HCs) 骨髓有核细胞中巨核细胞相关群体的差异基因的表达。利用流式细胞术、免疫荧光、透射电镜等方法检测巨核细胞体外诱导的分化和成熟状况。利用 CD61^{KO} 鼠构建主动型 ITP 模型, 使用三分类血液分析仪检测小鼠外周血中血小板计数水平, 利用 HE 染色和免疫荧光方法评估小鼠骨髓中巨核细胞计数。

结果 单细胞转录组测序结果提示 ITP 患者骨髓中巨核前体细胞 (MKPs) 5-HTR7 表达水平高于 HC。我们利用流式细胞仪进一步验证了 ITP 患者骨髓巨核细胞 5-HTR7 表达水平约为 HC 的 1.6 倍。我们将 ITP 患者骨髓上清加入人 CD34⁺细胞向巨核细胞诱导体系, 构建 ITP 体外模型, 检测发现该模型中, 巨核细胞 5-HTR7 表达水平显著高于对照组且伴有巨核细胞分化障碍。在该体系中加入 5-HTR7 特异性的抑制剂, 巨核细胞分化障碍被部分解除。在主动型 ITP 小鼠模型中, 巨核细胞表面 5-HTR7 表达明显高于对照组, 且在抑制 5-HTR7 表达后, 血小板的计数和骨髓中 MK 数目均高于单纯造模组。探索发现应用 5-HTR7 抑制剂后, 巨核细胞 ERK1/2 信号通路磷酸化水平增加, 且该过程受到钙池调控钙离子进入 (SOCE) 的调控, 进一步研究发现 5-HTR7 最终可能通过 PKA/SERCA/ERK1/2 通路来影响巨核细胞的分化和成熟。

结论 ITP 中, 巨核细胞相关群体异常高表达 5-HTR7 导致了巨核细胞发育不良。通过抑制 5-HTR7 的表达, 改善了 ITP 中巨核细胞的分化障碍, 该作用可能通过 PKA/SERCA/ERK1/2 通路实现的。这一发现为 ITP 的机制研究提供了新的认识, 并为临床提供了潜在的治疗靶点。

PO-2045

The role and function of enhanced hemostatic efficacy of cryogel with copper ion-loaded mesoporous bioactive glasses for acute and persistent bleeding and wound repair

Qixiu Hou, Mengting Guo, Xueqian Li, Ziyang Zhang, Qin Shi, Yue Han
苏州大学附属第一医院

Objective The study aimed to explore the liquid absorption capacity and the antibacterial effect of cryogels loaded with mesoporous bioactive glasses, as well as the hemostatic efficacy of these novel cryogels.

Methods Imidazole-modified polyphosphate (PolyP-Im) was introduced into the GelMA solution, followed by freeze-drying to obtain phosphorylated GelMA cryogel (GelMA-Phosphate, GP). We prepared copper ions mesoporous bioactive glasses (MBG-Cu) using a calcination method, which was mixed into a 5% tannic acid solution. After freeze-drying, we obtained tannic acid and copper ions mesoporous bioactive glasses (MBG-Cu-TA). To assess the cytocompatibility and immunocompatibility of the materials. Using normal and abnormal coagulation animal models to validate the antimicrobial ability and hemostatic capacity in vitro and in vivo.

Results ① Phosphorylation modification resulted in the transformation of the cryogel sponge from tough and dense to fluffy and soft with an increased porosity ($77.95 \pm 0.001\%$) and swelling ratio ($3991.0 \pm 2.25\%$). ② After co-culturing Raw264.7 cells with the leachate of GelMA, GP, GP@MBG-TA, and GP@MBG-Cu-TA, it was observed that all the different components of the cryogels exhibited excellent cellular immunocompatibility. The cell morphology remained normal, and no polarization was observed. ③ In vitro clotting experiments and SEM images of cryogels containing blood demonstrate that GP@MBG-Cu-TA can rapidly absorb blood and trap, adhere red blood cells to the material, promoting clot formation. ④ The clotting index test results indicate that the index of the GP@MBG-Cu-TA group is the lowest, at $9.2 \pm 4.50\%$, demonstrating its fastest clotting promotion speed. ⑤ In the rat liver injury model, the GP@MBG-Cu-TA group significantly reduced the amount of bleeding (156.17 ± 44.64 mg) and bleeding time (65.83 ± 18.15 s). In the mouse tail amputation model, both wild-type mice (49.67 ± 13.83 mg), AA mice (46.0 ± 7.29 mg), and Hemophilia A mice (121.17 ± 41.03 mg) showed reduced bleeding volume

per unit time. In the skin injury healing model, the GP@MBG-Cu-TA group exhibited the highest healing rate on the 14th day at $1.24 \pm 0.35\%$.

Conclusion Phosphorylated-modified cryogel alters the physical properties of the cryogel, effectively enhancing liquid absorption rate. Tannic acid and copper ion bioactive glasses impart excellent antibacterial properties to the cryogel. GP@MBG-Cu-TA cryogel can be applied to bleeding wounds, promoting local clotting and reducing blood loss with antibacterial property.

PO-2046

一例免疫性血小板减少症患者病例报告

王冉

郑州大学第一附属医院

目的 报告一例免疫性血小板减少症患者情况

方法 男性，74岁，确诊免疫性血小板减少症9月。患者反复因血尿住院，血小板持续 $1-109/L$ ，应用激素、丙种球蛋白，TPO、艾曲波帕、海曲波帕、阿法曲波帕、地西他滨效果差。患者后改用罗普司亭后血小板升至正常。

结果 患者应用艾曲波帕、海曲波帕、阿法曲波帕无效后改为罗普司亭有效。

结论 不同的TPO受体激动剂之间可转换应用。

PO-2047

预处理巨噬细胞膜包裹的载bFGF金纳米笼 用于动脉粥样硬化的治疗研究

林文熠

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 动脉粥样硬化可引发心肌梗死、脑卒中等急性心血管事件。研究表明，巨噬细胞膜包裹的金纳米颗粒可增强斑块中的药物积累。基于此，本研究利用金纳米颗粒的光动力效应及碱性成纤维细胞生长因子(bFGF)的抗凋亡作用，设计并合成了氧化低密度脂蛋白(ox-LDL)预处理的巨噬细胞膜包裹的载bFGF金纳米笼(LMc-Au-bFGF),探讨了该纳米颗粒对斑块的治疗作用。

方法 通过电镜、稳定性分析、电位检测等进行LMc-Au-bFGF表征检测。为了证明LMc-Au-bFGF在斑块中的积累，我们进行了APOE(-/-)小鼠的活体荧光成像。其次，利用油红O染色、主动脉HE染色、MMP-9活性检测等验证LMc-Au-bFGF对小鼠的治疗作用。最后，我们通过胆固醇外流、自噬检测、细胞凋亡等实验探索了该药物的治疗机制。

结果 LMc-Au-bFGF具备良好的稳定性。活体荧光成像结果表明该药物可在斑块中明显聚集。经LMc-Au-bFGF处理，小鼠的主动脉斑块变小，局部MMP-9活性降低。机制研究表明LMc-Au-bFGF通过促自噬作用诱导斑块内脂质外流，并通过抗凋亡作用促进斑块稳定。

结论 LMc-Au-bFGF对动脉粥样硬化具有良好的治疗作用，可预防血栓等并发症的发生。

PO-2048

AIGC 大模型在血液病专业文献阅读中的高效应用

张莉娟¹、林翹楚¹、祁麟¹、向兵^{1,2}

1. 四川大学华西厦门医院

2. 四川大学华西医院

目的 本研究旨在探索人工智能生成内容（AIGC）大模型在血液学专业领域文献快速高效阅读中的应用价值。

方法 采用 AIGC 大模型深入阅读分析每一篇高价值文献，以《Antithrombotic Therapy for VTE Disease Compendium and Review of CHEST Guidelines 2012-2021》文章为模板进行信息抓取阅读。通过 Kimi 的全面扫描，实现文献摘要生成与内容提炼，快速把握核心内容。借助 Kimi 的细节解读，读者可主动穷尽式提问，全方位获取文献中的医学信息。利用 Kimi 的大模型结构化能力，将复杂的文献内容快速转化为中文可阅读纲要。进阶信息处理分别选择 Markdown 和 Mermaid 读取格式，对所得信息通过数字化加工生成演示文稿和思维导图，最终可实现文献核心内容的可视化输出。

结果 AIGC 大模型 Kimi 能够迅速提炼出血液专业领域文献的核心内容。通过配合穷尽式提问，读者短期内即可全面掌握文献的细节内容。以 Markdown 和 Mermaid 文本读取格式可将核心文本信息转化为易于分享的演示文稿和思维导图，服务于更广泛的用户群体。

结论 在医学信息迅速迭代的 AI 时代，AIGC 大模型为血液学专业人士提供了一个强有力的辅助学习工具，使其能够在有限的时间内快速阅读海量医学信息，从而提升工作效率和学术研究的质量。

PO-2049

蛋白 C 中 Trp83Ser 突变引发血栓的机制研究

袁珺唯^{1,2}、周世界¹、赖哲¹、吴希¹、王学锋¹、陆晔玲¹

1. 上海交通大学医学院附属瑞金医院

2. 上海交通大学医学院医学技术学院

目的 确定携带 PROC c.247T>C:p. Trp83Ser (W83S) 突变的患者抗凝缺陷的分子基础。

方法 采集先证者及其家庭成员的血浆。通过显色底物法和凝固法测定 PC 活性，通过 ELISA 检测 PC 抗原水平。构建野生型和突变型 PC 的质粒并将其转染到 HEK-293T 细胞中，体外表达 PC 蛋白，用亲和层析和离子交换层析纯化野生型和突变型 PC。采用体外酶动力学分析法鉴定 PC 的酶学性质。采用 APTT、凝血酶生成等实验检测 APC 的抗凝功能。

结果 先证者为 25 岁男性，多部位发生血栓。凝固法测定和发色底物法测定 PC 活性分别为 23% 和 55%，PC 抗原为 45%，为 IIb 型 PC 缺陷患者。聚丙烯酰胺凝胶电泳显示 W83S 轻链分子量增加。功能研究表明，凝血酶或凝血酶 TM 复合物对 PC-W83S 的激活轻微受损。APC-W83S 表现出与 APC-WT 相似的对显色底物 S2366 的水解活性。APTT 和 FVa 降解测定显示，在不存在和存在蛋白 S 的情况下，APC-W83S 的抗凝活性显著降低，并且 APC-W83S 与磷脂结合存在障碍。这些结果也通过纯化体系和血浆系统中的凝血酶生成测定得到证实。

结论 W83S 增加了形成 O-糖基化的可能性，导致 PC 酶原活性和 APC 与磷脂结合能力和抗凝活性受损，这可能是携带该复合突变先证者血栓形成的原因。该位点位于 Gla 结构域，在丝氨酸蛋白酶和同源蛋白中高度保守，值得深入研究以明确其在 PC 中的功能。

PO-2050

蛋白磷酸酶 2A 及其亚型对血小板功能的影响

刘泰瑜¹、徐旭林¹、普敏¹、王浩¹、郑新月¹、吕珂玉¹、张超²、方超¹

1. 华中科技大学同济医学院

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 蛋白磷酸酶 2A (Protein phosphatase 2A, PP2A) 能催化多种底物的去磷酸化, 通过调节底物的磷酸化水平影响血小板活性。PP2A 的催化亚基 C 包含 α 和 β 两种亚型, α 亚型表达量是 β 亚型的 10 倍。本研究旨在探索 PP2A 及其 C α 亚型对血小板功能的影响。

方法 制备小鼠洗涤血小板, 使用冈田酸 (Okadaic acid, OA) 抑制 PP2A 活性, 采用血小板聚集、黏附和扩展等方法检测 OA 对血小板功能的影响, 采用 Western blot 检测 OA 对血小板活化过程中脾酪氨酸激酶 Syk 磷酸化 (Y525/526) 的影响。构建 PP2A 的 C α 亚型在血小板中特异性敲除的小鼠 Ppp2caf/f Pf4-Cre+, 并检测其对血小板功能和 Syk 磷酸化的影响。使用 OA 处理 Ppp2caf/f Pf4-Cre+ 血小板, 在 PP2AC α 亚型缺失的情况下, 进一步探究 PP2AC β 亚型对血小板功能的影响。

结果 (1) OA 抑制小鼠血小板的聚集、黏附、扩展; (2) OA 抑制胶原相关肽 CRP 诱导的小鼠血小板 Syk 磷酸化水平; (3) Ppp2caf/f Pf4-Cre+ 小鼠血小板的聚集、黏附、扩展与对照 Ppp2caf/f Pf4-Cre- 小鼠无显著性差异; (4) OA 能抑制 Ppp2caf/f Pf4-Cre+ 小鼠血小板的聚集、黏附、扩展; (5) OA 能抑制 CRP 诱导的 Ppp2caf/f Pf4-Cre+ 小鼠血小板的 Syk 磷酸化水平。

结论 PP2A 可能通过调控 Syk 的磷酸化水平影响血小板功能; PP2A 的 C α 亚型在血小板中不发挥主要作用; PP2A 的 C β 亚型可能通过代偿 C α 的作用影响血小板功能。

PO-2051

凝血因子 V 两种新的杂合突变导致的凝血因子 V 缺陷症

周荣富、周东明、邵晓雁、徐岳一、徐勇

南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 探讨 1 例凝血因子 V (FV) 缺陷症患者的分子发病机制。

方法 回顾性分析患者的临床表现, 采用凝固法测定患者的凝血常规并进行 PT、APTT 纠正试验、凝血因子活性。采用 NGS 检测患者血栓与止血相关基因突变, 采用相关生物信息软件分析突变位点的保守性和对蛋白功能的影响及蛋白质结构的改变。

结果 患者, 女, 25 岁。因孕前常规检查分析凝血功能异常 1 月来本科门诊就诊。平素月经量正常, 静脉采血后需按压较长时间。正常血浆的 PT 11.0s, 患者血浆的 PT 28.5s, 混合血浆的 PT 12.4s, Rosner 指数(PT) 4.91。正常血浆的 APTT 27.2s, 患者血浆的 APTT 48.3s, 混合后即刻血浆的 APTT 28.0s, 混合后孵育的 APTT 29.8s, 孵育后混合的 APTT 28.3s, Rosner 指数(RI) 1.66。纤维蛋白原 3.4 g/L, F V :C 4.0%。其余凝血因子活性在正常范围。NGS 检测发现: F5 基因 (NM 000130): Exon3 c.G286C 杂合突变、致 p.Asp96His, Exon15 c.A6189G 杂合突变、致 p.Tyr1730Cys; 生物信息软件分析显示 Asp96、Tyr1730 在同源物种间高度保守, 并预示此突变可引起相关疾病; 突变后的蛋白质结构发生了改变, 导致功能异常。

结论 F5 基因第 3 外显子的 c.G286C 杂合突变和第 15 外显子的 c.A6189G 杂合突变与该患者 FV 水平减低有关, 该两个突变为国内外首次报道。

PO-2052

抗凝血酶基因 c.1316delC 杂合突变致 多部位静脉血栓 1 例及文献复习

周荣富、邵晓雁、周东明、徐岳一、徐勇
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 分析 1 例遗传性抗凝血酶缺陷症家系的临床表型及遗传学特征。

方法 回顾性分析在本院门诊就诊的 1 例多发性静脉血栓形成的患者及家系成员的临床表现，分别采用一期法检测患者血浆 FVIII、FXII、vWF、蛋白 S 活性和发色底物法检测蛋白 C、抗凝血酶活性，采用血栓与止血基因检测套餐检测相关基因突变。

结果 患者，男，26 岁。因“肠系膜静脉血栓后部分肠管切除术后 8 月”于本院门诊就诊。6 年前因外伤后右下肢深静脉血栓形成，服用利伐沙班抗凝 6 月后自行停用抗凝药。8 月前因“腹痛、便血”在另一医院外科就诊，腹部 CT 平扫及增强提示：门静脉及其分支、脾静脉、肠系膜上静脉及其分支广泛充盈缺损，遂行部分小肠切除术+小肠造口术+空肠营养性造口术，并给予低分子肝素抗凝治疗。但在治疗过程中低分子肝素剂量稍多患者即有出血表现。患者祖母、舅爷爷均有脑梗塞、偏瘫，姑姑有冠脉血管栓塞放置支架，叔叔有脑梗塞、哥哥有下肢静脉血栓形成。检测 FVIII:C 221.2%(77.3-128.5%)、FXII:C 47.5%(50-120%)、vWF:A 243.6%(49.5-187%)、PS:C 57.1%(63.5-149%)、PC:C 77.6%(60-130%)及 AT:A 54.8%(103.2-113%)，采用血栓与止血 NGS 检测发现 Serpinc1 (NM_000488) Exon7 有 c.1316delC 杂合突变，导致 p.P439Lfs*6。该杂合突变导致抗凝血酶基因移码突变，影响蛋白功能，致血栓形成。

结论 抗凝血酶基因 c.1316delC 杂合突变导致患者抗凝血酶活性降低及其多部位静脉血栓形成。经查询，该突变为国际首次报道。

PO-2053

胞外蛋白质二硫键异构酶精准调控凝血反应的分子机制

吕珂玉¹、陈帅¹、徐旭林¹、Joyce Chiu²、Haoqing J. Wang³、韩芸耘⁴、Sheryl R. Bowley⁵、汤兆明⁶、武艺⁷、Alvin H. Schmaier⁸、Lining A. Ju³、Philip J. Hogg²、方超¹

1. 华中科技大学同济医学院基础医学院药理学系

2. The Centenary Institute, University of Sydney

3. School of Biomedical Engineering, Faculty of Engineering, University of Sydney

4. 华中科技大学同济医学院基础医学院神经生物学系

5. Division of Hemostasis and Thrombosis, Beth Israel Deaconess Medical Center, Harvard Medical School

6. 华中科技大学同济医学院附属协和医院检验科

7. 苏州大学唐仲英血液学研究中心

8. Department of Medicine, Hematology, University Hospitals Cleveland Medical Center and Case Western Reserve University

目的 蛋白质二硫键异构酶 PDI 通过催化二硫键反应在血栓形成中发挥重要作用。富组氨酸糖蛋白 HRG 被鉴定为 PDI 的底物，本研究旨在阐明 PDI 还原 HRG 影响血栓形成的分子机制。

方法 利用串联质谱鉴定 PDI 靶向 HRG 二硫键的位点；采用生物膜力探针 BFP、免疫荧光和 ELISA 检测 HRG 与配体的结合能力；采用凝血酶生成实验 TGA 分析体外凝血功能；采用激光诱导鼠提肌微血栓模型实时观测血栓形成。

结果 PDI 切割 HRG 蛋白的 3 对二硫键。BFP、ELISA 以及 TGA 等体外实验表明：在凝血因子 FXII 存在时，PDI 促进 HRG 结合 FXIIa，抑制 FXIIa 活性，减少 Thrombin 生成，发挥抗凝作用；

在 FXII 缺失时, PDI 能促进 HRG 结合肝素或内皮表面硫酸乙酰肝素, 减少 Antithrombin 的结合, 发挥促凝作用。在微血栓模型中, 抑制 PDI 能减少 HRG 在血栓中的富集并促进 Antithrombin 的结合。与 WT 鼠相比, HRG 敲除鼠的血栓形成增强; 而与 FXII 敲除鼠相比, HRG/FXII 双敲除鼠的血栓形成进一步减少。将 HRG 上 PDI 目标二硫键的 Cys 突变为 Ala 构建其功能获得型突变体 *gof-HRG*, ELISA 和体内血栓模型显示, *gof-HRG* 与其配体的结合能力以及调控血栓形成的能力都显著增强。

结论 该结果代表了凝血反应的一种精准调控机制, 有助于区分病理性血栓与生理性止血: 一方面 PDI 促进 HRG 对 Antithrombin 的拮抗作用从而在早期快速启动凝血, 另一方面 PDI 促进 HRG 抑制 FXIIa 从而在后期阻止凝血反应过度活化。

PO-2054

A novel complex interchromosomal rearrangement between F8 and chromosome 10 causing moderate hemophilia A with a family history of inhibitor development

Yinqi Mao¹, Huayang Zhang¹, Guangming Chen¹, Liyang Zhou¹, Jialu Zhang², Runhui Wu², Qiulan Ding¹

1. Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

2. Hemophilia Comprehensive Care Center, Beijing Children's Hospital, Capital Medical University

Objective To analyze the pathogenic variant in a moderate HA pedigree with variant negative through conventional genetic diagnosis and discuss the potential risk factors for the familiar treatment-related inhibitor development.

Methods The complex interchromosomal rearrangement of F8 was detected by whole genome sequencing (WGS) combined with optical genome mapping (OGM). The effect of the rearrangement on F8 transcription was analyzed by reverse transcription-PCR (RT-PCR) and quantitative-PCR (qPCR). Potential congenital risk factors for inhibitor development were analyzed by whole exome sequencing (WES) using blood samples from 4 moderate HA patients in this pedigree and verified through case-compared analysis of 100 HA patients with/without inhibitor.

Results WGS with OGM first found a complex interchromosomal rearrangement between **F8** and chr10, an inverted 76.6-kb fragment from chr10 (g.118235596_118312164) inserted between 2 tandem duplications of **F8** intron 6 (g.154974065_154981532) in this pedigree. RT-PCR and qPCR found that the variant could produce trace full-length normal **F8** mRNA with a fusion transcript of F8-LINC02944. Analysis of potential congenital risk factors by WES found that 4 patients all carried HLA-DRB1*09:01 and DQB1*03:03 alleles, and **TRIM77** p.D215G heterozygous variant. No statistical differences in the above variants were found between 55 HA patients with inhibitors and 45 HA patients without inhibitors.

Conclusion We found a novel interchromosomal rearrangement causing moderate HA with trace normal F8 mRNA. The analysis of inhibitor development risk factors in this pedigree with the treatment-related inhibitor family history excluded most potential risk factors other than the F8 rearrangement, suggesting that trace expression of **F8** caused by the rearrangement may lead to the failed F8 immune tolerance and a higher risk of treatment-related inhibitor development.

PO-2055

跨膜蛋白 16F 对 LPS 诱导的人脐静脉内皮细胞促炎及促凝活性的影响

徐明辉、闫美杉、陈丽、安耀、刘财旭、高春艳
哈尔滨医科大学大庆分校

目的 血栓性疾病严重威胁人类健康，炎症反应在血栓的发生发展中起到关键性作用。最新文献报道，TMEM16F 参与 COVID-19 的血栓形成、炎症反应和内皮功能障碍。本研究将进一步明确 TMEM16F 在 LPS 诱导的人脐静脉内皮细胞促炎及促凝活性中的作用，为阻断炎症-血栓的恶性循环提供新靶点。

方法 体外实验：利用 Western blot 检测 TMEM16F 在 LPS 诱导的内皮细胞中的表达情况。敲减 TMEM16F 后，利用 PCR 检测各组内皮细胞（NC 组、NC+LPS 组、siRAN+LPS 组）IL-1 β 、IL-6、TNF- α 水平；酶标仪检测 GSH、MDA 水平；免疫荧光和流式细胞仪检测 PS 外翻水平；利用复钙时间实验检测促凝活性。体内实验：在脓毒症小鼠模型中利用 Western blot 检测肺组织 TMEM16F 表达情况。利用血细胞分析仪检测各组小鼠（WT 组、WT+LPS 组、TMEM16F (-/-)+LPS 组）白细胞总数；生化分析仪检测血浆 IL-6 水平；血凝仪检测 PT 和 APTT 时间；构建小鼠下腔静脉狭窄模型，测量各组血栓的长度和重量。

结果 体外实验表明，LPS 刺激后内皮细胞 TMEM16F 表达升高，炎症及氧化应激水平升高，PS 外翻增多，促凝活性增加，敲减 TMEM16F 后减轻了 LPS 诱导的炎症/氧化应激水平和促凝活性。体内实验表明，脓毒症小鼠肺组织 TMEM16F 表达升高，敲除 TMEM16F 后减轻了脓毒症小鼠的炎症反应及高凝状态。

结论 我们的研究表明，TMEM16F 在 LPS 诱导的人脐静脉内皮细胞炎症反应和促凝活性中发挥重要的作用。

PO-2056

虾青素抗血栓药理学研究

罗雅丹¹、张丽丽¹、项慧琴¹、吕珂玉¹、陈帅²、纪佳妮¹、郑新月¹、王宿超¹、徐旭林¹、方超¹
1. 华中科技大学同济医学院基础医学院药理学系，武汉，湖北，邮编 430030
2. 贵州中医药大学基础医学院药理学教研室，贵阳，贵州，邮编 550025

目的 Astaxanthin (ASX) 是一种类胡萝卜素，可通过两端的极性结构镶嵌于细胞膜上，并通过其中间链上的共轭双键中和活性氧自由基 ROS，从而发挥强大的抗氧化作用，本研究旨在探究 ASX 的抗血栓作用。

方法 使用雨生红球藻微囊粉（含 2% ASX）和对照微囊粉连续灌胃大鼠 14 天，采用血小板聚集、黏附、扩展和斑块收缩实验检测血小板功能；流式细胞术检测 ADP 诱导的血小板整合素活化；Western blot 检测血小板中 ROS 反应性信号通路 PI3K/Akt/mTOR 的活化情况；利用 FeCl₃ 诱导的小鼠颈动脉血栓模型、激光诱导的小鼠辜提肌微动脉血栓模型和下腔静脉狭窄诱导的小鼠深静脉血栓模型评估 ASX 的体内抗栓效应；二氢乙锭 DHE 荧光染色检测血管中 ROS 含量；通过 PT、APTT 和凝血酶生成实验分析凝血系统功能；通过小鼠隐静脉出血实验评价止血功能。

结果 ASX 可抑制血小板聚集、黏附、扩展及斑块回缩等功能；ASX 可显著抑制 ADP 诱导的血小板纤维蛋白原的结合；DHE 荧光染色表明 ASX 可显著降低小鼠胸主动脉 ROS 水平；ASX 显著抑制血小板中 PI3K/Akt/mTOR 信号通路的活化；ASX 显著抑制小鼠颈动脉血栓、辜提肌微动脉血栓和深静脉血栓的形成；ASX 抑制凝血酶生成，但不延长凝血时间和出血时间。

结论 ASX 通过抑制 ROS 降低血小板活化但并不增加出血风险，是一种潜在的抗血栓化合物。

PO-2057

RNAi Targeting LMAN1-MCFD2 Complex: A New Anticoagulant Strategy

Siqian Ma¹, Miao Jiang^{1,2}

1. The Fourth Affiliated Hospital of Soochow University

2. The First Affiliated Hospital of Soochow University

Objective Combined deficiency of coagulation factor V (FV) and factor VIII (FVIII) is a rare bleeding disease caused by variants in either lectin mannose binding 1 (LMAN1) or multiple coagulation factor deficiency 2 (MCFD2) gene. Reducing the level of FVIII by inhibiting the LMAN1-MCFD2 complex may become a new anticoagulant approach. We aimed to find a new therapeutic option for anticoagulation by RNA interference (RNAi) targeting LMAN1 and MCFD2.

Methods siRNA sequences with cross-homology between mice and humans were designed based on LMAN1 or MCFD2 transcripts in NCBI and were screened with the Dual-Luciferase reporter assay. The optimal siRNAs were chemically modified and conjugated with three N-acetylgalactosamine molecules (GalNAc-siRNA), promoting their targeted delivery to the liver. The expression of LMAN1 and MCFD2 in cell lines or mice was examined by RT-qPCR and western blotting. Coagulation functions of the plasma of mice who received the siRNAs were accessed with various coagulation assays.

Results After administration, siRNAs GalNAc-LMAN1 and GalNAc-MCFD2 demonstrated effective and persistent LMAN1 and MCFD2 inhibition. 7 days after injection of 3mg/kg GalNAc-LMAN1, the LMAN1 mRNA levels reduced to 19.97% ± 3.78%. MCFD2 mRNA levels reduced to 32.22% ± 13.14% with injection of 3mg/kg GalNAc-MCFD2. After repeated administration, APTT was prolonged and the FVIII activity was significantly decreased.

Conclusion Our study confirms that therapy with RNAi targeting LMAN1-MCFD2 complex is effective and can be considered a safe option for anticoagulation drugs. However, the benefits and potential risk of bleeding in thrombophilic mice model needs to be evaluated.

PO-2058

VPS33B 基因变异合并 GP1BA 突变致血浆 VWF 水平严重降低

马思倩¹、江淼^{1,2,3}、白霞²、曹丽娟²

1. 苏州大学附属第四医院

2. 国家血液系统疾病临床医学研究中心, 苏州大学附属第一医院, 江苏省血液研究所

3. 卫健委血栓与止血重点实验室

目的 对一个 VWF 下降而未明确病因的家系进行表型和基因突变分析, 并初步探讨其分子致病机制。

方法 检测先证者及家系成员 (4 代 14 人) 血管性血友病因子抗原 (vWF: Ag); 通过全外显子基因检测 (WES) 和全基因组三代测序技术对该患者及其家系成员基因序列进行了分析。通过瑞斯托霉素诱导进行血小板聚集实验; 用 PolyPhen-2、SIFT、Provean 在线生物信息学软件预测突变位点的致病性; 用 Bioinformatics Toolkit 分析突变前后蛋白质空间结构及分子作用力的变化。

结果 先证者 VWF:Ag < 1%, FVIII: C < 1%, 临床表现为轻度的黏膜出血及月经量增多。全外显子基因检测 (WES) 发现先证者 VPS33B 基因 c.869G>C, p.Arg290Pro 杂合变异。测序结果的遗传差异分析发现该家系父系家族多位成员携带 VPS33B 基因杂合变异 c.869G>C, 携带该变异的成员均有不同程度的 VWF 含量降低 (39%-56%)。变异预测软件 PolyPhen-2、SIFT、Provean 等分析预测该变异具有致病性; 蛋白结构预测分析显示, R290P 变异使该位点与周边氨基酸之间的结合被破坏, 导致 VPS33B 与其配体结合的能力受到影响。全基因组三代测序结果显示先证者还携带 1 处新发 GP1BA 杂合变异 c.1474dupA, ACMG 及 Clinvar 数据库判断该变异与“血小板型假

性 VWD”相关。

结论 VPS33B 基因与 GP1BA 基因的双重杂合变异导致先证者血浆 VWF 严重降低, VPS33B 基因杂合变异导致家系成员 VWF 含量降低。

PO-2059

KD025 调节 Treg 与 GITR 表达诱导 ITP 免疫耐受的作用

宋娟娟¹、刘新光²、周虎¹

1. 郑州大学河南省肿瘤医院

2. 山东大学齐鲁医院

目的 ITP 是一种获得性自身免疫性疾病。研究表明, 活动期 ITP 患者 T 细胞亚群异常, 导致 ITP 患者自身免疫失耐受。在 SLE, RA 等自身免疫性疾病中, 外周血单个核细胞 (PBMC) 的卷曲螺旋蛋白激酶 2 (ROCK2) 活性高于健康人, 并且激活 ROCK2, 可以促进人和动物的 IRF4 磷酸化, 促进 IL-17 和 IL-21 的产生, 降低 Foxp3 表达和 Tregs 的比例。KD025 作为 ROCK2 靶向抑制剂, 通过调节 Treg/Th17 免疫平衡, 在一些自身免疫病中治疗效果显著。然而, 目前尚不清楚 ROCK2 和 KD025 在调节 ITP 患者免疫耐受中的作用及机制。

方法 收集健康人和 ITP 患者的外周血样本, 提取单个核细胞, 并分选 CD4+T 细胞。加入 rh-IL-2, anti-CD3 抗体和 anti-CD28 抗体进行体外培养。加入 ROCK2 抑制剂 (KD025) 体外培养 72h 后, 收集细胞后, 进行两组分析对比。

结果 ITP 患者的外周血 PBMCs 的 ROCK2 活性高于健康人 ($P<0.05$)。KD025 促进 ITP 患者和健康人 CD4+T 细胞中 Treg 细胞的体外分化并增强其免疫抑制功能 ($P<0.05$); 同时 KD025 可以降低 ITP 患者和健康人 CD4+T 细胞群中 Th17 细胞的比例 ($P<0.05$)。WB 分析显示 KD025 可以增强 stat5 的磷酸化, 降低 stat3 的磷酸化水平 ($P<0.05$)。GITR 在 ITP 患者外周血 Treg 细胞上的比例低于健康人, 而 KD025 可以上调 ITP 患者 Treg 上的 GITR 表达水平 ($P<0.05$)。

结论 ROCK2 作为一个可能靶点, 参与 ITP 发病。KD025 通过影响 STAT5 的磷酸化, 增强 ITP 患者 Treg 的比例、上调 GITR, 以拮抗效应 T 细胞, 来恢复 ITP 患者的免疫失耐受。

PO-2060

应用高活性凝血酶及氧化纳米纤维素制备新型止血制剂

张可、吴希、张华阳、陈昌明、武文漫、包露涵、戴菁

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 凝血酶直接激活凝血级联反应下游, 迅速促进血小板活化和血凝块形成。本实验室前期在临床血栓患者中发现凝血酶上海突变体, 其激活蛋白 C 抗凝通路的功能下降, 与野生型相比表现出偏向凝血的活性。本研究将凝血酶上海突变体接枝于氧化细菌纳米纤维素 (OBNC), 研制新型局部止血创面敷料, 用于治疗性干预凝血功能障碍, 减少围手术期出血。

方法 采用木糖驹形杆菌发酵和 TEMPO 氧化法制备 OBNC, 并通过酰胺键与原核表达的凝血酶进行接枝。采用体外止血试验和体内肝损伤模型评价其止血能力, 体外细胞实验和全层皮肤损伤模型评价其修复能力。

结果 体外实验表明, OBNC-凝血酶材料吸水速率高, 总孔面积大, 能迅速富集血小板等成分形成屏障, 早期加速止血。在大鼠肝损伤模型中, OBNC-凝血酶材料比常规使用的胶原止血海绵促凝功能更强, 应用 OBNC-凝血酶上海突变体材料的失血量最少。在大鼠皮肤损伤模型中, OBNC-凝血酶处理后伤口宏观修复效果更好。免疫荧光和组织学染色显示更高水平的新生血管和成熟血管,

更大的胶原体积分数和较强的炎症反应，表明 OBNC-凝血酶上海突变体材料有效促进血管生成和创面再上皮化。

结论 OBNC-凝血酶上海突变体止血海绵具有高止血性能与生物安全性，通过促进早期止血和创面修复，有效防治严重出血。

PO-2061

Influence of antiphospholipid antibodies on activated partial thromboplastin time

Na Zhang¹, Dongze Yu², Yang Zhang², Kunping Guan¹

1. The Second Hospital of Shanxi Medical University

2. Fuwai Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College/National Center for Cardiovascular Diseases

Objective Antiphospholipid antibodies (aPLs) present in plasma, including lupus anticoagulant (LA), anti- β 2glycoprotein I (a β 2GPI) antibodies, and anticardiolipin (aCL) antibodies, can extend the activated partial thromboplastin time (APTT). However, it is unclear whether aCL and a β 2GPI antibodies cause abnormal APTT and the degree of their influence. This study aimed to examine the effects of various categories and permutations of aPLs on APTT

Methods The laboratory test results and clinical information of 188 aPL-positive patients in Fuwai Hospital were extracted from the laboratory information system. The effects of different combinations and types of aPLs on APTT were assessed.

Results The LA-positive and LA-negative groups exhibited no discrepancies in fundamental attributes, such as sex or fibrinogen, platelet, and D-dimer levels. However, the LA-positive group had longer APTT values than the LA-negative group. The medium- and high-dilute Russell viper venom time (dRVVT)/silica clotting time (SCT) groups had longer APTT values than the low-dRVVT/SCT group. The triple-positive group had a higher APTT positivity rate than the single- or double-positive groups. Linear regression analysis showed a significant correlation between APTT values and dRVVT, SCT, a β 2GPI IgG, and aCL IgG, with correlation coefficients of 0.6045, 0.3016, 0.4919, and 0.3911 ($p < 0.01$), respectively. Logistic regression analysis demonstrated that dRVVT, SCT, and a β 2GPI IgG predominantly influenced APTT, with OR (95% CI) values of 8.77 (2.88–34.74), 6.20 (2.34–17.68), and 5.970 (1.40–25.78), respectively.

Conclusion Conclusions: In addition to LA, APTT can be affected by a β 2GPI and aCL antibodies. The IgG of a β 2GPI has a greater effect on APTT than IgM.

PO-2062

ACE2 参与急性肺损伤血管并发症的分子机制

项慧琴¹、纪佳妮¹、徐旭林¹、Alvin Schmaier²、方超¹

1. 华中科技大学同济医学院基础医学院药理学系

2. Department of Medicine, Hematology, University Hospitals Cleveland Medical Center and Case Western Reserve University

目的 SARS-CoV-2 通过 ACE2 受体感染宿主，导致 ACE2 表达下调。本研究旨在分析 ACE2 缺失对血栓和肺损伤的影响和机制，为阐明 COVID-19 相关血管并发症的发生机制提供思路。

方法 在 WT 和 ACE2 基因敲除 ACE2KO 小鼠中采用气管滴注 LPS 构建急性肺损伤 ALI/ARDS 模型；通过髓过氧化物酶 MPO 活性和肺泡灌洗液 BALF 细胞分类计数评估炎性细胞浸润情况；通过 H&E 染色评估肺损伤程度；通过肺干湿重和 BALF 总蛋白浓度评估组织屏障损伤程度；利用

RNAseq 分析差异基因通路；采用 qPCR 和 Western blot 检测目的基因的 mRNA 和蛋白含量。采用 FeCl₃ 诱导的小鼠颈动脉血栓模型评估血栓风险；采用激光诱导的小鼠辜提肌微血栓模型检测血栓蛋白富集情况。

结果 (1) 和 WT 鼠比, LPS 处理的 ACE2KO 鼠的肺干湿重比、BALF 总蛋白浓度和肺损伤评分显著增加, 但 MPO 活性、BALF 总细胞数、中性粒细胞数无差异。(2) ACE2KO 小鼠颈动脉血栓形成显著增加。(2) 基因功能富集分析发现 LPS 诱导的急性炎症反应相关基因在 ACE2KO 鼠中显著增加。(3) qPCR 和 Western blot 证实 ACE2KO 鼠肺组织 protein P 的 mRNA 和蛋白水平增加, 且血小板 protein P 含量和分泌也显著增加, 微血管活体成像证实 ACE2KO 鼠的血栓中 protein P 的富集显著更多。(4) 蛋白质组学分析证实, 相比正常人群, 新冠患者肺组织中 protein P 含量上调。

结论 ACE2 缺失可能通过上调 protein P 表达, 加重肺损伤并增加血栓形成的风险。

PO-2063

凝血及生化指标诊断老年髌部骨折患者 急性小腿肌间静脉血栓的价值

梁翠莹¹、梁爽²、董峰²、苏玉²、代腾龙¹、吴俊¹

1. 北京大学第四临床医学院

2. 首都医科大学附属北京积水潭医院医学检验中心

目的 探索凝血及生化指标对老年髌部骨折患者急性小腿肌间静脉血栓的诊断价值

方法 收集老年创伤性髌部骨折患者急诊入院样本, 检测指标包括凝血指标(凝血酶激活的纤溶抑制物[TAFI]、D-二聚体、纤维蛋白原[FIB])、生化指标(血清总蛋白[TP]、球蛋白[GLOB]、肌酸激酶[CK]、甘油三酯[TG]、乳酸脱氢酶[LDH])以及血小板比积(PCT)。上述指标进行小腿肌间静脉血栓组(CMVT)、小腿深静脉血栓组(DCVT)与非 DVT 组间进行比较, 采用多因素 logistics 回归分析筛选独立危险因素。

结果 CMVT 组的 TAFI、FIB、TP、CK、TG、PCT、LDH 显著低于非 DVT 组(P 分别为 0.037、0.011、0.017、0.046、0.015、0.033、0.018), 但 D-二聚体水平升高(P=0.054), DCVT 组的 TP 显著低于非 DVT 组(P=0.011), CMVT 的独立危险因素是年龄、LDH 和 FIB。

结论 老年髌部骨折患者急性小腿肌间静脉血栓的独立危险因素是年龄、LDH 和 FIB。

PO-2064

Characterization of two novel missense mutations in plasminogen in Chinese population associated with thromboembolism

Jingjing Guo

Institute of Hematology, Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan, China

Objective Plasminogen (PLG) is a serine protease and constitutes a critical element within the fibrinolytic pathway. Nevertheless, the correlation between plasminogen and the risk of thrombogenesis remains incompletely elucidated. Here we report our findings about the functional deficiencies in PLG caused by substitution of threonine with methionine at residue 114 and the substitution of arginine with glutamine at residue 386.

Methods Genomic analysis of the PLG gene in two probands was conducted using first-generation sequencing. Bioinformatics software was employed to assess the impact of the mutations on protein structure and function. Expression vectors for wild-type and mutant PLG proteins were constructed, and transient transfections were performed in HEK293T cells to obtain wild-type PLG (PLG-WT) and mutant proteins (PLG-T114M, PLG-R386Q). Molecular dynamics simulations and surface plasmon resonance were utilized to investigate the effect of the mutations on the binding of PLG to fibrinogen. The impact of the mutations on the fibrinolytic function of PLG was explored in vitro using chromogenic and western-blot analyses, immunofluorescence imaging, and fibrin clot lysis assays. Mice harboring the PLG T114M and PLG R386Q mutations were generated, and the effects of the mutations on thrombosis development were investigated in vivo using flow restriction and carotid artery thrombosis models.

Results Both the c.341C>T p.T114M and c.1157G>A p.R386Q mutations significantly reduce the binding affinity of PLG to fibrinogen and impair the fibrinolytic function of PLG. Studies using mouse thrombosis models reveal that these mutants exhibit a diminished inhibitory effect on thrombosis development.

Conclusion The c.341C>T p.T114M and c.1157G>A p.R386Q mutations in PLG can reduce the body's fibrinolytic capacity and increase the propensity for thrombosis.

PO-2065

海曲泊帕治疗初诊免疫性血小板减少症（ITP）的临床观察

纪国超
濮阳市人民医院

目的 本研究旨在评估海曲泊帕（Herombopag Olamine）在初诊免疫性血小板减少症（ITP）患者中的临床疗效和安全性。

方法 选取 2023 年 1 月至 2023 年 6 月间初诊 ITP 患者 50 例，随机分为海曲泊帕组和对照组，每组 25 例。海曲泊帕组口服海曲泊帕治疗，对照组接受常规一线治疗。观察指标包括治疗有效率、起效时间、血小板峰值时间、治疗前后血小板水平及不良反应。

结果 海曲泊帕组治疗有效率达 84%，显著高于对照组的 60%。海曲泊帕组中位起效时间为 11 天，较对照组短。治疗后，海曲泊帕组血小板水平显著上升，且安全性良好，不良反应发生率低，主要为肝功能异常和腹泻，均通过药物治疗得到控制。

结论 海曲泊帕治疗初诊 ITP 患者疗效显著，起效快，安全性良好，可作为初诊 ITP 患者的有效治疗方案之一。本研究为海曲泊帕在初诊 ITP 患者中的应用提供了临床依据，有助于优化 ITP 患者的治疗方案。

PO-2066

ATRA 联合应用恢复 ITP 患者对 TPO-RA 的持续应答

范文萱、王钰、张玉娇、焦营营、叶洁瑜
南方医科大学南方医院

目的 治疗后持续应答（SROT）是原发性免疫性血小板减少症（ITP）患者接受血小板生成素受体激动剂（TPO-RA）治疗的治疗目标。尽管多数患者在 TPO-RA 治疗期间能获得治疗反应，但部分患者血小板计数会出现较大波动。研究表明，持续稳定的血小板反应是实现 SROT 的重要条件之一。全反式维甲酸（ATRA）治疗 ITP 疗效显著。我们的研究旨在评估联合应用 ATRA 能否恢复 ITP 患者对 TPO-RA 的持续应答。

方法 本研究共招募 2023 年 1 月至 2023 年 12 月南方医院 13 例 ITP 患者，其中 2 例患者出现严重头痛症状导致治疗时间不足而被排除，最终共 11 例患者纳入分析。本研究中，血小板波动定义为一个月内血小板数值差异大于 $100 \times 10^9/L$ 。ATRA 口服剂量为 20mg，1/日。

结果 纳入分析的 11 例患者，男女比例为 2:9，中位年龄为 38 岁（22-64 岁）。TPO-RA 具体类型为：艾曲泊帕 45.45%（5/11），阿伐曲泊帕 36.36%（4/11），海曲泊帕 18.18%（2/11）。ATRA 治疗的中位时间为 94 天（61-153 天）。ATRA 恢复血小板反应的有效率为 81.82%（9/11）。接受 ATRA 治疗期间，2 例患者出现唇干裂（2/11，18.18%），1 例患者出现头痛（1/11，9.09%），脱发发生率为 9.09%（1/11），皮疹发生率为 9.09%（1/11），以上症状均较轻，患者均可耐受。

结论 我们的数据表明，针对 ITP 患者使用 TPO-RA 治疗过程中出现的血小板波动，联合使用 ATRA 是一种有效且安全的方法。

PO-2067

OxLDL enhances procoagulant activity of endothelial cells by TMEM16F-mediated phosphatidylserine exposure

Meishan Yan, Yao An, Chunyan Gao
Harbin Medical University-Daqing

Objective Dyslipidemia, a major risk factor for atherosclerosis, is associated with endothelium injury and increased thrombogenic potential. Circulating oxidized lipids are risk factors for this condition and are carried in oxidized low-density lipoprotein particles (oxLDL). OxLDL could facilitate the development of a dyslipidemia-associated prothrombotic state, which may be related to the procoagulant phosphatidylserine (PS) externalization. We previously reported that increased PS exposure of endothelial cells (ECs) contributed to thromboembolic complications in nephrotic syndrome and uremia. However, the molecular mechanism of oxLDL-induced procoagulant activity (PCA) of ECs remains to be investigated.

Methods Here, we used oxLDL-induced human aortic endothelial cells (HAECs) and high-fat diet (HFD)-fed ApoE^{-/-} mice as a hyperlipidemia model. HAECs were stimulated with 100mg/ml oxLDL and were stained with Annexin V-FITC to detect exposure of procoagulant PS by the flow cytometer and confocal microscopy. PCA was measured by coagulation time, intrinsic/extrinsic factor Xase (FXa) and thrombin generation. The expression of XKR8 was detected by western blot. TMEM16F expression was detected by immunofluorescence, western blot, and RT-PCR. The flippase activity, intracellular Ca²⁺ concentration, reactive oxygen species (ROS) and lipid peroxidation were detected using the flow cytometer. The hyperlipidemia-related prothrombotic phenotype in vivo was investigated using thromboelastography (TEG) analysis and FeCl₃-induced carotid artery thrombosis model on HFD apoE null mice.

Results OxLDL-induced HAECs showed significantly PS exposure up to $9.757 \pm 0.772\%$ compared to controls ($4.037 \pm 0.253\%$, $P < 0.01$). We found that oxLDL induced a rapid increase in PCA of HAECs, which could be inhibited over 90% by lactadherin, a PS-binding scavenging molecule. Then we investigated whether TMEM16F, a Ca²⁺-activated lipid scramblase, is responsible for PS exposure and could enhance PCA of HAECs. As we expect, oxLDL-induced HAECs showed that the expression of TMEM16F on HAECs was markedly upregulated. Considering that PS exposure is regulated by a balance of phospholipid translocases activity (scramblase and flippase), we detected the expression of another phospholipid scramblase XKR8 and the flippase activity of HAECs. We found that there was no significant difference in XKR8 expression as well as flippase activity between oxLDL-treated HAECs and control. These results suggested that oxLDL-induced PS exposure of HAECs was mainly attributable to the increased TMEM16F. Furthermore, oxLDL-induced PS exposure was significantly inhibited by knockdown of TMEM16F expression of HAECs. Importantly,

we observed that oxLDL increased intracellular Ca²⁺ concentration, ROS and lipid peroxidation, subsequently enhanced TMEM16F-mediated phospholipid scrambling accompanied by PS exposure. Moreover, removal of extracellular Ca²⁺ or inhibition of ROS markedly reduced PS exposure in oxLDL-treated HAECs. TEG analysis showed that the blood obtained from the hyperlipidemic mice had shortened reaction time (R time) and K time and increased maximum amplitude (MA) and clotting index (CI), indicating that clotting velocity was accelerated and the clot strength was enhanced compared with the control. Consistent with TEG analysis, hyperlipidemic mice was in a pronounced prothrombotic state with shortened FeCl₃-induced time to occlusion (TTO) after FeCl₃-induced injury. We also observed significant increase in the expression of TMEM16F in the abdominal aorta from hyperlipidemia mice compared to normolipidemic mice.

Conclusion Collectively, our study suggested oxLDL could trigger the prothrombotic phenotype of HAECs, which may be relevant to TMEM16F-mediated PS exposure. Alternatively, inhibition of TMEM16F or PS could be a novel therapeutic strategy to alleviate the thromboembolic complication of hyperlipidemia.

PO-2068

Gut microbial metabolite butyrate alleviates the susceptibility to septic DIC by suppressing caspase-11/ GSDMD-dependent macrophage pyroptosis

Yingying Li¹, Zhong Wu^{1,2}, Zhaozhao Chen^{1,2}, Min Xu^{1,2}, Jinhui Shu^{1,2}, Jingming Wang^{1,2}, Qinying Xie^{1,2}, Huiwen Jiang^{1,2}, Jun Deng^{1,2}, Yu Hu^{1,2}, Lili Luo^{1,2}, Heng Mei^{1,2}

1. Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

2. Hubei Clinical and Research Centre of Thrombosis and Haemostasis

Objective To explore the mechanisms responsible for susceptibility to septic DIC.

Methods Cecal ligation and puncture (CLP) was used to induce septic disseminated intravascular coagulation (DIC). After CLP, mice that died within 7 days were defined as the DIC-sensitive (Sen), and those that survived over 7 days were defined as the DIC-resistant (Res). Feces were collected before CLP to detect intestinal flora composition by 16S rRNA and short-chain fatty acids by targeted metabolome. Fecal microbiota transplantation (FMT) was performed to study the role of gut microbiota and its metabolites in susceptibility to septic DIC. Macrophage pyroptosis were comprehensively assessed by morphology, levels of IL-1 β and lactate dehydrogenase (LDH) in plasma and supernatants. The Western blotting was used to confirmed pyroptosis at the molecular level.

Results The Sen mice were more likely to develop DIC and multiple organ failure than Res mice. The relative abundance of butyric-producing bacteria Firmicutes and the concentration of butyrate in Res mice were significantly higher than those in Sen mice. Butyrate can effectively decrease the mortality of DIC, improve coagulation dysfunction and alleviate multiple organ damage. Interestingly, the susceptibility to septic DIC can be transmitted through intestinal flora. Mechanistically, the proportion of peritoneal macrophage pyroptosis, plasma levels of IL-1 β and LDH in Sen mice were statistically higher than that in Res mice, and butyrate could reduce these indicators and downregulate the expression of histone deacetylase 3 (HDAC3). For LPS-transfected bone marrow derived macrophages (BMDMs), sodium butyrate (NaB), HDAC3 inhibitor, caspase-11 inhibitor, and GSDMD inhibitor could improve the changes of morphology, which was manifested by diminished cellular antennae, augmented swelling, and the presence of distinct pyroptosis vesicles. In addition, the release of IL-1 β was significantly reduced by NaB and inhibitors above, compared to LPS-transfected BMDMs. Under LPS-transfected condition, NaB could impeded HDAC3 expression compared to the control and HDAC3 inhibitor groups. Moreover, NaB and HDAC3 inhibitor effectively inhibited the cleavage of caspase-11 and GSDMD.

Conclusion Butyrate, a metabolite of enteric Firmicutes, inhibited caspase-11/GSDMD-dependent pyroptosis of macrophages via suppressing the expression of HDAC3, and subsequently decreased the susceptibility to septic DIC, providing a novel theoretical basis for targeted intervention in sepsis and DIC.

PO-2069

原发性免疫性血小板减少症中 COX-2 降低与巨核细胞生成和血小板生成受损相关

庄喜兵、徐鹏程、欧阳、邵霞、李莹、马艳娜、秦闪闪、化范例、詹延霞、季丽莉、乔田奎、陈浩、程韵枫
复旦大学附属中山医院

目的 环氧合酶（Cyclooxygenase-2, COX-2）是前列腺素生物合成中的限速酶，主要由炎症细胞因子诱导产生。既往研究提示 COX-2 参与巨核细胞成熟的过程，但在免疫性血小板减少症（immune thrombocytopenia, ITP）中的研究甚少。

方法 检测 ITP 患者和健康对照者（healthy control, HC）血小板中 COX-2、Caspase-1、Caspase-3 和 Caspase-3 p17 的表达，以及 ITP 患者骨髓中 COX-2 和 CD41 的表达，并分析其相关性。通过体外培养 Meg01 细胞和小鼠骨髓来源的巨核细胞（bone marrow derived megakaryocytes, BMMK），以及被动 ITP 小鼠模型，评估 COX-2 抑制剂对巨核细胞生成和血小板生成的影响。

结果 与 HC 相比，ITP 患者血小板中 COX-2 表达降低，Caspase-1 和 Caspase-3 p17 升高。在 ITP 患者血小板中，COX-2 的表达与血小板计数呈正相关，与 Caspase-1 的表达呈负相关。在 ITP 患者骨髓中，CD41 表达与 COX-2 的表达呈正相关。COX-2 抑制剂降低 Meg01 细胞和 BMMK 的数量，损害其成熟和血小板生成。COX-2 抑制剂加重 ITP 小鼠的血小板减少症状，并引起骨髓巨核细胞生成损伤。

结论 COX-2 通过干预巨核细胞生成和血小板生成，在 ITP 的发病过程中发挥重要作用。

PO-2070

海曲泊帕联合激素治疗原发性免疫性血小板减少症的疗效和安全性

杨晓煜、王盼盼
郑州大学第五附属医院

目的 探讨海曲泊帕乙醇胺联合激素治疗原发性免疫性血小板减少症（primary immune thrombocytopenia ITP）的疗效和安全性。

方法 选取 2022 年 12 月—2024 年 3 月我院血液内科收治的 15 例新诊断原发性免疫性血小板减少症患者，予以海曲泊帕乙醇胺联合激素治疗，海曲泊帕起始剂量 2.5 mg~7.5mg，每日 1 次，口服，最大治疗剂量 7.5mg/d。血小板计数维持在 $30 \times 10^9/L$ 及以上为治疗有效标准。观察海曲泊帕联合激素治疗新诊断 ITP 的总有效率、起效时间、治疗 24 周血小板上升水平以及不良反应。

结果 本研究中海曲泊帕联合激素治疗 ITP 患者的疗效显著，总有效率达 73.3%；中位起效时间为 24d，其中海曲泊帕起始足剂量应用患者血小板中位起效时间 21d；治疗 24 周后血小板显著上升，与治疗前比较有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。治疗期间出现不良反应为肝功能异常（2 例）、腹胀（4 例），予以口服保肝药物、多巴胺受体拮抗剂治疗后好转；无血栓事件，无不良反应停药。

结论 海曲泊帕联合激素治疗新诊断原发性免疫性血小板减少症患者的疗效显著，安全性良好，可作为 ITP 患者的治疗方案推荐。

PO-2071

低剂量地西他滨通过增强 KLF4 与 PPAR γ 启动子的结合促进 原发免疫性血小板减少症患者中 M2 巨噬细胞极化

邵霞、徐鹏程、季丽莉、吴擎颀、詹延霞、庄喜兵、欧阳、化范例、孙丽华、李锋、王向东、陈浩、程韵枫
复旦大学附属中山医院

目的 探究低剂量地西他滨 (Decitabine, DAC) 对原发免疫性血小板减少症 (Immune thrombocytopenia, ITP) 的疗效以及调控 M2 极化的分子机制。

方法 流式细胞术检测健康对照和 ITP 患者外周血单个核细胞中 M2 单核细胞的表达差异, 测定 PPAR γ 、Arg-1、DNMT3b 和 NLRP3 以及血浆中 IL-10 以明确其功能。亚磷酸氢盐测序法评估 PPAR γ 启动子甲基化水平, Cut&Tag 进一步定量与 KLF4 的结合力。通过构建 sh-PPAR γ THP-1 细胞系, 探究低剂量 DAC 调节 M2 极化是否为 PPAR γ 依赖性。ITP 小鼠被动模型的建立做为体内实验用以探究低剂量 DAC 对 ITP 的治疗效果及其在调控巨噬细胞极化和免疫调节功能中的作用。此外, 通过检测 NLRP3 炎症小体和活性氧进一步靶向 PPAR γ 的下游。

结果 ITP 中 M2 单核细胞的免疫调节功能受损, 接受大剂量地塞米松 (HD-DXM) 治疗后 CR 组患者 M2 单核细胞显著增加伴 PPAR γ 、Arg-1 和 IL-10 表达升高。低剂量 DAC 通过降低 PPAR γ 的启动子, 尤其是 KLF4 结合位点甲基化水平, 促进 PPAR γ 的表达继而调控 M2 极化。ITP 小鼠体内实验验证了低剂量 DAC 通过恢复 M1/M2 的平衡和巨噬细胞免疫调节功能实现了对 ITP 的治疗作用。PPAR γ 调节 M2 极化的下游可能是通过拮抗 NLRP3 炎症小体实现的。

结论 在 ITP 中低剂量 DAC 通过降低 PPAR γ 启动子的甲基化增强 KLF4 与之结合, 继而促进 M2 极化。

PO-2072

Oxtr and Zbtb20 as potential biomarkers of hemophilic arthropathy: a study based on weighted gene correlation network analysis, immune infiltration analysis and machine learning

Angui Liu, Xianwei Peng, Yiting Zhang, Jiaodi Liu, Yinghui Lai
The Second Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

Objective Hemophilic arthropathy (HA) is a common joint disorder observed in individuals with hemophilia. This study aims to screen and identify key genes and signaling pathways associated with HA through various methods.

Methods Microarray datasets from HA patients were obtained from the Gene Expression Omnibus (GEO) database, and differentially expressed genes (DEGs) were identified using the limma package. Weighted gene co-expression network analysis (WGCNA) was utilized to pinpoint gene modules highly correlated with HA. Subsequently, hub genes for HA were identified using Least Absolute Shrinkage and Selection Operator (LASSO) regression model and Support Vector Machine-Recursive Feature Elimination (SVM-RFE) model. Gene Set Enrichment Analysis (GSEA), Gene Ontology (GO), and the Kyoto Encyclopedia for Genes and Genomes (KEGG) analyses were conducted to elucidate the biological functions and pathways potentially influencing the pathogenesis of HA. CIBERSORT was utilized to conduct immune analysis.

Results In HA tissues compared with control tissues, a total of 439 DEGs were identified, and

2740 genes were identified in the HA highly related module based on WGCNA. Among these, 205 genes were identified at the intersection of WGCNA and DEGs as HA-related genes. Pathway analysis revealed significant enrichment of these genes in the Cytokine-cytokine receptor interaction pathways. Combining the results from the LASSO regression model and SVM-RFE model, OXTR and ZBTB20 were ultimately identified as hub genes related to HA. GSEA suggests that HA samples with highly expressed OXTR or ZBTB20 genes were correlated with Taurine and hypotaurine metabolism. In HA tissue, 8 types of immune cells (Mast Cells, T Cells CD8 Naive, M0 Macrophage, M2 Macrophage, Treg Cells, Th2 Cells, NK Resting, and DC Activated) showed significantly increased infiltration, and 4 types of immune cells (DC Immature, Plasma Cells, M1 Macrophage, and T Cells CD4 Naive) exhibited significantly decreased infiltration. The hub genes (OXTR and ZBTB20) were significantly associated with the infiltration of various immune cells.

Conclusion OXTR and ZBTB20 have been identified as hub genes of HA and may play roles in occurrence and development of HA.

PO-2073

Hotspots and frontiers in hemophilic arthropathy research: a bibliometric and visualization analysis from 2003 to 2023

Angui Liu¹, Xiuyuan Lu², Yiting Zhang¹, Jiaodi Liu¹, Xianwei Peng¹, Yinghui Lai¹

1. The Second Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

2. The First Clinical Medical College of Guangxi Medical University

Objective Hemophilic arthropathy is a type of arthritis that occurs in people with hemophilia, a genetic bleeding disorder. The aim of the present study was to clarify the research focus and trend of hemophilic arthropathy by bibliometric analysis.

Methods Publications were searched from the 2003–2023 Science Citation Index Expanded of Web of Science Core Collection on November 25th, 2023. CiteSpace 6.1.R6 software was used to visualize the research focus and trend regarding hemophilic arthropathy.

Results A total of 705 original articles and reviews on hemophilic arthropathy published between 2003 and 2023 were identified. The United States had the largest number of published papers and citations. Moreover, cooperation network analysis showed close cooperation between the USA, China, Spain, and Netherlands. European University Madrid is the institution with the highest number of published papers on hemophilic arthropathy worldwide, followed by the University of Murcia and Sick Children's Hospital. The journal HAEMOPHILIA had the highest number of publications, followed by CLIN ORTHOP RELAT R, J THROMB HAEMOST, BLOOD, and J BONE JOINT SURG AM. Bibliometric analysis showed that "hemophilic arthropathy", "arthropathy" and "management" were the keywords with the highest frequency. After 2020, the keywords "pathophysiology" and "osteoarthritis" have emerged as key areas of research, indicating that the investigation of the pathophysiological mechanisms of hemophilic arthropathy has become a recent focus in the field.

Conclusion The information published in these articles is helping researchers gain further insights into the current hotspots and trends in this field. Recently, there has been an increasing focus on studying the pathophysiological mechanisms of the disease.

PO-2074

Lipoprotein lipids and apolipoproteins in primary immune thrombocytopenia: Results from a clinical characteristics and causal relationship verification, potential drug target identification by Mendelian randomization analyses

Yang Ou, Yanxia Zhan, Xia Shao, Pengcheng Xu, Lili Ji, Xibing Zhuang, Hao Chen, Yunfeng Cheng
Zhongshan Hospital, Fudan University

Objective Primary immune thrombocytopenia (ITP) is an acquired autoimmune disease. Cellular and systemic lipid metabolism plays a significant role in the regulation of immune cell activities. However, the role of lipoprotein lipids and apolipoproteins in ITP remains elusive.

Methods The automatic biochemistry analyser was used to measure the levels of serum total cholesterol (TC), triglyceride (TG), low - density lipoprotein cholesterol (LDL - C), high - density lipoprotein cholesterol (HDL - C), apolipoprotein A - I (apoA - I), apoB, apoE and lipoprotein a [LP(a)]. Genetic variants strongly associated with circulating lipoprotein lipids and apolipoproteins (LDL - C, apoB, TG, HDL - C and apoA - I) were extracted to perform Mendelian randomization (MR) analyses. Finally, drug - target MR and passive ITP mice model was used to investigate the potential druggable targets of ITP.

Results Levels of HDL - C, apoA - I, decreased and LP(a) increased in ITP patients compared with healthy controls. Low HDL - C was causally associated with ITP susceptibility. Through drug - target MR and animal modelling, ABCA1 was identified as a potential target to design drugs for ITP.

Conclusion Our study found that lipid metabolism is related to ITP. The causative association between HDL - C and the risk of ITP was also established. The study provided new evidence of the aetiology of ITP. ABCA1 might be a potential drug target for ITP.

PO-2075

A bibliometric analysis of primary immune thrombocytopenia from 2011 to 2021

Yang Ou, Yanxia Zhan, Xibing Zhuang, Xia Shao, Pengcheng Xu, Feng Li, Hao Chen, Lili Ji, Yunfeng Cheng
Zhongshan Hospital, Fudan University

Objective Primary immune thrombocytopenia (ITP) is an autoimmune disorder characterized by isolated thrombocytopenia. This bibliometric analysis was applied to identify the characteristics of global scientific output, the hotspots, and frontiers of ITP over the past 10 years.

Methods We retrieved publications from 2011 to 2021 from the Web of Science Core Collection (WoSCC). Bibliometrix package, VOSviewer, and Citespace were used to analyse and visualize the trend, distribution, and hotspots of research on ITP.

Results Altogether, there were 2084 papers, written by 9080 authors from 410 organizations in 70 countries/regions, published in 456 journals with 37 160 co - cited references. In the last decades, the most productive journal was British Journal of Haematology, China was the most productive country. and the most cited journal was Blood. Shandong University was the most productive institution in the field of ITP. NEUNERT C, 2011, BLOOD, CHENG G, 2011, LANCET, and PATEL VL, 2012, BLOOD were the top three most cited documents. "Thrombopoietin receptor agonist", "regulatory T cell" and "sialic acid" were three hotspots of the last decade. And "immature platelet fraction", "Th17", and "fostamatinib" would be research frontiers in the future.

Conclusion The present study provided a novel insight for future research directions and scientific decision - making.

PO-2076

循环蛋白质组学孟德尔随机化分析鉴定出 IFN- γ 为再生障碍性贫血的潜在治疗靶点

欧阳、秦闪闪、姜瀛昕、詹延霞、季丽莉、徐鹏程、邵霞、陈浩、陈彤、程韵枫
复旦大学附属中山医院

目的 再生障碍性贫血 (AA) 是一种以全血细胞减少和骨髓低增生或无增生为特征的骨髓功能衰竭 (BMF) 性疾病。目前, 免疫抑制疗法和骨髓移植是治疗严重再生障碍性贫血的有效方法。然而, 由于免疫抑制的并发症和合适供体的可及性问题, 针对再生障碍性贫血的治疗仍然欠佳。本研究旨在确定循环蛋白水平是否可能对 AA 的发病风险产生因果影响, 并为 AA 提供潜在的新药物靶点。

方法 使用与潜在药物靶点的循环蛋白水平强相关的单核苷酸多态性位点进行孟德尔随机化 (MR) 分析。利用大规模蛋白质组全基因组关联研究 (GWAS) 和 FinnGen 数据库 (https://www.finnngen.fi/en/access_results) 的数据来衡量这些潜在药物靶点的蛋白水平对 AA 风险的影响。进行多变量 MR 分析以调整潜在混杂因素, 包括血小板计数、网织红细胞计数、中性粒细胞计数和造血干细胞比例。

结果 循环 γ -干扰素 (IFN- γ) 水平较高与 AA 易感性存在因果关联。在校正血小板计数、网织红细胞计数、中性粒细胞计数和造血干细胞比例后, 循环 IFN- γ 水平对 AA 的因果影响基本一致。

结论 循环 IFN- γ 水平较高可能增加 AA 风险, 并可能为 AA 提供潜在的药物靶点。

PO-2077

应用蛋白 A 免疫吸附技术治疗免疫性血栓性血小板减少性紫癜的临床研究

李云、殷杰、田竑、苏健、吴德沛、余自强
苏州大学附属第一医院

目的 血栓性血小板减少性紫癜 (TTP) 是一种少见、严重的血栓性微血管病, 其主要临床特征包括微血管病性、溶血性贫血、血小板减少、神经精神症状、发热和肾脏受累等。iTTP 约占 TTP 总例数的 95%, 若未及时血浆置换 (TPE), 死亡率达 90%。目前国内仍以 TPE、糖皮质激素及利妥昔单抗作为一线治疗。但因血浆来源受限、感染、过敏等风险, 临床亟需探索其他 (部分) 替代 TPE 的方法, 以减少血浆使用、规避输血风险, 提高 iTTP 患者救治率。免疫吸附治疗指将患者自身血浆经吸附柱去除病理性 IgG 和其他血浆成分后回输自身, 避免了外源性血浆导致的过敏及血源性病毒感染, 与血浆置换总体上有同等吸附疗效。因此本研究将探索免疫吸附技术治疗 iTTP 的有效性及安全性。

方法 选择法进行充分 TPE 的 iTTP 患者进行免疫吸附联合血浆输注、TPE 治疗, 对比免疫吸附前、后及第二天的血常规、生化、网织红细胞、ADAMTS13 酶活性和抑制物结果, 评价免疫吸附效果, 结合患者临床表现, 综合评估免疫吸附在 iTTP 治疗中的有效性和安全性。

结果 本中心目前成功应用蛋白 A 免疫吸附联合血浆输注治疗 2 例难治复发 iTTP 患者。第一例 20 岁女性患者因血浆来源受限启动免疫吸附治疗, 第 1 天免疫吸附后抑制物转阴, 同时开始激素、硼替佐米免疫抑制, 后经间断 3 次免疫吸附、2 次血浆置换、1 疗程硼替佐米 (1.3mg/m²,

d1,4,8,11) 治疗, 第 19 天起血小板持续正常。第二例 34 岁女性患者因拒绝 TPE 换用免疫吸附治疗, 在第 1、3 天使用共 2 次吸附联合血浆输注、激素治疗后抑制物转阴, 第 3 天起血小板持续正常, 第 4 天予奥妥珠单抗清除抗体 (1000mg, d1,15), 随后第 8 天行第三次免疫吸附治疗巩固。两例患者随访期间未出现过敏、心功能不全及免疫力下降、感染等常见不良反应。

结论 免疫吸附对于 iTTP 可能具有重要的治疗价值, 可以减少血浆使用量、规避输血风险, 提高 iTTP 患者救治率, 值得进一步探索研究。

PO-2078

Mutation Ter462GlnextTer17 introduces a tail to C-terminus of protein C and causes venous thrombosis

Zhe Lai, jiaming Li, shijie Zhou, xi Wu, junwei Yuan, wenman Wu, qiulan Ding, jing Dai, xuefeng Wang, yeling Lu, xiaohong Cai
ruijin hospital affiliated to The Shanghai Jiaotong University Medical School

Objective Protein C (PC) is a vitamin K-dependent serine protease zymogen in plasma which can be activated by thrombin-thrombomodulin(TM) complex to activated protein C (APC). APC can downregulate thrombin generation by inactivating active coagulation factors V(FVa) and VIII(FVIIIa). PC deficiency is associated with an increased risk of venous thromboembolism (VTE). We have identified two unrelated VTE patients with the same heterozygous mutation (c.1384T>C, p.Ter462GlnextTer17) in PROC. The objective of this study was to determine the molecular basis of the anticoagulant defect in patients carrying the Ter462GlnextTer17 mutation in PROC.

Methods We expressed recombinant PC-Ter462GlnextTer17 in mammalian cells and characterized its properties in established coagulation assay systems.

Results Functional studies indicated the activation of the mutant by thrombin or thrombin-TM complex was significantly impaired. Furthermore, APC-Ter462GlnextTer17 exhibited a decreased hydrolytic activity towards the chromogenic substrate S2366. APTT and FVa degradation assays showed that the anticoagulant activity of the mutant protein was markedly reduced both in the absence and presence of protein S. These results were also confirmed by the thrombin generation assay in purified and plasma-based assay systems.

Conclusion The Ter462GlnextTer17 mutation introduces a new tail in C-terminus of PC, which results in impaired activity of the PC zymogen activation and the APC's anticoagulant activity, accounting for the thrombosis in probands carrying this compound heterozygous mutation.

PO-2079

一例重症免疫性血小板减少症患者血小板输注无效

王骏、金楠、李秀文、陈洪、陈宝安、葛峥
东南大学附属中大医院

目的 提高重症免疫性血小板减少症患者血小板输注无效的治疗策略。

方法 通过报道一例重症免疫性血小板减少症患者血小板输注无效的诊疗经过, 分析患者的骨髓形态学、细胞遗传学、分子生物学及免疫相关检查、治疗反应及转归。

结果 患者中年女性, 以皮肤瘀斑半月就诊, 无关节疼痛、皮疹等。血常规提示血小板低下 ($12 \times 10^9/L$); 骨髓象: 骨髓有核细胞增生活跃, 粒系、红系形态大致正常, 巨核细胞 10 个, 皆为颗粒巨, 血小板散在少见。MDS-FISH、髓系肿瘤相关基因 NGS 均阴性; 染色体核型正常。外院予特比奥联合丙种球蛋白冲击治疗 5 天, 血小板计数 $< 10 \times 10^9/L$ 。调整为艾曲泊帕、罗普司亭

治疗后血小板仍持续低下。后合并消化道出血遂转诊至我院，入院后血小板计数为 $0 \times 10^9/L$ 。抗核抗体系列示：抗核抗体主要核型滴度 1:100 弱阳性，抗核抗体主要型：细胞核-斑点型，抗 SSA 抗体 Ro52 弱阳性，抗线粒体抗体 M2 弱阳性。诊断结缔组织病继发免疫性血小板减少症。予丙种球蛋白后输注配型血小板，同时行利妥昔单抗 100mg qW,共 4 次，患者血小板上升至 $209 \times 10^9/L$ 。目前患者长期口服环孢素,血小板波动于正常范围。

结论 原发性免疫性血小板减少症排除性诊断至关重要，重症免疫性血小板减少患者，输注血小板前予丙种球蛋白治疗，可提高血小板输注效率。利妥昔单抗续贯环孢素治疗结缔组织病继发血小板减少疗效可观。

PO-2080

ITGA2B 基因的新发突变导致血小板无力症

杨文、周泽平
昆明医科大学第二附属医院

目的 通过基因测序寻找一例患儿发生出血的原因

方法 收集一个有出血倾向的患儿和其父母的外周血，进行 sanger 测序

结果 一名 8 岁的患儿近一年来反复出现双下肢瘀斑。实验室检测提示：凝血因子 II: 68.5% (70-120%)，凝血因子 V: 57.4% (70-120%)。束臂试验阳性。Sanger 测序结果显示患者 ITGA2B 基因发生错义突变: c. 2264G>A (p. R755Q)，进一步家系检测发现突变位点来源于患者母亲 (Figure1)。

结论 一个新的致病性的 ITGA2B : c.12264G>A (p. R755Q) 突变可能导致了血小板无力症。

PO-2081

抗 Xa 监测在终末期肾病患者血液透析抗凝监测中的应用

沈连军、孙幸、吉薇、王红、倪军、施青青、方悦之、周帮月、孙梅、顾健、吴蔚
江苏省苏北人民医院

目的 通过抗 Xa 检测观察终末期肾病血液透析患者 LMWH 抗凝是否存在药物蓄积，评估透析期间抗 Xa 检测对于 LMWH 剂量调整和抗凝效果预测的价值。

方法 终末期肾病患者，接受标准血液透析治疗，采用依诺肝素、达肝素或那曲肝素等 LMWH 进行抗凝。根据中国专家共识，初始抗凝药物剂量为 60-80IU/Kg, 然后根据临床效果进行剂量调整。LMWH 剂量在前 10 次透析稳定的患者纳入本研究。所有患者在研究期间，每周进行 3 次透析，每次 4h，未进行药物剂量调整。排除有肝素诱导血小板减少症 (HIT) 病史、使用口服抗凝药或近期接受手术患者。20 例患者静脉注射 5000IU 达肝素，分别于透析开始前和开始后 0.5h、1h、2h、3h 和 4h 从透析机输入管内采集血液样本进行抗 Xa 检测。所有入组患者在连续 3 个透析中分别于透析开始 0.5h 和 4h 后采集血液样本进行抗 Xa 检测。由护士肉眼观察评估患者出血或发生体外循环血栓 (ECCC, 如透析机滤膜和除泡器内凝块形成) 发生情况。

结果 20 例患者透析开始前和开始后 0.5h、1h、2h、3h 和 4h 抗 Xa 检测活性 (0.0-0.1U/ml) (0.43-0.96U/ml) (0.2-0.42U/ml) (0.36-0.79U/ml) (0.28-0.66U/ml) (0.12-0.45U/ml)，可见受血块影响的滤膜面积均 <50%；除泡器无小凝块。

结论 常规给予 2000-5000IU 剂量 LMWH，在 3 次以上终末期肾病血液透析患者体内不会出现药物蓄积。抗 Xa 水平与药物剂量和体外循环血栓事件发生风险密切相关，能指导临床对抗凝治疗期间药物剂量调整以及抗凝效果的预测。

PO-2082

血栓弹力图指标联合血浆 D-D、VWF 预测多发性骨髓瘤患者合并静脉血栓栓塞的价值分析

吉薇、吴蔚、沈连军、倪军、王红、方悦之、孙幸、施青青、周帮月
江苏省苏北人民医院

目的

目的 探讨血栓弹力图指标联合血浆 D-二聚体 (D-D)、血管性血友病因子 (VWF) 在多发性骨髓瘤 (MM) 患者合并静脉血栓栓塞 (VTE) 中的预测价值。

方法 回顾性分析本院 2019 年 1 月~2023 年 12 月收治的 168 例 MM 患者临床资料, 根据治疗后 VTE 发生情况分为 VTE 组 (n=26) 和非 VTE 组 (n=142)。收集患者临床资料并多因素 Logistic 回归分析 MM 患者合并 VTE 的影响因素; ROC 曲线分析血栓弹力图指标联合血浆 D-D、VWF 对 MM 患者合并 VTE 的预测价值。

结果 VTE 组凝血反应时间 (R) 和凝血形成时间 (K) 显著低于非 VTE 组 ($t=3.154$ 、 4.323 , $P<0.05$), 血凝块形成速率 (Angel) 显著高于非 VTE 组 ($t=5.853$, $P<0.05$)。与非 VTE 组比较, VTE 组 D-D 和 VWF 水平均明显较高 ($t=11.824$ 、 8.742 , $P<0.05$)。多因素 Logistic 回归显示, K (OR=0.914) 为 MM 患者合并 VTE 的保护因素 ($P<0.05$), Angel (OR=1.159)、D-D (OR=1.936) 和 VWF (OR=1.825) 为 MM 患者合并 VTE 的独立危险因素 ($P<0.05$)。ROC 曲线显示, K、Angel 预测 MM 患者合并 VTE 的 AUC 分别为 0.808、0.746, 血浆 D-D、VWF 预测 MM 患者合并 VTE 的 AUC 分别为 0.809、0.754, K、Angel 联合血浆 D-D、VWF 预测 MM 患者合并 VTE 的 AUC 为 0.840, 敏感度为 92.31%, 特异度为 81.69%。

结论 D-D 和 VWF 是 MM 患者合并 VTE 的影响因素, 血栓弹力图指标联合血浆 D-D 和 VWF 对 MM 患者合并 VTE 具有较高预测效能。

PO-2083

艾美赛珠单抗治疗儿童血友病 A 疗效及安全性分析

徐慧娟、孙立荣
青岛大学附属医院

目的 探讨艾美赛珠单抗治疗 (EMI) 儿童血友病 A 的疗效及安全性。

方法 回顾性分析在本中心治疗的 18 例 EMI 血友病 A 患儿资料, 同时选取同期 10 例采用重组凝血因子 VIII (FVIII) 预防治疗的抑制物阴性的患儿做对照组, 对其疗效及安全性进行分析

结果 18 例 EMI 患儿中, 10 例 (56%) 不伴抑制物行预防治疗, 8 例 (44%) 伴抑制物行预防治疗。开始 EMI 中位年龄 2.3 岁 (1.5-9.8 岁), 中位治疗时间 14 月 (4-50 月)。EMI 组负荷剂量 1.8-3mg/kg/周, 维持剂量 3.6-7.2mg/kg/月, 维持治疗期间 FVIII 浓度 (15.6 ± 4.6)%, 范围 11-22%。所有患儿均未中断治疗。8 例抑制物患儿中 4 例抑制物转阴。伴与不伴抑制物患儿 EMI 后年出血次数 (ABR)、年关节出血次数 (AJBR) 均较前减少 ($P<0.05$)。与对照组相比, EMI 预防组患儿 ABR、AJBR 显著改善 ($P<0.01$), 关节超声检查 (HEAD-C) 差异无统计学意义 ($P=0.099$)。EMI 组维持治疗期零出血 15 例, 1 例患儿出现 2 次注射部位不良反应, 无血栓事件发生

结论 艾美赛珠单抗用于血友病 A 的预防治疗可以有效控制出血, 治疗效果显著, 长期治疗安全性、依从性好。

PO-2084

血小板功能检测在急性冠脉综合征患者 个体化抗血小板治疗中的应用研究

王林
陕西国际商贸学院

目的 急性冠脉综合征（ACS）患者常需长期服用抗血小板药物以预防血栓形成，但个体间对抗血小板治疗的反应差异较大。本研究旨在探讨血小板功能检测是否能作为指导个体化抗血小板治疗的有效工具，以提高治疗效果并减少不良反应。

方法 本研究是一项单中心、前瞻性观察性研究，共纳入 150 名 ACS 患者。所有患者在接受常规双联抗血小板治疗（DAPT）的同时，进行了血小板功能检测。依据检测结果，部分患者调整了抗血小板药物的类型或剂量。主要观察指标为治疗后的心血管事件发生率和出血风险。

结果 经过 12 个月的随访，调整治疗方案的患者组（n=75）与未调整的标准治疗组（n=75）相比，心血管事件发生率下降了 20%，且无显著增加的出血风险。血小板功能检测结果显示，调整治疗的患者中有 60%的血小板抑制率得到了优化，而在标准治疗组中这一比例仅为 30%。

结论 经过 12 个月的随访，调整治疗方案的患者组（n=75）与未调整的标准治疗组（n=75）相比，心血管事件发生率下降了 20%，且无显著增加的出血风险。血小板功能检测结果显示，调整治疗的患者中有 60%的血小板抑制率得到了优化，而在标准治疗组中这一比例仅为 30%。

PO-2085

Heterozygous prothrombin mutations associated thrombophilia

Xi Wu, Lei Li, Zhengjing Lu, Yeling Lu, Yu Liu, Guanqun Xu, Qiulan Ding, Xuefeng Wang, Wenman Wu, Peipei Jin, Jing Dai

Department of Laboratory Medicine, Ruijin hospital, Shanghai Jiaotong University School of Medicine

Objective Venous thromboembolism (VTE) is predisposed by thrombotic mutations in patients with hereditary thrombophilia. Although prothrombin deficiencies caused by homozygous or compound heterozygous mutations are associated with bleeding diathesis, rare cases have shown a correlation between heterozygous prothrombin mutations and thrombosis.

Methods We surveyed genetic variants involved in thrombosis and hemostasis in 347 patients with unprovoked VTE or having a positive family history of thrombosis. For patients identified with heterozygous prothrombin mutations, we conducted family investigations and performed thrombin generation test (TGT) to elucidate the thrombotic risk. Novel mutants were expressed and subjected to functional assays to clarify the underlying thrombotic mechanisms.

Results Heterozygous prothrombin mutations were identified in 3.5% of patients (12/347), including three novel mutations Phe382Ser, Phe382Leu and Asp597Tyr found in one patient each, as well as previously reported Arg541Trp mutation in four patients and Arg596Gln mutation in five patients. A total of 42 mutation carriers were identified within the 12 pedigrees, among whom 64.3% (27/42) had experienced thrombotic events. TGT results demonstrated hypercoagulability for carriers of the five mutations, with Arg596Gln showing the highest thrombin generation potential followed by Arg541Trp. The Phe382-associated mutations severely impaired thrombomodulin binding ability of thrombin, resulting in obviously reduced protein C (PC) activation. The Asp597Tyr mutation exhibited a mild reduction in both antithrombin inhibition and PC activation reactions.

Conclusion The presence of heterozygous prothrombin mutations represents a potential genetic predisposition for VTE. All thrombosis associated mutations potentiate coagulation activity by either conferring antithrombin resistance and/or impairing PC pathway activity.

PO-2086

脐间充质干细胞在化疗后血小板减少中的应用

郭冰凌、刘耀
重庆大学附属肿瘤医院

目的 评价脐间充质干细胞在化疗后血小板减少的疗效及安全性。

方法 纳入化疗后血小板减少症且血小板低于 $50 \times 10^9/L$ 患者 34 例，每周规律输入间充质干细胞 ($2 \times 10^6/L$ ，连续 4 周)，监测使用前后血小板水平变化及不良反应。

结果 共纳入 34 例患者，男 21 例，女 13 例，其中 22 例为实体肿瘤（肺癌、子宫癌、直肠癌等），12 例为血液肿瘤（淋巴瘤、多发性骨髓瘤及白血病），中位年龄为 60 ± 11.59 岁。血小板水平最低为 $1 \times 10^{12}/L$ ，在接受脐间充质干细胞治疗 1 周期后，23 例（67%）患者的血小板水平升高，输注前后未出现与治疗相关的不良反应。

结论 脐间充质干细胞能够有效地提高化疗后血小板减少患者的血小板水平，降低出血风险和输血频率，且不显著增加毒性。

PO-2087

高分子量激肽释放酶原（PK）缺乏症 1 例并文献复习

陈胜梅
郑州大学第一附属医院

目的 高分子量激肽释放酶原缺乏症患者在临床上较为罕见，本文旨在提高临床医师对该疾病的认识。

方法 回顾性分析 2023 年 10 月于我院确诊的 1 例高分子量激肽释放酶原缺乏症患者的临床资料，并进行相关文献的复习。

结果 患者，49 岁，女性。因头晕、乏力 1 月余就诊我院，无皮肤瘀斑等出血表现。血常规：HGB $95g/L$ （小细胞低色素性贫血），白细胞及血小板无异常。血清铁 $3.75\mu mol/L$ ，铁蛋白 $11.9ng/ml$ 。子宫彩超提示子宫肌瘤，大小约 $32 \times 24mm$ ，拟行子宫肌瘤切除术。术前筛查凝血示：APTT $84.4s$ ，PT 及 D-dimer 无异常。血栓弹力图：凝血因子（R）20min，纤维蛋白原功能（K）9.2min，纤维蛋白原功能（ANGLE） $32.2deg$ ，血小板功能（MA） $75.5mm$ 。1:1 血浆纠正试验示：混合后即刻 APTT $29s$ ，混合孵育 2h 后 APTT $29.5s$ 。凝血因子活性测定：FII、FV、FVII、FVIII、FIX、FX、FXII、vWF 活性均正常，FXI 活性 56.2%。进一步完善全外显子测序发现 KNG1:c.1744C>T(p.Gln582*)纯合突变。

结论 KNG1 基因编码前激肽蛋白，可造成缓激肽系统缺乏，导致 APTT 延长。文献报道，高分子量激肽释放酶原缺乏症患者临床无明显出血倾向，在接受外科治疗时，如果不存在其它出血因素，一般不需要输注血浆等替代治疗。

PO-2088

腺病毒介导的 B 型血友病基因治疗研究

孙庆云、闫振宇
华北理工大学附属医院

目的 1 将携带人凝血因子 IX (human coagulation factor IX, hFIX) 的重组腺病毒载体 (Ad-hFIX-GFP) 转染至 C57BL/6j 小鼠脂肪干细胞 (adipose-derived stem cell, ADSCs) 中并进行传代培养, 探讨 hFIX 基因是否可以在 ADSCs 内稳定表达。2 通过将 Ad-hFIX-GFP 转染的 ADSCs 经尾静脉注射入血友病 B (hemophilia B, HB) 鼠体内, 观察 hFIX 基因在 HB 鼠体内的表达情况, 并探讨 ADSCs 是否可以作为 HB 基因治疗的靶细胞载体。

方法 1 hFIX 基因在 ADSCs 内的稳定表达: 实验分为 4 组, A 组: Ad-FIX-GFP 首次转染 ADSCs; B 组: Ad-FIX-GFP 转染 ADSCs 细胞传代后 1 代; C 组: Ad-FIX-GFP 转染 ADSCs 细胞传代后 2 代; D 组: 正常 ADSCs。2 hFIX 在 HB 鼠体内的表达情况: 将实验分为 HB1 组: Ad-hFIX-GFP 转染 ADSCs; HB2 组: Ad-GFP 转染 ADSCs; HB3 组: 生理盐水, 将 3 组细胞分别经尾静脉注射入 HB 鼠体内, 在注射前 1 周、注射后的第 1、7、14、21、28 天采集血液标本, 注射后第 28 天采集肝脏及肺脏组织标本。3 通过 RT-PCR 检测转染后 ADSCs 内及 HB 鼠肝脏及肺脏内 hFIX 基因的表达情况, Western blot 检测转染后 ADSCs 内及 HB 鼠肝脏及肺脏内 hFIX 蛋白表达情况, ELISA 法检测转染后 ADSCs 上清液及 HB 鼠血浆中 hFIX 抗原的表达。

结果 1 hFIX 基因在 ADSCs 内稳定表达: 与 D 组相比, A、B、C 组可检测到 hFIX 基因转录。hFIX:Ag 结果显示 A 组、B 组、C 组明显高于 D 组, 差异具有显著性 ($P < 0.05$)。hFIX 蛋白表达灰度值与 D 组相比, A 组、B 组、C 组明显升高, 差异具有显著性 ($P < 0.05$)。2 Ad-hFIX-GFP 在 HB 鼠体内的表达结果: 肝脏组织中 hFIX 基因表达及 hFIX 蛋白结果显示 HB1 组结果呈阳性, HB2 组和 HB3 组结果呈阴性, 三组差异具有显著性 ($P < 0.05$)。肺脏组织中 hFIX 基因表达及 hFIX 蛋白结果显示 HB1 组、HB2 组和 HB3 组结果均呈阴性, 三组之间差异无统计学意义 ($P > 0.05$)。与 HB2 组和 HB3 组相比, HB1 组 ELISA 检测血浆中可见到 hFIX 抗原水平升高。

结论 1 Ad-hFIX-GFP 转染 ADSCs 可以稳定表达 hFIX 基因。2 Ad-hFIX-GFP 可在 HB 鼠体内分泌 hFIX, 腺病毒介导的血友病 B 基因治疗在动物体内可以表达。3 ADSCs 可作为 HB 基因治疗的靶细胞载体之一。

PO-2089

贝利尤单抗联合环孢素治疗激素难治性免疫性血小板减少症探索性研究初步结果

李会婷²、李晓燕²、毕慧¹
1. 昆明医科大学第二附属医院
2. 云南省保山市人民医院

目的 B 细胞激活因子 (BAFF) 是 B 细胞存活发育的重要信号分子, 其表达升高可能与免疫性血小板减少症 (ITP) 的发病有关。我们发起了一项单中心小样本探索性研究, 旨在评估靶向 BAFF 的贝利尤单抗和靶向 T 细胞的环孢素联合治疗激素难治性 ITP 的疗效和安全性。

方法 纳入满足原发性 ITP 或结缔组织疾病继发性 ITP 诊断标准的患者; 且病程大于 3 个月; 且对激素治疗无效或复发。他们接受贝利尤单抗治疗, 10mg/kg/次, 分别在第 0、2、4 周静脉滴注一次, 随后每 4 周给药直到第 24 周; 同时口服环孢素 2.5-3mg/kg/天, 连续 24 周。主要终点在第 52 周评估, 设定为总体反应率。次要终点包括反应持续时间、不良事件、淋巴细胞亚群变化等。

结果 目前共纳入 8 名患者, 男女比例 1:7, 年龄 42-61 岁, 平均年龄 52.50 ± 7.8 岁, 血小板减少的

中位持续时间为 12.5 年(1.75-22.50)。8 名患者中有 3 名(37.5%)是结缔组织疾病继发性 ITP。截止 2023 年 1 月 31 日,中位随访时间 7 个月(4.00-10.75),8 名患者均未达到主要终点的评估时间。4 名患者被纳入 6 个月时的疗效评估,反应率为 50%(2/4),6 个月以上持续反应率为 25%(1/4),呈完全反应。这名持续反应的患者被诊断为继发性 ITP,脾切除术后复发,属于难治性 ITP,血小板持续反应时间已达 10 个月。另外 1 名继发性 ITP 患者在第 2 周达到完全反应并维持,血小板持续反应时间达 4.5 个月。总的来说,病程时间较短的患者在前 12 周的血小板反应优于病程时间较长的患者($P<0.05$);而原发性 ITP 患者与继发性 ITP 患者在前 12 周的反应率无统计学差异($P>0.05$)。4 名患者进行了血小板抗体检测,3 名阳性,1 名阴性。血小板抗体阳性患者在前 12 周的血小板反应优于阴性患者(血小板抗体阳性患者均为病程较短组)。与贝利尤单抗的其他研究相似,过渡 B 细胞、幼稚 B 细胞、浆母细胞/浆细胞均在治疗后下降,记忆 B 细胞暂时表现为增加。联合治疗耐受性良好,未观察到研究药物相关严重不良反应、严重低丙种球蛋白血症或严重感染。

结论 贝利尤单抗联合环孢素可能是一种有效的 ITP 治疗方案,具有可接受的安全性。我们的探索性研究初步结果显示:病程时间较短的患者可能更能受益于此联合治疗,并且联合治疗在继发性 ITP 患者中可能有一定的应用前景。

PO-2090

狼疮样抗凝物 (LA)阳性患儿体内凝血因子水平变化的研究

李长钢、王纓、付笑迎、麦惠容、彭冬、刘仕林、王春艳、罗美珠、周桂池、李倩、唐雪、刘四喜、文飞球
深圳市儿童医院

目的 在成人体内狼疮样抗凝物 (LA)的出现往往需考虑可能存在血栓的潜在风险,从而引起临床医生的高度重视。但这种情况在儿童阶段出现其临床价值如何,是否存在出血风险还是血栓风险,常给临床儿科医生带来诊治方面的困惑。APTT 延长或并 PT 延长的患儿体内 LA 的出现究竟会对儿童会产生什么样的后果,目前对其的临床意义及认知仍不足。我们对我院 45 例因手术前检测或有出血性表现或临床检验过程中出现 APTT 延长的患者进行了 LA 的检测,并进行了各项凝血因子水平等项目检测,以分析其与出血状态的关联性。

方法 对 45 例因术前、出血性疾病、感染等疾病检测中出现 APTT 延长的患儿进行 LA 检测,同时对各凝血因子水平、血栓弹力图、自身抗体、抗中性粒细胞抗体、抗心磷脂抗体等检测。

结果 45 例患儿中,年龄最小 11 个月,最大 12 岁 8 个月,平均 5 岁 11 个月。男 21 例,女 24 例,男:女 0.88:1。各类手术前常规凝血四项筛查出现 APTT 延长者 15 例 (33.33%); 各类感染 14 例 (31.11%); 自身免疫性疾病 7 例 (15.56%); 鼻衄 5 例 (11.11%); 血小板减少 2 例 (4.44%); 血友病甲、乙各一例。本组单一 LA 筛选实验比值阳性 3 例,单一 LA 确认实验比值阳性 1 例; LA 标准比值与筛选比值均阳性而确诊比值阴性 13 例; 标准比值与筛选比值及确诊比值三项均阳性 28 例。分析该患儿体内凝血因子水平结果发现存在以下四种现象:一、严重因子活性下降/受抑 (二种以上因子活性水平下降,其中至少有一种因子活性低于 10%)者 10 例(22.22%),因子水平可低至 1%,大多伴有血栓弹力图的异常,临床有出血表现,最多者多达 6 项因子水平下降。二、轻度泛凝血因子水平下降/受抑 (二种以上因子活性低于正常但大于 10%) 16 例 (35.56%); 三、单项因子活性水平下降 12 例 (26.67%)。四、凝血因子水平正常甚至增高 6 例 (13.33%)。本组除一例川崎病患者自身抗体抗组蛋白+外,余病例自身抗体、抗中性粒细胞胞浆抗体、心磷脂抗体均阴性。部分病例血浆样本稀释 40-80 倍后,活性基本恢复正常水平。有趣的是分别在一例中型血友病甲和轻型血友病乙患儿体内发现了一过性 LA。APTT 延长及 LA 转阴时间最短一个月,最长二年 3 个月仍为阳性。所有患者临床观察过程中均未出现血栓形成迹象。

结论 体内 LA 可因多种原因诱导产生,在儿童时期常见,相当一部分原因不明。儿童时期体内 LA 大多为一过性存在,任何一项 LA 阳性均可伴有 APTT 延长。以往认为 LA 可导致 APTT 延长,但机体实则是处于潜在的高凝风险。本项研究发现 LA 阳性患儿体内可出现四种不同的出血状态,具有多样性。其不仅可导致 APTT 延长,同时可能具有抑制凝血因子活性的特性,或同时存在一种

甚至多种凝血因子活性的抑制物，严重者可导致临床出血症状的发生，而非血栓形成，因而应引起临床儿科医生的高度重视，其机制尚需进一步研究。

PO-2091

基于孟德尔随机化探究肠道菌群与免疫性血小板减少症的相关性

刘娟、黄莉评、尹薇、林心璐、王欣
遂宁市中心医院

目的 探讨肠道菌群与免疫性血小板减少症之间的因果关系。

方法 采用两样本双向孟德尔随机化的方法，选用 GWAS 汇总统计数据提取与暴露和结局相关的单核苷酸多态性作为工具变量，根据单核苷酸多态性的 P 值挑选暴露工具变量 ($P < 1 \times 10^{-5}$) 和结局工具变量 ($P < 5 \times 10^{-8}$)。运用三种不同的孟德尔分析方法进行双向双样本孟德尔分析肠道菌群与免疫性血小板减少症之间的关系，同时进行异质性、多效性等敏感性分析。

结果 该研究发现，PWY.6545..pyrimidine.deoxyribonucleotides.de.novo.biosynthesis.III(or 1.731, 95%CI 1.095-2.736),PWY.6609..adenine and adenosine.salvage.III(or 1.704, 95%CI 1.207-2.407),PWY.6892..thiazole.biosynthesis.l..E..coli(or 1.797, 95%CI 1.190-2.714), Alistipes_senegalensis(or 1.483, 95%CI 1.056-2.082), Bacteroides_coprocola(or 1.422, 95%CI 1.068-1.894) 与免疫性血小板减少症风险呈正相关。PWY.5686..UMP.biosynthesis (or 0.532, 95%CI 0.313-0.906), PWY.6285..superpathway.of.fatty.acids.biosynthesis..E..coli (or 0.738, 95%CI 0.607-0.898), PWY.7003..glycerol.degradation.to.butanol (or 0.735, 95%CI 0.554-0.974), PWY.7456..mannan.degradation (or 0.617, 95%CI 0.387-0.981), Flavonifractor_plautii (or 0.730, 95%CI 0.542-0.983), Bilophila_wadsworthia (or 0.633, 95%CI 0.425-0.941) 与免疫性血小板减少症风险呈负相关。反向孟德尔随机化分析未能发现免疫性血小板减少症与 11 种微生物及通路之间存在因果关系的证据。

结论 肠道菌群与免疫性血小板减少症之间存在潜在的因果关联。

PO-2092

以风湿标志物阳性和血栓为首发表现的恶性肿瘤 1 例并文献复习

胡靖晗、王芳
郑州大学第一附属医院

目的 分析风湿标志物阳性和血栓为首发表现的恶性肿瘤的临床特征，减少临床中恶性肿瘤表现为风湿标志物阳性和血栓时的误诊、漏诊。

方法 报道 1 例以风湿标志物阳性和血栓为首发表现的恶性肿瘤患者，并复习相关文献。

结果 49 岁女性，以“言语欠流利，口角流涎 16 小时”为主诉入院。完善头颅 MRI、结缔组织病全套后转风湿免疫科按“未分化结缔组织病？”，连续给予大剂量丙球辅以甲泼尼龙针血浆置换等治疗，疗效不佳，多次查凝血功能，FIB 减少，FDP 增高，D2 聚体增高，贫血，血小板少，外周血可见破碎红细胞，请血液科会诊，考虑：1.结缔组织病继发凝血功能障碍 2.肿瘤继发慢性 DIC？，给予低分子肝素，成分输血，同时完善 PET-CT 等均未发现肿瘤。但血象及凝血功能持续恶化，反复住院。后因“右腹持续性疼痛 1 天”为主诉再次入院，妇科彩超：宫颈实性占位，盆腔右侧实性包块，行宫颈组织活检术，病理：（宫颈组织）腺癌。

结论 自身抗体低滴度阳性，但无明显特征性的风湿性疾病症状时，或合并风湿性疾病无法解释的

症状时，需要考虑肿瘤的可能；出现纤溶亢进、血栓形成的患者，在排除出血性疾病、血栓性疾病等后，亦需要考虑恶性肿瘤导致的继发性纤溶亢进、血栓形成的可能。

PO-2093

DDAVP 联合 IL-4 对小鼠单核巨噬瘤细胞 LPCAT 和 PAF-AH mRNA 的表达影响

谢燕燕、闫振宇
华北理工大学附属医院

目的 探索 DDAVP（1-脱氨基-8-D-精氨酸血管加压素）联合 IL-4 对小鼠单核巨噬瘤细胞（RAW264.7 细胞系）溶血卵磷脂乙酰转移酶（LPCAT）mRNA 和血小板激活因子-乙酰水解酶（PAF-AH）mRNA 的表达影响。

方法 RAW264.7 细胞系接受 4 种不同的处理，即 IL-4+DDAVP 组：用含 IL-4（10ng/ml）的高糖 DMEM 培养液培养 12 小时后，加入 DDAVP（100ng/ml）继续培养 30min。DDAVP 组：用不含 IL-4 的高糖 DMEM 培养液培养 12 小时后，加入 DDAVP（100ng/ml）继续培养 30min。IL-4 组：用含有 IL-4（10ng/ml）的高糖 DMEM 培养液培养 12.5 小时。空白对照组：用高糖 DMEM 培养液培养 12.5 小时。培养结束后提取每组细胞总 RNA，逆转录成 cDNA，应用实时荧光定量 PCR 分别检测每组细胞 LPCAT mRNA 和 PAF-AH mRNA 的表达水平。

结果 LPCAT mRNA 表达水平分别为：IL-4+DDAVP 组为 1.23 ± 0.41 ，DDAVP 组为 0.77 ± 0.35 ，IL-4 组为 0.95 ± 0.42 ，空白对照组为 0.70 ± 0.23 ，levene 方差齐性检验结果为， $P=0.63$ ，方差齐；应用 LSD t 检验，IL-4+DDAVP 组和空白对照组比较，差异有统计学意义（ $P=0.019$ ）；IL-4+DDAVP 组和 DDAVP 组比较，差异有统计学意义（ $P=0.039$ ）。四个实验组 PAF-AH mRNA 的表达水平经 levene 方差齐性检验结果为， $P=0.01$ ，方差不齐，应用 Dunnett T3 t 检验，各组之间两两比较，差异均无统计学意义（ $P>0.05$ ）。

结论 DDAVP 联合 IL-4 可促进巨噬细胞 LPCAT mRNA 的表达，但不增加 PAF-AH mRNA 的表达。

PO-2094

Health-Related Quality of Life in Immune Thrombocytopenia Patients: A Bidirectional Mendelian Randomization Study

JIENI YU¹, Chao Xu¹, Feidan Gao¹, Kejie Zhang², Hongqiang Luo¹, Jiaping Fu¹, Weiying Feng¹, Pan Hong¹, Jing Jin¹, Leihua Fu¹

1. Shaoxing People's Hospital
2. Zhongshan Hospital, Xiamen University

Objective Immune thrombocytopenia (ITP) is a prevalent autoimmune bleeding disorder. Traditional observational studies have found that ITP patients experience a negative impact on health-related quality of life (HRQoL). However, it should be noted that HRQoL may have been artificially interfered with confounding factors, such as therapy, and thus it cannot be confirmed whether there is a causal relationship between ITP and HRQoL.

Methods We conducted a bidirectional Mendelian randomization (MR) study using summary statistics from genome-wide association studies of ITP ($n=394$) sourced from the FinnGen database. Health-related quality of life (HRQoL) data ($n=277-222,470$), including measures of fatigue, depression, anxiety, insomnia, working efficiency, physical activity, and energy level,

were obtained from three different databases. We applied the inverse-variance weighted (IVW) estimation method as a primary method and MR-Egger, weighted median, and MR-pleiotropy residual sum and outlier(MR-PRESSO) as sensitivity methods.

Results Our results reported that ITP patients are strongly associations with HRQoL including undertaking more activities to treat anxiety(OR:1.0018;95%CI:1.0002-1.0033;p=0.027) and difficult to stop worry(OR:1.0028;95%CI: 1.0001-1.0054;p=0.040), the frequency of tiredness increased(OR:1.0304;95%CI: 1.0059-1.0554;p=0.014), become emotional unstable(OR:1.0614;95%CI: 1.0010-1.1255;p=0.046), decrease working hours(OR:0.9960;95%CI:0.9920-0.9999;p=0.046), reduce doing heavy physical work(OR:0.9273;95%CI:0.8710-0.9873;p=0.018). Conversely, genetically predicted that energetic people have a lower risk for ITP (OR:0.696584;95%CI:0.499268-0.971881;p=0.033).There is no causal relationship between ITP patients and depressive episode, insomnia, energy of people, and the frequency of exercise.

Conclusion This study is consistent with the previous observational results, and genetically determined ITP patients appear the higher risk of anxiety, emotional instability, fatigue, and reduce the work productivity compared with the healthy individuals. Moreover, the energetic people have a lower risk of ITP.

PO-2095

Immune Thrombocytopenia Increases the Risk of Thrombosis: A Two-Sample Mendelian Randomization Study

JIENI YU¹,Chao Xu¹,Feidan Gao¹,Lina Ding¹,Li Hong¹,Jing Jin¹,Liming Tang¹,Weiyong Feng¹,Kejie Zhang²,Leihua Fu¹

1. Shaoxing People's Hospital
2. Zhongshan Hospital, Xiamen University

Objective Immune thrombocytopenia (ITP) is a prevalent autoimmune bleeding disorder. Clinical investigations have indicated that individuals with ITP face an elevated risk of thrombosis, and the occurrence of thromboembolic events in ITP patients can be attributed to multitudinous factors. However, establishing a definitive causal relationship between ITP and thrombosis remains challenging.

Methods A two-sample Mendelian randomization (MR) study was undertaken to investigate the causal association between ITP and thrombosis. Data from genome-wide association studies (GWAS) conducted by the FinnGen consortium and UK Biobank were utilized for this purpose. We employed the inverse-variance weighted (IVW) method, while supplementary analyses were conducted using the MR-Egger, weighted median, and MR-PRESSO approaches.

Results Based on the IVW method, our analysis reveals a significant causal association between ITP and thrombosis. Specifically, ITP patients exhibited a suggestive positive correlation with myocardial infarction (OR: 1.0294; 95%CI: 1.0026-1.0569; p=0.0312) and deep-vein thrombosis (OR: 1.0307; 95%CI: 1.0057-1.0562; p=0.0156). However, our investigation did not identify any causal relationship between ITP and cerebral infarction, arterial embolism, other arterial embolisms, pulmonary embolism, thrombophlebitis, or portal vein thrombosis. Sensitivity analyses further confirmed the accuracy and robustness of these findings.

Conclusion This study presents empirical support for the causal relationship between ITP and thrombosis. It is important to note that a diminished platelet count does not serve as a preventive measure against thrombus formation. Consequently, when managing a newly diagnosed ITP patient, clinicians need to be aware that there is a slight elevation in the risk of thrombosis during treatment.

PO-2096

Anemia Increases the Risk of Venous Thromboembolism? Insights from Genome-Wide Association Studies

JIENI YU, Jingli Li, Leihua Fu, Zhe Chen, Chunjiang Liu, Pan Hong, Weiyong Feng, Liming Tang, Wenzhen Ruan, Chao Xu
Shaoxing People's Hospital

Objective Venous thromboembolism (VTE) is a significant global health concern. Recent investigations indicate that anemia may increase the risk of VTE. Nevertheless, the presence of confounding variables in observational studies has rendered the causal association between anemia and VTE inconclusive.

Methods This study utilized a two-sample Mendelian Randomization methodology, employing genetic variants derived from specific large-scale genome-wide association studies as instrumental variables to investigate the causal relationship between anemia and VTE. Rigorous statistical analyses were conducted, including the primary analysis based on the inverse-variance weighted (IVW) method, along with supplementary analyses such as MR-Egger, weighted median, and MR-PRESSO, to ensure the reliability and validity of our results.

Results Our investigation unveils a noteworthy causal correlation between anemia and VTE. Anemia demonstrates an elevated susceptibility to embolism and thrombosis events (OR = 1.446, 95% CI: 1.104-1.895, $p = 0.007$). Furthermore, a positive correlation is observed between aplastic anemia and VTE (OR = 1.065, 95% CI: 1.003-1.131, $p = 0.040$).

Conclusion Anemia individuals face an increased risk of embolism and thrombosis events, and AA exhibits a potential association with VTE. Nevertheless, a comprehensive comprehension of the precise underlying mechanisms linking anemia/AA and VTE necessitates further exploration through supplementary research.

PO-2097

自噬相关蛋白在原发免疫性血小板减少症中的表达

刘清池¹、马兵¹、张丽红¹、潘凯歌^{1,2}、刘月彩³、刘新颖¹、赵丹¹、王建英¹、李月贤¹、沈扬¹、张慧敏¹、闫国超³

1. 河北医科大学第一医院血液内科
2. 山西省长治市人民医院
3. 河北医科大学第一医院检验科

目的 检测原发免疫性血小板减少症 (ITP) 患者外周血单个核细胞中自噬相关蛋白的表达, 探讨其在 ITP 发病机制中的作用。

方法 纳入 30 例 ITP 患者和 30 例健康体检者, 分别采集 5ml 外周血于 EDTA 抗凝管中, 提取每个样本中的单个核细胞, 采用实时定量荧光 PCR 法检测所有样本中单个核细胞的 II 型微管相关蛋白 1 轻链 3 (microtubule-associated protein 1 light chain 3, LC3-II)、蛋白 62 (P62)、苺氯素 1 (Beclin1)、UNC-51 样激酶 1 (ULK1)、自噬相关蛋白 5 (Autophagy Related Protein 5, ATG5) 的 mRNA 水平的表达量。

结果 经实时定量荧光 PCR 检测显示: 与对照组相比, ITP 患者组单个核细胞的 LC3-II ($P < 0.05$)、P62 ($P < 0.01$)、ATG5 ($P < 0.01$) 的 mRNA 表达水平明显升高, 差异具有统计学意义; ITP 患者组和对照组的 Beclin1 和 ULK1 的 mRNA 表达水平没有差异 ($P > 0.05$)。

结论 在 ITP 中存在自噬相关蛋白的异常表达, 提示异常的自噬活动可能参与 ITP 的发病机制。

PO-2098

焦亡相关蛋白在原发免疫性血小板减少症患者外周血中的表达意义

刘清池¹、张振钟^{1,2}、马兵¹、张丽红¹、刘月彩¹、刘新颖¹、张慧敏¹、沈扬¹、王建英¹、李月贤¹、潘凯歌⁴、闫国超³

1. 河北医科大学第一医院血液内科
2. 河北工程大学附属医院血液科
3. 河北医科大学第一医院检验科
4. 山西省长治市人民医院血液科

目的 探讨焦亡相关蛋白在原发免疫性血小板减少症患者外周血中的表达意义。

方法 本研究中,选择本院 2021-08 至 2022-08 收治的原发免疫性血小板减少症(ITP)患者 30 例为研究组,另选取 30 例正常健康体检者为对照组。研究组、对照组分别通过静脉采血法采集外周血样作为标本(EDTA 抗凝管采集)并标记分组,用 qRT-PCR 法检测胱天蛋白酶核苷酸结合寡聚化结构域样受体蛋白 3(NLRP3)、胱天蛋白酶-1(Caspase-1)、白细胞介素-1 β (IL-1 β) 在研究组、对照组外周血中的表达,并分析 NLRP3、caspase-1、IL-1 β 的表达水平与 ITP 发生发展的相关性。研究组、对照组中组间对照采用独立样本 t 检验,组内配对 t 检验,采用 GraphPad Prism8.3.0 软件包对所有数据进行统计学分析。

结果 根据 GraphPad Prism8.3.0 统计学分析,NLRP3 mRNA 在研究组、对照组中的表达水平差异性明显,具有统计学意义($P<0.05$)。Caspase-1 mRNA 在研究组、对照组中的表达水平差异性明显,具有统计学意义($P<0.05$)。IL-1 β mRNA 在研究组、对照组中的表达水平差异性明显,具有统计学意义($P<0.05$)。

结论 焦亡相关蛋白胱天蛋白酶核苷酸结合寡聚化结构域样受体蛋白 3(NLRP3)、胱天蛋白酶-1(caspase-1)、白细胞介素-1 β (IL-1 β) 在原发免疫性血小板减少症患者外周血中的表达具有显著差异性且有统计学意义($P<0.05$),提示 ITP 发病中可能有焦亡相关蛋白参与炎症反应,提示细胞焦亡参与 ITP 的发生发展。

PO-2099

A study on the unique molecular mechanisms of abnormal bleeding caused by gene mutations in FVII non-functional domain

Luju Chen¹, Yuan Zhao¹, Xiaomei Xu¹, Shixin Li¹, Dan Liang¹, Zhenyu Hao^{1,2}

1. 扬州大学
2. Affiliated Hospital of Yangzhou University

Objective Coagulation factor VII (FVII) is a key initiator of the exogenous coagulation pathway, and a severe deficiency of FVII will causes bleeding in the central nervous system, gastrointestinal tract, and death of infants around the time of birth in the case of a complete deficiency. FVII deficiency is caused by gene mutations and is inherited in an autosomal recessive pattern. However, the molecular mechanisms behind the disease resulting from mutations in the non-functional region of FVII have been poorly investigated and remain unclear.

Methods For the first time, we examined the molecular mechanisms of clinically identified mutations in non-functional regions using ELISA, BiFC, and coagulation activity assays.

Results Signal peptides are believed to impact protein protein secretion, but the results show that they also affect FVII binding to GGcX(Gamma-glutamyl carboxylase, GGcX). Such as

G22D mutation showed a significant reduction in combination with GGCX, leading to decreased carboxylation and coagulation activities. Pathogenetic mutations in the C-terminal propeptide of various VKDPs (Vitamin K-dependent proteins) affect propeptide cleavage efficiency but do not impact binding to GGCX. Our results revealed that pathogenetic mutations in the FVII prepeptide impact protein binding to GGCX and consequently protein carboxylation. When compared to the wild type, the propeptide with V54I mutation showed a significant reduction in combination with GGCX, leading to decreased carboxylation and coagulation activities.

Conclusion The results suggest that mutations in nonfunctional domains affect the functional expression and secretion by impact the binding of FVII to GGCX. This study could assist in the clinical diagnosis and treatment of hereditary coagulation factor-deficiency diseases.

PO-2100

High-throughput screening of coagulant drugs for VKCFD1-targeting GGCX mutation

Minwen Hong¹, Kang Liu¹, Dan Liang¹, Shixin Li¹, Zhenyu Hao^{1,2}

1. Yangzhou University

2. Affiliated Hospital of Yangzhou University

Objective Vitamin K-dependent coagulation factors deficiency 1 (VKCFD1) is a rare autosomal recessive bleeding disorder caused by mutations in the gamma-glutamyl carboxylase (GGCX) gene. It presents with bleeding abnormalities and is often accompanied by pseudoxanthoma elasticum-like syndrome, vascular calcification, and osteoporosis. The current treatment with vitamin K and warfarin lacks precision in targeting GGCX, resulting in significant individual variations. Screening of therapeutic agents for VKCFD1 treatment is urgent.

In order to identify coagulant drugs targeting GGCX against VKCFD1, the pre-study was conducted to characterize pathogenetic mutations in GGCX, in which I532R significantly increased the carboxylation activity of the coagulation factor IX, whereas S300F decreased its carboxylation activity.

Methods This study employed CRISPR-Cas9 technology to develop a reporter cell line with a GGCX knockout and expression of mutant forms (I532R or S300F) and coagulation factor IX (FIX). Various techniques, including cell-based assays, Western Blot, chemical cross-linking, ELISA, BiFC, and SPR, were utilized to screen the DiscoveryProbe™ FDA-approved Drug Library with 2,321 drugs.

Results Ultimately, some of these drugs were found to affect cell proliferation, leading to varying levels of FIX carboxylation. Guanosine, (+)-Catechin hydrate, and Betaine significantly increased FIX carboxylation, while 6,7-Dihydroxycoumarin, Tetrandrine, and Luteolin inhibited it, with carboxylation levels unaffected by cell proliferation.

Conclusion The results indicate that treating VKCFD1 can be achieved by combining drugs to target and regulate GGCX activity, to specifically control the carboxylation activity of FIX. This study develops a screening system for bleeding and coagulant drugs targeting GGCX mutations, providing insights for drug development to prevent and treat VKCFD1.

PO-2101

A study of clinical characteristics and Pathogenesis of 20 female hemophilia patients from a multi-centers of China

Lei Wang, Linhua Yang
The Second Hospital of Shanxi Medical University

Objective To explore the pathogenesis and clarify genetic information of female hemophilia in China.

Methods We established a nationwide molecular diagnostic platform for female hemophilia and gathered 21 female patients (including 16 HA and 5HB) across the country until May 2024. To identify F8/F9 mutations, we conducted whole-exome sequencing (WES) analysis and MLPA. We also used PacBio SMRT target sequencing of the F8/F9 gene. IS-PCR for F8 intron 22 and intron 1 inversion (INV22, INV1). XCI patterns were studied by PCR analysis of the CAG repeat region in the HUMARA gene.

Results Abnormally skewed X-chromosome inactivation combined with a F8 variant on the active allele was, as expected, the most common genetic etiology. There is an inverse relationship between X chromosome inactivation and factor activity. F8 defects and no skewed X chromosome inactivation also exist. Four patients with compound heterozygosity, and one homozygosity. Diagnosis and treatment are delayed. We report 6 novel F8 mutations.

Conclusion This is the first multi-centers molecular diagnostic platform for female hemophilia of China. The pathogenesis of female hemophilia patients is complex. We need to improve our knowledge of their clinical manifestations and pathogenesis. Molecular diagnosis of every patient is necessary for better next management and treatment.

PO-2102

从 mRNA-seq 探究 ITP 外周血单个核细胞基因表达变化

洪佳乐、郭新红、王秀娟、孙明玲、宋梦婷、范文霞、王新有、李芹芝
新疆医科大学第一附属医院

目的 通过 mRNA-seq, 系统分析对原发性免疫性血小板减少症 (ITP) 患者以及健康人的外周血单个核细胞 (PBMCs) 差异表达 mRNA (DEGs), 通过实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 验证与疾病明显相关的 mRNA, 探寻可能与 ITP 发生发展相关的免疫学机制及探寻潜在的靶基因。

方法 用 R 语言鉴定两组间 DEGs, P value < 0.05 且变化倍数 $|\log_2 \text{Foldchange}| \geq 1$ 认为有意义。将 DEGs 通过基因本体 (GO) 注释、京都基因百科全书 (KEGG) 通路富集、Cytoscape 软件进行蛋白互作网络的构建并得到枢纽基因 (hubgene) 和 Cibersort 分析免疫细胞分布情况。使用 qRT-PCR 对枢纽基因进行验证以及分析它们之间相关性。

结果 GO、KEGG 信号通路富集分析显示 DEGs 主要富集在髓样分化因子 88 (MyD88) 依赖的 Toll 样受体信号通路、炎症反应、固有免疫应答等条目上。Cibersort 分析发现, 在 PBMCs 中与健康个体对比 ITP 患者呈现 M0 单核巨噬细胞、NK 细胞、CD4+T 细胞浸润, 在转录组的 KEGG 代谢通路中我们发现了色氨酸的代谢过程的关键限速酶 IDO1 基因表达异常。qRT-PCR 结果显示 MAPK3、MYD88、MAPK14、TNF- α 等基因表达上调并且 MYD88 与通路相关基因表达呈正相关

结论 这些结果提示 ITP 患者 PBMCs 基因表达异常且可能与免疫细胞代谢异常相关, MYD88 依赖的 Toll 样受体信号通路可能为 ITP 发生发展过程中的关键通路, 但具体的机制还需要进一步的研究和探索。

PO-2103

单中心先天性纤维蛋白原病临床特征分析

谢燕燕、闫振宇
华北理工大学附属医院

目的 探讨单中心先天性纤维蛋白原病的分型、临床表现、实验室检查、诊断及纤维蛋白原替代治疗情况。

方法 对 2018 年 1 月至 2024 年 5 月就诊于华北理工大学附属医院的 36 例先天性纤维蛋白原病患者进行回顾性分析。所有患者均进行凝血功能检测,包括活化部分凝血活酶时间(APTT)、凝血酶原时间(PT)、凝血酶时间(TT)、纤维蛋白原活性(FIB:C)和抗原(FIB:Ag)。采集临床信息,包括年龄(诊断时)、临床表现、家族史、出血表型、血栓事件。

结果 根据纤维蛋白原活性/抗原比值为 0.7 的检验标准对患者进行分型诊断。36 例患者中,12 例(33%)异纤维蛋白原血症, 14 例(39%)低纤维蛋白原血症, 7 例(19%)低异纤维蛋白原血症, 3 例(8%)无纤维蛋白原血症。有明确家族史 13 例(36%)。17 名(47%)男性和 19 名(53%)女性,就诊时中位年龄为 49(0-82 岁)岁。异纤维蛋白原血症及异纤维蛋白原血症患者均无出血, 7 例(58%)无症状, 2 例患者手术, 均未行替代治疗; 5 例(42%)发生血栓, 且均为脑梗死或心肌梗死, 其中 4 例(80%)脑梗死为首表现。7 例(50%)低纤维蛋白原血症有出血表现, 有创操作后均行替代治疗。无纤维蛋白原血症均以脐带脱落后出血不止首诊, 患者均有严重出血, 均需纤维蛋白原替代治疗。

结论 多数先天性纤维蛋白原病患者症状轻微或者无症状, 且部分患者有家族史, 异纤维蛋白原血症患者血栓发生率高, 甚至为首表现, 该类患者有创操作下无需替代治疗, 低纤维蛋白原血症有出血表现患者有创操作前需替代治疗; 无纤维蛋白原血症患者出血症状较为严重, 发生时间早。抗原/活性<0.7 可作为临床分型诊断的依据。

PO-2104

ABO 血型不合血小板输注的有效性与安全性研究

庄金木、周世乔
南方医科大学深圳医院

目的 研究 ABO 血型不合血小板输注有效性和安全性。

方法 2020 年 1 月至 2024 年 1 月我院 ABO 血型不合血小板输注 271 人次, 纳入 128 人次为 ABO 血型不合实验组(B 组), 分主次侧不合组(10 人次)、主侧不合组(56 人次)、次侧不合组(62 人次); 128 人次 ABO 血型不合输注前和输注后 10 天内有 ABO 同型血小板输注史, 分别为 ABO 同型对照组(A 组)和 ABO 同型实验组(C 组)。以血小板输注后血小板变化值(Δ PLT)和 24h 血小板纠正增加指数(CCI)评估有效性, 以是否发生溶血性输血反应评估安全性。

结果 主次侧不合组, A 组、B 组、C 组之间 Δ PLT 和 CCI 无明显差异($P > 0.05$); A 组、B 组、C 组 Δ PLT 为 $(23.90 \pm 18.08) \times 10^9/L$, $(20.70 \pm 13.84) \times 10^9/L$, $(22.30 \pm 11.89) \times 10^9/L$; CCI 为 16.22 ± 13.22 , 13.80 ± 9.47 , 14.76 ± 7.92 。主侧不合组, B 组 Δ PLT 和 CCI 低于 A 组和 C 组($P < 0.05$), A 组和 C 组无明显差异($P > 0.05$); A 组、B 组、C 组 Δ PLT 为 $(15.98 \pm 16.48) \times 10^9/L$, $(10.07 \pm 11.58) \times 10^9/L$, $(15.41 \pm 16.38) \times 10^9/L$; CCI 为 10.63 ± 10.87 , 6.68 ± 7.50 , 10.45 ± 11.00 。次侧不合组, A 组、B 组、C 组之间 Δ PLT 和 CCI 无明显差异(P 均 > 0.05), A 组、B 组、C 组 Δ PLT 为 $(16.32 \pm 15.65) \times 10^9/L$, $(15.24 \pm 14.62) \times 10^9/L$, $(14.66 \pm 16.06) \times 10^9/L$; CCI 为 11.27 ± 10.71 , 10.52 ± 9.75 , 10.21 ± 10.68 。ABO 血型不合血小板输注无溶血性输血反应。

结论 ABO 主侧不合血小板输注有效性明显弱于同型血小板输注，不影响后期同型血小板输注效果；ABO 次侧不合血小板输注有效性与同型血小板相当，有可能影响后期同型血小板输注效果；ABO 血型不合血小板输注无溶血性输血反应。

PO-2105

Real-world experience of Hetrombopag in immune thrombocytopenia treatment

Yimei Feng,zhang xi

Medical Center of Hematology, The Xinqiao Hospital of Third Military Medical University Chongqing, China.

Objective At present, in the real world, we lack data on the treatment of immune thrombocytopenia (ITP) with Hetrombopag (HET), a newly thrombopoietin receptor agonist (TPO-RA) from China. This retrospective study aimed to investigate the real-world efficacy and safety of HET for ITP patients.

Methods ITP patients were enrolled and received HET as a monotherapy at an initial dose of 2.5 mg or 5.0 mg once a day. The primary endpoint was the proportion of responders whose platelet count (PC) achieved $\geq 50 \times 10^9 /L$, and was checked at 4, 8 and 12 weeks after treatment. The secondary endpoint was the safety profile of HET.

Results A total of 50 ITP patients were enrolled, the median time to response was 7 days; the mean PC reached to $104 \times 10^9 /L$ after 12-week treatment from baseline $16 \times 10^9 /L$, and the response rate increased to 71%. Secondly, 5mg/d group showed a significant better efficacy even at the 2nd week, compared with 2.5mg/d group ($P < 0.01$). When 11 out of 15 non-responsive patients in the 2.5mg group switched to the 5mg group, 6 of them showed a renewed response. Furthermore, 8 patients were switched to HET due to the lack of response to Eltrombopag, and 7 patients reacquired clinical response. There was no difference in the overall response rate (ORR) between HET as a second line medication and later therapies ($P = 0.951$). No serious adverse events were observed. Lastly, it was found the total number of megakaryocytes in the bone marrow was positively correlated with the therapeutic effect at 4 weeks ($P = 0.001$).

Conclusion Conclusions: Hetrombopag is effective and safe for the treatment of ITP in real world. An initial dosage of HET 5 mg/d and higher megakaryocyte number in bone marrow can lead to better therapeutic efficacy.

PO-2106

Dynamic Changes in Platelet Counts and Psychological State in ITP Patients after COVID-19 Infection

Yimei Feng,xiaoli chen,xi zhang

Medical Center of Hematology, The Xinqiao Hospital of Third Military Medical University Chongqing, China.

Objective At the end of 2022, the COVID-19 wreaked havoc in China as well as around the world. Here, we focused on the dynamic changes in platelet kinetics and psychological state in ITP patients before and after infection with COVID-19.

Methods A questionnaire survey was designed to retrospectively investigate the COVID-19-related symptoms, changes in platelet count, and psychological changes in ITP patients infected with Omicron variant during November 2022 to January 2023, with a healthy population survey conducted as a control.

Results A total of 90 ITP patients and 69 healthy individuals were included in the study. The results showed that only in terms of low-grade fever, the proportion of ITP patients was

significantly higher than that of healthy individuals, 31% vs. 17% ($p=0.04$). There were no statistically significant differences in other symptoms. Interestingly, it was found that there was a transient elevation in platelet counts (PC) of ITP patients after COVID-19 infection for a time period around, which then gradually decreased to the previous level after recovered from virus, including three subgroups comparison: $PC>100\times 10^9/L$ vs $PC<100\times 10^9/L$; ITP treatment vs non-ITP treatment; and Vaccination vs non-vaccination. The fear and concerns related to the infection of the COVID-19 were also compared between the two population. For ITP patients, there were strong concerns about “increasing caregiving pressure to the family” and “affecting platelet recovery” after infecting the virus.

Conclusion There was a transient elevation in platelet counts of ITP patients after COVID-19 infection, and the specific mechanism warrants further exploration. Additionally, ITP patients showed more anxiety and tension after being infected with COVID-19.

PO-2107

促血小板生成素受体激动剂治疗难治性血小板减少的临床研究

王丹、冯一梅
新桥医院

目的 评估新型促血小板生成素受体激动剂在真实世界中治疗复发/难治性血小板减少症的疗效及安全性

方法 1. 回顾性分析在真实世界中 R/R ITP 患者接受 HET 治疗的疗效及安全性，主要终点是治疗 2 周、4 周、8 周和 12 周后的应答者比例。临床反应定义为血小板计数 $\geq 50\times 10^9/L$ 。次要终点是 HET 治疗的安全性。中位起效时间定义为血小板计数 $\geq 30\times 10^9/L$ 或至少为基线血小板计数的两倍的时间。

结果 1. 在真实世界中，复发/难治性免疫性血小板减少症（R/R ITP）患者入组并接受 HET 作为单药疗法，初始剂量为 2.5mg/天或 5.0mg/天。共入组了 50 名 ITP 患者，中位应答时间为 7 天；基线平均血小板为 $16\times 10^9/L$ ，治疗 12 周平均血小板后达到 $104\times 10^9/L$ ，应答率提高至 71%。其次，5mg/天组在第 2 周的疗效明显优于 2.5mg/天组 ($P<0.01$)。此外，当 2.5mg 组 11 例 (11/15, 73%) 无应答患者转换为 5mg 组时，其中 6 例 (6/11) 恢复应答。8 例患者因 ELT 治疗无效转为 HET，其中 7 例患者获得临床应答。HET 作为二线药物与后线治疗的总应答率 (ORR) 差异无统计学意义 ($P=0.951$)。骨髓中巨核细胞总数与 4 周时血小板计数呈正相关 ($P=0.001$)。观察轻度头痛 2 例 (2/50, 4%)，转氨酶轻度升高 1 例 (1/50, 2%)。未观察到先前报告的任何严重不良事件

结论 1. HET 单药在真实世界中治疗 R/R ITP 是有效且安全的。

2. HET 初始剂量 5mg/天和较高的骨髓巨核细胞数量可带来更好的 ITP 治疗疗效。

PO-2108

去甲肾上腺素与凝血酶冻干粉棉球填塞对鼻出血的止血效果比较

彭美玲
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 去甲肾上腺素与凝血酶冻干粉棉球填塞对鼻出血的止血效果比较

方法 选取 2024 年 1 月-2024 年 6 月我病区诊治的 30 例骨髓瘤鼻出血患者为研究对象，采用随机数字表法分为对照组和观察组，各 15 例。对照组用去甲肾上腺素棉球填塞治疗，观察组凝血酶冻干粉棉球填塞治疗，比较两组临床疗效、止血时间、72 h 再出血率、以及不良反应发生情况。

结果 观察组治疗总有效率为 90.44%，高于对照组的 84.77% ($P<0.05$)；观察组止血时间短于对照组 ($P<0.05$)；观察组 72 h 再出血率为 5.56%，低于对照组的 19.44% ($P<0.05$)；观察组不良反应发生率为 8.77%，低于对照组的 14.24% ($P<0.05$)。

结论 去甲肾上腺素与凝血酶冻干粉棉球填塞对鼻出血均具有一定的止血效果，但凝血酶冻干粉治疗效果更优，可降低 72 h 再出血率，缩短止血时间，且不良反应少。

PO-2109

大剂量地塞米松治疗新发 SLE 相关免疫性血小板减少患者早期疗效分析

刘红云^{1,2}、阮业竣¹、梁子扬²、张国扬²、刘晓燕²、谢双锋²、聂大年²、马丽萍^{1,2}

1. 中山大学孙逸仙纪念医院深汕中心医院

2. 中山大学孙逸仙纪念医院

目的 系统性红斑狼疮 (SLE) 是免疫性血小板减少症 (ITP) 常见发病原因之一，以血小板减少为首表现的新发 SLE 患者，选择何种治疗能最快提升血小板数目，相关研究极少，本研究目的是探索这部分患者对于大剂量地塞米松疗的早期疗效。

方法 回顾性分析 2014-2019 年中山大学孙逸仙纪念医院入住血液内科以血小板减少为首表现的新发 SLE 患者共 24 例，均接受大剂量地塞米松(40mg/d×4d)冲击治疗后改 1mg/kg/d 强的松 2 周后减量。收集患者治疗前 (d0) 和治疗结束第 3 天 (d7) 的血小板数目，同时检测治疗前 CD19+B 细胞和 CD3+T 细胞比例。

结果 1. 临床特征：24 名新发 SLE 患者 (18 女，6 男)，平均年龄 38.6 (13-79) 岁，平均出血症状评分 2.33 (1-6) 分；2. 疗效评估：d0 平均血小板 $13.3 (2-29) \times 10^9/L$ ，d7 平均血小板为 $93.62 (4-326) \times 10^9/L$ 。24 例接受大剂量地塞米松冲击的 SLE 患者血小板早期反应率 (CR+R) 75% (18/24)，其中完全反应 (CR) 37.5% (9/24)，有效 (R) 37.5% (9/24)，无效 (NR) 25% (6/24)。3. 18 例早期反应组 (CR+R) 患者 CD19+B 细胞比 NR 组患者低 ($24.73\% \pm 5.76\%$ VS. $26.98\% \pm 7.25\%$, $P=0.838$)；早期反应组 CD3+T 细胞比 NR 组高 ($67.42\% \pm 3.45\%$ VS. $64.0\% \pm 7.65\%$, $P=0.647$)，两者差异均无统计学意义。

结论 对于以血小板减少为首表现的新发 SLE 患者，大剂量地塞米松冲击治疗血小板早期反应率高，治疗有效和无效组 CD19+B 和 CD3+T 细胞比例无明显差异。

PO-2110

血浆置换治疗时不同血浆制剂对患者凝血功能影响的差异

李静娴¹、李江萍²、常伟²

1. 武汉科技大学

2. 武汉科技大学附属普仁医院

目的 对比研究新鲜冰冻血浆与普通冰冻血浆及病毒灭活冰冻血浆进行血浆置换治疗时对患者凝血功能和内环境影响的差异，评价常用血浆制剂在血浆置换中的应用价值。

方法 回顾性收集本院 2023 年 1 月~2023 年 12 月 102 例血浆置换治疗的重症患者临床资料及转归，其中重型肝炎患者 19 例、风湿免疫病患者 83 例，分别使用 2000~3000ml 的不同种类血浆进行血浆置换治疗。根据使用血浆类型不同分为 3 组，新鲜冰冻血浆组 17 例、病毒灭活血浆组 22 例和普通冰冻血浆组 63 例。观察患者血浆置换前后 PT、INR、APTT、FIB、DD、Na、K、Cl、Ca、Hb、Plt 的变化值及临床症状改善状态。

结果 结果 患者的临床症状均有改善；新鲜冰冻血浆组血浆置换治疗后对凝血功能的影响无显著性差异（ $P = 0.051$ ）；病毒灭活血浆组和普通冰冻血浆组在血浆置换前后纤维蛋白原(FIB)的降低有显著性差异的（ $P < 0.05$ ）；其他检测值无显著性差异（ $P > 0.05$ ）。

结论 使用病毒灭活血浆和普通冰冻血浆行血浆置换时，患者 FIB 值降低影响显著；使用新鲜冰冻血浆进行血浆置换从实证分析对患者 FIB 值降低也还是有较大影响的。从降低经输血传播疾病风险的角度，建议使用病毒灭活血浆。患者在血浆置换前后需监测 FIB 水平，降低患者出血风险。

PO-2111

重组 ADAMTS13 及其突变体在人 BOECs 细胞中表达的研究

马珍妮、殷杰、谢丽倩、白霞、阮长耿

苏州大学附属第一医院，江苏省血液研究所，国家血液系统疾病临床医学研究中心，国家卫生健康委员会血栓与止血重点实验室，血液学协同创新中心

目的 血栓性血小板减少性紫癜（TTP）是由于人体内 ADAMTS13 酶基因缺陷（遗传性）或产生该酶抗体（获得性 TTP）从而导致该酶活性丧失、无法水解底物 VWF 所致。血浆置换疗法对 TTP 急性发作期治疗效果虽有明显改观，但仍存在易反复发作等问题亟待解决。

方法 本研究针对大部分获得性 TTP 患者的自身抗体能识别 spacer 区关键位点，对 ADAMTS13 基因进行改造构建突变质粒。瞬时转染人 HEK293 和人外周血来源的过度生长内皮细胞（BOECs），CCK8 检测细胞增殖以及激光共聚焦显微镜观察质粒在 BOECs 中表达情况。

结果 构建突变质粒:M4/M5-pEGFP-N1，对瞬转后的 HEK293 细胞收集的上清，作酶活检测，WT、M4 和 M5 酶活性分别为（ 107.76 ± 5.05 ）%、（ 82.56 ± 4.96 ）%和（ 118.04 ± 5.55 ）%。突变体 M4 和 M5 活性正常，后者甚至高于 WT。转染后 BOECs 能观察到增强型绿色荧光蛋白（EGFP）的表达，但突变体转染的细胞胞浆中蛋白有局部集中。增殖实验中，转染突变体的细胞活力明显高于 WT 转染的细胞。

结论 突变质粒首次转入人 BOECs 细胞,为后续体内实验和 TTP 的基因治疗提供理论和实验依据。

PO-2112

Influence of F8 gene mutation on outcome in immune tolerance induction of hemophilia A children with inhibitors

Zekun Li,Zhenping Chen,Jialu Zhang,Jie Sun,Zhengping Li,Xiaoling Cheng,Gang Li,Runhui Wu
Beijing Childrens hospital

Objective immune tolerance induction (ITI) therapy with extended and higher dose exposure of FVIII reagents eradicate inhibitor in hemophilia A patients with success rate of 60-90%. FVIII consists of a heavy chain (A1-a1-A2-a2-B domain) and a light chain (a3-A3-C1-C2) held together by non-covalent interactions. Type of F8 mutations constitutes an important predictor of ITI outcome. The role of F8 genotype and different domain are not well established. We aim to investigate the relationship between F8 genotype and outcome of ITI in hemophilia A children with inhibitors.

Methods We sequentially included patients with F8 genotype detected from registry of Beijing Children's hospital from January 2017 to December 2021. Patients were subjected to low-dose ITI regimen (FVIII 50IU/kg, QoD). All patients with higher titer inhibitors (≥ 40 BU) or refractory to ITI were added rituximab (ITI-Ritux). Inhibitors were considered eradicated (success) when titer < 0.6 BU at two consecutive visits (> 4 weeks apart) and without relapse for at least the following 3 months.

Results Totally 165 patients with median age of 4.3 years at ITI start were included and followed more than 24 months. At ITI start, 119 (72.6%) patients had high titer inhibitors, 45 (27.4%) patients had low titer inhibitors. At the end of ITI, 87 (53.0%) only received ITI, 77 (47.0%) combined with rituximab. The 22-intron inversion (40.2%), nonsense (19.5%), frameshift (10.4%), large deletion or duplication (14.6%) are the most common F8 mutation in inhibitor patients. Overall success was achieved in 141 (86%) patients. Those with 22-intron inversion, nonsense, and frameshift mutation showed similar success rate (90.9%, 90.6% and 88.2%, respectively). Twenty-four patients with large deletion or duplication showed the lowest success rate of 58.3%. Of these 24 patients, 14 patients had F8 gene only affected in heavy chain (not included B domain), all the 5 patients achieved success with “only” A1 domain (exon1-7) affected, 3 patients even without combining rituximab. Whereas, all 3 patients failure with “only” A2 domain (exon 8-13) affected. Another “all patients failure” occurred in the three patients with F8 deletion which span B domain. For those with F8 affected both A1 & A2 domain, 3/5 (60%) success. For those with only light chain affected, 6/8 (75%) success. Except for 3 patients with deletion spanning B domain, patients with A2 domain affected achieved lower success rate than others 37.5% vs 84.6% ($p=0.056$).

Conclusion Similar success rate was showed in inhibitor patients having F8 gene 22-intron inversion, nonsense or frameshift mutation. Failure likely to occur in those with F8 large deletion or duplication especially with A2 domain affected and deletion spanning B domain.

PO-2113

The Alternative Splicing Of LCK in Treg Induction In Immune Thrombocytopenia

胡翔,Shaoqiu Leng,Jun Peng
山东大学齐鲁医院

Objective Introduction:The defective Treg compartment is involved in the pathogenesis of immune thrombocytopenia (ITP), therefore, the mechanism of aberrant Treg induction in ITP still awaits further investigation.

Methods The CD4+ naive T cells(NTCs) isolated from ITP patients and healthy controls and performed high-throughput sequencing. Screen several genes of interest after analyzing the differential expression and splicing pattern. Construct minigene plasmid and RNA-CHIP to verify upstream splicing factor. Use antisense oligos to research the function of target gene on Treg induction.

Results Our results revealed the proportion of Tregs induced from CD4+NTCs in ITP was decreased in vitro. RNA-seq showed differentially expressed genes were enriched in the alternative splicing pathway and activated exon 8 (E8) skipping was found in the LCK gene which is the major TCR kinase in CD4+NTCs from ITP patients. We confirmed that overexpressed E8 spliced other than E8 included LCK limited TCR activation in T cells. Further, splicing factor X was identified as upstream regulator of LCK E8 inclusion, which lowly expressed in ITP. Antisense oligos, which suppressed LCK E8 recognition and enhanced exon skipping, prominently inhibited the potential of Treg induction in CD4+NTCs. Thus, we proved that lower expressed splicing factor X in the CD4+NTCs of ITP patients limit peripheral Treg induction by regulating LCK alternative splicing.

Conclusion Our study demonstrated that alternative splicing of LCK gene regulated by splicing factor X was involved in the pathogenesis of ITP, which provide new ideas and targets for the clinical treatment.

PO-2114

咖啡酸片联合地塞米松对比地塞米松治疗新诊断 ITP 的前瞻性, 多中心, 随机对照临床研究

王茹婷、刘洋、黄冰倩、李玉滨、王婉茹、侯明、侯宇
山东大学齐鲁医院

目的 背景: 原发免疫性血小板减少症 (ITP) 是以孤立性血小板减少为特征的出血性疾病。一线治疗大剂量地塞米松 (HD-DEX) 初始缓解率较高, 但超半数患者在治疗后 6 个月内复发。咖啡酸作为一种免疫调节剂, 在国内广泛用于血小板减少的治疗。本研究旨在探究咖啡酸片联合地塞米松对比地塞米松治疗新诊断 ITP 的疗效及安全性。

方法 本研究为前瞻性、多中心、随机、双盲、安慰剂对照的 II 期临床研究。纳入标准为 18-75 岁初治 ITP 患者, 基线血小板计数 $< 30 \times 10^9/L$ 。入组患者随机以 1:1 比例分配接受 HD-DEX (40mg/天, 连续口服 4 天为 1 周期, 共 2 周期, 间隔 10 天) 联合咖啡酸片 (0.9g/天, 分 3 次口服, 连续服用 3 个月) 或 HD-DEX 联合安慰剂治疗。主要终点为 6 个月持续缓解率, 定义为血小板计数 $> 30 \times 10^9/L$ 并较治疗前至少升高一倍, 且无出血表现。参与随机化并接受至少一次治疗的患者被纳入最终分析。

结果 本研究共纳入 217 例患者, HD-DEX 联合咖啡酸治疗组 109 人, HD-DEX 联合安慰剂组 108 人, 214 例患者接受了治疗并被纳入最终分析。HD-DEX 联合咖啡酸片组 6 个月持续缓解率为 52.8%, 显著高于 HD-DEX 联合安慰剂组 (37.7%, $p=0.027$), 且不良事件发生率未增加 (48.1% vs 40.5%)。最常见的不良反应包括胃肠道反应、焦虑和疲劳, 大多为 1-2 级且短暂可逆。两组均出现 1 例 3 级不良反应, 未出现 4 级及以上不良事件或死亡。

结论 咖啡酸片联合地塞米松治疗新诊断的成人 ITP 是安全有效的, 本研究为 ITP 的一线优化方案提供了新的思路。

PO-2115

RNA 测序在 PDGFRA 基因重排检测中的应用

陈龙、沈熠、杨少斌
天津见康华美医学诊断技术有限公司

目的 PDGFRA 基因重排常见于髓系肿瘤, 是 MLN-TK 诊断和治疗的重要遗传学标志, 核型分析和 FISH 是常规检测 PDGFRA 基因重排的主要方法。近年来 RNA 测序也广泛用于融合基因的检测, 确定 RNA 测序检测在临床应用的必要性具有重要的临床意义。本研究意在探讨 FISH 和 RNA 测序在 PDGFRA 融合基因检测中的临床应用价值。

方法 收集我实验室 2022 年至今 FISH 检测的 PDGFRA 重排阳性的样本, 利用 RNA 测序检测其重排的伴侣基因, 比较两种方法检测结果的一致性。对于 RNA 测序和 FISH 检测结果不一致的样本再进行 PCR 和 Sanger 测序验证进行确认。

结果 2022 年至今本实验室 FISH 共检出 15 例 PDGFRA 重排阳性病例。14 例为 FIP1L1::PDGFRA 融合阳性, RNA 测序结果也为 FIP1L1::PDGFRA 融合; 1 例为 PDGFRA 分离探针阳性, 该例核型分析发现伴有 t(4;7)(q12;q22) 易位, 推测为 PDGFRA 罕见伴侣基因, RNA 测序发现该例并非 PDGFRA 融合, 而是其相邻基因 CHIC2 和位于 7q22 上的 CDK6 基因的融合。Sanger 测序验证该例样本确认为 CDK6::CHIC2 融合。15 例 FISH 和 RNA 测序的 PDGFRA 基因重排结果的一致性为 93.3% (14/15), 有 1 例 FISH 检测到的 PDGFRA 重排, 经 RNA 测序和 Sanger 测序验证证实为非 PDGFRA 融合。

结论 PDGFRA 融合是 MLN-TK 诊断和治疗的重要标志物。本研究发现 FISH 检测 PDGFRA 融合会有假阳性的情况，对于 FISH 和常规核型分析检测阳性的重排，尤其是罕见报道的融合基因，需要用 RNA 测序等方法进行验证，避免假阳性，从而对诊断治疗造成误判。本研究强调了 RNA 测序在 PDGFRA 重排检测的必要性，为 RNA 测序在 MLN-TK 诊断治疗的常规临床应用提供了一定的基础。

PO-2116

Sex-Specific Impact on Disease Outcome and the Mutational Landscape in Essential Thrombocythemia

Jia Chen, Huan Dong, Renchi Yang, Lei Zhang
Chinese academy of medical science

Objective Male sex has been confirmed as an independent risk factor on survival effect in patients with essential thrombocythemia by mutation-enhanced international prognostic scoring system for essential thrombocythemia (MIPSS-ET). Females are more common in ET patients. The objective of our study was to comprehensively elucidate the impact of sex diversity on essential thrombocythemia, encompassing disease genotype, phenotype, and clinical outcomes.

Methods In this study, we performed retrospective chart review of 556 consecutive patients aged 18 years or older with a diagnosis of essential thrombocythemia according to the 5 World Health Organization classification of myeloid neoplasms. Recruitment periods for these patients were between January 2008 to June 2022. Overall survival (OS) from the time of diagnosis was estimated by Kaplan-Meier method with log-rank test. The effect of sex on clinical outcome, with OS, myelofibrosis-free survival, and thrombosis-free survival as the main endpoint, was analyzed in our cohort.

Results This study included 245 (44.1%) men and 311 (55.9%) women. The percentages of age > 60 years at diagnosis were 26.1% for men and 21.2% for women ($p=0.176$). Patients in the women cohort had lower red blood cell levels (4.54 vs. 4.81, $p<0.001$), lower hemoglobin levels (135 g/L vs. 146 g/L, $p<0.001$), lower percentage of cardiovascular risk factor (21.8% vs. 39.3%, $p<0.001$), and lower percentage of abnormal karyotype (37.3% vs. 50.6%, $p=0.009$). The treatment distributions between men and women cohorts were comparable ($p>0.05$). Sex biases were observed at the single-gene level with mutation in two genes enriched in males (SF3B1 $p=0.008$, ZRSR2 $p=0.024$). Additionally, sex biases were observed in co-mutational pathways of founding genomic lesions (genes related to spliceosome mutation (SM), predominantly in men, $p<0.001$). Patients with SM had inferior OS and myelofibrosis-free survival than those without SM ($p=2e-04$, $p=0.0078$). Sex disparity was observed in the transcriptome signature of bone marrow CD34+ cells from ET patients. From results of GO analysis, we observed that up-regulated differentially expressed genes in male patients were significantly associated with the unfolded protein signaling pathway, as well as dysregulation of hematopoietic differentiation. Moreover, we found that lipid and atherosclerosis, and platelet activation pathways were enriched in male patients by KEGG analysis. Overall, Men had worse OS and thrombosis-free survival than women (both of median survival not reached; $p=0.0081$, $p=0.019$, respectively).

Conclusion The findings from our study indicate that the implementation of a sex-informed approach has the potential to enhance the precision of personalized decision making in individuals diagnosed with essential thrombocythemia. Therefore, it is imperative to incorporate this approach in the planning and execution of clinical trials in the future.

PO-2117

Decitabine in combination with idarubicin within a modified busulfan/cyclophosphamide conditioning regimen for patients with advanced myelodysplastic syndrome: A prospective multicenter clinical cohort study

Yigeng Cao, Mingyang Wang, Erle Jiang

Hematopoietic Stem Cell Transplantation Center, Institute of Hematology and Blood Diseases Hospital, Peking Union Medical College and Chinese Academy of Medical Sciences, Tianjin 300020, China

Objective Allogeneic hemopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) represents the only long-term survival treatment choice for patients with myelodysplastic syndromes (MDS) and MDS/myeloproliferative neoplasm (MPN). Unfortunately, post-hemopoietic stem cell transplantation (HSCT) relapse remains a cause of treatment failure and the results of salvage treatments are poor. Developing better conditioning regimens is urgently needed. Previous studies have shown synergistic antileukemic effects between decitabine (DEC) and idarubicin (IDA).[1] In an attempt to design a conditioning strategy with very low toxicity but considerable myelosuppressive activity and potential immune-enhancing effects for patients with high-risk MDS and MDS/MPN, we combined DEC and IDA with busulfan, cyclophosphamide, and fludarabine for a modified myeloablative regimen in this prospective, multicenter cohort study (hereafter referred to as the “DEC/IDA study”).

Methods From January 2017 to February 2021, a total of 121 patients with MDS (\geq IPSS-R intermediate risk), CMML, and sAML after MDS or MDS/MPN from 10 Chinese hospitals were registered in the DEC/IDA study, of which 120 entered the study and were included in the analysis. Eligible patients in the DEC/IDA study received the myeloablative conditioning regimen consisting of 20 mg·m⁻²·day⁻¹ DEC (days -9 to -5), 3.2 mg·kg⁻¹·day⁻¹ busulfan (Bu, days -9 to -7), 30 mg·m⁻²·day⁻¹ fludarabine (Flu, days -6 to -4), 12 mg·m⁻²·day⁻¹ IDA (days -6 to -4), and 40 mg·kg⁻¹·day⁻¹ cyclophosphamide (Cy, days -3 to -2), followed by allo-HSCT. All patients with unrelated or mismatched-related donors received antithymocyte globulin (rabbit) at 2.5 mg·kg⁻¹·day⁻¹ (days -4 to -1). For graft-versus-host disease (GVHD) prophylaxis, tacrolimus at 0.03 mg/kg from day -5 and methotrexate at 15 mg/m² on day 1, 10 mg/m² on days 3, 6, and 11 were used.

Results Successful neutrophil repopulation was achieved in 119 (99.2%) patients with a median time of 13 (range, 6–23) days. Successful platelet repopulation was achieved in 116 (96.7%) patients with a median time of 16 (range, 9–314) days and 104 of 116 (89.7%) were within 28 days. From the conditioning regimen to hematopoietic reconstitution, a median of 7 (range, 1–62) packages of platelets and 8 (range, 0–36) units of peripheral red blood cells were transfused. All 85 evaluable patients achieved full donor chimerism within a median time of 15 (range, 12–58) days post-transplant. The 3-year OS rate, RFS rate, relapse incidence, and NRM incidence were 70.5% (95% CI, 62.7%–79.2%), 67.5% (95% CI, 59.6%–76.4%), 10.0% (95% CI, 5.4%–16.2%), and 22.5% (95% CI, 15.5%–30.4%), respectively. Importantly, we observed that only 13 patients relapsed within 3 years after HSCT, and the RFS rate (67.5%) was relatively higher than that reported previously, which arranges from 30% to 50%.[2–4] Thirteen patients, including two MDS with excess blasts (MDS-EB) I, eight MDS-EB II, and three sAML, experienced a relapse in a median time of 186 (range, 59–1401) days after HSCT. Ten of 13 (76.9%) patients received at least one cycle of chemotherapy followed by donor lymphocyte infusion after relapse, while 3 of 13 (23.1%) patients only received supportive care according to the willingness of the patients. Five of 13 (38.5%) patients achieved complete remission and survived at the last follow-up. Among the 35 patient deaths, 8 (22.9%) were due to relapse, and the deaths of 27 patients were due to treatment-related complications. Two patients died from persistent neutropenia and subsequent bloodstream infection early on day 8 and 20. The causes of NRM were aGVHD (n = 15, 42.9%), followed by infectious complications (n = 9, 25.7%) and cerebral hemorrhage

($n = 3, 8.6\%$) .To identify patients with more favorable outcomes from the DEC/IDA study, we compared outcomes with those of a historical cohort who received myeloablative conditioning regimen without DEC or IDA between January 2013 and January 2017, including Bu/Cy/Flu/cytarabine (Ara-c), Bu/Cy/Flu and Bu/Flu/Ara-c (dosage: Bu, $3.2 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{day}^{-1}$, days -9 to -7; Cy, $40 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{day}^{-1}$, days -3 to -2; Flu, $30 \text{ mg}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{day}^{-1}$, days -6 to -4; Ara-c, $2 \text{ g}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{day}^{-1}$, -4 to -2 days). The historical control cohort satisfied the same enrollment criteria. Ninety-five patients were included as historical controls. In patients with MDS-EB or sAML, the DEC/IDA study and historical control cohort achieved a 3-year OS of 70.9% (95% CI, 62.2%–80.8%) and 53.6% (95% CI, 42.0%–68.4%), respectively ($P = 0.054$) and a 3-year RFS of 67.0% (95% CI, 58.1%–77.2%) and 51.9% (95% CI, 40.35%–66.8%), respectively ($P = 0.130$).

Conclusion In conclusion, the addition of DEC and IDA to the myeloablative conditioning regimen was feasible and effective, with acceptable toxicity. This study provides an optimized strategy to improve the outcomes of patients with MDS and MDS/MPN, especially in patients with MDS-EB or sAML.

PO-2118

TIGIT 过表达促进骨髓增生异常综合征免疫逃逸机制的研究

孟凡桥、刘瑜、曾东风
中国人民解放军陆军特色医学中心

目的 骨髓增生异常综合征 (MDS) 是造血系统恶性肿瘤, 治疗方式有限, 疗效差, 死亡率高, 严重威胁人类健康。尽管经过多年研究, MDS 治疗取得一定进展, 但疗效不佳, 不令人满意。近来免疫靶向治疗突飞猛进, T 细胞免疫球蛋白和 ITIM 结构域蛋白 (TIGIT) 是与 NK 和 T 细胞发挥抗肿瘤作用相关的靶点受体, TIGIT 阻断被证实是有希望的治疗肿瘤的免疫治疗方法。然而, TIGIT 在 MDS 中的作用机制仍不清楚, 需要进一步研究来揭示其在 MDS 中的作用。

方法 本研究使用流式细胞术和 PCR 检测外周血 NK 和 T 细胞上 TIGIT 的表达, 骨髓 CD34+ 和 CD33+ 细胞上 CD155 的表达。此外, 其他免疫靶点如 CD226 和 PD-1 也被检测。为了进一步研究其发挥抗肿瘤的机制, 本研究使用流式细胞术检测了 TIGIT+ 与 TIGIT- NK 和 T 细胞 CD107a, IFN- γ 和 TNF- α 的表达, 使用 CCK-8 检测细胞增殖。分选 TIGIT+ 和 TIGIT-NK 和 T 细胞分别与骨髓 CD155 进行共培养, 检测共培养后 TIGIT+ 和 TIGIT-NK 和 T 细胞 CD107a, IFN- γ 和 TNF- α 的表达水平。

结果 MDS 患者 PB NK 和 T 细胞数量减少, 比例下降, 功能降低, MDS 患者外周血 NK 和 T 细胞上 TIGIT 表达明显升高 ($35.42\pm 15.55\%$ vs $18.32\pm 23.38\%$, MDS vs HD, $p=0.0006$), CD226 表达减低 ($53.85\pm 13.70\%$ vs $70.96\pm 10.25\%$, MDS vs HD, $p<0.0001$), PD-1 表达升高 ($31.11\pm 15.62\%$ vs $13.19\pm 13.03\%$, MDS vs HD, $p<0.0001$)。TIGIT+ NK 和 T 细胞功能明显低于 TIGIT- NK 和 T 细胞功能, 表明 TIGIT 可能抑制 NK 和 T 细胞功能, CD155 在 MDS 患者骨髓 CD33+ 和 CD34+ 细胞上高表达, 阻断 TIGIT 可逆转 NK 和 T 细胞功能的耗竭。

结论 本研究表明 MDS 患者外周血 NK 和 T 细胞数量及比例降低, 功能低下, TIGIT 及 PD-1 表达升高, CD226 表达降低, 其抗肿瘤作用降低。TIGIT+ NK 和 T 细胞功能明显低于 TIGIT-NK 和 T 细胞的功能, MDS 患者骨髓 CD33+ 和 CD34+ 细胞上 CD155 表达高于 HDs, 加入 TIGIT 和 PD-1 阻滞剂后, 可部分恢复 NK 和 T 细胞功能, 表明 TIGIT 可能参与 MDS 肿瘤免疫逃逸。以上研究结果表明, 靶向 TIGIT 或联合 PD-1 可能为 MDS 治疗的一种新方法, 迫切需要进一步的研究。

PO-2119

外周血 TIM-3 与骨髓增生异常综合征红细胞输注患者铁过载的关系研究

干定云、吴军、周曼、陈婉、姜雯
武汉市第三医院

目的 探讨外周血 T 细胞免疫球蛋白黏液素 (TIM-3) 与骨髓增生异常综合征 (MDS) 红细胞输注患者铁过载的关系。

方法 纳入并分析 2020 年 3 月-2022 年 2 月在武汉市第三医院接受诊治的 MDS 患者作为研究对象, 均符合红细胞输注指征, 输血前常规检测血常规、生化指标, 并统计分析患者一般临床资料。根据《铁过载诊断与治疗的中国专家共识》中铁过载诊断标准, 以红细胞输注 1 年内发生铁过载视为终点事件。采用 Logistic 回归, 分析外周血 TIM-3 与 MDS 红细胞输注患者铁过载的关系。

结果 本研究共入选符合条件的 MDS 患者 120 例, 82 例患者在红细胞输注后检测出铁过载, 铁过载发生时间为 20-42 周, 平均时间 (32.35±5.26) 周, 发生率为 68.33%。铁过载患者中修订的国际预后积分系统 (IPSS-R)、WHO 分型预后积分系统 (WPSS) 评估为高危、极高危比例, 输血量、输血依赖比例高于铁代谢正常患者, 差异有统计学意义 ($P < 0.05$); 铁过载患者血清铁调素 (Hepc)、促红细胞生成素 (EPO)、TIM-3 表达高于铁代谢正常患者, 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 血清 TIM-3 与 MDS 红细胞输注患者铁过载有关, 血清 TIM-3 表达上调增加红细胞输注后铁过载发生风险。

PO-2120

奥雷巴替尼治疗一、二代 TKI 耐药的慢性髓系白血病一例报告及文献复习

齐南南、王艳、牛志云、张敬宇
河北医科大学第二医院

目的 报道 1 例奥雷巴替尼治疗一、二代 TKI 耐药的慢性髓系白血病加速期 (CML-CP) 患者的疗效。

方法 回顾性分析 1 例奥雷巴替尼治疗一、二代 TKI 耐药的慢性髓系白血病加速期 (CML-CP) 患者的临床资料, 并进行相关文献复习。

结果 1 例 42 岁男性, 2 年前诊断为 CML-CP 并给予伊马替尼 400mg 1/日治疗, 口服伊马替尼 3 个月疗效不佳, 改为氟马替尼 600mg 1/日治疗, 3 个月后自行停药。1 年前自行口服伊马替尼治疗, 伊马替尼治疗 2 周后查 BCR/ABL^{IS} 67.8636%。ABL 激酶突变: 阴性。再次给予氟马替尼 600mg 1/日治疗。氟马替尼治疗 3 个月、6 个月 BCR/ABL^{IS} 分别为 14.5556%、41.0020%。考虑患者为一、二代 TKI 耐药且髓系肿瘤基因突变 NGS: 存在 ABL1 Q252H 突变 (VAF4.5%)。给予奥雷巴替尼治疗 1 个月 BCR/ABL^{IS} 为 18.302%, 奥雷巴替尼治疗 3 个月 BCR/ABL^{IS} 为 6.4725%。目前 BCR/ABL^{IS} 达 EMR, 患者未出现不良反应和停药。

结论 对于一、二代 TKI 耐药的 CML 患者, 应用奥雷巴替尼可显著获益, 但因随访时间较短, 需进一步监测其疗效及不良反应。

PO-2121

骨髓增生异常综合征疾病进展和白血病转化过程中 基因突变动态变化研究

严欣、田雨露、顾岩、刘娜、葛峥
东南大学附属中大医院

目的 通过分析骨髓增生异常综合征（MDS）疾病稳定（Stable disease,SD）组和疾病进展（Progressive disease,PD）/白血病转化（Leukemic transformation,LT）组患者病程中基因突变动态变化的差异，探索在 MDS 发生 PD/LT 过程中起关键作用的基因突变。

方法 收集 2019 年 5 月至 2023 年 8 月于东南大学附属中大医院就诊的 84 例 MDS 患者序贯样本（Sequential samples）行高通量二代测序基因突变检测；收集测序时临床参数与测序结果，回顾性分析 SD 组和 PD/LT 组 MDS 患者病程中基因突变动态变化。

结果 ①84 例患者中男性 51 例，女性 33 例，初次测序时中位年龄 69（31~95）岁。SD 组 51 人，PD 组 20 人，LT 组 13 人。初次测序时 PD/LT 组中位骨髓原始细胞比例高于 SD 组（1.6% 对 0.4%， $P=0.013$ ）。②84 例患者初次测序时基因突变检出率较高的依次为 ASXL1（ $n=21$ ，25%）、TP53（ $n=17$ ，20.2%）、TET2（ $n=12$ ，14.3%）、DNMT3A（ $n=11$ ，13%）、U2AF1（ $n=11$ ，13%）；PD/LT 组患者初次测序时中位基因突变个数显著高于 SD 组（2 个对 1 个， $P=0.014$ ）；PD/LT 组初次测序时 TET2（27.3% 对 5.9%， $P=0.01$ ）、SETBP1（15.2% 对 2%， $P=0.033$ ）、RUNX1（18.2% 对 2%， $P=0.013$ ）突变比例显著高于 SD 组。③84 例患者病程中检出率较高的新增突变（I 组突变）/克隆扩增突变（II 组突变）依次为 TP53（ $n=9$ ，10.7%）、TET2（ $n=7$ ，8.3%）、ASXL1（ $n=7$ ，8.3%）、RAS 旁路突变（ $n=7$ ，8.3%）；PD/LT 组中位 I/II 组基因突变数目显著高于 SD 组（2 个对 0 个， $P<0.0001$ ）。PD/LT 组患者 I/II 组 RAS 旁路（21.2% 对 0%， $P=0.001$ ）、TP53（27.3% 对 0%， $P<0.001$ ）、TET2（18.2% 对 2%， $P=0.013$ ）突变比例显著高于疾病稳定组。④PD/LT 组多数（9/12,75%）患者 TP53 突变为 I/II 组突变；SD 组患者 TP53 突变皆为克隆缩小（5/8,62.5%）或克隆稳定突变（3/8,37.5%）。PD/LT 组多数（7/8,87.5%）患者 RAS 旁路突变为 I/II 组突变；SD 组患者 RAS 旁路突变皆为克隆稳定突变（1/1,100%）。

结论 PD/LT 组患者初次测序时中位骨髓原始细胞比例和基因突变数目高于 SD 组；TET2、SETBP1、RUNX1 突变比例高于 SD 组。PD/LT 组中位 I/II 组基因突变数目和 I/II 组 TP53、RAS 旁路、TET2 基因突变比例高于 SD 组患者。I/II 组 TP53 和 RAS 旁路突变可能促使 MDS 发生 PD/LT。

PO-2122

Mutations associated with age-related clonal hematopoiesis in essential thrombocythemia with rapid progression to myelofibrosis

Jia Chen,Huan Dong,Lei Zhang
Chinese academy of medical sciences

Objective Age-related clonal hematopoiesis (ARCH/CHIP) is a frequent finding in the elderly and combinations with myeloproliferative neoplasms (MPN), including essential thrombocythemia (ET). Because ET primarily affects older individuals, mutations associated with ARCH/CHIP are encountered with higher probability and appear to modify the course of the disease. To determine the impact of ARCH/CHIP-related mutations for development of fibrosis in ET, the mutational

status of cases with fibrotic progression as evidenced by follow-up bone marrow biopsies was compared with subjects without development of fibrosis.

Methods We performed a retrospective chart review of consecutive patients aged 18 years or older with a diagnosis of essential thrombocythemia according to the 5th World Health Organization classification (WHO) of myeloid neoplasms. Patients who possessed Next-Generation Sequencing analysis were enrolled.

Results We performed a retrospective study of 556 adults ET patients. Frequent ARCH/CHIP-associated mutations (TET2, ASXL1, and DNMT3A) demonstrated in 17.4% of total cases were connected with fibrotic progression compared with those without mutations, and it remained an unfavorable factor (HR: 2.486 [95% CI: 1.191-5.190], P=0.015) after adjusting for age at diagnosis and cytoreduction treatments. Mutations which are rarely found in ARCH/CHIP (SRSF2, U2AF1, SF3B1, IDH1/2, and EZH2) were present in 5.9% of cases, and showed connected with fibrotic progression compared with those without mutations, and it remained an adverse factor (HR: 3.325 [95% CI: 1.265-8.742], P=0.015) after adjusting for age at diagnosis and cytoreduction treatments.

Conclusion We conclude that mutations associated with ARCH/CHIP provide an independent risk factor for rapid fibrotic progression in ET patients.

PO-2123

一例 PH+伴 46,XX,t(9;22;13;17)复杂异位的 CML 患者 实验室分析

戚蕾、李鸿瑞 蒋莉 郑珊林
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 研究一例 PH+伴 46,XX,t(9;22;13;17)复杂异位的 CML 患者实验室分析

方法 对一例 CML 患者的细胞形态学、免疫分型、细胞遗传学及分子遗传学的特征进行分析。

结果 细胞形态学符合慢性粒细胞白血病(CML)骨髓象，骨髓有核细胞增生明显活跃，粒红比(G:E)为 20.33 : 1。粒系(G)占 91.5%，比例增高，各阶段粒细胞均见，少数粒细胞胞浆颗粒减少；可见嗜酸、嗜碱细胞比例增高。血片提示白细胞数明显增多，原始及幼稚阶段粒细胞均可见，嗜酸性及嗜碱性粒细胞比例增高。免疫分型髓系增殖，伴部分细胞发育异常。中性粒细胞约占核细胞的 92.5%，比例明显增高，其阳性表达 CD10、CD11b、CD13、CD15、CD16、CD33、CD58、CD64。淋系增殖明显受抑。染色体核型分析结果为 46,XX,t(9;22;13;17)(q34;q11.2;q32;p13)[20]，提示 20 个中期相细胞均可见 ph 染色体,且表现为涉及 9、22、13 和 17 号染色体的多重断裂产生的易位，荧光原位杂交 (FISH) 提示 BCR/ABL 易位探针可见非典型融合信号，阳性率约为 94%。43 种融合基因筛查提示 BCR/ABL (P210) 阳性，血液肿瘤全转录组测序分析提示 BCR/ABL 融合基因阳性。

结论 慢性髓系白血病 (CML) 中，患者表现出 t (9; 22) (q34.1; q11.2) 易位，导致费城染色体 (Ph) 的形成，然而 46,XX,t(9;22;13;17)Ph+伴四重异位是 CML 中少见的变异复杂易位，综合实验室特征分析，有助于全面评价疾病预后，并为个体化治疗方案提供实验室依据。

PO-2124

伴 der (6) t (1; 6) 的原发性骨髓纤维化患者一例

王兰兰¹、李鸿瑞¹、蒋莉¹、郑珊林¹、刘建拓¹、贺艳丽²、陈祥俊²

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 伴 der (6) t (1; 6) 的原发性骨髓纤维化患者一例

方法 对一例原发性骨髓纤维化患者的临床资料、骨髓活检、细胞遗传学及分子遗传学的特征进行分析。

结果 临床资料如下，女，67岁，WBC 12.4×10⁹/L，RBC 3.31×10⁹/L，PLT 875×10⁹/L，HB 99g/L，N 9.89×10⁹/L；骨髓活检提示巨核细胞增生（2-15枚/HPF），散在或成簇分布，易见胞体大、核分叶增多细胞，部分低分叶核细胞，区域性纤维组织明显增生，免疫组化：CD34 少数+、CD117-、CD71 红系+、CD42b 巨核+，符合原发性骨髓纤维化（overt-PMF）的诊断；骨髓核型分析结果为 46,XX,der(6)t(1;6)(q21;p21.3)[8]/46,XX[12]，提示 20 个中期相细胞中 8 个细胞核型存在由 1 号和 6 号染色体易位产生的衍生 6 号染色体；BCR-ABL(P190 型,P210 型,P230 型)融合基因阴性，JAK2 基因 V617F 突变阳性，MPL W515L/K 基因突变阴性，未检测到 CALR 基因 9 号外显子突变，未检测到 JAK2 基因 12 号外显子突变。

结论 伴 der(6)t(1;6)(q21;p21.3)的原发性骨髓纤维化是一种罕见的染色体易位，被认为是 PMF 特异性染色体异常。综合临床及实验室特征分析，有利于全面评价疾病预后并为个体化治疗方案提供依据。

PO-2125

雷公藤内酯醇联合三氧化二砷通过抑制 NF-κB 信号通路诱导骨髓增生异常综合征细胞凋亡

盛丽、朱迎迎、温智尧、方明远、叶龙、顾思雨、华海应

江南大学附属医院

目的 骨髓增生异常综合征(Myelodysplastic syndromes, MDS)是起源于造血干细胞的一组异质性髓系克隆性疾病，易导致贫血、感染、出血及高风险向急性髓细胞白血病(Acute Myeloid Leukemia, AML)转化。本研究通过观察雷公藤内酯醇联合三氧化二砷对骨髓增生异常综合征细胞(SKM-1)增殖以及凋亡的影响，并探讨其发挥联合作用的机制。

方法 以骨髓增生异常综合征 SKM-1 细胞为研究对象，分别采用雷公藤内酯醇、三氧化二砷、雷公藤内酯醇联合三氧化二砷处理后，采用 CCK8 法检测对细胞活率；AnnexinV-FITC/PI 双染法流式细胞检测细胞凋亡水平；RT-qPCR 和 Westernblot 检测凋亡相关分子的 mRNA 水平表达和蛋白水平表达；RT-qPCR 和 Westernblot 检测 NF-κB 信号通路关键分子的 mRNA 水平表达和蛋白水平表达。

结果 雷公藤内酯醇联合三氧化二砷对 SKM-1 细胞活性具有显著抑制作用(P<0.0001)。与单药相比，雷公藤内酯醇联合三氧化二砷细胞可联合诱导 SKM-1 细胞凋亡(P<0.05)。雷公藤内酯醇联合三氧化二砷细胞的联合作用可更加显著地上调 Caspase3、Caspase8、PARP 的表达，下调 Bcl-2、Bcl-XL、clAP1 表达。二者联合可加强促进 NF-κB 信号通路中 p65 的表达，更加抑制 IκBα、p52、RelB 的表达。

结论 本研究阐述了雷公藤内酯醇联合三氧化二砷可显著抑制 SKM-1 骨髓增生异常综合征细胞，其机制可能是通过抑制 NF-κB 信号通路诱导细胞凋亡，这为临床运用两药联用治疗 MDS 提供了理论基础。

PO-2126

瘦素、内脂素等脂肪细胞因子在骨髓增生异常综合征中的临床意义研究

吕晓东
河南省肿瘤医院

目的 探讨骨髓中脂肪细胞因子 LEP、ADP、NAMPT、CFD、CTRP1 的水平与骨髓增生异常综合征（MDS）的发病、进展和预后之间的关系。

方法 回顾性分析 2020 年 2 月至 2022 年 2 月郑州大学附属肿瘤医院治疗的采用酶联免疫吸附法（ELISA）检测的 72 例 MDS 和 16 例 MDS 继发急性髓系白血病（secondary acute myeloid leukemia, sAML）患者骨髓上清液中的脂肪细胞因子，包括脂联素（adiponectin, ADP）、瘦素（leptin, LEP）、内脏脂肪素（nicotinamide phosphoribosyltransferase, NAMPT）、降脂素（complement factor D, CFD）和人补体 C1q 肿瘤坏死因子相关蛋白 1（C1q/TNF-related protein 1, CTRP1）。对其中的 70 例患者采用高通量测序靶向检测 78 种血液肿瘤相关基因，分析脂肪细胞因子与患者临床特征、疾病亚型、异常基因和预后等的关系。

结果 临床特征相关结果显示，男性 ADP 和 LEP 水平分别较女性显著降低（ $P=0.027$, $P=0.019$ ）； <65 岁患者的 ADP、CFD 和 NAMPT 水平较 ≥ 65 岁患者显著降低（ $P=0.020$, $P<0.001$, $P=0.021$ ），而 LEP 水平显著升高（ $P=0.043$ ）；体质指数（BMI） <24 kg/m² 患者 ADP 水平较 BMI ≥ 24 kg/m² 患者显著升高（ $P=0.025$ ），而 LEP 水平显著降低（ $P=0.020$ ）；原始细胞升高组的 NAMPT 水平较无原始细胞升高组显著升高（ $P=0.037$ ）；MDS 组的 CTRP1 水平较 sAML 组显著升高（ $P=0.010$ ）。异常基因相关分析显示，CTRP1 水平的升高与表观遗传相关异常基因的发生呈正相关（ $P=0.001$ ），与 TET2 和 U2AF1 的发生呈正相关（ $P<0.001$, $P=0.036$ ）；ADP 和 NAMPT 水平分别与 NPM1 的发生呈正相关（ $P=0.048$, $P=0.026$ ）。多因素 Cox 回归生存分析显示，LEP <0.2 ng/mL 是 MDS 患者无进展生存期（progression free survival, PFS）和总生存期（overall survival, OS）的独立危险因素（ $P=0.002$, $P<0.001$ ），而 NAMPT <2.1 ng/mL 是 MDS 患者 PFS 的保护因素（ $P=0.043$ ）。

结论 骨髓微环境中脂肪细胞因子包括 LEP、ADP、NAMPT、CFD、CTRP1 与 MDS 患者一般特征，基因突变以及预后密切相关，其中 LEP <0.2 ng/mL 是 MDS 患者独立的预后危险因素，而 NAMPT <2.1 ng/mL 是预后保护因素。

PO-2127

The correlation between VEXAS syndrome and myelodysplastic syndrome

Ye Jin, Jun Qian, Jiang Lin
Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

Objective The recently proposed inflammatory syndrome named VEXAS syndrome (vacuole, E1 enzyme, X-linked, autoimmune, somatic) is frequently associated with hematological conditions, inflammatory disease, and UBA1 gene mutations.

Methods Myelodysplastic syndrome (MDS) accounts for almost half of the hematological conditions associated with VEXAS syndrome, and patients with MDS frequently suffer from autoimmune diseases (AID).

Results Although ubiquitination can be affected by UBA1 gene mutations, the exact pathophysiology of VEXAS syndrome is still unclear. Patients with MDS and VEXAS syndrome always have a poor prognosis and rely on high-dose glucocorticoids for treatment.

Conclusion Azacytidine (AZA) and Janus kinase inhibitors (JAKi) are beneficial, and allogeneic hematopoietic stem cell transplant (allo-HSCT) may be the only way to recovery.

PO-2128

PDE6G 在骨髓纤维化贫血中作用机制的研究

罗哲晗、吴勇
福建医科大学附属协和医院

目的 本研究旨在探索 PDE6G 在 MF 红细胞生成减少导致的贫血中的作用，验证其对红系祖细胞分化的影响，以及揭示其分子作用机制，为 MF 红细胞生成减少导致的贫血的治疗提供新的见解。

方法 1.检测费城染色体阴性 MPN 不伴贫血患者和 MF 伴贫血患者的骨髓样本中 PDE6G 的表达情况。

2.使用 HEL 细胞株（带有 JAK2V617F 突变）模型进行 PDE6G 基因敲除和过表达。

3.通过流式细胞术检测 PDE6G 基因敲除和过表达对红细胞分化的影响。

4.将 PDE6G 基因敲除细胞株、对照组和空白组进行全转录组测序，并分析测序结果。

5.使用 miRNA 转染、蛋白质印迹分析、qPCR、免疫共沉淀、免疫荧光和 GST-pulldown 等方法探究 PDE6G 调控红系分化的机制。

6.在骨髓标本上进行机制验证。

结果 1.MF 贫血患者较费城染色体阴性 MPN 且非贫血患者，骨髓细胞 PDE6G 表达量明显增高。

2.在 HEL 细胞中，敲除 PDE6G 促进 CD71 表达。

3.在 HEL 细胞中，miR-144-3p 抑制 CD71 的表达。

4.BHLHE40 抑制 miR-144-3p 的启动子的转录功能。

5.在 HEL 细胞中，BHLHE40 下调 miR-144-3p 的表达并且上调 CD71 的表达，PDE6G 上调 miR-144-3p 的表达并且下调 CD71 的表达。

6.在 HEL 细胞中，PDE6G 与 BHLHE40 在细胞核内直接结合。

7.MF 贫血患者较费城染色体阴性 MPN 且非贫血患者，骨髓细胞 miR-144-3p 表达明显升高，CD71 表达明显降低。

结论 1.PDE6G 的异常过表达是红细胞生成障碍所致 MF 贫血的重要原因。

2.PDE6G 在核内与转录因子 BHLHE40 结合，抑制其负性转录 miR-144-3p 的作用，使 miR-144-3p 表达升高，从而抑制 CD71 的表达，阻碍红系祖细胞的分化，最终导致 MF 贫血。

PO-2129

A novel high-effective diagnostic model of Chronic Myelogenous Leukemia by Flow Cytometry

Yaokun Ma¹, Wen Du², Fangying Shang¹, Liangliang Song¹, Juan Li², Wei Liu², Jine Zheng²

1. Wuhan Kindstar Medical Laboratory Co., Ltd

2. Institute of Hematology, Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

Objective Flow cytometry plays a prominent role in immunophenotyping malignant hematological disorders. However, in the context of chronic myeloid leukemia in chronic phase (CML-CP), flow cytometry serves primarily as an auxiliary diagnostic tool.

Methods This study involved the analysis of 500 patients diagnosed with chronic myeloid leukemia (CML) and 106 patients without CML using flow cytometry. Significance testing between

the CML and non-CML groups was conducted using logistic regression to assess diagnostic value.

Results The analysis revealed significant differences ($p < 0.01$) in markers such as Neu%, Baso%, CD10%, CD38%, CD56%, CD64+CD16-%, CD15+CD11b+%, and Eos% between the CML and non-CML groups. Five significant markers were identified and used to construct a formula for CML diagnosis. The area under the ROC curve (AUC) demonstrated a value of 0.989, with a sensitivity of 98.0% and a specificity of 96.2%.

Conclusion Notably, potential diagnostic markers for chronic myeloid leukemia in chronic phase (CML-CP) were identified, and a diagnostic formula was constructed. These findings suggest a potentially crucial role for flow cytometry in the initial diagnosis of chronic myeloid leukemia in chronic phase (CML-CP).

PO-2130

BCR::ABL1 融合基因阴性骨髓增殖性 肿瘤临床病理学及基因遗传学特征

杨利群¹、陈钦²、于莹²、何秋蓉²、罗伟全²

1. 华银康集团

2. 广州华银医学检验中心有限公司

目的 探讨 BCR::ABL1 融合基因阴性骨髓增殖性肿瘤临床病理学及基因遗传学特征。

方法 收集 10118 例骨髓活检，筛选出 389 例 BCR::ABL1 融合基因阴性骨髓增殖性肿瘤，对其临床病理学特征（观察骨髓增生程度、三系造血情况、巨核细胞形态及网状纤维等）及染色体核型、MPN 相关基因突变（荧光聚合酶链式反应或二代测序）进行回顾性分析。

结果 原发性血小板增多症（ET）195 例（49.7%），真性红细胞增多症（PV）97 例（24.7%）；原发性骨髓纤维化，纤维化期（Overt-PMF）75 例（19.1%）；原发性骨髓纤维化，早期（Pre-PMF）18 例（4.8%）；MPN，无法分类（MPN, U）6 例（1.5%）。其中 324 例进行了基因突变检测，分别为 JAK2V617F 突变 257 例（79.3%）、CALR 突变 30 例（9.3%）、三阴性 19 例（5.9%）、MPL W515 突变 11 例（3.4%）、JAK2 Exon12 突变 4 例（1.2%）、JAK2V617F 与 MPL W515 双突变 2 例（0.6%）、JAK2V617F 与 CALR 双突变 1 例（0.3%）。部分患者额外检出 ASXL1、TET2、DNMT3A、CBL、SF3B1、IDH2、SH2B3、ZRSR2 等基因突变。217 例进行了染色体核型分析，191 例为正常核型（88%），26 例患者检出染色体异常（12%），依次为 1 号染色体异常（包括增加、衍生、复制及易位）、-Y、+8、del(20)、add/del(7)、del(6)、+9、t(9;13)、t(X;5)。

结论 BCR::ABL1 融合基因阴性 MPN 发生率约为 3.8%，主要依靠临床病理学特征及相关基因突变特征进行诊断分类及鉴别诊断。JAK2V617F 突变阳性率最高，CALR 和三阴性及 MPL 次之，JAK2 Exon12 最低，也可出现共同突变，且 JAK2 Exon12 突变仅出现在 PV 患者中，而 CALR、MPL 突变主要在 ET、PMF 中发生，不见于 PV 患者。BCR::ABL1 融合基因阴性 MPN 以正常核型为主，染色体异常率相对较低，以 PMF 最多见，ET 次之，PV 最少见。

PO-2131

ASXL1 基因突变在骨髓增生异常综合征中的临床结果和分子谱

彭娟¹、贡蓉²、张婕²、祝坤²、杨丽萍²、黄丽芳¹、孟凡凯¹、贺少龙²、张义成¹、隗佳^{1,2}

1. 华中科技大学同济医学院附属同济医院血液内科, 湖北武汉, 430030

2. 山西医科大学第三医院, 山西白求恩医院(山西医学科学院), 同济山西医院, 太原, 030032

目的 本研究旨在探索 ASXL1^{MUT} 与 MDS 患者临床结局的关联, 并验证其作为独立风险因素对 MDS 总生存期的影响, 特别是在高危 MDS 患者中的价值。

方法 在这项双中心前瞻性队列研究中, 我们对山西白求恩医院血液科和华中科技大学同济医院 210 名 2017 年 1 月至 2023 年 4 月间诊断为 MDS 的患者进行了全面的基因组测序分析。

结果 在我们的研究中, 44 例 MDS 患者 (20.95%) 观察到 ASXL1 突变 (ASXL1^{MUT}), 其中 26 例 (59.09%) 为移码突变, 18 例 (40.91%) 为非移码突变。我们发现 ASXL1^{MUT} 与 RUNX1、U2AF1、TET2、EZH2、SRSF2、NRAS 和 STAG2 突变共发生, 而与 NPM1 突变互斥。重要的是, 与 ASXL1 野生型 (ASXL1^{WT}) 患者相比, ASXL1^{MUT} 患者表现出更高的进展为继发性急性髓系白血病 (sAML) 的倾向和更高的疾病进展率。此外, 在高危 MDS 患者 (IPSS-R > 3.5) 中, 非移码 ASXL1^{MUT} 患者的总生存期 (OS) 显著短于移码 ASXL1^{MUT} 患者。多因素分析也表明, 非移码 ASXL1^{MUT} 是高危 MDS 患者 OS 的独立风险因素, 强调了 ASXL1^{MUT} 在 MDS 背景下的临床意义。此外, 为了探讨 ASXL1^{MUT} 变异等位基因频率 (VAF) 对 MDS 预后的影响, 我们以中位数 37.25% 作为分界点, 将 ASXL1^{MUT} MDS 患者分为高 VAF 和低 VAF 两组, 两组间 OS 和 PFS 均无统计学差异。

结论 总之, ASXL1^{MUT} 在 MDS 患者中增加了发展为 AML 的风险, 并且表现出更高的疾病进展率。特别是非移码 ASXL1^{MUT}, 在 IPSS-R 分类为高危的患者中, 是 MDS 患者总生存期较差的独立危险因素。

PO-2132

高水平血清可溶性 ST2 预测初治骨髓增生异常综合征的进展和不良预后

彭娟¹、阳兴程¹、乾虎¹、孟凡凯¹、黄丽芳¹、汪智琼¹、马玲²、隗佳¹

1. 华中科技大学同济医学院附属同济医院血液内科, 湖北武汉, 430030

2. 华中科技大学同济医学院协和医院检验科, 湖北武汉, 430022

目的 本研究首次探究血清可溶性 ST2 (sST2) 水平与骨髓增生异常综合征 (MDS) 患者临床结局之间的关系。

方法 在这项前瞻性研究中, 我们纳入了 2019 年 1 月至 2023 年 6 月期间 120 名新诊断的 MDS 患者。同时, 选择了同期 45 名健康志愿者作为对照组。我们采集了患者和健康人的外周血 (PB) 和骨髓 (BM) 样本进行评估。

结果 与健康人群相比, MDS 患者的血清 sST2 水平显著升高, 但在 MDS 的低危组和高危组之间未观察到统计学差异。根据 sST2 的最佳临界值将所有新诊断的 MDS 患者分为高水平组和低水平组。生存分析显示, 高水平 sST2 的患者的总生存期 (OS) 和无事件生存期 (EFS) 明显较低。多因素分析结果显示, 高水平的 sST2 和输血依赖是 MDS 患者 OS 和 EFS 的独立危险因素。相关性分析结果显示, sST2 与 sIL-2R α 、sIL-6、和 sIL-15 呈正相关, 提示其与炎症和免疫反应密切相关。sST2 水平在新诊断的 MDS 患者的 BM 和 PB 样本中以及新诊断和治疗后的 MDS 患者外周血中无统计学意义差异。此外, 我们还分析了 17 例 MDS 后发展为继发性急性髓系白血病 (sAML) 患者的 PB 中的 sST2 水平。结果显示, sAML 患者的 sST2 水平普遍较高, 但与新诊断的 MDS 患者

相比差异无统计学意义。

结论 MDS 患者的 sST2 水平显著升高，与疾病的进展和不良预后密切相关，可能是识别预后不良 MDS 患者的有价值指标。

PO-2133

JAK2V617F 阳性伴 ASXL1、TET2 突变经典骨髓增殖性肿瘤患者的临床特征及生存分析

张阳、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 研究 JAK2V617F 阳性伴 ASXL1、TET2 突变经典骨髓增殖性肿瘤 (MPN) 患者的临床特征及生存。

方法 对 2017 年 1 月至 2021 年 3 月在郑州大学第一附属医院就诊的符合 WHO (2016) 诊断分型标准且进行基因检测的初诊 MPN 患者进行回顾性研究，比较分析 JAK2V617F 阳性伴有 ASXL1 和/或 TET2 基因突变患者的临床特征及生存。

结果 接受基因突变检测且资料完整的经典 MPN 患者 367 例，检出 JAK2V617F 基因单独突变 (JAK2ASXL1-/TET2-) 患者 211 例 (A 组)，JAK2V617F 伴 ASXL1 突变 (JAK2ASXL1+/TET2-) 患者 21 例 (B 组)，JAK2V617F 伴 TET2 突变 (JAK2ASXL1-/TET2+) 患者 22 例 (C 组)，JAK2V617F 伴 ASXL1、TET2 共突变 (JAK2ASXL1+/TET2+) 17 例 (D 组)，共计 271 例。A、B、C、D 4 组患者性别、初诊时 WBC、HGB、中性粒细胞、PLT、LDH、脾大均无统计学差异 ($P>0.05$)，而发病年龄、中性粒细胞计数与淋巴细胞计数比值 (NLR)、初诊时血栓史、中位总生存时间、中位无进展生存时间差异有统计学意义 (P 值均 <0.05)。高龄 (≥ 60 岁)、高 WBC 值 ($WBC \geq 10 \times 10^9/L$)、高 HGB 水平 (男 $HGB \geq 160 g/L$ ，女 $HGB \geq 150 g/L$)、高 LDH 水平 ($LDH \geq 300 U/L$)、 $NLR \geq 3$ 、高血压、PV 及伴有 TET2 突变的患者均更易发生血栓事件 ($P < 0.05$)。A、B、C、D 4 组生存分析比较，3 年 OS 率：D 组 $<$ B 组 $<$ C 组 $<$ A 组 ($P < 0.01$)，3 年 TFS 率：D 组 $<$ B 组 $<$ C 组 $<$ A 组 ($P = 0.01$)，3 年 PFS 率：C 组 $<$ D 组 $<$ B 组 $<$ A 组 ($P < 0.01$)。

结论 高龄、高 WBC 值、高 HGB 水平、高 LDH 水平、 $NLR \geq 3$ 、高血压、PV 及伴有 ASXL1 突变是经典 MPN 患者发生血栓事件的危险因素。JAK2V617F 伴 ASXL1、TET2 共突变导致疾病进展及较差的总生存。

PO-2134

维奈克拉联合阿扎胞苷治疗骨髓增生异常综合征伴原始细胞增多型的疗效及安全性评估

姜立彩
邢台市人民医院

目的 评估维奈克拉联合阿扎胞苷治疗骨髓增生异常综合征伴原始细胞增多型的疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2021 年 2 月至 2023 年 10 月邢台市人民医院血液内科收治的 8 例维奈克拉联合阿扎胞苷治疗 MDS-EB 患者的临床特征、血常规、白细胞分类、生化及骨髓等检查结果及诊治经过，并分析相关的国内外文献。

结果 入组 8 例患者，5 例初诊 MDS-EB 患者，3 例阿扎胞苷治疗后疗后疾病进展，中位年龄 70 岁，

男性 5 例，女性 3 例，所有患者 IPSS-R 评分 3.5 分以上；

3 例患者获得 CR，3 例患者获得 mCR 伴血液学改善，2 例疾病稳定。获得应答时间为 1-2 个月。

6 例获得应答的患者，其中 1 例疗效持续时间 5 个月出现疾病进展治疗终止，更换其他治疗方案，1 例疗效持续时间 7 个月治疗终止，给予积极支持治疗，4 例患者仍处于应答状态，继续给予 VA 方案治疗。

不良反应：胃肠道反应，乏力，水肿均为 1-2 级不良反应，主要为 3-4 级血液学不良反应，其中 6 例出现 IV 级中性粒细胞减少，4 例出现粒细胞减少伴发热，2 例 IV 级血小板减少。

结论 维奈克拉联合阿扎胞苷治疗 MDS-EB，可以快速有效的清除骨髓原始细胞，使疾病得到很好控制，使一部分患者可以获得异基因造血干细胞移植的机会，不良反应主要为血液学毒性，积极支持治疗可以得到有效控制。

PO-2135

儿童进展期骨髓增生异常综合征基因突变特征及其临床意义分析

刘晨梦、陈云龙、汪星辰、李晓兰、万扬、陈霞、任媛媛、张丽、邹尧、陈玉梅、陈晓娟、刘芳、郭晔、竺晓凡、杨文钰

中国医学科学院血液病医院

目的 儿童进展期骨髓增生异常综合征（MDS）包括 MDS 伴幼稚细胞增高（RAEB）及 MDS 伴幼稚细胞增高转化型（RAEB-T），其发病率低，预后不良且基因突变发生率较高。本研究旨在评估儿童进展期 MDS 基因突变特征及其临床意义。

方法 收集儿童血液病诊疗中心根据 2016 WHO 标准明确诊断进展期 MDS 患儿临床信息，及骨髓样本进行二代测序，分析髓系肿瘤密切相关的热点突变基因与临床特征及预后关系。

结果 2011.6-2022.4 本中心明确诊断进展期 MDS 72 例，RAEB 54 例，RAEB-T 18 例，男 48 例，女 24 例。中位发病年龄 8（1-15）岁。88.9%（64/72）的患者携带一个以上的基因突变。其中 PTPN11 突变（16 例，22.2%）、SETBP1 突变（14 例，19.4%）、NRAS 突变（12 例，16.7%）、RUNX1 突变（10 例，13.9%）、NF1 突变（9 例，12.5%）、FLT3 突变（8 例，11.1%）、GATA2 突变（8 例，11.1%）、WT1 突变（8 例，11.1%）。33 例（45.8%）患儿携带 RAS/丝裂原活化蛋白激酶（MAPK）通路相关基因突变，这些基因主要包括 PTPN11、NRAS、NF1。PTPN11 和 NF1 的突变常同时出现（ $P=0.003$ ）。RAS/MAPK 突变与较高比例的骨髓原始细胞（14.25% vs 8%， $P=0.017$ ）有关。本研究发现 SETBP1 基因突变与单体 7 常协同出现（ $P<0.001$ ）。CBL 突变与较差的总生存率（OS）明显相关（HR: 3.089, 95%CI: 1.046-9.122, $P=0.041$ ）。虽没有统计学意义，携带 PTPN11 突变的患儿 OS 有较差的趋势，除一人在确诊 3 个月后失访外，所有携带 PTPN11 突变但未接受造血干细胞移植的患儿均在确诊后 3 至 18 个月内死亡。PTPN11 突变与较差 EFS 显著相关（HR: 2.909, 95%CI: 1.303-6.495, $P=0.009$ ）。在多因素分析中，CBL 及 PTPN11 突变对 OS 和 EFS 的影响均无统计学意义。

结论 儿童进展期 MDS 是儿童罕见的恶性髓系肿瘤，男性发病率较高，本研究数据显示影响 RAS/MAPK 通路基因是儿童进展期 MDS 最常见的基因改变。PTPN11 突变与与较差 EFS 相关。

PO-2136

Efficacy and Prognostic Assessment of Chemotherapy-Bridged Transplantation in Pediatric Patients with Advanced Myelodysplastic Syndromes

Xingchen Wang^{1,2}, Wenyu Yang^{1,2}

1. State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Tianjin 300020, China.

2. Tianjin Institute of Health Science, Tianjin 301600, China.

Objective Advanced MDS in children, including refractory with excess blasts (RAEB) and RAEB in transformation (RAEB-T), exhibits unique genetic features, poor prognosis, and a lack of standardized chemotherapy protocols. In the present study, we aimed to evaluate the efficacy of different chemotherapy regimens prior to hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) and to assess the prognosis.

Methods We conducted a retrospective analysis of 30 pediatric patients with MDS treated from Dec 2007 to Apr 2022. All patients underwent demethylating treatment or chemotherapy, with regimens including CAG (cytarabine + aclarubicin + granulocyte colony-stimulating factor) /HAG (homoharringtonine + Ara-C + G-CSF), decitabine (DAC) monotherapy, a combination of DAC and CAG/HAG, AML-like chemotherapy or other regimens. Post-chemotherapy, 76.7% (23/30) of the patients underwent bridging to allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT).

Results The median age of patients was 8 years (range: 1-15). The median percentage of bone marrow blasts was 15.8% (range: 5-30), while the median percentage of peripheral blood blasts was 4% (range: 0-40). Chromosomal karyotypes were analyzable at diagnosis in 29 patients (96.7%), of whom 20 (69%) presented with cytogenetic abnormalities. Monosomy 7 was the most frequent chromosomal aberration, occurring in 11 patients (37.9%). Out of the total, 7 patients were treated with CAG/HAG regimen, 9 patients were treated with decitabine, 10 patients received a combination of decitabine and CAG/HAG, and 4 patients were treated with AML treatment regimen. Among the 30 pediatric patients who underwent chemotherapy, response to the first treatment cycle could be evaluated in 25 cases, with an overall response (OR) of 60%. Complete remission (CR) /complete remission with incomplete blood count recovery (CRi) was documented in 11 (44%) patients, with 16% achieving CR. The remainder of the responses included partial remission (PR) (n=4, 16%), disease progression (PD) (n=2, 8%), and no remission (NR) (n=8, 32%). However, the differences in OR rate among these four regimens were not statistically significant ($p=0.18$). With a median follow-up of 27.5 months (range 1-172), 23 patients received HSCT after chemotherapy, and they had a higher 3-year overall survival (OS) and event free survival (EFS) rate compared to those who did not undergo transplantation (83% vs 14%, 78% vs 14%, $p<0.001$). Multivariate analysis showed that HSCT, responders after chemotherapy and the interval from diagnosis to HSCT were independent predictors of OS.

Conclusion Chemotherapy-bridged HSCT and a shorter interval from diagnosis to HSCT significantly improves the prognosis of advanced pediatric MDS. Therefore, it is imperative to initiate HSCT at the earliest feasible juncture for pediatric patients diagnosed with advanced MDS.

PO-2137

TNF- α 对骨髓纤维化的影响及其机制探索

王镇灏、杨竺铭、徐皓、梅宇、洪振亚
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 研究高水平的 TNF- α 在体内外对骨髓纤维化的影响，并进一步探索其影响骨髓纤维化的机制。

方法 在小鼠中构建 TPO 及 TNF- α 诱导的骨髓纤维化模型研究 TNF- α 在体内对骨髓纤维化的影响。在体外通过对 TNF- α 刺激后的巨核细胞系及相应对照细胞进行转录组测序，探索 TNF- α 影响骨髓纤维化的机制，并在 mRNA 水平、蛋白水平及分泌水平多层面的进行验证。

结果 在小鼠骨髓纤维化模型中，TPO 联合 TNF- α 组小鼠出现了明显骨髓纤维化，并出现了显著脾大和髓外造血现象，而其它处理组小鼠未出现骨髓纤维化。在巨核细胞系实验中，TNF- α 促进了巨核细胞系向成熟表型分化，并引起巨核细胞系产生的类血小板颗粒的活化。巨核细胞系的转录组测序分析发现 TNF- α 主要上调了 NF-kappa B 信号通路并引起了 CCL5 基因的上调。进一步通过 qPCR、WB 和 ELISA 实验验证了 TNF- α 通过 NF-kappa B 信号通路上调了 CCL5 表达和分泌。而 CCL5 可以促进 MPN 患者的原代骨髓成纤维细胞的增殖和纤维成分 α -SMA 与 COL1A1 的表达上调。

结论 在小鼠模型中，高水平的 TNF- α 在 JAK/STAT 信号通路激活的基础上可诱导骨髓纤维化，而且 TNF- α 可以通过 NF-kappa B 信号通路上调巨核细胞的 CCL5 表达和分泌，最终 CCL5 可以影响骨髓成纤维细胞的增殖与纤维成分合成。

PO-2138

不同去甲基化药物在治疗伴原始细胞增多的骨髓增生异常综合征的有效性及其安全性—1 项真实世界回顾性研究

陶玉、郭晓玲、聂子元、湛颖、张晓蕾、任金海
河北医科大学第二医院

目的 回顾性研究不同去甲基化药物(Hypomethylating agent, HMA)治疗伴原始细胞增多的骨髓增生异常综合征(Myelodysplastic syndrome with excess blasts MDS-EB)患者的有效性和安全性。

方法 回顾 2015 年 10 月至 2023 年 10 月在我中心收治的 86 例 MDS-EB 患者。根据治疗选择将分为：单药阿扎胞苷治疗组 (A 组, n=30)，单药地西他滨治疗组 (B 组, n=32)，阿扎胞苷联合化疗组 (C 组, n=14)，地西他滨联合化疗组 (D 组, n=10)，单药组 (A 组+B 组, n=62 例)，联合用药组 (C 组+D 组, n=24)。分析不同组别的治疗效果、安全性及预后因素。

结果 86 例 MDS-EB 患者的中位 OS 为 17 个月，中位 PFS 为 14 个月；4 个组间的 OS 及 PFS 无统计学差异 (P>0.05)；第 5 疗程治疗后评价患者的疗效，联合用药组 (C 组+D 组) 较单药组 (A 组+B 组) 的 CR 率更高 (63.64% vs 19.05%, P=0.002)，6 个月的 ORR 率也增高，但无统计学差异；余组间比较 CR 及 ORR 无统计学差异；通过单因素分析，结果显示基因突变总数、ASXL1、DNMT3A 是疗效的影响因素。基因突变总数<4 种的患者可获得较高的 ORR (X²=5.876, P=0.015)；各组间不良反应分析发现联合用药较单药治疗的血流感染及肾功能不全发生率高。

结论 选择不同 HMA 药物对 MDS-EB 患者的总生存无明显影响；HMA 联合用药可获得更高 CR 率及 ORR，但不良反应发生率也更高。

PO-2139

Prophylactic Intervention for Relapse after Allogeneic Peripheral Blood Stem Cell Transplantation Improve the Survival of adult patients with Myelodysplastic Syndrome based on IPSS-M stratification

Huixian Wu, Xianmin Song
Shanghai General Hospital

Objective To assess the prognostic accuracy of the Revised International Prognostic Scoring System (IPSS-R) and Molecular International Prognostic Scoring System (IPSS-M) for Myelodysplastic Syndromes (MDS) patients undergoing allogeneic peripheral blood stem cell transplantation (allo-PBSCT), and to evaluate the effectiveness of relapse prevention interventions in enhancing survival outcomes and reducing recurrence in those categorized as very high-risk by the IPSS-M model.

Methods This retrospective study analyzed 129 primary MDS patients who underwent allo-PBSCT at our center between June 2016 and February 2023. Patients were stratified by risk using the IPSS-R and IPSS-M models, and the models' abilities to predict post-transplant outcomes were compared. The very high-risk category of the IPSS-M model was analyzed as an independent variable to assess its impact on patient survival and recurrence, and the effectiveness of aggressive post-transplant relapse prevention interventions for these patients was evaluated. Analytical methods included the Mann-Whitney U test for continuous variables, Fisher's exact or χ^2 tests for categorical variables, and Kaplan-Meier survival analysis with log-rank tests. Cumulative incidences of relapse and non-relapse mortality (NRM) were evaluated using a competing risks approach, and prognostic factors were analyzed using Cox proportional hazards models, considering allo-PBSCT as a time-dependent covariate.

Results Approximately 43.5% of patients categorized under IPSS-R were reclassified in the IPSS-M model, predominantly with an increased risk level (29.5%). The IPSS-M model exhibited enhanced efficacy in predicting overall survival (OS) and relapse-free survival (RFS) across risk categories ($P=0.014$, $P=0.005$) compared to the IPSS-R model ($P=0.167$, $P=0.144$). Univariate and multivariate analysis showed that patient age ($P=0.004$, $P=0.008$), very-high risk category in IPSS-M ($P=0.002$, $P=0.002$), KPS score ($P=0.001$, $P=0.003$), and Grade 3-4 aGvHD ($P=0.012$, $P=0.014$) were the independent prognostic factors for OS and RFS. Specifically, the very high-risk category in IPSS-M was the sole independent predictor for the cumulative incidence of relapse (CIR) post-transplant ($P=0.003$). Patients in this category experienced significantly poorer OS and RFS ($P<0.001$, $P<0.001$), along with higher CIR and non-relapse mortality (NRM) ($P=0.003$, $P=0.034$). All patients who relapsed post-transplant (7.8%) were in the very high-risk IPSS-M group. Among these, those receiving prophylactic interventions for relapse demonstrated significantly improved OS and RFS ($P=0.011$, $P=0.021$), with no relapses within 20 months post-transplant. The 2-year OS (93.8%, 95% CI 63.2%-99.1%) and RFS (85.2%, 95% CI 51.9%-96.2%) were significantly improved in patients with prophylactic interventions, as opposed to OS (56.6%, 95% CI 42.1%-68.7%, $P=0.011$) and RFS (55.2%, 95% CI 41.0%-67.4%, $P=0.021$) in those without interventions.

Conclusion The IPSS-M demonstrates superior prognostic accuracy compared to the traditional IPSS-R model in assessing outcomes for post-transplant MDS patients. Additionally, targeted relapse prevention interventions, such as appropriate pharmacotherapy or donor lymphocyte infusions, in patients classified as very high-risk by the IPSS-M model, significantly mitigate relapse rates and mortality, thereby extending patient survival.

PO-2140

High expressions of checkpoint receptors in T cells subsets of myelodysplastic syndromes patients with TP53 mutations

Lingxu Jiang, Xin Huang, Li Ye, Ziyang Zhou, Hongyan Tong
The First Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine

Objective TP53 mutations were common in MDS patients and associated with adverse prognosis. The pathogenetic mechanisms of TP53 mutations in MDS were complicated. Recently, TP53 mutations were found to confer an immunosuppressive phenotype in MDS and AML. However, the expressions of checkpoint receptors in T cells subsets of MDS patients with TP53 mutations is unclear.

Methods Between December 2021 to May 2023, fresh bone marrow mononuclear cells (BM-MNCs) were obtained from 82 de novo MDS patients and 13 healthy donors, and isolated using Ficoll. Then, flow cytometry was performed on BM-MNCs to evaluate the expressions of checkpoint receptors (CTLA4, PD-1, TIM3, LAG3 and TIGIT) in T cells subsets including all T cells (CD3+), helper T cells (CD3+, CD4+), and cytotoxic T cells (CD3+, CD8+). TP53 mutations were examined in 67 patients who simultaneously accepted NGS examinations. The differences of the expression of checkpoint receptors in T-cells subsets were assessed by Mann-Whitney U test. Significance was defined as $P < 0.05$.

Results We firstly compared the expressions of checkpoint receptors in T cells subsets of MDS patients with healthy donors. In the whole T cells, MDS patients had increased frequencies of PD-1+ cells ($P < 0.05$), and TIM-3+ cells ($P < 0.05$) compared with healthy donors. As for helper T cells subset (Figure 1A), the percentages of PD-1+ cells ($P < 0.01$), TIM-3+ cells ($P < 0.01$), and TIGIT+ cells ($P < 0.05$) in MDS patients were higher than healthy donors, while no significant differences of the percentages of CTLA4+ cells or LAG3+ cells were observed between MDS patients and healthy donors. While only considering cytotoxic T cells (Figure 1B), the percentages of CTLA4+ cells, PD-1+ cells, TIM-3+ cells, LAG3+ cell, and TIGIT+ cells in MDS patients were as similar as those in healthy donors.

Next, we compared the expressions of checkpoint receptors in T-cells subsets between TP53-mutated MDS patients ($N=17$) and TP53 wild-type MDS patients ($N=50$). Among all T cells, significantly increased frequencies of CTLA4+ cells ($P < 0.01$), PD-1+ cells ($P < 0.05$), TIM-3+ cells ($P < 0.01$), and LAG3+ cells ($P < 0.01$) were found in TP53-mutated MDS patients compared with TP53 wild-type MDS patients. In helper T cells subset (Figure 1C), TP53-mutated MDS patients possessed increased frequencies of TIM-3+ cells ($P < 0.05$) and LAG3+ cells ($P < 0.05$) than TP53 wild-type MDS patients. But the frequencies of CTLA4+ cells, PD-1+ cells and TIGIT+ cells in helper T cells of TP53-mutated MDS patients were as similar as those in TP53 wild-type MDS patients. When focusing on cytotoxic T cells (Figure 1D), the percentages of CTLA4+ cells ($P < 0.01$), PD-1+ cells ($P < 0.05$), TIM-3+ cells ($P < 0.001$), LAG3+ cell ($P < 0.05$), and TIGIT+ cells ($P < 0.01$) were all significantly greater in TP53-mutated MDS patients than those in TP53 wild-type MDS patients. Also, the frequencies of CTLA4+ cells ($P < 0.05$), PD-1+ cells ($P < 0.05$), TIM-3+ cells ($P < 0.01$), LAG3+ cell ($P < 0.05$), and TIGIT+ cells ($P < 0.05$) in cytotoxic T cells of TP53-mutated MDS patients were higher than those in healthy donor (Figure 1D).

Conclusion Collectively, the percentages of PD-1+ cells, TIM-3+ cells, and TIGIT+ cells in helper T cells subset of MDS patients were higher than those in normal people, while the expressions of checkpoint receptors in cytotoxic T cells of MDS patients had no significant difference compared with those in healthy donors. However, when considering TP53 mutation status, the frequencies of CTLA4+ cells, PD-1+ cells, TIM-3+ cells, LAG3+ cell, and TIGIT+ cells in cytotoxic T cells of TP53-mutated MDS patients were all significantly higher than those in TP53 wild-type MDS patients or healthy donors. These results indicated T cells exhaustion and immunosuppressive

microenvironment existing in MDS especially those with TP53 mutations, and suggested that immunomodulatory therapeutic strategies targeting checkpoint receptors may be beneficial for MDS especially those with TP53 mutations.

PO-2141

罗特西普治疗骨髓增生异常肿瘤的长期随访研究

张杼新、胡青林、王乐宇、杨辰、陈苗、韩冰
中国医学科学院北京协和医院

目的 分析罗特西普治疗骨髓增生异常肿瘤（MDS）患者的疗效，安全性，以及长期的复发死亡和克隆演变。

方法 回顾性收集 2022 年 6 月-2023 年 6 月在北京协和医院就诊并使用罗特西普治疗大于等于 3 个月的 MDS 患者的临床资料。分析患者的临床特征、疗效、复发和转归情况。

结果 共纳入 41 例患者，其中 2 例（4.9%）初治，39 例（95.1%）难治/复发患者。中位罗特西普治疗时间为 10（3-21）个月，中位随访时间为 14（5-21）个月。患者在治疗后 3, 6, 12 个月，和随访期末红系反应率分别为 48.8%，51.3%，48.6%，和 41.5%。41 名患者中，有 23 名（56.1%）在基线时输血依赖。其中，13/23（56.5%）名患者在治疗期间脱离红细胞输注大于等于 8 周。患者在治疗后多个时间点血红蛋白均相较于基线显著升高（均 $P < 0.05$ ）。截至随访期末，共 4 例（9.8%）患者复发，3 例（7.3%）进展至急性髓系白血病（AML），2 例（4.9%）死亡。单因素分析显示，MDS-SF3B1 分型的患者 6 个月红系反应率更高（ $P = 0.036$ ），基线 $EPO \leq 500$ 的患者 6 个月红系反应率有更高的趋势（ $P = 0.070$ ）。多因素分析显示，MDS-SF3B1 分型是 6 个月红系反应率的独立影响因素。

结论 罗特西普治疗 MDS 患者有效率高，可有效降低患者输血依赖比例，提高血红蛋白，安全性好，复发进展率较低。其中，MDS-SF3B1 分型与 6 个月红系反应率有关。

PO-2142

非输血依赖型骨髓增生异常综合征患者接受罗特西普治疗的真实世界回顾性研究：一项医疗索赔数据库研究

Leslie A. Andritsos¹、Kirolos S. Hanna²、Enrico Zanardo³、Ali McBride⁴、Victoria Barghout⁵、Rui Song⁶、Lynn Huynh⁶、Derek Tang⁴、Mihran Yenikomshian⁶、Kashyap Patel⁷

1. University of New Mexico, Albuquerque, NM

2. Minnesota Oncology, Minneapolis, MN

3. Analysis Group, Denver, CO

4. Bristol Myers Squibb, Princeton, NJ

5. VEB Healthcare, Morristown, NJ

6. Analysis Group, Boston, MA

7. Carolina Blood and Cancer Care Associates, Rock Hill, SC; USA

目的 骨髓增生异常综合征（MDS）是老年人中常见的血液系统恶性肿瘤，以持续性血细胞减少，高风险向急性髓性白血病（AML）转化为特征。因为贫血，许多 MDS 患者需要输注红细胞（RBCT），但输血有时反而加重患者的疾病和经济负担。III 期随机对照试验显示，罗特西普可降低红细胞生成刺激剂（ESA）难治性和 ESA 初治、输血依赖型（TD）较低危 MDS 患者的贫血严重程度 1。但罗特西普用于非输血依赖型（NTD）或低输血负荷患者的真实世界数据有限。本研究旨在描述美国 NTD 较低危 MDS 患者在罗特西普治疗前后的真实世界临床结局和治疗模式。

方法 本队列研究基于 Symphony 索赔数据库数据，识别首次罗特西普用药索赔（索引日期）之前诊断为 MDS 的成人患者。若患者在索引日期前 8 周内（包括索引日期当天）无特定的 RBCT 索赔记录，则被判定为 NTD。在研究期间接受化疗或诊断为难治性贫血伴原始细胞增多/AML 的患者，或在索引日期前 6 个月内被诊断为 β -地中海贫血、骨髓纤维化、再生障碍性贫血或乳腺癌，或既往接受去甲基化药物（HMA）治疗的患者被排除在外。在基线期评估患者人口统计学和临床特征，在索引日期后 6 个月时评估患者的 RBCT 状态。如果患者在 ≥ 1 次滚动的 8 周期间未接受 RBCT，则被视为 8 周 NTD；12 周、16 周和 24 周 NTD 的定义与之相似。在索引日期前后评估其他 MDS 治疗药物的应用情况，直至临床失效或数据无法获得（随访结束）。

结果 在 871 例符合入组标准并接受罗特西普治疗的患者中，589 例（67.6%）在罗特西普用药开始前为 NTD 患者，其平均年龄为 74.7 岁[标准差（SD）：6.3 岁]，57.2% 为男性。在罗特西普用药开始前，15.3% 的患者接受过 2 种治疗，0.8% 的患者接受过 ≥ 3 种治疗。在罗特西普用药开始后 6 个月内，98.5% 的患者维持 8 周 NTD 状态。与之相似，罗特西普治疗后 6 个月内维持 12 周、16 周和 24 周 NTD 状态的患者比例分别为 96.8%、94.1% 和 88.6%。大多数患者（64.7%）在研究随访期间（中位随访时间 15.7 个月；SD 7.4 个月）无需接受其他 MDS 相关治疗。接受罗特西普治疗 > 6 个月和 > 12 个月的患者比例分别为 77.1% 和 68.4%。在开始罗特西普治疗后，14.9% 患者最常接受的治疗为 ESA 或 HMA。

结论 这是首个评估罗特西普治疗前 NTD 人群接受罗特西普治疗效果的真实世界研究，结果显示患者临床结局良好，几乎无需 RBCT。几乎所有启用罗特西普时 NTD 状态的较低危 MDS 患者在罗特西普治疗 6 个月期间可维持 8 周 NTD 状态，大多数患者可维持 24 周无需 RBCT。在中位随访 15.7 个月后，超过 3/4 的患者仍在接受罗特西普治疗，2/3 的患者未接受其他 MDS 相关治疗。

PO-2143

抑制 EZH2 通过 RHA/S100A9 信号通路诱导 MDS 细胞焦亡

张琪、罗颖婉、叶丽、王玉霞、佟红艳
浙江大学医学院附属第一医院血液科

目的 明确在不携带 EZH2 突变及 7 号染色体异常的初诊 MDS 患者中 EZH2 的表达情况，及与患者临床特征和预后的相关性，探究 EZH2 在 MDS 中的作用及具体分子机制。

方法 采用 RT-qPCR 检测不携带 EZH2 突变及 7 号染色体异常的初诊 MDS 患者及健康供者骨髓单个核细胞 EZH2 的表达水平，整合 MDS 患者的临床信息，分析 EZH2 转录水平与患者临床特征之间的相关性，通过比例风险回归模型进一步探究 EZH2 的 mRNA 表达水平对 MDS 患者预后的影响。采用 CellTiter-Lumi™ 发光法检测 EZH2 抑制剂对 MDS 原代细胞活力的影响，并用不同死亡方式的抑制剂预处理 MDS 细胞系找出 EZH2 抑制剂杀伤 MDS 细胞最主要的死亡方式。通过转录组学联合蛋白质组学测序技术，寻找抑制 EZH2 诱导 MDS 细胞焦亡的分子机制，并用 CO-IP，免疫荧光、共聚焦显微成像，敲低及过表达技术加以验证。通过尾静脉注射 SKM-1-luciferase 细胞构建 MDS 人源异种移植小鼠模型，将构建成功的小鼠随机分为对照组和 DZNep 处理组，利用荧光成像、H&E 染色和流式细胞术检测 MDS 人源异种移植小鼠体内肿瘤负荷，Kaplan-Meier 法比较两组小鼠的生存时间，Western blot 检测小鼠骨髓细胞中相关蛋白的表达水平。

结果 相比于健康供者，EZH2 在 MDS 患者中（无 EZH2 突变和 7 号染色体异常）表达明显升高，且其高表达与预后不良相关，是 MDS 患者预后不良的独立危险因素；抑制 EZH2 能够通过 RHA/S100A9 信号通路诱导 MDS 细胞焦亡；EZH2 能够与转录因子 SPI1 结合共同促进靶基因 RHA 的表达；EZH2 抑制剂能够降低 MDS 小鼠的肿瘤负荷，延长其生存期。

结论 本研究明确了在无 EZH2 突变和 7 号染色体异常的初诊 MDS 患者中 EZH2 mRNA 及蛋白表达水平均高于健康供者，且 EZH2 高表达与预后不良相关。体内和体外实验证实抑制 EZH2 可以抑制 MDS 原代细胞及细胞系的活力，减轻 MDS 人源异种移植小鼠体内肿瘤负荷，延长小鼠生存期。机制上，首次发现抑制 EZH2 能够通过 RHA/S100A9 信号轴诱导 MDS 细胞焦亡以及 EZH2 以不

依赖其组蛋白甲基转移酶活性的方式促进 RHA 的表达。本研究结果表明 EZH2 有望成为 MDS 的治疗新靶点。

PO-2144

骨髓增生异常综合征伴骨髓纤维化患者基因突变分析

马洪霞

郑州市第三人民医院

目的 研究骨髓增生异常综合征伴发骨髓纤维化 (MDS-MF) 与其基因突变的相关性; 方法 采用染色体显带和 FISH 技术, 以及二代基因测序技术, 研究了 36 例 MDS-MF 和 29 例 MDS 非骨髓纤维化 (MDS-MF0) 患者的染色体核型和基因突变;

方法 采用染色体显带和 FISH 技术, 以及二代基因测序技术, 研究了 36 例 MDS-MF 和 29 例 MDS 非骨髓纤维化 (MDS-MF0) 患者的染色体核型和基因突变;

结果 结果 研究发现二者在染色体核型间无差异; 在 MDS-MF0 组, 基因突变率 79.31%, 在 MDS-MF 组, 突变率 94.44%, 以表观遗传学基因突变为主; RNA 剪切子相关基因在 MDS-MF 组 SRSF2、U2AF1 突变多见, MDS-MF0 组 SF3B1 突变多见, 并且与患者的血红蛋白和血小板水平相关。细胞信号转导基因 CBL、NRAS、CUX1 突变在两组间发生率差别较明显 (36.11% Vs 11.11%), $\chi^2=4.142, P=0.042$, 二者具有统计学意义。MDS-MF 组 TP53 基因突变多见。

结论 MDS-MF 和 MDS-MF0 间突变基因存在差异, RNA 剪切相关基因和细胞信号转导基因突变可能是 MDS 伴发骨髓纤维化的始动因素之一, MDS 伴发骨髓纤维化可能是疾病异质性的一种表现。

PO-2145

分子遗传学对于接受去甲基化治疗的 MDS-EB 患者疗效评估及生存的意义

钟婷、李冰

中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

目的 探讨去甲基化治疗的骨髓增生异常综合征伴原始细胞增多 (MDS-EB) 初治患者的临床特征, 并分析分子遗传学对疗效评估与生存的意义。

方法 回顾性分析 2016 年 6 月至 2023 年 9 月中国医学科学院血液病医院的 69 例 MDS-EB 初治成人患者。所有患者均至少完成 4 疗程单用阿扎胞苷或地西他滨的治疗, 采集患者临床资料。分析患者疗效评估、疗效持续时间及生存情况。

结果 共纳入 69 例患者, 24 例为阿扎胞苷单药组, 45 例为地西他滨单药组。两组间性别, 年龄, IPSS-R 细胞遗传学分组, IPSS-M 预后分组及单用去甲基化疗程数均无显著统计学差异 (p 均 > 0.05)。TP53 突变患者的疗效持续时间 (DOR) 显著短于 TP53 野生型组 ($p=0.014$)。生存分析显示剔除 TP53 突变患者后的 2 疗程最佳疗效评估为 CR+mCR 伴 HI 患者 OS 显著长于 mCR 不伴 HI+SD 组 ($p=0.047$)。主克隆突变对去甲基化药物敏感的患者 OS 显著长于主克隆突变对去甲基化药物耐药的患者 ($p=0.019$)。剔除 TP53 突变患者后的主克隆突变对去甲基化药物敏感的患者 OS 显著长于主克隆突变耐药的患者 ($p<0.001$)。

结论 早期治疗反应提示去甲基化治疗无法克服 MDS-EB 患者 DTA 突变、剪接相关突变、增殖相关突变、TP53 突变。TP53 突变患者的 DOR 显著短于 TP53 野生型患者。主克隆对去甲基化药物表现出敏感的 MDS-EB 患者生存情况较主克隆耐受的患者好。

PO-2146

ADAM10 介导的 vWF 分子解聚在骨髓增殖性肿瘤出血倾向中的机制研究

梅宇、徐皓、王镇灏、杨竺铭、洪振亚
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 本研究旨在通过对骨髓增殖性肿瘤患者出凝血相关指标进行统计学分析，进一步探索 MPN 患者出血倾向的相关机制，为临床中预测 MPN 患者出凝血风险及更好地管理 MPN 的不良血管事件提供理论依据。

方法 本研究纳入了自 2021 年 7 月至 2024 年 1 月在华中科技大学附属同济医院接受治疗的 56 名 MPN 患者和 22 名特发性血细胞增多症患者。其中将骨髓活检及驱动基因检测阴性且无明确继发性原因引起的外周血细胞增多定义为特发性血细胞增多症。所有诊断为 MPN 的患者均符合 2022 年 WHO 骨髓增殖性肿瘤诊断和分类标准。收集患者出凝血相关指标进行统计学分析，探索各项指标在 MPN 各亚型及血管事件中的差异。同时，收集 6 例健康受试者及 6 例血小板计数 $>1000 \times 10^9/L$ 的 MPN 患者外周血样本，进行血小板转录组测序，得出 MPN 患者血小板中的差异基因并进行 GO 富集，发现异常的蛋白酶活性代谢通路及相关基因 ADAM10。采用实时荧光定量 PCR 及 Western blotting 技术验证 MPN 患者血小板中 ADAM10 表达量。进一步，构建靶向 ADAM10 基因敲低的肿瘤细胞系，通过体外共培养实验验证 MPN 患者血小板对 vWF 活性抗原比值 (vWF:RCo/vWF:Ag) 的影响及 ADAM10 蛋白对 vWF 多聚体的解聚效应在 MPN 患者出血倾向中的作用。

结果 1) MPN 患者其血小板计数与 vWF:RCo/vWF:Ag 值呈负相关，且 MPN 患者 vWF:RCo/vWF:Ag 值显著低于 IH 组；2) MPN 患者血小板中 ADAM10 mRNA 及蛋白表达增加，其高表达的 ADAM10 蛋白可使体外共培养体系中 vWF:RCo/vWF:Ag 值降低，同时，该比值可通过敲低 ADAM10 基因的表达及使用特异性蛋白酶抑制剂而有所恢复。

结论 MPN 患者中过度增加的血小板与更低的 vWF:RCo/vWF:Ag 值相关，vWF 多聚体分子完整性的改变可能是由于过度增加的血小板引起相关蛋白质和酶过表达，导致 ADAM10 活性增强，产生对 vWF 分子的解聚效应，从而在一定程度上解释了血小板过度增高的 MPN 患者中出血倾向增加的原因。

PO-2147

慢性粒单核细胞白血病治疗后骨髓坏死并急变 2 例

杨颖莹¹、吴耀辉²、胡俊斌²

1. 武汉市第四医院

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 慢性粒单核细胞白血病 (CMML) 是最常见的 MDS/MPN，多数患者起病隐匿，疾病进展相对缓慢，约 10~30% 患者可能发生急变。本文通过报告 2 例常规治疗后发生骨髓坏死的 CMML 患者，其发生骨髓坏死后短期内疾病出现快速进展继而急变，讨论 CMML 患者出现骨髓坏死的意义。

方法 回顾病史，该两例患者 CMML 诊断明确，常规治疗后出现发热、骨痛、血细胞减少等表现，外周血涂片未见明显原始细胞，骨髓穿刺提示骨髓坏死。其后短时间内疾病迅速进展，继而发生急变。

结果 虽然 CMML 患者出现骨髓坏死时尚无明显急变证据，但其后疾病迅速进展至急变期。

结论 出现骨髓坏死可能是 CMML 患者疾病进展或急变的前兆。

PO-2148

骨髓增生异常综合征合并自身免疫性疾病的特征及预后分析

严萌萌

郑州大学第一附属医院

目的 探讨并发自身免疫性疾病(AIDs)的骨髓增生异常综合征 (MDS)患者的特征, 并分析其对于疾病预后的影响。

方法 回顾性分析 2018-1 月至 2023-12 月收治的 574 例初诊 MDS 患者的临床资料, 依据有无并发自身免疫病分为合并 AIDs 组与不合并组(其中合并 AIDs 组 155 例, 不合并组 419 例), 比较两组患者的基线特征、分型及预后分期分布、染色体核型、白血病转化率、细胞因子、淋巴细胞亚群及表观遗传学等, 分析两组患者总生存率(OS)及无疾病进展生存率(PFS)有无差异。所有统计采用 SPSS 26.0 软件进行分析, $P < 0.05$ 有统计学意义。

结果 在 574 例 MDS 患者的研究组中, 155 名 (27%) 患有自身免疫性疾病, 其中自身免疫性甲状腺炎是最常见的类型, 占 23.9% ($n=37$)。

在 2016 年 WHO MDS 分型的分布中, 合并 AIDs 组主要以中低危型为主, MDS-MLD 中占比 40.6% ($n=63$); 不合并组高危型患者偏多, 主要 MDS-EB, 占比 60.1% ($n=251$, $P < 0.05$)。Cox 回归显示, 年龄、原始细胞计数为影响患者生存的独立危险因素, 合并 AIDs 不是其独立危险因素。

患有自身免疫性疾病的患者的中位总生存期 (OS) 为 60 个月 (95%CI, 33-87), 而没有自身免疫性病变的患者为 26 个月 (95%CI, 21-31)。AML 转化率在合并 AIDs 组中为 10.9% ($n=17$), 而在不合并组中为 15.3% ($n=64$) ($P < 0.05$)。患有自身免疫性疾病的 MDS 患者 OS 较好, AML 转化较少。

结论 1. MDS 可伴发自身免疫性疾病, 男女发病率相当。

2. 最常见并发 AIDs 为自身免疫性甲状腺炎、炎症性关节炎、免疫介导的血清学异常及结缔组织病, 其他 AIDs 种类散发。并发血管炎以白塞病为主, 多有 +8 染色体异常。

3. 合并 AIDs 的 MDS 患者在 2016WHO 分型、IPSS 预后分级中以中低危型为主, 多有较长的 OS。

4. 中低危组 CD8+T/Treg 比值升高, 促炎因子细胞 IFN- γ 和 IL-6 水平增多, 促进髓系凋亡。高危组 CD8+T/Treg 比值下降, TNF- α 、IL-10 水平升高, 导致肿瘤免疫逃逸, 疾病进展。

5. 我们观察到在中低危 MDS 患者中, 合并 AIDs 组 TET2、IDH、SRSF2 基因的突变发生率较高。

PO-2149

合并 PNH 克隆的原发性骨髓纤维化

杨艳、甘思林

郑州大学第一附属医院

目的 原发性骨髓纤维化 (PMF) 和阵发性睡眠性血红蛋白尿 (PNH) 均是血液系统的恶性肿瘤性疾病, 我们报告一名罕见的初诊时同时合并 PMF 和 PNH 的病例, 并进行相关文献复习。

方法 利用郑州大学第一附属医院电子病历系统搜集患者临床资料, 利用 Pubmed 检索已报道的 PMF 合并 PNH 病例。

结果 54 岁男性, 因“发现脾大 25 年, 乏力 11 月”入我院, 血常规: WBC $2.04 \times 10^9/L$, Hb 32g/L, PLT $78 \times 10^9/L$ 。分类: 原始细胞 1%, 中性晚幼粒 5%, 可见泪滴形、椭圆形红细胞。生化: LDH 612U/L, 胆红素正常。腹部超声: 脾厚 83mm, 肋下 140mm。骨髓涂片: 增生低下, 粒系 32%, 红系 51.2%, 易见泪滴形红细胞, 巨核 3 个/片。活检: 骨髓纤维组织广泛增生, 巨核细胞数量正常, 形态多样, Gomori 染色 MF-3。免疫分型: 未见异常原始及幼稚细胞。染色体: 46,XY [10]。二代测序: CALR、ASXL1 突变阳性, 其余基因突变均阴性。PNH 克隆: 红细胞 III+II 型 1.43%,

粒系 49.18%，单核 65.98%。诊断为：1.原发性骨髓纤维化（DIPSS-plus 5 分 高危，CALR、ASXL1 突变阳性）2.PNH。予“芦可替尼+沙利度胺+地塞米松”治疗后，血象明显好转。既往文献报道合并 PNH 的 PMF 共 7 例，5 例为 JAK2 突变阳性，1 例为 MPL 阳性，1 例突变基因未知。PMF 和 PNH 发生的先后顺序各异，预后均不佳。

结论 PMF 合并 PNH 的病例罕见，PNH 克隆如何影响 PMF 表型及预后尚不明确。本病例提示芦可替尼联合糖皮质激素的治疗可改善这类患者的症状。

PO-2150

多灶性髓外造血被误诊为原发性肝癌伴转移 1 例

杨艳、黄玉敏、孙玲
郑州大学第一附属医院

目的 髓外造血（EMH）是以骨髓外造血组织增生为特征的一种少见病理表现，常与骨髓增殖性肿瘤（MPN）相关，可以累及任何脏器。现报道 1 例误诊为肝脏恶性肿瘤的三阴原发性骨髓纤维化（PMF）合并 EMH 患者，诊断及治疗过程存在诸多疑难。

方法 利用郑州大学第一附属医院电子病历系统搜集患者临床资料。

结果 48 岁女性，因“发现脾大 1 年，乏力、厌食 5 月”入院，1 年前当地医院行 CT 检查示：脾脏占位性病变，脾大。行脾脏切除术，病理：血管瘤样增生。入院前 5 月出现乏力、厌食，我院血常规：WBC $3.61 \times 10^9/L$ ，Hb 89g/L，PLT $11 \times 10^9/L$ ，Ret% 11.94%，Ret# $294.4 \times 10^{12}/L$ 。分类：中性中幼粒 2%，中性晚幼粒 3%，中幼红 3%，晚幼红 105%。生化：LDH 527U/L，TB 85.0umol/L，DB 65.3 umol/L。骨髓涂片：增生活跃，粒系 24%，红系 43.2%，巨核细胞 9 个/片。活检：纤维组织广泛增生，MF-3 级。免疫分型：未见异常原始及幼稚细胞。染色体：46,XY [10]。二代测序：BCR-ABL、MPN 相关突变基因、髓系突变基因均阴性。溶血全套、PNH 克隆均阴性。腹部增强 CT：肝脏体积增大，多发低密度影，HCC 并肝内转移？肝脏增强 MRI：肝内多发异常信号，考虑血管瘤，颈胸腰椎异常信号，考虑转移。患者血小板极低，无法完成肝脏穿刺明确占位病理，经肝胆外科、消化科、影像科、血液科多学科会诊，最终临床诊断为“1.原发性骨髓纤维化（纤维化明显期，三阴型，高危）2.髓外造血（累积肝脏、颈胸腰椎）”。目前经 TPO 升血小板后芦可替尼治疗。

结论 不典型的肝脏髓外造血灶可呈多发团块状，易误诊为肿瘤性病变，需要结合患者病史综合考虑，必要时多学科会诊。

PO-2151

阿伐曲泊帕联合罗沙司他治疗一例血液透析状态下 MDS-f 并慢性乙型病毒性肝炎的动态观察

陈美薇、应晓杨
大连大学附属中山医院

目的 评价阿伐曲泊帕联合罗沙司他方案治疗一例血液透析状态下骨髓增生异常综合征伴骨髓纤维化（MDS-f）且合并慢性乙型病毒性肝炎（活动期）的治疗效果。

方法 男性 60 岁。因发现血小板减少入院。既往史：高血压病 3 级（很高危）10 年。慢性乙型病毒性肝炎 6 年，口服富马酸丙酚替诺福韦 25 毫克日一次。慢性肾脏病 5 期 慢性肾功能急性加重 血液透析状态 肾小球肾炎 慢性小管间质性肾炎 2 月。专科化验：血常规+网织红细胞：WBC： $3.18 \times 10^9/L$ ，HGB：66g/L，PLT： $30 \times 10^9/L$ ，RET%：3.4%↑。骨髓形态学：粒系比例正常，可见粒细胞颗粒增多。红系比例增高，以中晚幼红细胞为主，可见花瓣核、巨幼变。淋巴细胞比例减低，形

态未见异常。全片共见巨核细胞 7 个，其中颗粒巨核 5 个，裸核巨 2 个。铁染色：外铁+，内铁 59%，未见环铁。骨髓活检：骨髓增生活跃（60%），粒红比例大致正常，粒系各阶段细胞可见，以中幼及以下阶段细胞为主。红系各阶段细胞可见，以中晚幼红细胞为主。巨核细胞散在易见，以分叶核为主。少量小淋巴细胞及浆细胞散在分布。纤维组织增生，网状纤维染色（MF-2 级）。免疫分型-MDS/MPN:成熟淋巴细胞群 15.57%，髓系原始细胞群 0.22%，幼稚及成熟粒细胞群 50.38%，单核细胞群 0.76%，幼稚红细胞群 29.88%。MPN 相关基因：JAK2、MPL、CALR 基因均阴性。染色体：45, XY, -22[3]/46,XY[15]。MDS 相关基因突变筛查：KMT2A 变异，变异结果：Exon32c.11216 > Ap.G3739D, 突变丰度：49.2%（1907.0X）；DNMT3A 变异，变异结果：Exon19c.2246G>A p.R749H, 突变丰度：2.2%（2169.0X）。综上诊断：骨髓增生异常综合征伴骨髓纤维化（MDS-f）。临床予规律血液透析、抗乙型病毒性肝炎治疗同时，选择予第二代 TPO 受体激动剂阿伐曲泊帕 20mg qd 联合低氧诱导因子-脯氨酰羟化酶抑制剂罗沙司他 90mg tiw 治疗。**结果** 治疗初始，血红蛋白最低 52g/L,血小板最低 $12 \times 10^9/L$ 且伴牙龈出血及双下肢出血点，需间断输注红细胞、血小板，肝酶：ALT:65IU/L AST:68IU /L GGT: 92IU/L, HBV-DNA: $2.76E+4$ 。给予治疗 2 周后血红蛋白升至 52g/L, 血小板升至 $54 \times 10^9/L$, 持续口服 12 周后，患者复查血常规：WBC: $6.18 \times 10^9/L$, HGB: 84g/L, PLT: $165 \times 10^9/L$, 摆脱输血依赖，肝酶正常。**结论** 阿伐曲泊帕联合罗沙司他治疗合并肝功能不全、肾功能不全、年龄 ≥ 60 岁的骨髓增生异常综合征具有良好的疗效及安全性。

PO-2152

骨髓增生异常综合征患者化疗间隔 与进展急性白血病的相关性分析

姚雪、王惠、杨林花
山西医科大学第二医院

目的 探讨骨髓增生异常综合征（Myelodysplastic syndrome, MDS）患者治疗期间平均化疗间隔时间与进展急性白血病的关系。

方法 收集 2021 年 1 月至 2024 年 1 月在山西医科大学第二医院接受化学治疗的 161 例成人 MDS 患者的资料，对其临床表现、诊疗经过及是否进展急性白血病进行回顾性分析，依据平均化疗间隔时间进行分组并分析其对是否进展为急性白血病的影响。

结果 161 例成人 MDS 患者中，男性 97 例，女性 64 例，平均年龄 65（54，70）岁；进展为急性白血病 43 例（26.7%），未进展为急性白血病 118 例（73.3%）；平均化疗间隔时间 89（56.5，233.5）d，依据化疗平均间隔时间水平将患者分为 <40d、41-60d、61-90d、91-365d、>365d，5 组患者进展急性白血病率分别为 5.9%、19.4%、29.4%、25.5%和 50%，存在统计学差异（ $P=0.018$ ）；组间行两两比较，结果显示，化疗间隔 <40d 组、41-60d 组转白率均显著小于 >365d 组，且差异有统计学意义（ $P=0.003$ 、 $P=0.016$ ），其余组间比较差异无统计学意义。

结论 化疗间隔时间是影响 MDS 患者进展急性白血病的独立危险因素，化疗间隔时间较短组相比于时间长组进展急性白血病率降低，缩短化疗间隔时间可能在预防 MDS 患者进展为急性白血病上起一定作用。

PO-2153

新型 STAT3 抑制剂 SMY002 在骨髓增生异常综合征中的作用及机制研究

武天娇、王慧睿
河南科技大学第二附属医院

目的 探索 SMY002 在 MDS 中的作用，为 MDS 的靶向药物治疗提供新的科学依据。

方法 1. SMY002 对 MDS 细胞 STAT3 磷酸化的靶向抑制作用

(1) Western blot 法检测不同浓度 SMY002 对 MDS 细胞 STAT3、p-STAT3、STAT1、STAT5 的影响；

(2) CETSA 检测 SMY002 对 MDS 细胞 STAT3 热稳定性的影响；

(3) 免疫荧光法检测 SMY002 对 MDS 细胞 STAT3 蛋白核易位的影响。

2. SMY002 对 MDS 细胞凋亡、周期的影响及作用机制

(1) CCK-8 实验检测 SMY002 对 MDS 细胞增殖活力的影响；

(2) 流式细胞术检测 SMY002 对 MDS 细胞凋亡、周期的影响；

(3) Western blot 实验检测 SMY002 对 MDS 细胞凋亡、细胞周期相关蛋白表达水平的影响。

结果 1. SMY002 靶向抑制 MDS 细胞 STAT3 的磷酸化

(1) SMY002 只抑制 MDS 细胞 STAT3 磷酸化，但并不抑制 STAT3、STAT1、STAT5 的表达；

(2) SMY002 能与特定靶蛋白 STAT3 特异性结合，提高 STAT3 蛋白的热稳定性；

(3) SMY002 有效抑制 STAT3 蛋白的核易位。

2. SMY002 诱导细胞凋亡，阻滞细胞周期

(1) SMY002 以剂量、时间依赖性显著抑制 MDS 细胞的增殖；

(2) SMY002 下调 Bcl-2 蛋白的表达、上调 Bax、cleaved-caspase-9、cleaved-caspase-3 蛋白的表达，诱导 MDS 细胞的凋亡；

(3) SMY002 下调 Cyclin D1、CDK6、p-Rb 蛋白的表达，阻滞 MDS 细胞周期于 G0/G1 期。

结论 1. 本研究首次发现了新型 STAT3 抑制剂 SMY002 在 MDS 中发挥抗肿瘤作用；

2. SMY002 特异性结合 STAT3 蛋白，抑制 STAT3 蛋白磷酸化；

3. SMY002 调控 STAT3 下游靶基因蛋白的表达，诱导细胞凋亡，阻滞细胞周期。

PO-2154

MPL 和 CALR 双驱动伴 ASXL1 基因突变的 MPN 病例特征分析

达珍珍、张颖、李妍、王光平
中南大学湘雅医院

目的 分析 MPL 和 CALR 双驱动伴 ASXL1 基因突变共存的骨髓增殖性肿瘤 (MPN) 患者的基因突变及其临床特点。

方法 回顾性分析患者的病史及其临床表现、血液检测、骨髓活检和 MICM 检测等结果。

结果 女性患者，70 岁，因阵发性左侧无力 2 月余就诊。就诊时 WBC:11.9×10⁹/L，Hb:117g/L，Plt:820×10⁹/L，血液涂片示白细胞分布增多，分类可见原始粒细胞(1%)、早幼粒细胞(1%)以及幼稚红细胞(中、晚幼红细胞均 1%)，成熟红细胞大小不一、可见泪滴红细胞，血小板成大堆分布，可见小巨核细胞。脾脏增大。骨髓有核细胞增生活跃，粒系占比 63.0%，红系 10.5%(粒:红=6:1)。全片巨核细胞 30 个，其中幼稚型 1/25、颗粒型 10/25、产板型 8/25、裸核型 6/25、血小板大堆分布，可见大血小板。正常核型。FISH 和实时荧光定量 PCR 检测示 BCR-ABL 融合基因阴性。基因

组 DNA 等位基因特异性 PCR 示 MPN 相关的 JAK2 基因第 14、12 外显子，MPL 基因第 10 外显子突变均为阴性，CALR 基因第 9 外显子检测到缺失突变。二代测序显示 CALR 基因 L367Tfs*46(19.34%)、MPL 基因 p.S505N(2.52%)和 ASXL 基因 G643fs(10.91%)突变。骨髓活检 HE 及 PAS 染色为骨髓增生活跃(50%-60%)、胶原纤维弥漫增多伴灶性骨硬化，粒红比例略增高、粒系各阶段细胞可见，红系细胞核左移，巨核细胞增多，成簇或散在分布，网状纤维染色(MF-2 至 3 级)。

结论 MPN 驱动基因突变并非完全独立存在，可同时发生于同一患者；二代测序有助于检测到低突变率的基因突变，非驱动基因突变的存在提醒需对患者进行定期随访和密切观察其白血病的转化。

PO-2155

Identifying INPP5D-JAK2 as a novel fusion gene for myeloproliferative neoplasm-unclassifiable

Yijing Zhao¹, Ye Li¹, Yuanya Zhang², Jiang Qian¹

1. Peking University People's Hospital

2. Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences

Objective Myeloproliferative neoplasms (MPNs) are clonal hematopoietic stem cell disorders characterized by the proliferation and maturation of myeloid cell lines. Classic MPNs are linked to somatic mutations in genes like JAK2, CALR, or BCR-ABL fusion. Myeloproliferative neoplasm, unclassifiable (MPN-U) is a rare disorder that doesn't fit WHO criteria for other MPNs and often shows overlapping features. Rarely, JAK2 is fused with other partners in MPN-U, but the pathogenesis is mostly unknown.

Methods Bone marrow smear morphology and immunophenotype by flow cytometry were used to identify the MPN phenotype. G-band, Fluorescence in situ hybridization (FISH) confirmed gene fusion. Next-generation RNA sequencing validated the fusion transcript. Mass spectrometry (MS) analysis and untargeted metabolomic sequencing were performed, and a combined proteomic-metabolomic analysis was conducted.

Results We report the first case of an INPP5D-JAK2 fusion in a young adult with MPN-like morphology and immunophenotype, suggesting that altered JAK2 signaling may drive MPN-U features. To our knowledge, this is the first report of an INPP5D-JAK2 fusion identified in an MPN-U patient. Our findings implicate that altered JAK2 signaling by INPP5D disruption may underlie the MPN-like features in our case, corroborating the importance of this signaling in MPN-U pathogenesis.

Conclusion INPP5D-JAK2 fusion gene has not been discovered in patients with Myeloproliferative neoplasm, and the underlying pathogenesis is unclear. INPP5D-JAK2 fusion gene Significant clinical and laboratory response to ruxolitinib therapy. INPP5D-JAK2 fusion gene contributing to an MPN-like phenotype.

PO-2156

罗特西普治疗难治性骨髓纤维化伴贫血：中国多中心研究

王乐宇¹、方力维²、石红霞³、刘英慧⁴、龙潺⁵、郭树霞⁶、杨秀丽⁷、胡青林¹、刘紫薇¹、杨辰¹、陈苗¹、韩冰¹

1. 中国医学科学院北京协和医院
2. 中国医学科学院血液病医院
3. 北京大学人民医院
4. 烟台毓璜顶医院
5. 惠州市第一人民医院
6. 郑州人民医院
7. 哈尔滨血液病肿瘤研究所

目的 分析罗特西普治疗难治性骨髓纤维化伴贫血的疗效和安全性。

方法 回顾性收集诊断为难治性骨髓纤维化伴贫血的患者的资料，这些患者至少接受 9 周的罗特西普治疗。分析在罗特西普治疗前后的临床症状、实验室参数、获得血液学改善的患者比例—红细胞反应、红细胞输血独立性和不良反应。

结果 纳入 18 例用罗特西普治疗的骨髓纤维化患者。中位年龄为 68 岁（范围为 44-80 岁），男性占 27.8%。10 例（55.6%）为输血依赖者。10 例（55.6%）为动态国际预后评分系统 intermediate-1, 8 例（44.4%）为 intermediate-2。中位随访时间为 7 个（4-16）个月。8 例患者（44.4%）在第 12 周出现红系反应，4 例患者（30.8%）在第 24 周出现，9 例患者（50%）在随访结束时出现红系反应。输血依赖和非输血依赖的患者在不同的时间点有相似的血液学改善（ $P>0.05$ ）。患者在 12 周、24 周和随访结束时的血红蛋白水平显著高于基线水平（ $P=$ 为 0.001， $P=$ 为 0.021， $P=$ 为 0.005）。5 例（16.7%）患者发生治疗相关不良事件，未发生严重不良事件。2 例（11.1%）患者在第 15 周和第 31 周复发。1 例患者进展为急性髓系白血病。到随访结束时，没有患者死亡。

结论 罗特西普对骨髓纤维化伴贫血患者的疗效良好，复发率低，且耐受性好。

PO-2157

TQB2618 联合去甲基化药物在不适合强化疗的初诊 MDS 患者的 I 期临床研究

杨晋军¹、魏旭东²、刘蓓³、姜中兴⁴、王华⁵、蒋能刚⁶、刘钦瑜¹、桂在智⁷、肖婷⁷、吴侯¹

1. 四川大学华西医院血液科
2. 郑州大学附属肿瘤医院&河南省肿瘤医院血液科
3. 兰州大学第一医院血液科
4. 郑州大学附属第一医院血液科
5. 中山肿瘤防治中心血液肿瘤科
6. 四川大学华西医院检验医学科
7. 正大天晴药业集团股份有限公司

目的 目前，造血干细胞移植（HSCT）仍然是骨髓增生异常综合征（MDS）患者唯一的治愈性治疗选择。然而，许多患者不适合进行 HSCT。对于无主要合并症的 IPSS-R 分层较高危 MDS 患者，若不符合移植或强化疗条件，HMA 是一线治疗。然而，使用标准 HMA 治疗后完全缓解（CR）并不常见，且持续时间短，预后差。TIM-3 是一种免疫骨髓调节因子，在免疫细胞和白血病干细胞上表达，但在正常造血干细胞上不表达，在调节适应性和先天性免疫反应中起关键作用。TQB2618 是一种靶向 TIM-3 受体的人源化 IgG4 单抗，可在细胞外与 TIM-3 选择性结合，阻断 TIM-3 与其配体的结合，解除 TIM-3 对免疫细胞的抑制作用。

方法 本研究分为剂量递增和扩展研究两部分，剂量递增阶段设置 3 个 TQB2618 注射液剂量组，分别为 800mg、1200mg、1600mg，Q4W，每周期第 8 天注射；去甲基化药物（阿扎胞苷）使用标准给药剂量 75 mg/m²，每周期第 1-7 天注射，28 天为 1 个治疗周期。根据剂量递增阶段的安全性及有效性数据，确定 TQB2618 注射液的 RP2D 剂量为 1200mg，在该剂量下联合标准剂量的阿扎胞苷进行扩展研究。

结果 截止到 2024 年 3 月 1 日，本研究共入组 21 例初治且不适合强化疗的 MDS 受试者，其中男性占 66.67%；中位年龄为 59 岁；IR、HR 和 vHR-MDS 分别占 38.10%、19.04%和 42.86%；66.67%的受试者 ECOG 为 1 分；CR 率为 35.29%（6/17），CR+骨髓完全缓解（mCR）+血液学改善（HI）为 64.71%（11/17），CR+mCR+HI+疾病稳定（SD）为 82.35%（14/17），mPFS 未达到，12 个月 PFS 率为 58.0%，mOS 未达到。具有 TP53 突变的受试者 CR+mCR 为 80.00%（4/5）。常见（发生率>15%）与研究药物有关的≥3 级不良事件（AE）为：中性粒细胞降低（38.10%）、白细胞降低（33.33%）、血小板降低（33.33%）、贫血（28.57%）。最常见的非血液学 AE 为感染性肺炎（23.81%）。研究药物相关的严重不良事件（SAE）为：血小板计数降低（23.81%）、贫血（9.52%）、中性粒细胞计数降低（4.76%）、晕厥（4.76%）、头痛（4.76%）、细胞因子释放综合征（4.76%）、发热（4.76%）、感染性肺炎（4.76%）。截至目前未发生与研究药物相关的死亡事件。

结论 TQB2618 联合阿扎胞苷在不适合强化疗的初诊 MDS 患者中具有良好的疗效和安全性。

PO-2158

胎儿血红蛋白与骨髓增生异常综合征（MDS）的临床特征和预后的相关性分析

张昕、吴俣
四川大学华西医院

目的 骨髓增生异常综合征(MDS)常以贫血为主要症状，临床观察到 MDS 患者可伴胎儿血红蛋白（HbF）再现，本研究分析 HbF 与 MDS 患者 IPSS-RA 评分之间的相关性，分析 MDS 患者治疗后 HbF 变化和疗效之间的关系。

方法 筛选四川大学华西医院 2015-2019 年 HbF 升高的患者，2020 年及以后至血液科门诊/住院的 MDS 患者，前瞻性完善“血红蛋白电泳”检查。随访患者治疗前后 HbF 变化及治疗疗效。采用软件 IBM SPSS 进行统计学分析。

结果 数据库中伴 HbF 升高病种包括 β 地中海贫血、MDS、再生障碍性贫血、营养性贫血、自身免疫性溶血性贫血。MDS 与 AA 组的 HbF 基线中位数最高为 3.4%，β 地中海贫血组 HbF%显著低于 MDS (P<0.05) 及 AA(P<0.05)，而 MDS 及 AA 两组的 HbF 基线水平不存在显著差异 (P=1.000>0.05)。MDS 患者 HbF%与 IPSS-RA 评分负相关，血红蛋白 F 水平每提升 1%，IPSS-RA 积分下降 0.308 分。随访治疗后的患者，疾病缓解或血象改善时伴有 HbF%上升，疾病进展时伴 HbF%下降。

结论 胎儿血红蛋白的再现出现在多种贫血性疾病中，HbF 生成一定程度反映红系代偿。MDS 及 AA 组 HbF 显著大于 β 地中海贫血组，提示它们对于 γ 珠蛋白链的调控机制可能不同。HbF 与 IPSS-RA 存在负相关关系，因此 HbF 可能成为 MDS 潜在的预后生物标志物。同时，HbF 在一定程度上可能反映患者对治疗的反应性。因此，靶向诱导 HbF 生成，可能使包括但不限于 MDS 的贫血性疾病获益。

PO-2159

JAK2V617F 突变的 MPN 患者炎症因子表达与纤维化进程的相关性研究

郝壮辉、李硕、冯劲宜、卫轶群、陈秀花、王宏伟
山西医科大学第二医院

目的 对于携带 JAK2V617F 突变的骨髓增殖性肿瘤(MPN)患者, 其体内炎症相关细胞因子活动与骨髓纤维化进程的具体关联尚不完全清楚, 并且针对纤维化进程的临床监测指标较为匮乏。本研究旨在阐明该类 MPN 患者体内炎症相关细胞因子与骨髓纤维化进展的相关性, 为临床评估 MPN 患者的纤维化进程提供潜在的生物标志物。

方法 本研究使用包含 IL-1 β 、IL-2 至 IL-12p70、IL-17 α 、INF- α 、INF- γ 及 TNF- α 等在内的 12 种细胞因子的流式细胞仪检测试剂盒, 对 53 名 JAK2V617F 阳性 MPN 患者及 7 名健康对照者的血清中炎症细胞因子水平进行分析。同时, 采用骨髓活组织检查并进行纤维染色以分级评估骨髓纤维化程度。数据统计分析时, 符合正态分布且方差齐性的数据组采用独立样本 t 检验, 反之则应用 Mann-Whitney U 检验, 设定 P 值小于 0.05 为统计学意义阈值。

结果 分析结果显示, 与健康对照组相比, JAK2V617F 突变 MPN 患者的 IL-1 β 、IL-6、IL-8、IL-17 α 、INF- α 、INF- γ 及 TNF- α 水平显著升高 (P<0.05)。进一步分析纤维化等级与细胞因子水平的关系发现, IL-1 β 在高纤维化等级 (M2/3) 患者中的浓度显著高于低纤维化等级 (M0/1) 患者。

结论 本研究表明, JAK2V617F 突变的 MPN 患者体内存在持续的慢性炎症状态, 特别是 IL-1 β 的升高与骨髓纤维化的进展呈现出高度相关性, 提示 IL-1 β 不仅可作为监测该类 MPN 患者纤维化进程的生物标志物, 还可能是驱动纤维化进程的一个关键因素。

PO-2160

骨髓增生异常综合征后继发第二肿瘤 1 例

李芸芸、吴涛、毛东锋
联勤保障部队第 940 医院

目的 探讨骨髓增生异常综合征罹患第二肿瘤后患者的临床特征及诊疗方法。

方法 选择 2021 年 11 月, 我科收治的 1 例 49 岁女性 MDS 合并子宫内膜癌患者为研究对象, 并对其诊断。采用回顾性分析方法, 对患者的临床表现与诊治过程进行分析。

结果 ①病史采集: 患者因“阴道不规则流血 7 天”入院。②入院查妇科肿瘤标志物: 糖类抗原 CA-125 113.8 IU/ml, 病理提示: (颈管)符合透明细胞癌。下腹部+盆腔 MRI: 1.宫腔-宫颈不规则肿块, 考虑子宫内膜癌可能; 2.盆腔内腹膜后多发肿大淋巴结, 考虑转移。结合临床诊断为: 子宫内膜透明细胞癌IIIc2期。6年前明确诊断为 MDS-RAEB-II, 并行异基因造血干细胞移植治疗。③全麻下行外科手术, 术后给予 TC 方案 3 疗程, 并辅助多次放射治疗。期间患者于我科定期复查嵌合状态与 MRD 评估 MDS, 病情稳定。

结论 随着 MDS 患者生存期的延长, 部分患者在疾病过程中继发第二肿瘤, 可能进一步加重患者的疾病进程。需要深入研究第二肿瘤发生的分子生物学机制以便于临床应用, 避免第二肿瘤的发生。

PO-2161

降阶梯剂量策略的聚乙二醇干扰素治疗 JAK2 阳性的真性红细胞增多症的疗效与安全性：一项单中心的回顾性研究

常龙、蔡昊、段明辉
中国医学科学院北京协和医院

目的 真性红细胞增多症（PV）是常见的费城染色体阴性的骨髓增殖性肿瘤，超过 95% 的患者存在 JAK2V617F 的突变。采用以干扰素进行降细胞治疗，可以显著增加完全血液学缓解（HCR）率，还可以获得 JAK2 基因定量降低（MR）。传统用法均从低剂量开始，获得 HCR 后不再增加剂量，而采用高剂量起始，是否可以进一步提高 PV 患者的疗效尚不明确。

方法 回顾性分析北京协和医院接受聚乙二醇干扰素治疗的 JAK2 阳性的 PV 患者，按照国际卫生组织（WHO）2022 诊断标准进行诊断。所有患者接受聚乙二醇干扰素起始剂量均为 180ug 每周一次，若出现≥3-4 级药物不良反应可酌情调整聚乙二醇治疗剂量和治疗频率。

结果 共纳入 106 例患者。其中男性 54 例（50.9%），中位年龄 51 岁（22-75）。在所有患者中，HCR 89 例（84.0%），仅红细胞压积缓解 12 例（11.3%），有效率 95.2%。在 6 月和 12 月评估分子学疗效，其中分子学完全缓解 17 例（16.0%），部分缓解 60 例（57.5%），微小缓解 18 例（17.9%），分子学有效率 89.6%。患者 6 个月和 12 个月中位 JAK2 负荷为 17.6% 和 12.45%，分别较基线水平下降 48.2% 和 63.4%。其中分子学缓解的患者 HCR 比例较未达到分子学缓解患者明显提高。3-4 级血液学不良反应为 2 例，无粒缺发热和 2-4 级出血事件。

结论 降阶梯剂量策略的聚乙二醇干扰素治疗 JAK2 阳性的 PV，其血液学和分子学疗效较高，不良反应可耐受，未来可能代替传统剂量策略。

PO-2162

Epigenetic gene mutations associated with the progression of myelodysplastic neoplasms in IPSS-M model

Yangjing Zhao^{1,2}, Yue You², Ying Wang², Ding Yuting², Jun Qian¹, Jingdong Zhou¹
1. Affiliated People's Hospital of Jiangsu University
2. School of Medicine, Jiangsu University

Myelodysplastic syndrome (MDS) is a type of myeloid neoplastic disease characterized by abnormal differentiation and development of myeloid cells. MDS is manifested as pathological and ineffective hematopoiesis, refractory cytopenia, hematopoietic failure, and high risk of transformation to acute myeloid leukemia (AML). The International Prognostic Scoring System revised IPSS (IPSS-R) is currently the most widely used classification and prognostic systems for MDS, which considers hematologic parameters and cytogenetic abnormalities. With the development of molecular biology techniques, especially genome sequencing technology, recurrent mutations of multiple genes have been identified to be closely related to MDS leukemic transformation, including RNA splicing, epigenetic regulation and transcription regulation genes. Recently, the International Working Group for Prognosis in MDS introduced somatic gene mutations to complement conventional prognostic tools and proposed a clinical-molecular prognostic model (Molecular IPSS, IPSS-M), which has been proved to guide risk stratification and clinical decision-making more precisely for MDS. Epigenetic dysregulation of cancer-associated genes has been identified to contribute to the pathogenesis of MDS and is widely used for predicting prognosis and leukemic transformation in MDS. Nearly half of the 16 prognostic genes included in IPSS-M are epigenetic alterations, including RNA splicing genes (SF3B1, SRSF2, U2AF1), DNA methylation genes (DNMT3A, IDH), and chromatin modification

genes (ASXL1, EZH2). This review systematically summarizes the biological functions and clinical implications of the epigenetic alterations associated with MDS progression included in IPSS-M model. Our work provides important and comprehensive insights into incorporating these critical epigenetic alterations into the novel prognostication system for improving the risk stratification and prognostic discrimination in MDS patients.

PO-2163

UBA1 突变骨髓增生异常综合征的临床表现

李鸣鸿、余昌云、周旭、曾东风
陆军军医大学陆军特色医学中心（大坪医院）

目的 血液系统恶性肿瘤一直是科学家面临的挑战，因为人们不断需要更好地定义这些疾病。骨髓增生异常综合征 (MDS) 是一种克隆性造血疾病，其特征是病态造血。MDS 的发病机制通常与自身免疫和炎症有关。最近，VEXAS 综合征（空泡、E1 酶、X 连锁、自身炎症、体细胞）将这两者联系在一个突变中，这表明血液系统恶性肿瘤之间的异质性通常需要更个性化的医疗，即根据每个患者的个人特征量身定制医疗方案。

方法 据报道，在诊断为骨髓增生异常综合征 (MDS) 的患者中，UBA1 突变是 VEXAS 综合征的诊断标准。在这里，我们定义了 MDS 患者代表性队列中 UBA1 突变的患病率和临床关联。对选定的 33 名缺乏 MDS 疾病定义突变或已建立的 WHO 疾病分类的男性患者进行基因检测。

结果 在代表性 MDS 队列 (n=33) 中使用 UBA1 的靶向测序，我们在 2 名患者 (6%) 中发现了患有 UBA1 p.M41T/V/L 突变，这 2 名可能因 UBA1 突变致病的患者全部为男性，都被 WHO2016 分类为 MDS-MLD。通过回顾性临床调查，2 名突变病例都有 VEXAS 相关诊断或炎症临床表现。

结论 MDS 患者中 UBA1 突变的患病率表明，在 MDS 治疗中需要对 UBA1 进行系统筛查。

PO-2164

NLR、LMR、PLR 及 MPV 在 MPNs 血栓形成中的临床意义

张小东、王梅芳
山西医科大学第二医院

目的 探讨中性粒细胞与淋巴细胞比值 (NLR)、淋巴细胞与单核细胞比值 (LMR)、血小板与淋巴细胞比值 (PLR) 及平均血小板体积 (MPV) 在骨髓增殖性肿瘤 (MPN) 血栓形成中的意义。

方法 选取 225 例 MPN 患者，收集初诊时的临床资料，分析影响 MPN 血栓形成的独立危险因素。

结果 将纳入人群分为血栓组 (n=36) 与无血栓组 (n=189)，在单因素分析中，发现高龄 (OR =0.962, P =0.018)、高 MPV (OR =0.29, P =0.003)、高 NLR (OR =0.4, P =0.016) 及低 LMR (OR =3.693, P =0.001) 与血栓形成相关；多因素分析中，高 MPV (OR =0.322, P =0.008) 及低 LMR (OR =2.805, P =0.013) 是 MPN 血栓形成的独立危险因素。LMR 预测 MPN 患者血栓形成的预测效能为 AUC =0.657 (95%CI 0.561-0.753)，P =0.003，MPV 的 AUC =0.642 (95%CI 0.548-0.736)，P =0.007；LMR 及 MPV 联合对血栓形成的预测效果比单一因素效能强，AUC =0.722 (95%CI 0.643-0.802)，P <0.001。

结论 低 LMR 及高 MPV 与 MPN 血栓形成相关。此外，LMR 及 MPV 未来或许可作为 MPN 患者发生血栓事件的预测工具。

PO-2165

单中心 MF 患者的临床特征及预后影响因素分析

张小东、王梅芳
山西医科大学第二医院

目的 回顾性分析原发性骨髓纤维化 (PMF) 患者的临床特征, 探讨其预后影响因素。

方法 选取 88 例 PMF 患者, 收集初诊时的临床资料并进行随访跟踪, 根据 PMF 不同阶段分为纤维化前原发性骨髓纤维化 (pre-PMF) 和明显期原发性骨髓纤维化 (overt-PMF) 两组分析其临床特征; 同时根据患者生存情况分为存活组及死亡组分析影响 PMF 患者预后不良的因素。

结果 overt-PMF 患者相较于 pre-PMF 患者有较低的白细胞计数 (WBC)、血红蛋白 (HB)、血小板计数 (PLT)、绝对中性粒细胞计数 (ANC)、绝对淋巴细胞计数 (ALC)、绝对嗜酸性粒细胞计数 (AEC) 及血小板淋巴细胞比值 (PLR), 体质性症状发生率更高, 预后评估 IPSS、DIPSS 及 DIPSS-plus 评分中危-2 及高危患者占比更高; COX 多因素分析显示 $HB \geq 94.5g/L$ (HR=0.214, 95%CI: 0.046-0.991, P=0.049)、绝对嗜碱性粒细胞计数 (ABC) $\geq 0.70 \times 10^9/L$ (HR=15.022, 95%CI: 2.627-85.884, P=0.002) 及 $NLR \geq 2.15$ (HR=0.226, 95%CI: 0.054-0.940, P=0.041) 是影响 PMF 患者预后不良的独立影响因素。

结论 本研究结果提示较低的 HB、NLR 及较高的 ABC 可能有助于临床医师进一步评估 PMF 患者的预后风险, 同时对临床治疗方案的选择及随访有一定的指导意义。

PO-2166

骨髓增生异常综合征转化为急性髓系白血病的机制研究

李硕¹、李佩春¹、郝壮辉¹、冯劲宜¹、张晨¹、卫轶群¹、刘晓丽¹、关东梅¹、张宏雨¹、陈秀花¹、任方刚¹、王宏伟²

1. 山西医科大学第二医院
2. 山西医科大学

目的 我们发现 NUDT21 在 MDS 的转化中起重要作用, 而转录因子 RUNX1 在急性髓系白血病 (AML) 和骨髓增生异常综合征 (MDS) 中高表达, 转录因子 RUNX1 是正常造血所必需的, 因此我们的目标是探索这两个基因之间的联系及 MDS 向 AML 转化的新途径。

方法 利用生物信息学技术预测 AML 和 MDS 患者中 RUNX1 的表达水平及其与 NUDT21 的关系, 并在患者中进行验证。利用慢病毒包装技术, 在 AML 和 MDS 细胞系中建立了 NUDT21 基因敲除和过表达模型。用定量聚合酶链式反应 (QPCR) 和 Western blotting 对所构模型进行验证。用流式细胞仪检测细胞周期、细胞凋亡、分化、增殖和细胞因子, CCK-8 检测细胞增殖, 间接免疫荧光法检测 NUDT21 和 RUNX1 在细胞内的定位。对 SKM-1、THP-1 细胞进行 mRNA 转录组测序, Dapars 分析 SKM-1、THP-1 细胞的测序数据, 观察 NUDT21 对 RUNX1 的作用。

结果 QPCR 和 Western blotting 显示 NUDT21 与 RUNX1 呈正相关, 两者均位于细胞核内。它还改变了 RUNX1 3'-UTRs 区域的 APA 位点。同时, NUDT21 通过 APA 机制促进 MDS 细胞凋亡, 抑制 MDS 细胞增殖, 将 MDS 细胞阻滞在 G1 期, 降低 MDS 细胞 IL-4, IL-10, IL-17 的表达; 抑制 AML 细胞凋亡, 促进 AML 细胞增殖, 缩短 AML 细胞的 G1 期, 升高 AML 细胞 IL-4, IL-10, IL-17 的表达促进 MDS 向 AML 转化。

结论 NUDT21 通过 APA 机制调节 RUNX1 基因的表达, 促进 MDS 向 AML 转化。

PO-2167

骨髓增生异常综合征伴纤维化患者的骨髓病理学特征及预后分析

刘钰、高娟
郑州大学第一附属医院

目的 探讨确诊骨髓增生异常综合征（MDS）合并骨髓纤维化（MF）患者骨髓病理学特质及预后相关性。

方法 2019年1月1日至2023年6月30日郑州大学第一附属医院收治并同时行骨髓活检检查的297例MDS患者纳入研究，根据WHO（2016）骨髓纤维化标准将患者分为MDS伴MF组（MF-2/3）与MDS不伴MF组（MF-0/1），并对两组患者的骨髓涂片及活检增生程度、疾病分期及疾病分型、生存率进行比较

结果 骨髓活检相比骨髓涂片而言，对MDS伴MF患者骨髓增生程度的判断准确率更高（ $P<0.05$ ）；患者的骨髓纤维组织有不同程度的增生存在，在疾病好转后部分患者的骨髓纤维化程度减轻；MDS伴MF患者以及MDS不伴MF患者之间对比疾病分期、疾病类型差异无统计学意义（ $P<0.05$ ）；MDS伴纤维化患者AL转化率的比例高于MDS不伴MF患者（ $P<0.05$ ）。

结论 MDS伴MF患者采用骨髓活检进行诊断具有较高的诊；骨髓纤维化是影响MDS患者转化为AL及CR、OS和PFS的重要预后不良的指标。骨髓纤维化的评估对初诊MDS的疗效及预后判断具有重要意义。

PO-2168

**中性粒淋巴比值、血淋比、淋单比及衍生粒淋比
在Ph阴性骨髓增殖性肿瘤纤维化程度的效能**

刘钰、高娟
郑州大学第一附属医院

目的 探讨中性粒细胞与淋巴细胞比值（NLR）、血淋比（PLR）、淋单比（LMR）及衍生粒淋比（dNLR）在Ph阴性骨髓增殖性肿瘤纤维化程度的预测效能。

方法 收集2019年1月1日至2022年6月30日郑州大学第一附属医院收治骨髓增殖性肿瘤患者，排除合并其他基础疾病及炎症状态者，最终入选Ph-MPN患者90例，其中纤维化前/早期患者（pre-PMF）47例、明显纤维化期患者（overt-PMF）43例，同时按照性别及年龄配比收集90例健康体检者作为对照组。记录病例组（pre-PMF与overt-PMF）及对照组的血常规检验结果，分别进行病例组及对照组的NLR、PLR、LMR、dNLR比较，进一步探讨NLR、PLR、LMR、dNLR对于MPN纤维化程度的预测效能。

结果 MPN组患者血清NLR、PLR、LMR、dNLR显著高于健康人对照组（ $P<0.05$ ）；overt-PMF组血常规NLR、PLR与dNLR水平与pre-PMF比较显著升高（ $P<0.05$ ）；MPN患者NLR、dNLR与MF分级呈正相关（ $P<0.05$ ）。

结论 NLR可预测MPN患者骨髓纤维化程度，有助于监测、随访骨髓纤维化的进展，辅助判断病情。

PO-2169

CD36 和 CD71、CD235a 在骨髓增殖性肿瘤有核红细胞中的表达及其临床意义

梁雪兰、王宏伟
山西医科大学第二医院

目的 费城染色体阴性骨髓增殖性肿瘤(MPN)主要包括真性红细胞增多症(PV)、原发性血小板增多症(ET)和原发性骨髓纤维化(PMF),然而不同疾病实体在早期阶段不易鉴别。因此,我们研究MPN患者骨髓有核红细胞的免疫表型改变及其临床意义。

方法 采用流式细胞术评估 MPN 患者中骨髓有核红细胞(NRBC) CD36、CD71、CD235a 的表达。根据骨髓表面抗原表达,定量分析骨髓有核红细胞在不同分化阶段的免疫表型改变,分析骨髓有核红细胞免疫表型变化与 MPN 患者 DIPSS 和 clinical-molecular prognostic model 预后系统不同危险分层的差异及其积分相关性。采用非参数 T 检验和非参数斯皮尔曼相关分析相关性是否显著, $P < 0.05$ 认为有统计学意义。

结果 PMF 患者骨髓有核红细胞表达 CD71 显著下降且与骨髓纤维化等级呈正相关关系。PV 和 PMF 患者 NRBC 表达 CD36 显著低于 ET 患者,且 ROC 曲线提示 CD36+NRBC (%) 可以作为 ET、PMF 和 PV 鉴别的标志物。而 CD36、CD71、CD235a 的表达与 MPN 患者基因突变无显著相关性。CD36、CD71、CD235a 的表达与临床参数和预后评分相关性分析显示 CD71 和 CD235a 的表达下降与预后不良相关。

结论 红细胞免疫表型有助于 MPN 的鉴别诊断和预后判断。

PO-2170

评估骨髓纤维化对于 2022WHO 分型下骨髓增生异常综合征患者生存的影响

许改香、张瑜媿、王威、佟红艳
浙江大学医学院附属第一医院

目的 分析 2022WHO 分型下骨髓增生异常综合征伴有骨髓纤维化患者的生存,探讨骨髓纤维化对于伴有高原始细胞(5%-19%)的骨髓增生异常综合征患者(MDS)的生存影响。

方法 回顾性分析 417 例 MDS 患者,按 2005WHO 欧洲骨髓纤维化(MF)标准分为 MF0, 1, 2, 3, 分为 MF+(MF2-3)和 MF-(MF0-1)组,来评估 2016 和 2022WHO MDS 分型标准下 MF 对于 MDS 伴有高原始细胞患者生存的影响。

结果 417 例 MDS 患者,其中 MF-1 级 128 例(30.7%), MF-2 级 50 例(11.9%), MF-3 级 15 例(3.6%)。参考 2016WHO 分型标准分为 174 例 MDS-EB 和 243 例 MDS-Non-EB 组,生存分析结果显示 MF 的发生对于 MDS-EB 组不管是 OS、PFS 及 t-AML 都是不良预后因素(p 值均小于 0.05, MDS-EB-MF+和 MDS-EB-MF0 两组对比);而对于 MDS-Non-EB 组, MF 的发生虽然影响 PFS ($P=0.003$),但是两组 OS 无统计学差异($p=0.35$, MDS-Non-EB-MF+和 MDS-Non-EB-MF0 两组相比)。对于 174 例 MDS-EB 患者按照 2022WHO 分型标准重新分组,20 例分为 MDS-bi-TP53 亚型,21 例分为 MDS-f 亚型,133 例分为 MDS-IB 亚型, MDS-f 和 MDS-IB 两组进行生存分析结果显示 MDS-f 组有更差的 OS($p=0.035$)及 PFS (0.018);而对于低原始细胞 MDS-h 和 MDS-LB 两个亚型按是否合并骨髓纤维化进行分组生存分析显示,骨髓纤维化的发生对于这两个亚型的 OS 及 PFS 均无影响(p 值分别为 0.92 和 0.086)。

结论 骨髓纤维化在骨髓增生异常综合征是常见的伴发病理现象，骨髓纤维化的发生明显影响伴有高原原始细胞（5%-19%）患者的生存，我们的结果也支持 2022 WHO MDS-f 亚型的提出。

PO-2171

罗特西普对比阿法依泊汀用于未接受过红细胞生成刺激剂（ESA）治疗的输血依赖的（TD）较低危骨髓增生异常综合征患者的疗效和安全性：COMMANDS 临床试验的完整分析

Guillermo Garcia-Manero¹、Uwe Platzbecker²、Valeria Santini³、Amer M. Zeidan⁴、Pierre Fenaux⁵、Rami S. Komrokji⁶、Jake Shortt⁷、David Valcarcel⁸、Anna Jonasova⁹、Sophie Dimicoli-Salazar¹⁰、Ing Soo Tiong¹¹、Chien-Chin Lin¹²、Jiahui Li¹³、Jennie Zhang¹³、Ana Carolina Giuseppi¹³、Sandra Kreitz¹⁴、Veronika Pozharskaya¹³、Karen L. Keeperman¹³、Shelonitda Rose¹³、Thomas Prebet¹³、Andrius Degulys^{15,16}、Stefania Paolini¹⁷、Thomas Cluzeau¹⁸、Matteo Giovanni Della Porta^{19,20}

1. The University of Texas MD Anderson Cancer Center, Houston

2. Medical Clinic and Polyclinic 1, Hematology and Cellular Therapy, University Hospital Leipzig, Leipzig

3. MDS Unit, DMSC, Azienda Ospedaliero-Universitaria Careggi, University of Florence, Florence

4. Department of Internal Medicine, Yale School of Medicine and Yale Cancer Center, Yale University, New Haven

5. Service d'Hématologie Séniors, Hôpital Saint-Louis, Université Paris 7, Paris

6. Moffitt Cancer Center, Tampa

7. Monash University and Monash Health, Melbourne

8. Hospital Universitari Vall d'Hebron, Barcelona

9. Medical Department Hematology, Charles University General University Hospital, Prague

10. Hôpital Haut-Lévêque, Centre Hospitalier Universitaire de Bordeaux, Bordeaux

11. Malignant Haematology & Stem Cell Transplantation, The Alfred, Melbourne

12. Department of Laboratory Medicine, National Taiwan University Hospital, Taipei

13. Bristol Myers Squibb, Princeton

14. Celgene International Sàrl, a Bristol-Myers Squibb Company, Boudry

15. Hematology, Oncology and Transfusion Medicine Center, Vilnius University Hospital Santaros Klinikos, Vilnius

16. Institute of Clinical Medicine, Faculty of Medicine, Vilnius University, Vilnius

17. IRCCS Azienda Ospedaliero-Universitaria di Bologna - Istituto di Ematologia "Seràgnoli", Bologna

18. Département d'Hématologie Clinique, Université Cote d'Azur, CHU Nice, Nice

19. Cancer Center IRCCS Humanitas Research Hospital, Milan

20. Department of Biomedical Sciences, Humanitas University, Milan

目的 全球 III 期 COMMANDS 研究中期分析显示，未经阿法依泊汀（ESA）治疗的 LR-MDS 贫血 TD 患者，罗特西普组脱离红细胞输注依赖（RBC-TI）率优于 ESA 组。但罗特西普用于亚洲 LR-MDS 患者一线治疗的疗效数据缺乏。本文报告 COMMANDS 研究 ITT 人群和亚洲亚组患者的疗效和安全性结果。

方法 入组患者≥18 岁，IPSS-R 定义的 LR-MDS、骨髓原始细胞<5%、sEPO<500 U/L、存在 TD（随机分组前红细胞输注 2~6U/8 周）。患者 1:1 随机接受罗特西普（1.0~1.75 mg/kg）Q3W 或 ESA（450~1050 IU/kg）Q1W 皮下注射治疗≥24 周。主要终点 RBC-TI≥12 周且平均血红蛋白升高≥1.5 g/dL（1~24 周）。关键次要终点：RBC-TI≥12 周、维持 24 周和血液学改善-红系反应≥8 周。其他终点：RBC-TI≥12 周持续时间和安全性。

结果 至 2023 年 5 月 31 日，363 例患者[亚洲 39 例]随机接受罗特西普（n=182，亚洲 n=16），ESA（n=181，亚洲 n=23）治疗。ITT 人群，罗特西普和 ESA 达到主要终点比例：60.4%和 34.8%（P<0.0001）；亚洲人群：75.0%和 43.5%。ITT 人群亚组分析显示，SF3B1 突变和未突变、基线 sEPO≤200 U/L 和>200 U/L，RS 阳性患者，罗特西普组主要终点应答率均高于 ESA 组，亚洲患者相似。ITT 人群 RS 阴性患者两组应答率相当。ITT 人群，1~24 周期间罗特西普和 ESA 组达到 RBC-TI≥12 周比例：68.1%和 48.6%，RBC-TI 维持 24 周比例：47.8%和 30.9%，HI-E≥8 周比例：74.2%和 53.0%；亚洲：93.8%和 56.5%，68.8%和 43.5%，93.8%和 65.2%。罗特西普

RBC-TI \geq 12周中位持续时间(95% CI)长于ESA。

罗特西普患者平均治疗时间(月)长于ESA组(ITT: 66.2vs 51.9; 亚洲: 65.4vs 45.6)。ITT人群发生所有级别治疗期间不良事件(TEAE)的患者比例: 97.8%和92.2% [亚洲: 93.8%和82.6%]; 3~4级TEAE比例: 58.8%和49.2% [亚洲: 37.5%和39.1%]。ITT人群最常见(\geq 10%)所有级别TEAE为腹泻(17.6% vs 14.0%)、COVID-19(14.8% vs 15.6%)、乏力(13.7% vs 16.2%)和贫血(12.1% vs 10.6%); 亚洲人群恶心(12.5% vs 13.0%)和关节痛(12.5% vs 13.0%)。

结论 本完整分析结果与中期分析相符,与ESA相比,罗特西普RBC-TI持续时间和红系反应结局更佳,安全性结果与既往MDS研究中一致。总人群和亚洲亚组人群的疗效和安全性一致。显示罗特西普可成为TD LR-MDS患者的新标准治疗。

PO-2172

骨髓增殖性肿瘤患者基因突变与临床特征分析

扈利红、赵思璐、曹宇琛、崔续馨、胡伍悦、张春燕、高山
空军军医大学第一附属医院

目的 分析BCR-ABL阴性骨髓增殖性肿瘤(MPN)患者的基因突变,并探讨其与临床特征的关系。

方法 回顾性分析2022年1月-2024年4月于空军军医大学第一附属医院就诊的207例初诊BCR-ABL阴性MPN患者[原发性血小板增多症(ET)35例,真性红细胞增多症(PV)31例,原发性骨髓纤维化(PMF)141例]的临床资料,所有患者均统计驱动基因的突变情况,其中69例通过二代测序检测了62种MPN相关基因突变,探讨基因突变与临床特征的关系。

结果 207例MPN患者中,96.62%(200/207)检出驱动基因突变(JAK2、CALR、MPL),0.48%(1/207)的患者同时检出JAK2和CALR两种驱动基因突变。98.55%(68/69)检出22种基因共161个突变,人均检出 2.36 ± 1.43 个突变。66.67%(46/69)检出至少1种非驱动基因突变,其中,TET2、ASXL1、TP53突变最常见。按突变频率由高到低依次为激活信号通路基因(64.59%,104/161),DNA甲基化相关基因(9.84%,16/161),染色质修饰基因(4.96%,8/161)。与检出 <2 个非驱动基因患者相比,检出 ≥ 2 个非驱动基因患者的骨髓纤维化程度更高($p=0.012$),且血红蛋白水平更低($p=0.04$)。24.64%(17/69)的患者检出高危基因(HMR)突变,与其他患者相比,HMR突变的患者具有更低的HGB水平和血小板数目($p<0.005$),更高的纤维化程度($P<0.01$)。ET、PV及PMF各组TET2、TP53基因突变概率的差异无统计学意义,ASXL1基因突变仅发生于PMF患者(8.51%),且ASXL1突变的PMF患者具有更高的纤维化程度($P<0.005$),更低的HGB水平($P<0.01$)。

结论 约97%的MPN患者检出驱动基因阳性;初诊时进行二代测序患者,约2/3检出非驱动基因突变,检出 ≥ 2 个非驱动基因突变及检出HMR突变的MPN患者的预后可能较差;ASXL1基因突变仅发生于PMF患者,且ASXL1突变的PMF患者纤维化水平更高,HGB水平更低。

PO-2173

费城染色体阴性骨髓增殖性肿瘤单核细胞免疫表型及其临床相关性

梁雪兰、王宏伟
山西医科大学第二医院

目的 费城染色体阴性骨髓增殖性肿瘤包括真性红细胞增多症(PV)、原发性血小板增多症(ET)

和原发性骨髓纤维化(PMF)。研究表明基质细胞和免疫细胞的慢性炎症和改变可能有助于 MPN 的病理生理。本研究探究 MPN 患者骨髓中单核细胞免疫表型的表达情况及其潜在临床意义。

方法 采用流式细胞术评估真性红细胞增多症(PV)、原发性血小板增多症(ET)和原发性骨髓纤维化(PMF)患者骨髓单核细胞的免疫表型及其临床相关性。

结果 MPN 患者高表达炎性相关分子标志物 CD16, CD16 的表达与 MPN 基因突变无关。进一步比较 MPN 患者单核细胞免疫表型的临床相关性发现 CD123⁺单核细胞(%)与 PMF 患者年龄、白细胞计数、JAK2V617F 突变等预后危险因素正相关,而与 CALR 突变这一预后良好因素呈负相关。另外, CD14⁺CD64⁺单核细胞(%)与 PMF 患者白细胞计数负相关,而与 CALR 突变正相关。在 PMF 患者 clinical-molecular prognostic model 中,高危 PMF 患者 CD14⁺CD64⁺单核细胞(%)降低, CD123⁺单核细胞(%)升高。

结论 结果表明 MPN 患者骨髓炎性单核细胞比例升高, CD123⁺、CD14⁺CD64⁺单核细胞可能有助于判断 PMF 患者的预后。

PO-2174

经典 Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤患者 第二原发肿瘤流行病学特征分析

蔡亚楠、王月波、张萍、杨靖、朱尊民
河南省人民医院

目的 研究真性红细胞增多症(Polycythemia Vera, PV)、原发性血小板增多症(Essential Thrombocythemia, ET)和原发性骨髓纤维化(Primary Myelofibrosis, PMF)等经典 Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤(Myeloproliferative Neoplasm, MPN)患者第二原发肿瘤(Secondary Malignant Neoplasms, SMNs)流行病学特征。

方法 SEER 18 中检索以 Polycythemia Vera (9950/3), Essential Thrombocythemia (9962/3) 和 Primary Myelofibrosis (9961/3) 为第一原发肿瘤患者,且 MPN 确诊时间至第二原发肿瘤确诊时间间隔≥6 月。排除由尸检报告的确诊病例及基线资料缺失、不完整病例。

结果 35645 例患者纳入分析,其中 PV 患者 16035 例(44.9%), ET 患者 15779 例(44.3%), PMF 患者 3831 例(10.8%), 分别有 1716 (10.7%)、1609 (10.2%)和 377 (9.8%)例患者发生 SMNs, 差异无统计学意义($P>0.05$)。PV、ET、PMF 患者确诊 SMNs 中位间隔时间分别为 54 (6-217)、50 (6-207)、33 (6-186) 月, 差异有统计学意义($P<0.001$)。PV、ET 和 PMF 患者非血液系统 SMNs 均以前列腺癌、肺癌最常见(发生率均>0.6%), 但 PV 患者皮肤(0.5%)、胃肠道(0.4%)、肾脏(0.3%) SMNs 较多见, ET 患者肾脏(0.3%)、膀胱(0.2%)和妇科生殖系统(0.2%)受累较多见, PMF 患者 SMNs 多表现为淋巴瘤(0.3%)和皮肤癌(0.2%)。PMF 患者 SMNs 及非血液系统 SMNs 累积发生风险均显著高于 PV、ET 患者(P 值均<0.001)。

结论 PV、ET、PMF 患者 SMNs 发生率接近但发病谱不全相同。PMF 患者较早发生 SMNs, 且 SMNs 累积发生率显著升高。

PO-2175

性别对经典 Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤患者临床特征影响分析

蔡亚楠、王月波、张萍、朱尊民
河南省人民医院

目的 比较不同性别真性红细胞增多症(Polycythemia Vera, PV)、原发性血小板增多症

(Essential Thrombocythemia, ET) 和原发性骨髓纤维化 (Primary Myelofibrosis, PMF) 等经典 Ph 染色体阴性骨髓增殖性肿瘤 (Myeloproliferative Neoplasm, MPN) 患者临床特征差异。

方法 SEER 18 中检索以 Polycythemia Vera (9950/3), Essential Thrombocythemia (9962/3) 和 Primary Myelofibrosis (9961/3) 为原发肿瘤患者。排除由尸检报告的确诊病例及基线资料缺失、不完整病例。

结果 35645 例患者纳入分析, 其中男性患者 17416 例(48.9%), 女性患者 18229 例(51.1%)。男性 MPN 患者中分别有 9218 (52.9%)、5935 (34.1%)和 2263(13.0%)例患者诊断 PV、ET 和 PMF, 女性 MPN 患者中分别有 6817 (37.4%)、9844(54.0%)和 1568(8.6%)例患者诊断 PV、ET 和 PMF, 差异有统计学意义 ($P<0.001$)。男性 MPN 患者中位发病年龄显著低于女性患者[63 (0-99) 岁对 67 (0-99) 岁, $P<0.001$]。亚组分析表明, 男性 PV、ET 患者中位发病年龄均显著低于女性患者[分别为 60 (0-99) 岁对 68 (0-99) 岁、64 (0-99) 岁对 65 (0-99) 岁, P 值均 <0.001], 而 PMF 男性患者中位发病年龄与 PMF 女性患者相比较无显著差异[68 (0-95) 岁对 69 (0-99) 岁, $P=0.272$]。生存分析表明, 男性和女性 MPN 患者中位 OS 无显著差异[59 (0-227) 月对 58 (0-227) 月, $P=0.382$]。但男性 PV 患者中位 OS 较女性 PV 患者显著延长[71 (0-227) 月对 59 (0-222) 月, P 值 <0.001], 而 ET、PMF 男性患者中位 OS 则较女性患者显著缩短[分别为 55 (0-221) 月对 59 (0-227) 月、29 (0-222) 月对 37 (0-213) 月, P 值均 <0.001]。

结论 性别影响 PV、ET、PMF 患者发病谱系、发病年龄及总生存。

PO-2176

性别对经典 Ph 阴性骨髓增殖性肿瘤患者 第二原发肿瘤流行病学特征影响分析

蔡亚楠、王月波、张萍、杨靖、朱尊民
河南省人民医院

目的 比较不同性别真性红细胞增多症 (Polycythemia Vera, PV)、原发性血小板增多症 (Essential Thrombocythemia, ET) 和原发性骨髓纤维化 (Primary Myelofibrosis, PMF) 等经典 Ph 染色体阴性骨髓增殖性肿瘤 (Myeloproliferative Neoplasm, MPN) 患者第二原发肿瘤 (Secondary Malignant Neoplasms, SMNs) 流行病学差异。

方法 SEER 18 中检索以 Polycythemia Vera (9950/3), Essential Thrombocythemia (9962/3) 和 Primary Myelofibrosis (9961/3) 为第一原发肿瘤患者, 且 MPN 确诊时间至第二原发肿瘤确诊时间间隔 ≥ 6 月。排除由尸检报告的确诊病例及基线资料缺失、不完整病例。

结果 35645 例患者纳入分析, 其中男性患者 17416 例(48.9%), 女性患者 18229 例(51.1%)。男性 MPN 患者 SMNs 发生率显著高于女性患者 (11.7%对 9.1%, $P<0.001$)。在 PV、ET 和 PMF 患者中, 男性患者 SMNs 发生率均显著高于女性患者[分别为 11.4%对 9.8%、12.6%对 8.7%、10.9%对 8.3%, P 值均 <0.05]。男性和女性 MPN 患者确诊 SMNs 中位间隔时间无显著差异[48 (6-217) 月对 49.5 (6-207) 月, $P=0.884$]。男性 PV、ET 患者确诊 SMNs 中位间隔时间与女性患者相比无显著差异[分别为 54 (6-200) 月对 54 (6-227) 月、50.5 (6-207) 月对 49 (6-201) 月, P 值分别为 0.994、0.645], 但男性 PMF 患者确诊 SMNs 中位间隔时间显著短于女性患者[30 (6-159) 月对 38 (7-186) 月, $P=0.046$]。男性 MPN 患者非血液系统 SMNs 以前列腺癌 (2.5%)、肺癌 (1.5%)、皮肤癌 (0.7%)、膀胱癌 (0.5%)、消化道肿瘤 (0.4%)、肾癌 (0.4%) 为主, 女性患者非血液系统 SMNs 则以乳腺癌 (1.5%)、肺癌 (1.2%)、生殖系统肿瘤 (0.5%)、皮肤癌 (0.3%)、消化道肿瘤 (0.3%)、肾癌 (0.3%)、甲状腺癌 (0.2%) 为主。生存分析表明, PV、ET 患者中性别与 SMNs、急性白血病、非急性白血病血液肿瘤 (骨髓增生异常综合征和淋巴瘤)、实体肿瘤累积发生率无关 (P 值均 >0.05)。但男性 PMF 患者 SMNs、急性白血病累积发生率均

显著高于女性 PMF 患者 (P 值分别为 0.002、0.005)，而性别与 PMF 患者非急性白血病血液肿瘤和实体肿瘤累积发生率无关 (P 值分别为 0.52、0.081)。

结论 性别影响 MPN 患者 SMNs 发生率及发生谱系。男性 PMF 患者更易发生 SMNs，更易进展为急性白血病。

PO-2177

二代测序技术在骨髓增生异常综合征诊断中的应用

姜雨婷、邓君、洪梅

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 骨髓增生异常综合征 (MDS) 定义为一类起源于造血干细胞的异质性髓系克隆性疾病。其特点是髓系细胞发育异常，并且具有转变为急性髓系白血病 (AML) 的高风险。本研究旨在评估二代测序技术 (NGS) 在 MDS 诊断、危险度分层和预后预测的价值。

方法 本研究共纳入 186 例 MDS 患者，收集患者的基本信息 (性别、年龄)、细胞遗传学特征 (染色体核型、FISH)、病理学特征 (骨髓细胞学)，明确 WHO (2022) 分型、IPSS-M 危险度评分及其他相关数据。随后，通过 NGS 技术对 215 个相关基因进行检测，分析与归纳基因突变频率在性别、年龄、染色体核型、分型与危险度分层等分布的差异性。分析不同基因突变等对 MDS 患者预后的影响。

结果 在 186 个 NGS 样本中有 103 个样本检测到基因突变，20.43% 的患者仅发生 1 个基因突变，12.36% 的患者发生 2 个基因突变，22.58% 的患者可检测到 3 种以上基因突变，44.62% 的患者未检测到突变。共检测到 41 种基因突变，突变频率最高的基因为 DNMT3A (15.6%)，其次为 TP53 (12.9%)。部分突变基因在不同年龄、WHO (2016) 分型、染色体核型等分布存在差异，IDH2、TP53、U2AF1 基因突变与预后不良相关，差异有统计学意义 (P<0.05)。

结论 55.37% 的 MDS 患者存基因突变，本研究基于单中心的 186 例 MDS 患者数据，通过 NGS 评估分析患者的基因突变与临床特征和预后的关系，为临床指导 MDS 个体化治疗提供依据。

PO-2178

Machine learning approach identifies a novel ferroptosis - related gene model in aberrant DNA methylation for predicting the progressive risk of primary myelofibrosis

Bingbing Wen^{1,2}, Jian Huang¹

1. The First Affiliated Hospital of Zhejiang University

2. 深圳市第二人民医院

Objective Primary myelofibrosis (PMF) is clonal hematopoietic disorder characterized by stem cell-derived clonal myeloproliferative neoplasms including aberrant DNA methylation, carrying a high risk of progression to acute myeloid leukemia (AML). Ferroptosis is a novel form of iron-dependent cell death driven by lipid peroxidation, and recent studies have confirmed that ferroptosis plays an important role in the development of AML. However, the ferroptosis-related genes (FRGs) in PMF progression remain to be discovered.

Methods PMF - related microarray data (GSE42042, GSE152519) were downloaded from the NCBI Gene Expression Omnibus (GEO) database. The LIMMA package was used to identify differentially expressed genes (DEGs) in PMF patients with and without progression, followed by the intersection of DEGs and FRGs (FRG-DEGs). Functional enrichment analysis, protein-

protein interaction (PPI) network construction, and machine learning algorithms (least absolute shrinkage and selection operator (LASSO) and random forest) were applied to identify hub genes. A prediction model was established by generated a nomogram and receiver operating characteristic curve (ROC) for the progress risk of PMF patients with aberrant DNA methylation. The predictive ability was identified by an external data set and our clinical samples. Immune cell infiltrations were analyzed and functional analysis was applied to explore the underlying mechanisms. The mRNA levels of the model genes were verified in PMF clinical samples by quantitative real - time polymerase chain reaction (qRT - PCR).

Results Five hub genes (NRAS, KRAS, PIK3CA, CHMP6, ELOVL5) were identified and used to establish a nomogram that yielded a high predictive performance. The area under the curve (AUC) of predictive model in training and validation cohorts were 1.000 and 0.872, respectively. Functional analysis revealed significant associations between five hub genes and the infiltrating immune cells. The expression levels of these genes were successfully verified in PMF progressive clinical samples.

Conclusion Our study systematically identified five candidate hub genes (NRAS, KRAS, PIK3CA, CHMP6, ELOVL5) and established a novel model using FRGs with machine learning algorithm to predict the progressive risk of PMF. Our findings provide the foothold for future studies on potential crucial genes for progressive PMF patients. FRGs may be implicated in PMF pathogenesis through immune - related pathways. These findings highlight the intricate correlation between ferroptosis and PMF, offering insights that may aid in identifying potential therapeutic targets for PMF.

PO-2179

阿扎胞苷联合罗特西普治疗较高危骨髓增生异常综合征老年患者

颜红菊、文钦、张诚、张曦

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 我们旨在评估阿扎胞苷联合罗特西普治疗老年较高危 MDS 患者的有效性及安全性。

方法 我们进行了一项单臂开放标签的前瞻性多中心临床试验。纳入不适合接受异基因造血干细胞移植的初治老年较高危 MDS 患者 (IPSS-R 评分 ≥ 3.5 , 年龄 ≥ 60 岁)。阿扎胞苷 75 mg/m²/天 d1-7 皮下注射, 罗特西普 1mg/kg d8 皮下注射, 每 28 天 1 个周期。在第 1、2、4、6 个周期结束时进行骨髓评估, 之后每三个周期进行一次评估。

结果 在 2023 年 1 月至 2023 年 11 月期间, 共入组 12 名患者, 中位随访时间为 3 个月 (1-12 个月)。患者接受了中位数为 3 个周期的治疗 (1-6 个周期)。总有效率为 75% (n=9), 其中 33% (n=4) 达到完全缓解 (CR)。中位反应时间为 1 个月 (1-2 个月)。5 名患者表现出血液学改善。此外, 治疗前 4 例患者红细胞输注依赖, 2 例患者红细胞及血小板输注依赖, 经治疗后有 5 名 (42%) 患者脱离红细胞输注依赖, 1 例患者脱离血小板输注依赖。1 名 (8%) 患者进展为急性髓系白血病 (AML), 进展时间为 3 个月。不良事件与阿扎胞苷单药治疗报告的相似, 最常见的 3 级或以上不良事件为中性粒细胞减少。1 名患者因肺部感染合并呼吸衰竭死亡。

结论 阿扎胞苷联合罗特西普治疗是一种新颖、耐受性良好的治疗方案, 在老年较高危骨髓增生异常综合征患者中显示出前景。

PO-2180

基于机器学习的慢性粒单核细胞白血病新分子亚型鉴定及其诊断模型的构建

张芷钰、鲍协炳、陈苏宁
苏州大学附属第一医院

目的 慢性粒单核细胞白血病 (CMML) 是一种异质性强、预后差的血液系统恶性肿瘤。当前治疗主要以去甲基化药物及移植为主，但患者生存情况依旧不容乐观，CMML 的诊断及分型仍有待进一步优化。本研究以 CMML 的基因突变及表达谱为基础，鉴定 CMML 新分子亚型及构建新分子亚型的诊断模型。

方法 收集本中心 2016 年 1 月至 2023 年 6 月 CMML 患者的临床资料、突变特征和生存信息，对其中 51 例初诊 CMML 患者的骨髓标本行转录组测序，同时纳入 GEO 数据库中 79 例有突变及转录组测序信息的 CMML 患者。对所有病人进行无监督聚类，从多方面全面阐释 CMML 分子亚型。在此基础上，通过机器学习方法筛选关键基因，进一步成功构建 CMML 分子亚型的诊断模型。

结果 共 130 例 CMML 患者按照表达谱及突变特征无监督聚类分为两个分子亚型，其中 Cluster1 为经典型 CMML，具有发病年龄大、CMML 典型突变比例高 (ASXL1、TET2、SRSF2、NRAS 和 RUNX1)、无 NPM1 突变、预后更差的特征。Cluster2 为非经典型 CMML，该组患者发病年龄低，缺乏 CMML 典型突变，具有 NPM1 及 DNMT3A 突变，在去甲基化治疗模式中，预后优于 Cluster1。

Cluster1 的发病机制主要与 DNA 的损伤修复相关，而 Cluster2 主要与免疫活化及炎症反应相关。Cluster2 具有更高的 CD4/CD8 T 细胞浸润。此外，Cluster1 的细胞分化程度更高，表现为 GMP-like 及 promono-like 细胞评分更高，而 Cluster2 组 HSC-like 评分高于 Cluster1。药物敏感性预测方面，两组病人对维奈克拉单药、阿扎胞苷单药、维奈克拉联合阿扎胞苷治疗的敏感性相近。Cluster1 对维奈克拉联合帕比司他的敏感性更高，而 Cluster2 对维奈克拉联合芦可替尼、BET 抑制剂或奥拉帕尼的敏感性更高。

基于上述分子亚型，通过 130 种机器学习方法筛选关键基因以构建 CMML 分子亚型的诊断模型。选取了 AUC 最高的两种模型，取两种模型交集筛选出 9 个关键基因，并成功构建 9-gene signature 诊断模型 (ANLN+CD3E+BG2+S100A12+PRRT4+KIF20A+LTB+PCOLCE2+GNYL)，该模型在训练集和测试集中的 AUC 分别为 0.906 和 0.769，具有良好的诊断区分度。

结论 基于 CMML 的转录组及突变特征成功鉴定两种独特分子亚型，Cluster1 是经典型 CMML，其预后较差、细胞分化程度高、CMML 代表性突变比例高；Cluster2 是非经典型 CMML，细胞分化程度低，免疫细胞浸润程度高，富于 NPM1 及 DNMT3A 突变；在当前治疗模式基础上，Cluster2 预后显著优于 Cluster1。基于 9-gene signature 的分子亚型诊断模型具有良好的区分度，对 CMML 的分子诊断有较大临床价值。

PO-2181

去甲基化药物治疗骨髓增生异常/骨髓增殖性肿瘤伴环形铁粒幼细胞和血小板增多

卢润青、谢甜甜、朱科昕、张玉兰、马晓静、王凤娟、姜中兴、郭荣
郑州大学第一附属医院

目的 探讨骨髓增生异常/骨髓增殖性肿瘤伴环形铁粒幼细胞及血小板增多(MDS/MPN-RS-T)的临床特点、诊断标准、治疗和预后等。

方法 回顾性分析了郑州大学第一附属医院收治的 MDS/MPN-RS-T 患者的临床资料，并复习相关文献。

结果 3 例患者均有贫血，骨髓环形铁粒幼细胞大于 15%，外周血原始细胞比例 <1% 且骨髓原始细胞 <5%；血小板持续增高（ $PLT > 450 \times 10^9/L$ ），未曾诊断过骨髓增生异常综合征伴环形铁粒幼细胞（MDS-RA）或原发性血小板增多症（ET），无 BCR-ABL 融合基因，无 PDGFRA、PDGFRB 或 FGFR1 基因重排，JAK2、MPL、CALR 等突变阴性，3 例患者均有 SF3B1 突变阳性。其中 1 例患者伴 TET2（E1151X）突变，1 例患者伴 TET2（I274fs）突变、CBL（R420X）突变。其中 1 例伴有右侧头静脉血栓，口服“华法林”抗凝治疗。3 例均符合 MDS/MPN-RS-T 的诊断，给予地西他滨或阿扎胞苷去甲基化治疗，3 例患者血红蛋白浓度均较治疗前升高，摆脱输血依赖，血小板计数较前下降至正常范围。

结论 MDS/MPN-RS-T 临床少见，发病率低，对不明原因贫血、血小板增多同时存在的患者，要重视观察各系病态造血情况、铁染色计算环形铁粒幼细胞比例，以及 SF3B1、BCR-ABL、PDGFRA、PDGFRB、FGFR1、JAK2 等相关基因检查、染色体以及骨髓病理检查。

PO-2182

α -酮戊二酸脱氢酶 OGDH 介导谷氨酰胺代谢重编程在调控 MDS 药物敏感性中的作用机制研究

徐晓燕、戚嘉乾、王虹、韩悦
苏州大学附属第一医院

目的 骨髓增生异常综合征（MDS）治疗过程中去甲基化药物耐药发生率较高，耐药机制尚未完全阐明。本研究旨在通过全基因组 CRISPR/Cas9 文库筛选 MDS 药物敏感基因，探索耐药机制，寻找提高药物敏感性的潜在治疗策略。

方法 分析我院接受地西他滨（DAC）治疗的 MDS 患者的临床资料；全基因组 CRISPR/Cas9 文库筛选联合骨髓全外显子测序（WES），筛选药物敏感基因 OGDH；体外敲低或过表达 OGDH，探讨药物敏感性及其对能量代谢的影响。通过谷氨酰胺同位素示踪代谢组学，探索耐药机制；在人源肿瘤细胞系异种移植（CDX）和 NUP98-HOXD13 MDS 小鼠模型中进行验证。

结果 DAC 耐药是影响 MDS 患者总生存的独立危险因素；MDS 细胞系 SKM-1 的全基因组 CRISPR/Cas9 文库筛选联合 WES，确定药物敏感基因——OGDH；体外敲低 OGDH 可增加 DAC 的半抑制浓度，减少药物诱导的凋亡和增殖抑制。同时，抑制三羧酸循环，减少活性氧生成，诱导谷氨酰胺还原性羧化，促进脂肪酸合成。在耐药细胞中过表达 OGDH，增加 DAC 诱导的凋亡；输注敲低 OGDH 的 CDX 模型，小鼠肿瘤负荷增加，且无法从 DAC 中获益。谷氨酰胺酶小分子抑制剂（BPTES）联合 DAC，可改善 NUP98-HOXD13 MDS 小鼠骨髓病态造血，延长生存。

结论 OGDH 通过谷氨酰胺代谢重编程介导 MDS 耐药，靶向 GLS，可能为提高 MDS 药物敏感性提供新思路。

PO-2183

IPSS-M 在接受异基因造血干细胞移植的骨髓增生异常综合征患者中的危险分层作用

陈红如
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 骨髓增生异常综合征（MDS）是一种高度异质性的髓系恶性肿瘤，国际预后评分系统（IPSS-

R)是目前国际通用的MDS预后评分系统,IPSS-M是将分子遗传学结合IPSS-R形成的新型MDS预后评分系统。研究表明IPSS-M较IPSS-R对MDS患者临床终点展现出更优的预测性能,但IPSS-M对接受造血干细胞移植的MDS患者的预后价值尚不清楚。因此本中心回顾性分析接受移植的MDS患者,旨在评估IPSS-M在接受异基因造血干细胞移植(allo-HSCT)的MDS患者的预后及危险分层效能。

方法 回顾性分析2016年1月至2023年12月于华中科技大学同济医学院附属协和医院接受allo-HSCT的MDS患者。纳入标准为符合2016年WHO原发性MDS诊断标准、年龄大于18岁、可收集与IPSS-M相关的完整信息,共纳入86例患者,分别归为IPSS-M低风险(3例)、中低风险(9例)、中高风险(15例)、高风险(28例)和极高风险(31例);基于IPSS-M评分对86例患者采取三分法重新分层:IPSS-M<0.56(28例),IPSS-M 0.56~1.75(30例)和IPSS-M>1.75(28例)。

结果 幸存者中位随访时间为22.9个月,3年总生存期(OS)和无病生存期(DFS)分别为62.6%(95%CI, 51.9%-75.4%)、50.4%(95%CI, 38.9%-65.2%)。依据原始IPSS-M危险分层,86例患者的长期OS和DFS无统计学差异($P=0.22$ 、 $P=0.095$)。重新分层后,IPSS-M<0.56、IPSS-M 0.56~1.75和IPSS-M>1.75三组患者的3年OS分别为82.3%(95%CI, 64.7%-100.0%) vs.62.4%(95%CI, 46.2%-86.4%) vs.43.2%(95%CI, 27.0%-69.1%) ($P=0.007$),3年DFS分别为73.0%(95%CI, 53.9%-98.7%) vs.58.4%(95%CI, 41.9%-81.4%) vs.19.0%(95%CI, 6.5%-55.4%) ($P<0.001$),且三组患者长期OS和DFS具有显著差异($P=0.010$ 、 $P<0.001$);多因素分析显示,IPSS-M>1.75是MDS患者移植后OS的独立危险因素($HR=4.36$,95% CI 1.42-14.44, $P=0.010$)。

结论 IPSS-M危险分层对接受allo-HSCT的MDS患者未能显示出良好的预后预测价值,而基于IPSS-M评分寻找新的危险分层可能有助于识别对allo-HSCT反应更好的高危MDS患者。IPSS-M>1.75的MDS患者移植后生存结局较差,可考虑早期加入临床试验。

本研究由国家自然科学基金面上项目(批准号:82370220)、国家自然科学基金青年项目(批准号:82100233)资助。

PO-2184

The research of the number and dysfunction of bone marrow endothelial progenitor cells in myelodysplastic syndromes

Xiaofang Chen

Guangzhou First People's Hospital, Institute of Blood Transfusion and Hematology, Guangzhou Medical University

Objective The role and the mechanism of bone marrow endothelial progenitor cells (EPCs) in the initiation and progression of Myelodysplastic syndromes (MDS).

Methods Firstly, We collected BM samples of 40 MDS patients and 13 normal subjects, and detected the percentages of EPCs derived from BM mononuclear cells (MNCs) using flow cytometry (FCM). Secondly, BM-EPCs were cultured in vitro and their functions were detected. Nor-EPCs and MDS-EPCs were co-cultured with Nor-HSCs using transwell with different apertures. After 4h, the number of HSCs that migrated and adhered to the lower layer was detected. After 72 hours, the upper HSCs were taken to culture complete colonies. Thirdly, we detected immunohistochemical tests on bone marrow slices from MDS patients and normal subjects. The mRNA and protein levels were detected by Q-PCR and Western blot and in 19 MDS-EPCs cultured in vitro. Then we detected the migration and adhesion ability of MDS-EPCs

after PX-478 treatment in vitro. Fourthly, we intraperitoneally injected PX-478 into NHD13 mice model and detected the amount of blood cells.

Results It was found that the proportion of MDS-EPCs was higher than that of Nor-EPCs, and the increase was most significant in the IPSS-R rated high/very high risk group, which was also higher than healthy donors, very low risk/low risk group and intermediate risk group. Secondly, Nor-EPCs and MDS-EPCs were co-cultured with Nor-HSCs using transwell with different apertures. After 4h, the number of HSCs adhered to the lower layer in the MDS group was higher than that in the healthy donor group, and the increase was more significant in the IPSS-R rated medium risk group and high/very high risk group. After 72 hours, the upper HSCs were taken to culture complete colonies. It was found that the number of colonies of erythroid and granulomas in the MDS group was lower than that in the healthy donor group, and was significantly related to the risk stratification of IPSS-R. Thirdly, immunohistochemical tests on bone marrow slices from MDS patients showed that HIF1A and CXCL12 proteins were significantly higher than those of healthy donors. The mRNA level of HIF1A was not different, the protein level was significantly increased, and the mRNA and protein levels of CXCL12 were significantly increased by Q-PCR and Western blot in 19 MDS-EPCs. After PX-478 treatment of cultured MDS-EPCs, the migration and adhesion ability of MDS-EPCs was reduced and the hematopoietic support ability was improved. Fourthly, we intraperitoneally injected PX-478 into NHD13 mice model. The results showed that PX-478 could improve the survival rate of NHD13 mice and improve the amount of blood cells, which is prominent in the increased amount of peripheral blood hemoglobin.

Conclusion The key reason for the increased proportion and dysfunction of BM-EPCs in MDS patients is the increase in HIF1A and CXCL12, and PX-478 can improve its function. Meanwhile, the application of PX-478 in mice can improve the survival rate of NHD13 mice and the amount of blood cells, especially increased the amount of hemoglobin.

PO-2185

IKZF1 基因突变在骨髓增生异常综合征中的临床及分子学特征

于润红

河南省人民医院/郑州大学人民医院

目的 IKZF1 属于 IKAROS 转录因子家族, IKZF1 基因突变是 B 细胞急性淋巴细胞白血病 (B-ALL) 与 T-ALL 的不良预后因素, 最近也发现了 IKZF1 基因突变在急性髓系白血病 (AML) 发生中具有不利的预后意义。然而, IKZF1 在骨髓增生异常综合征 (MDS) 中的表达情况从未有过研究。

方法 应用二代测序检测河南省人民医院与河南省肿瘤医院 2015 年 1 月 1 日至 2024 年 04 月 30 日收治的骨髓增生异常综合征 (MDS) 患者骨髓或外周血, 对 IKZF1 基因突变阳性患者进一步分析了 96 种血液肿瘤相关基因突变以分析基因组特征, 以及 IKZF1 基因突变与患者临床特征与预后的关系。

结果 二代测序共检出 IKZF1 基因突变的 MDS 患者 11 例。IKZF1 基因突变的 MDS 患者的平均发病年龄较大, 11 例 IKZF1 基因突变的 MDS 有 3 例染色体核型为+8, 2 例为复杂核型或伴附加异常。血液肿瘤基因组突变分析发现, 伴 IKZF1 基因突变的 MDS 患者 U2AF1 基因突变高频发生, 此外 SF3B1、TP53、TET2、RUNX1 等基因突变亦频繁发生。IKZF1 突变的 AML 的临床表型以白细胞和血小板减少为主。在亚组分析中, 我们的结果显示, IKZF1 突变的 MDS 对常规治疗反应和预后较差。除 2 例进展为 AML, 2 例治疗无效放弃出院外, 表现出一个侵袭性的临床病程, 并原发性化疗耐药; 其余 7 例病情发展相对较缓。

结论 发现 IKZF1 基因突变是 MDS 中常见的事件和明确的不良风险标志物, 提高了我们对 IKZF1 突变的 MDS 认识。

PO-2186

一项基于小鼠骨髓增殖性肿瘤模型的微创型骨髓纤维化评价体系的研究

顾笑赫^{1,2,3}、宋旭光^{1,2,3}、曾令宇^{1,2,3}

1. 徐州医科大学附属医院血液科
2. 徐州医科大学血液病研究所
3. 江苏省干细胞重点实验室

目的 微创型小鼠骨髓纤维化（MF）疾病评价体系是一种通过采集并分析外周血参数即可获悉 MPN 小鼠模型髓内纤维化程度的评分算法。旨在通过简单微创的方式即可评估疾病严重程度，为 MF 的指导用药和疗效观察提供依据。

方法 本研究通过通过综合小鼠外周血象的各参数，通过主成分分析法降维策略构造出综合评价函数，再以 ROC 曲线分析获取截断值，结合外周血涂片观察，即可获得最终评价体系；使用新的评价体系对多种处理的模型鼠进行准确度验证。

结果 MPN 小鼠外周血象结果表明小鼠发病后随着时间的变化，但无法通过外周血象中某一项指标的变化来反映骨髓纤维化程度，然而使用新的评价体系对多种处理的模型鼠进行评价，86%小鼠病理分级与评价体系结果相一致。

结论 骨髓纤维化是 MPN 的最终转归，MF 患者生存率远低于 MPN 其他亚型。小鼠模型作为该疾病研究的主要载体有着不可替代的重要意义，且现有动物模型研究亟需一种连续识别和分类疾病严重程度的标准化方法。在开发评价体系时，我们将重点放在以微创手段获取外周血象来连续评估疾病整体进展。最终我们的评价体系能够通过对外周血各参数的分析有效反映髓内纤维化的情况并在批次多种类的 MPN 小鼠模型的验证中获得了高吻合率的结果。

PO-2187

聚乙二醇干扰素- α 2b 治疗骨髓增殖性肿瘤患者妊娠期的疗效及安全性研究

温紫玉、周璇、何哲柔、高梓铖、陈红、钟梅、刘晓力、许娜
南方医科大学南方医院

目的 妊娠 MPN 患者的血栓栓塞、出血、微循环障碍或胎盘功能障碍的风险增加，导致胎儿生长受限或流产。为了进一步优化 MPN 患者妊娠期的管理，本研究旨在评价聚乙二醇干扰素- α 2b 对妊娠期骨髓增殖性肿瘤患者的疗效及安全性。

方法 回顾性分析聚乙二醇干扰素- α 2b 治疗 10 例妊娠期慢性骨髓增殖性肿瘤病例，其中包括 6 例慢性髓系白血病慢性期（CML-CP）、1 例慢性髓系白血病加速期（CML-AP）、3 例原发性血小板增多症（ET），分析其临床数据，评价疗效和不良反应。

结果 10 例女性的中位妊娠年龄为 27（21-37）岁，其中 7 例为意外妊娠，3 例为计划妊娠（包括 1 例试管婴儿）。接受聚乙二醇干扰素- α 2b 治疗中位数量为 5（2-10）支，其中 1 例 CML-AP 采用聚乙二醇干扰素- α 2b 联合外周白细胞单采治疗。10 例患者均获得血液学反应，其中 3 例获得完全血液学反应，7 例获得部分血液学反应。10 例患者顺利分娩活婴，分娩时中位妊娠周数为 37（30-40）周，新生儿中位 1 分钟 Apgar 评分为 9（6-9）分，且多为肤色扣分。治疗期间观察到不良反应包括发热、皮疹、转氨酶异常、甲状腺功能异常，分级均为 1 级。

结论 小样本回顾性分析发现聚乙二醇干扰素- α 2b 在妊娠中晚期的骨髓增殖性肿瘤患者具有较好的安全性，未观察到新生儿的生长发育异常，且降细胞疗效明显。

PO-2188

骨髓微环境中 NLRP1 在骨髓增殖性肿瘤/骨髓纤维化中的作用及机制研究

原轲、曾令宇
徐州医科大学血液病研究所

目的 探究骨髓微环境中 NLRP1 在骨髓增殖性肿瘤/骨髓纤维化 (MPN/MF) 中的作用及其机制, 为 MPN 联合治疗 (改善骨髓微环境+靶向肿瘤细胞) 提供新思路。

方法 1.检测 MPN/MF 患者骨髓单个核细胞 NLRP1 的表达情况。2.构建 MPN/MF 小鼠模型, 将 MPLW515L-HSCs 输注给清髓处理的 C57BL/6 小鼠, 检测骨髓中 NLRP1 的表达。3.建立 C57BL/6 小鼠和 NLRP1-/-小鼠 MPN/MF 模型, 分析小鼠骨髓及脾脏造血功能、病理变化及纤维化改变。4.序贯移植, 检测小鼠骨髓造血重建能力、病理变化及骨髓纤维化程度; 5.收集两组小鼠原代 MSCs, 与瘤细胞共培养, 检测瘤细胞周期凋亡, 分析相关蛋白表达。6.RNA-seq 检测两组恶性造血干细胞, 挖掘骨髓微环境中缺失 NLRP1 后 MPN 肿瘤干细胞发生恶性克隆的相关机制;

结果 1.MPN 患者骨髓中单个核细胞高表达 NLRP1; 2.成功建立 MPN/MF 小鼠模型, MPN/MF 小鼠骨髓细胞高表达 NLRP1; 3.NLRP1-/-MPN/MF 小鼠与 C57BL/6MPN/MF 小鼠相比, 移植后 5-8 周外周血明显改善。NLRP1-/-MPN/MF 组异型性巨核细胞浸润明显减少, 骨髓网状纤维减轻, 脾脏结构破坏明显减轻。4.序贯移植后, NLRP1-/-MPN 瘤细胞致瘤力明显下降, NLRP1-/-组骨髓瘤细胞明显减少, NLRP1-/-组小鼠趋于正常。5.两组小鼠原代 MSCs 与 MPN 瘤细胞共培养, NLRP1-/-组瘤细胞凋亡增加, JAK2/STAT3 通路激活下降, MSCs 纤维化程度降低。

结论 1.骨髓微环境中 NLRP1 参与骨髓增殖性肿瘤/骨髓纤维化的发生发展; 2.敲除骨髓微环境中 NLRP1 明显降低 MPN 瘤细胞的致瘤能力, 延缓 MPN/MF 发展, 减轻骨髓纤维化程度。

PO-2189

基因突变与骨髓增殖性肿瘤的发生发展及预后

潘峻、高健、杨云帆、牛挺
四川大学华西医院

目的 BCR::ABL1 融合基因阴性的慢性骨髓增殖性肿瘤(MPN)是一组起源于单个造血干细胞的肿瘤性疾病。MPN 患者的血细胞中存在有多种基因突变, 三种疾病驱动基因(Janus 激酶-JAK2、钙网蛋白-CALR 和促血小板生成素受体-MPL)中的任何一种功能获得性突变可以单独引发并促进 MPN 的发生发展。克隆驱动基因如 ASXL1、EZH2、IDH1、IDH2 和 SRSF2 等基因易感位点突变可以通过影响细胞衰老、表观遗传调控、DNA 损伤修复、肿瘤抑制及细胞发育等生物途径影响 MPN 的发生发展, 此外, 还有一些意义不明的“乘客基因突变”。

方法 疾病驱动基因及克隆驱动基因的功能获得性突变可以导致炎性细胞因子如转化生长因子 (TGF- β)、IL-8、IL-2R、脂钙素-2 等的血浆水平显著升高、进一步破坏骨髓微环境, 加剧了克隆性造血干细胞的增殖、诱导过量的细胞外胶原纤维沉积、新生血管生成和骨硬化。

结果 在这些突变基因的共同作用下, 最初诱发潜质未确定的克隆造血 (CHIP), 历经 5-15 年后可以出现典型的 MPN 疾病表型。基因突变还影响 MPN 的预后分层及治疗结局, 特别是 CBL、DNMT3A、EZH2、IDH1、IDH2、KRAS、NF1、NRAS、PTPN11、RUNX1、SETBP1、SF3B1、SH2B3、SRSF2、TET2、TP53、U2AF1、ZRSR2 中的任何一个发生突变与 MPN 患者的总生存率降低和进展为急性髓性白血病(AML)的高风险相关, 其中 ASXL1、EZH2、IDH1、IDH2 和 SRSF2 基因突变对患者的预后有更差的影响, 因此这些基因突变被定义为“高分子风险”(HMR)。

结论 因此，对疑诊为 MPN 的患者，在完善血常规、骨髓穿刺及活检的基础上，非常有必要完善 MPN 相关基因检测，在此基础上进行 MPN 疾病风险评估，指导制定合理的治疗方案。

PO-2190

整合多组学分析初步探索促进 MPN 进展的关键靶点

许明丽^{1,2}、李学东^{1,2}、罗小华³、李胜龙⁴、汪英颖^{1,2}

1. 重庆医科大学基础医学院免疫学教研室
2. 肿瘤免疫调节与免疫干预重庆市重点实验室
3. 重庆医科大学附属第一医院血液内科
4. 重庆医科大学基础医学院生物信息学教研室

目的 通过采用来源于 MPN 患者的骨髓上清对 MPN 细胞系（HEL 和 TF1）进行培养，观察细胞系生物学功能及进行转录组基因分析，并对骨髓上清进行蛋白组学分析，旨在发现促进 MPN 进展的关键靶点，为 MPN 治疗提供新思路。

方法 收集临床 MPN 初诊患者的骨髓标本（n=7）和对照上清（n=4），蛋白组学分析骨髓上清的蛋白组成；流式细胞术分析上清对细胞系表型及增殖影响；并进行转录组测序及分析。

结果 MPN 患者上清 4%浓度导致 HEL 和 TF1 细胞系凋亡，1%浓度促进 HEL 增殖，抑制 TF1 细胞系增殖。MPN 患者上清对细胞系 TNF/TNFR1-2 的表达的影响作用不一致。转录组分析显示相对无患者来源上清的对照组，上清处理 TF1 和 HEL 细胞系转录组进行 KEGG 富集分析显示基因主要与细胞因子相互作用通路，尤其与趋化因子比如 CXCL8 等相关。蛋白组学分析结果显示：相比非 MPN 患者上清，MPN 患者上清中具有差异性蛋白共有 111 个，其中上调蛋白有 37 个（FAH, UNC13D, MAP3K4, HPR, LBP, MBL2, IGFBP5 等），KEGG 富集到通路主要是 NF-kappa B 信号通路、PI3K-Akt 信号通路、B 细胞信号通路、造血细胞谱系、钙信号通路、FCγ 介导的吞噬作用等。

结论 MPN 患者骨髓上清中异常分泌的蛋白促进肿瘤增殖。但样本量较少，后续增加临床样本量进一步进行验证，并鉴定潜在的关键蛋白，探明关键蛋白在 MPN 疾病中的可能作用机制。

PO-2191

增殖性肿瘤中原发性与继发性骨髓纤维化患者临床特征的比较研究

李瑞、刘华胜、陈颖、刘玉婷、边天月、袁仕会、徐蕊、刘亦菲
西安交通大学第一附属医院

目的 骨髓增殖性肿瘤（Myeloproliferative neoplasms, MPN）中原发性骨髓纤维化（Primary Myelofibrosis, PMF）和继发性骨髓纤维化（Secondary Myelofibrosis, SMF）在病因、临床表现、治疗策略和预后方面存在差异，同时也均具有进展为急性白血病的风险，本研究分析其临床特征，旨在早期识别和诊治。

方法 回顾性分析诊断为 MPN-PMF53 例和 MPN-SMF45 例（PET-MF34 例、PPV-MF11 例）的两组数据，来源：2019 年 1 月 1 日至 2024 年 4 月 1 日近 5 年余，就诊于西安交通大学第一附属医院患者。

结果 在白细胞 $>25 \times 10^9/L$ 、外周血原始细胞计数、体质性症状、乏力、腹胀、巨脾方面，两组差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。在年龄、性别、白细胞计数、驱动基因突变、出血及血栓事件、合并门静脉高压、肺动脉高压、甲状腺疾病方面，两组差异无统计学意义。其中，9 例患者合并门静脉高压，平均门静脉宽度为（ 17.49 ± 2.89 ）mm。7 例合并肺动脉高压，平均肺动脉压力为

(53.86±11.95) mmHg, 5 例 (55.56%) MF 相关门静脉高压患者同时存在肺动脉高压。6 例 (85.7%)患者心脏增大, 以左房增大多见。

结论 PMF 患者具有外周血白细胞计数和原始细胞计数增高、巨脾等突出特点, PMF 和 SMF 患者的 JAK2-V617F 突变均较常见。均可发生出血及血栓事件, 部分患者以门静脉高压为首发症状, MPN 相关门静脉高压患者发生肺动脉高压的概率更大, 容易引起心脏受累。

PO-2192

JAK2V617F 变异等位基因频率与骨髓增殖性肿瘤患者临床特征关系研究

苏小丽、辛晓丽、王家璇、高广勋、高山
空军军医大学第一附属医院

目的 研究 JAK2V617F 突变阳性的骨髓增殖性肿瘤 (MPN) 患者 JAK2V617F 变异等位基因频率 (VAF) 与临床特征的关系。

方法 回顾性分析空军军医大学第一附属医院 2022 年 5 月 1 日至 2024 年 4 月 30 日确诊的 220 例 MPN 患者的临床资料。

结果 220 例 MPN 患者中 JAK2V617F 突变率为 76.8% (169/220), 其中, 真性红细胞增多症 (PV)、原发性血小板增多症 (ET) 和原发性骨髓纤维化 (PMF) 患者突变率分别为 100% (33/33)、59.0% (23/39)、76.4% (113/148)。169 例 JAK2V617F 基因突变 MPN 患者中, JAK2V617F VAF 平均值为 51.94% (0.18%~96.90%), PV、ET 和 PMF 患者的 JAK2V617F VAF 平均值分别为 65.05% (26.65%~93.90%)、16.69% (5.00%~32.80%) 和 55.28% (0.18%~96.90%)。JAK2V617F 基因突变 MPN 患者中, 年龄大于 60 岁患者 JAK2V617F VAF 明显高于年龄小于 60 岁患者 ($t=2.365$, $P<0.05$), 脾大患者 JAK2V617F VAF 明显高于脾脏大小正常患者 ($t=8.524$, $P<0.05$), JAK2V617F VAF>50% 患者白细胞计数明显高于 JAK2V617F VAF<50% 患者 ($t=4.817$, $P<0.05$)。JAK2V617F 基因突变 PMF 患者中, 明显纤维化期 PMF (Overt-PMF) 患者 JAK2V617F VAF 明显高于纤维化前/早期 PMF (Pre-PMF) 患者 ($t=2.682$, $P<0.05$)。

结论 不同类型的 MPN 患者 JAK2V617F VAF 不同, JAK2V617F VAF 可以反映疾病的恶性程度。

PO-2193

骨髓增生异常综合征患者中分子核型与传统核型检测的比较研究与相关性分析

王雪
天津见康华美医学诊断技术有限公司

目的 骨髓增生异常综合征 (MDS) 是一种影响造血功能的血液疾病, 其精确诊断和预后评估对治疗策略至关重要。本研究旨在探讨 MDS 患者中分子核型与传统核型检测的相关性及其在诊断和预后评估中的互补性。

方法 我们收集了 131 例 MDS 患者的样本, 这些样本均已知传统核型结果。采用靶向下一代测序 (NGS) 技术, 基于靶区域片段分析技术进行分子核型分析, 比较和传统核型分析染色体臂的扩增与缺失结果的差异。

结果 5 例样本在传统核型检测中未见分裂相, 而分子核型分析显示 5 例均异常。64 例传统核型正

常的患者中，分子核型分析发现 4 例异常。62 例传统核型阳性患者中，分子核型分析显示 19 例正常，其中 3 例检出单个基因拷贝数变异；13 例分子核型与传统核型完全一致，主要为+8 和 5q-；11 例传统核型结果多于分子结果，5 例不一致，14 例部分一致，多见于复杂核型。

结论 分子核型与传统核型检测在 MDS 患者中各有优势。分子核型分析在传统核型分析受限时，如培养失败或染色体来源不明，能提供重要信息。传统核型分析在识别低比例肿瘤异常和不同细胞亚克隆核型方面有其独特价值。两种方法结合使用，有助于 MDS 患者的精准诊断和预后分层，对提高诊断准确性和预后评估具有重要意义。

PO-2194

22 例慢性粒-单核细胞白血病结果分析

章国强、钟济华

上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 为了对慢性粒-单核细胞白血病的诊断提供更多的形态学诊断支持，总结不同的辅助检查指标与 CMML 诊断的相关性。

方法 统计本院从 2017 年 2 月至 2023 年 11 月诊断的 22 名慢性粒-单核细胞白血病的患者（CMML 组）的临床资料及相关的检查结果；选取同期 20 名外周血单核细胞比例>10%的非 CMML 患者（N-CMML 组）以及 20 名急性单核细胞白血病（M5）（AML 组）的患者作为对照组。

结果 CMML 组中 22 名患者中男女之比为 4.5；中位年龄为 66 岁；按照 2022 WHO 诊断标准，CMML-1 型 4 例（4/22），CMML-2 型 18 例（18/22）；发育不良型（WBC<13*10⁹/L）6 例（6/22）；增殖型（WBC>13*10⁹/L）16 例（16/22）；CMML 和 AML 组相较于 N-CMML 在血小板减低、贫血、乳酸脱氢酶增高、外周血细胞形态提示异常指标中结果均存在明显差异；骨髓细胞形态存在病态造血系别数 CMML 组（2.67 ±1.58）%和 AML 组（1.53 ±2.03）%相对于 N-CMML（0.23 ±3.32）%存在统计学差异；CMML 组和 N-CMML 组对于 AML 组在成熟单核细胞比例（15.25±2.35）%、（11.54±1.89）%、（5.45±2.01）%存在统计学差异；CMML 组与 AML 组在病理活检中看见小巨核细胞的比例为 17:6。

结论 外周血细胞形态分析、血小板计数、血红蛋白含量、乳酸脱氢酶、细胞病态造血在鉴别 CMML 与 N-CMML 患者有一定的鉴别意义；成熟单核细胞比例以及病理活检小巨核细胞在区分 CMML 和 AML-M5 有一定辅助诊断价值。

PO-2195

阿扎胞苷联合短疗程维奈克拉治疗初诊及 HMAs 治疗后的 MDS 患者的疗效及安全性

张梦芸、韩潇、刘学、万锴、颜红菊、文钦、张诚、张曦

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 评估阿扎胞苷联合短疗程维奈克拉治疗中国初诊及 HMAs 治疗后 MDS 患者的疗效及安全性

方法 该研究为单臂、前瞻性、开放性、单中心队列研究，入组患者为初诊较高危组（IPSS-R≥3.5）或 HMAs 治疗后的 MDS 患者。治疗方案：AZA,75 mg/m², d1-7d；维奈克拉 400mg/d, d1-14d, 28 天 1 疗程。主要观察终点：4 疗程后的 ORR，次要观察终点：OS 及安全性。第 1、2、4 疗程结束后复查骨髓穿刺，根据 IWG 2006 反应标准评估疗效

结果 23 例患者入组并可评估，中位随访时间 9 个月（1.5-23.8 个月），男性 20 例，女性 3 例，中

位年龄 64 岁（34-74）。初治组 15 例，复治组 8 例；初治患者中，3 例（20%）为中危组，5 例（33.3%）为高危组，7 例（46.67%）为极高危组。复治组 6 例（75%）为高危或极高危。4 周期结束后，初治组 CR+mCR 为 66.67%（10/15），复治组 CR+mCR 为 62.5%（5/8），所有患者及达到 CR+mCR 的患者中位 OS 均为 18.4 个月。血液学不良事件发生率为 100%（23/23），中性粒细胞减少伴发热的发生率为 30.43%（7/23）。因治疗所致 3~4 级白细胞计数下降发生率为 34.78%（8/23）、3~4 级贫血发生率为 26.08%（6/23）、3~4 级血小板减少发生率为 8.69%（2/23）

结论 阿扎胞苷联合短疗程维奈克拉治疗初诊较高危及 HMAs 治疗后的 MDS 患者，缓解率高，耐受性良好，治疗相关的血液学不良反应发生率相对较低

PO-2196

XPO-1 联合芦可替尼治疗加速期/白血病期骨髓纤维化真实世界研究

刘柳¹、宋雪雯²、丁冰洁²、周虎²

1. 郑州大学第一附属医院

2. 河南省肿瘤医院

目的 骨髓增生性肿瘤（MPN）中的白血病转化，也称为“白血病期 MPN”（MPN-BP），其预后不佳，1 年和 3 年生存率估计值分别为<20%和<5%。Selinexor（SEL）是一种口服 XPO1 抑制剂，可抑制与 MF 相关多种途径，其在加速或白血病期 MP 中的实际疗效尚不清楚。

方法 我们报道了 3 例应用 JAK 抑制剂后耐药或不耐受，进展为 MPN-BP 或 MPN-AP 的 PMF 患者，在使用 Selinexor 联合或单用芦可替尼治疗后的临床结局。

结果 3 名 PMF 患者均为女性，平均年龄 51 岁（最小 46 岁，最大 56 岁），IPSS 评分分别为 3 分-高危组（2 名）和 2 分中危 2 组（1 名）。分别存在 MPL、CARL 驱动基因突变，1 例为三阴性。其中只 1 例患者伴 TP53 非驱动基因突变和复杂染色体核型（MPL 突变），另外 1 例伴 ASXL1 突变。暴露 JAK 抑制剂时间平均为 16.3 个月（最短 8 个月，最长 30 个月）。JAK 应用期间 24 周平均缩脾 19.29%（4.02%-33.39%），在疾病进展后启动 Selinexor 治疗，起始剂量为 40mg qw，2 周后调整为 60mg qw，根据血小板水平调整芦可替尼用量（平均 5-10mg bid），血小板 ≤50×10⁹/L 时停用芦可替尼。12 周平均缩脾 14.58%（10.76%-18.48%），2 例均从白血病期转为慢性期，12 周外周血原始细胞平均减少 75.06%。MPN-10 评分平均 12 周减少 43.63%。Selinexor 平均用药时长为 11 个月（最短 5 个月，最长 16 个月），疗效仍为疾病稳定。

结论 Selinexor 联合芦可替尼或可逆转 MPN 患者加速或转白状态，显著延长患者生存。

PO-2197

系统性红斑狼疮继发骨髓纤维化个案报道

张贝、白俊俊、古晶晶、王红霞、裴智信、赵颖欣、吴慧敏、宋庆林

焦作市人民医院

目的 血液系统是系统性红斑狼疮常常累及的系统，但是骨髓纤维化是系统性红斑狼疮罕见却被报道可累及的临床表现，目前认为是免疫介导的细胞破坏。我们报道了一例系统性红斑狼疮患者，合并出现重度骨髓纤维化，同时累及神经系统、内分泌系统、消化系统、泌尿系统。

方法 描述该患者的病史、体格检查、辅助检验检查结果、治疗经过及转归。

结果 患者发病时合并重度粒细胞减少、贫血、重度血小板减少、重度骨髓纤维化，经过糖皮质激素、环磷酰胺、长春新碱、西罗莫司、利妥昔单抗、免疫球蛋白、血浆置换等治疗后血细胞明显好

转,骨髓纤维化尚未变化。

结论 系统性红斑狼疮可并发全血细胞减少、骨髓纤维化。对于有血液系统损害的系统性红斑狼疮病人,应早期行骨髓穿刺活检,明确有无继发骨髓纤维化;对于骨髓活检提示骨髓纤维化患者,应完善免疫学相关检查明确有无合并自身免疫性疾病,以做到对该病的早期诊断及治疗。

PO-2198

6MW3211 注射液治疗复发/难治性急性髓系白血病(AML)或骨髓增生异常综合征(MDS)患者的初步有效性和安全性:多中心、开放性的 Ib 期临床试验

刘柳¹、宋雪雯²、丁冰洁²、李梦娟²、周虎²

1. 郑州大学第一附属医院

2. 郑州大学附属肿瘤医院

目的 评价 6MW3211 注射液(简称试验药物)治疗复发/难治性 AML/MDS 患者的初步抗肿瘤疗效。

方法 该研究为一项多中心、开放性 Ib 期临床试验,纳入年龄 18 岁至 75 岁之间的复发难治 AML/MDS 患者。主要研究终点为患者完全缓解率、总缓解率、完全缓解持续时间、总生存期。次要终点为不良事件发生情况等。

结果 共 4 例患者入组,其中 3 例为 MDS,1 例为 AML,均为难治复发患者。男性 2 例,女性 2 例,平均年龄 53 岁(47 岁-70 岁),病程平均 22.75 个月。1 人入组 30mg/kg 试验药物剂量组,1 人入组 45mg/kg 剂量组,另外 2 人入组试验药 45mg/kg 联合阿扎胞苷 75 mg/m²,每月 1 周期 Q2W 使用。最佳疗效为 2 例 SD,2 例 PD,缓解率 50%,疗效最佳患者原始细胞降低 86.0%。从入组到患者疾病进展平均时间为 2.75 个月,最长可维持 7 个月,1 例患者在停药 6 个月后仍生存状态。AE 多为 1-2 级,以呕吐、心肌缺血、肝功能不全为主,2 例呼吸道感染相关 SAE。虽然所有患者最终均因原发疾病进展死亡,但均存在多种预后不良突变、ECOG 评分 3 分以上、感染状况较重等因素。

结论 作为 PD-L1 强结合和 CD47 弱结合剂,6MW3211 注射液可靶向通过 CD47 抗体从而阻断 SIRPa-CD47 来激活先天免疫,在白血病中发挥一定的抗肿瘤作用,但无法改善难治复发患者的预后和总体生存。

PO-2199

异基因造血干细胞移植治疗骨髓增生异常性/骨髓增殖性肿瘤(MDS/MPN)的临床分析

齐默初

郑州大学第一附属医院

目的 回顾性分析 9 例异基因造血干细胞移植(allo-HSCT)治疗骨髓增生异常性/骨髓增殖性肿瘤(MDS/MPN)的临床疗效。

方法 通过观察 9 例骨髓增生异常性/骨髓增殖性肿瘤(MDS/MPN)患者在接受异基因造血干细胞移植(allo-HSCT)后造血重建、移植后抗宿主病(GVHD)、感染、复发及生存情况,分析 allo-HSCT 治疗 MDS/MPN 的临床疗效。

结果 9 例骨髓增生异常性/骨髓增殖性肿瘤(MDS/MPN)中,慢性粒单核细胞白血病(CMML)7 例,骨髓增生异常性/骨髓增殖性肿瘤-未分类型(MDS/MPN-U)2 例,其中,男性 3 例,女性 6

例，中位年龄 45（26-64）岁，其中同胞全相合移植 1 例，无关全相合移植 2 例，单倍体移植 6 例，9 例患者全部获得供者型植入，粒系植入中位时间为 12（10-15）天，血小板植入中位时间 12（10-15）天，中位随访时间 34（3-80）个月，总体生存率 88%，移植相关死亡率（TRM）11%，未观察到复发不良事件。

结论 异基因造血干细胞移植可以改善骨髓增生异常性/骨髓增殖性肿瘤（MDS/MPN）患者的生存，是治疗 MDS/MPN 的有效手段。

PO-2200

I3MO 治疗 JAK2V617F 阳性骨髓增殖性肿瘤的研究

魏晓晶¹、滕广帅¹、段依璠¹、马金玉¹、胡新¹、袁卫平^{1,2}、白洁¹

1. 天津医科大学第二医院

2. 中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)，实验血液学国家重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心

目的 在目前的治疗模式下，中、高危 JAK2^{V617F} 突变 MPN 患者的中位生存时间少于 5 年，且 JAK1/2 抑制剂不能降低 V617F%，尚不能达到分子学缓解或逆转疾病进展。靛玉红（Indirubin-3'-monoxime, I3MO）是青黛的有效成份，多项研究表明 I3MO 具有良好的抗癌、抗炎和改善组织纤维化的作用。本研究将阐明 I3MO 治疗 JAK2^{V617F} 阳性 MPN 的作用。

方法 以 JAK2^{V617F} 阳性 MPN 细胞系、原代细胞、MPN 小鼠模型及 PDX 模型为主要研究对象，通过体内/外实验，明确 I3MO 靶向 AURKA/P53/Casp3 治疗 JAK2^{V617F} 阳性 MPN 疾病进展的作用及机制。

结果 通过对 MPN 细胞系、原代细胞及 MPN 小鼠细胞进行不同药物浓度的处理，发现 I3MO 对 JAK2^{V617F} 阳性 MPN 细胞系及原代细胞具有促细胞凋亡及抑制 MPN 细胞增殖作用，具有时间依赖性及药物浓度依赖性。低浓度 I3MO 与芦可替尼具有协同杀伤 MPN 细胞作用。对经 I3MO 处理的 HEL 细胞进行 Bulk-seq，发现 1855 个差异表达的 mRNA（ $P < 0.05$ ， $|\log_{2}FC| > 1$ ），KEGG 将这些差异基因富集到 p53、凋亡及细胞周期等通路。Bulk-seq、RT-qPCR 及 WB 的结果证实 I3MO 可下调 MPN 细胞中 AURKA 基因及蛋白的表达水平。AURKA 基因在 JAK2^{V617F} 阳性 MPN 患者中高表达，与患者不良预后相关。经 I3MO 处理后，AURKA 的表达水平下调，P53、PARP 及 Caspase 3 蛋白表达上调。

结论 本研究通过体内/外实验，发现 I3MO 通过 AURKA/P53/Casp3 信号通路发挥靶向肿瘤细胞的治疗作用，为 MPN 治疗寻找新的治疗靶点，对改善 JAK2 V617F 突变 MPN 患者生存质量和预后具有重要意义。

PO-2201

一例 JAK2 V617F 后检测到 BCR-ABL 融合基因的患者病例文献复习

赵江珊^{1,2}、石琳¹

1. 河南省中医院

2. 河南中医药大学

目的 报道一例 JAK2 V617F 后检测到 BCR-ABL 融合基因的患者病例文献复习

方法 通过对病例资料及国内外研究进展分析以期探索发病机制、特点及治疗方案。

结果 同时应用氟马替尼、芦可替尼治疗，本例患者可耐受并改善生活质量。

结论 目前尚不清楚 JAK2 V617F 阳性克隆和 BCR-ABL 阳性克隆在分子水平上是否相关，在施加 TKI 治疗后二者呈现相反增减态势，可能被认为是单独的疾病实体。对于长期存在 PV、ET 或 PMF 并被诊断为 CML 的患者，应早期在伊马替尼基础上添加干扰素治疗；疾病进展后建议联合 BCR-ABL 激酶抑制剂和 JAK2 抑制剂，并根据治疗反应调整安全剂量。但需要更多的临床数据支持。

PO-2202

MSH6 mutation cooperates with TET2 mutation to promote the progression of MDS/MPN

Yangpeng Chen, Qifa Liu
南方医科大学南方医院

Objective Myelodysplastic syndrome/myeloproliferative neoplasm (MDS/MPN) overlap syndromes are unique myeloid neoplasms and frequently progress to acute myeloid leukemia. Recurrent mutations contribute to the development of MDS/MPN and related myeloid neoplasms. Among the regulators of DNA methylation, ten-eleven translocation 2 (TET2) is one of the most frequently mutated genes in clonal hematopoiesis of indeterminate potential and in various hematological malignancies, underscoring a pivotal role for TET2 in blood homeostasis and hematopoietic transformation. The Msh6 gene is involved in one of the systems repairing the errors that arise during DNA replication. Clonal analysis indicates that either mutation can arise as the founder lesion, and the importance of concomitant alterations of Tet2 and Msh6 within distinct hematopoietic compartments and disease progression remains to be elucidated

Methods To further study the impact of Msh6 alteration on disease progression in Tet2-mediated MDS/MPNs and Tet2-mutant hematopoietic stem and progenitor cell (HSC/HPC) function, we crossed the Tet2^{-/-} mice with Msh6^{+/-} mice and assessed hematopoietic phenotypes in vivo. We found that Tet2^{-/-};Msh6^{+/-} mice had significantly shorter mean survival rate than Tet2^{-/-} or Msh6^{+/-} mice. To classify the hematopoietic phenotypes in Tet2^{-/-};Msh6^{+/-} mice, we performed a series of analyses including histology, and flow cytometry on peripheral blood (PB), bone marrow (BM), and spleen (SP). We observed subtle differences in the Tet/Msh6 mutants compared to either single mutant and WT mice.

Results Under conditions of native hematopoiesis, we see a distinct myeloid bias and monocytosis in the Tet2^{-/-};Msh6^{+/-} mutants. The average numbers of WBC, neutrophil were significantly higher in the PB of Tet2^{-/-};Msh6^{+/-} mice compared with the wild-type (WT) group and the Hb levels in Tet2^{-/-};Msh6^{+/-} mice was the lowest among all the groups of mice. A subset of the compound Tet2^{-/-};Msh6^{+/-} mutants display myelomonocytic hyperplasia, splenomegaly, developed leukocytosis, with an increased CFU colony numbers upon series clonogenic assay. To determine the effect of Msh6 alteration on Tet2^{-/-} HSPCs, we performed flow cytometric analyses and found that the frequencies of LSK was significantly increased in the BM of Tet2^{-/-};Msh6^{+/-} mice compared with that in WT mice, yielding a disease with core characteristics of MDS/MPN. We further assessed the absolute number of LSCs with limiting dilution assay and observed about 6-fold decrease of HSC number in Tet2^{-/-} mice.

Conclusion This study demonstrates that mutant Msh6 cooperated with Tet2^{-/-} enhance myeloid proliferation and HSC self-renewal to promote myeloid tumor progress through increasing tumor stem cell frequency. This model represents a significant step toward building high fidelity and genetically tractable models of MDS/MPN. Future studies are warranted using the Tet2 and Msh6 co-mutated mice or patient samples to investigate the cooperative effect between Tet2 mutant and Msh6 in the progression of myeloid malignancies.

PO-2203

Clinical and Genetic Profiles and HSCT Outcomes in Secondary Myelodysplastic Syndrome Following Aplastic Anemia

Jia Li, Sizhou Feng

State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Tianjin 300020, China.

Objective Aplastic anemia (AA) often complicates due to clonal diseases like secondary myelodysplastic syndrome (sMDS). This study aims to explore the basic characteristics, diagnostic subtypes, genetic profiles, and post-hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) outcomes of sMDS post-AA.

Methods We retrospective analyzed clinical characteristics and post-HSCT outcomes in 25 sMDS patients post-AA, 337 patients with de novo MDS, and 285 AA patients without MDS progression before and after propensity score matching.

Results Among the sMDS patients, 80% were previously diagnosed with non-severe AA. Their median age at HSCT was 35 years, between de novo MDS (45 years, $P=0.021$) and non-progressing AA patients (24 years, $P<0.001$). Compared to de novo MDS patients, sMDS patients frequently presented with early MDS status before HSCT, as confirmed by the 2016 (44.0% vs 24.6%, $P=0.033$) and 2022 WHO criteria (48.0% vs 21.4%, $P=0.002$). sMDS showed higher rates of GATA2 and PIGA mutations and $-7/del(7q)$ loss, while U2AF1 mutations were more common in de novo MDS. sMDS patients with $-7/del(7q)$ typically presented it as their sole chromosomal abnormality, and $-7/del(7q)$ only affected their 1-year relapse incidence (25.0% [95%CI, 0.0-46.1%] vs 0.0%, $P=0.045$). Adjusted for baseline characteristics, their survival was better than de novo MDS patients, approaching statistical significance. When AA severity was balanced, survival between sMDS and non-progressing AA patients showed no significant difference.

Conclusion Post-AA sMDS patients exhibited unique clinical and genetic profiles. HSCT is safe and effective for sMDS patients, and NSAA progression to sMDS may not be as concerning.

PO-2204

BCR-ABL1 阴性骨髓增殖性肿瘤患者的临床特征与血栓事件分析

方玉、师锦宁、马永超、张巍
南京市江宁医院

目的 回顾性分析 BCR-ABL1 阴性的骨髓增殖性肿瘤 (MPN) 患者的临床特征, 探讨患者发生血栓事件的危险因素。

方法 回顾性分析南京医科大学附属江宁医院 2013 年 11 月至 2023 年 09 月收治的 101 例 BCR-ABL1 阴性 MPN 患者的临床资料, 根据是否发生血栓事件进行分组。绘制受试者工作特征 (ROC) 曲线评价年龄、中性粒细胞计数、CRP、总胆固醇、低密度脂蛋白及 LDH 对血栓形成的预测价值。比较血栓组和非血栓组患者的临床特征差异, 多因素 Logistic 回归分析患者发生血栓事件的危险因素。

结果 101 例 MPN 患者包括原发性血小板增多症 (ET) 64 例, 真性红细胞增多症 (PV) 27 例, 原发性骨髓纤维化 (PMF) 8 例。根据是否发生血栓事件分为血栓组 (32 例, 31.7%) 和非血栓组

(69例, 68.3%), 对比两组的临床参数, 发现: 吸烟史、糖尿病史、高血压史、年龄、中性粒细胞计数、C反应蛋白(CRP)、总胆固醇、低密度脂蛋白和乳酸脱氢酶(LDH)水平的差异有统计学意义($P < 0.05$); 而疾病种类、性别、脾脏大小、白细胞计数、淋巴细胞计数、血红蛋白水平、血小板计数、甘油三酯、高密度脂蛋白在两组患者中无显著差异($P > 0.05$)。与非血栓组相比, 血栓组患者具有吸烟史、糖尿病史、高血压史患者的比例更高($P < 0.05$)。应用ROC曲线设置下列危险因素 $cut\ off$ 值: 年龄、中性粒细胞计数、CRP、总胆固醇、低密度脂蛋白及LDH分别为: 61.5岁、 $7.94 \times 10^9/L$ 、 3.55mg/L 、 3.51mmol/L 、 1.995mmol/L 、 3.55mg/L 。与非血栓组相比, 血栓组患者的年龄、中性粒细胞计数、CRP、总胆固醇、低密度脂蛋白及LDH均较高。多因素Logistic分析结果显示: 吸烟、年龄 ≥ 61.5 岁、高总胆固醇是患者发生血栓事件的独立危险因素($P < 0.05$)。

结论 BCR-ABL1阴性MPN患者中患者的吸烟史、年龄、总胆固醇水平等指标是影响患者血栓事件的独立危险因素, 对预测患者血栓形成具有一定价值。

PO-2205

骨髓增生异常综合征基因突变的临床特点及预后分析

丁玲玲、张文慧、赖毅婷、龙再飞、邹梦齐、Sheikh A. Andoh、蔡陈超、王志红
福建省立医院

目的 本研究旨在通过临床数据及GEO数据库, 利用生物信息学技术, 分析基因突变与临床预后的相关性, 挖掘潜在的治疗新靶点, 并为今后构建预后风险预测模型提供数据。

方法 从福建省立医院收集到14例MDS患者, 并从GEO数据库以及文章附件中获得了234例患者的完整数据。使用R软件及相关R包对数据进行差异基因表达分析, 进行KEGG富集分析。随后, 利用蛋白质互作网络(PPI)分析枢纽基因。最后进行生存分析, 并采用SPSS进行统计分析。

结果 本研究共纳入248例MDS患者。研究发现, TET2是最常见的突变基因, 其次是SF3B1、ASXL1、SRSF2、DNMT3A和RUNX1。年龄、性别、ASXL1、RUNX1、EZH2与MDS患者总生存期(OS)相关, 其中年龄、性别、ASXL1突变是影响OS的独立因素。KEGG与PPI分析结果表明, MYC可能是ASXL1基因突变的核心基因。生存分析显示, EZH2或ETV6基因共突变显著降低ASXL1突变患者的生存时间。

结论 该研究发现, 基因突变对预测MDS的生存结局具有重要意义, 且MYC基因可能与ASXL1突变在MDS患者中的作用机制有关, 故MYC可能成为携带ASXL1突变的MDS患者的潜在治疗靶点。此外, 在ASXL1突变的MDS患者中, ETV6或EZH2共突变与较差的临床结果相关。然而, 与以往的研究有所差异。这些差异可能是由于样本量不足导致, 需进一步进行大样本和多中心研究来验证。

PO-2206

BCR-ABL 合并 JAK2 突变阳性的骨髓增殖性肿瘤 1 例

延擷颖、王晓、戴钰婷、高素君、谭业辉、孙京男
吉林大学第一医院

目的 探讨1例BCR-ABL合并JAK2突变阳性的骨髓增殖性肿瘤病例的诊疗过程。

方法 回顾性分析吉林大学第一医院2023年5月收治的1例BCR-ABL合并JAK2突变阳性的骨髓增殖性肿瘤病例, 总结病例特点及诊疗方法。

结果 患者老年男性, 2个月前无明显诱因出现周身乏力, 左上腹可触及肿物。查体脾肋下5.6cm, 中度肿大。初诊时血常规示白细胞 $233.48 \times 10^9/L$, 中性粒细胞绝对值 $182.42 \times 10^9/L$, 血红蛋白

127g/L, 血小板 $594 \times 10^9/L$ 。骨髓细胞学涂片示粒细胞系增生极度活跃, 占 93%, 以中晚幼粒细胞增生为主。骨髓活检示网状纤维染色 (MF-1 级)。BCR-ABL(IS)为 105.691%。诊断为慢性髓系白血病 (Sokal 评分 1.276 高危组, Hasford 评分 46.32 低危组), 予以氟马替尼 600mg 每日 1 次口服。治疗 1 个月后 BCR-ABL(IS)降至 16.929%, 白细胞也降至正常, 血小板的数量却升至 $1306 \times 10^9/L$, 怀疑患者存在其他基因突变, 提检 JAK2-V617(PB)定量, 结果为 JAK2-V617 突变阳性, JAK2-V617F%为 33.49%, 更正临床诊断为骨髓增殖性肿瘤 (BCR-ABL 合并 JAK2 突变阳性)。予以芦可替尼 10mg 每日 2 次。5 个月后复查 BCR-ABL(IS)为 0.0550%, JAK2-V617F%为 39.01%, 血小板为 $1766 \times 10^9/L$ 。8 个月后复查 BCR-ABL 已转阴。现血小板稳定在 $600 \times 10^9/L$ 左右, 脾脏回缩至正常。

结论 慢粒患者在应用 BCR-ABL 抑制剂后出现症状持续不缓解或异常血象时应及时行其他基因突变的筛查, 诊断明确后宜早期应用对应突变基因的靶向药物。

PO-2207

单中心儿童骨髓增生异常性肿瘤临床与预后回顾性分析

薛婉婷、孙伊娜、缪洁、卢俊、肖佩芳、王易、李捷、胡绍燕、何海龙
苏州大学附属儿童医院

目的 回顾性分析不同临床特征的儿童骨髓增生异常性肿瘤 (MDS) 患者生存差异。根据病因、治疗、染色体核型、是否进展为急性白血病进行分组, 比较不同组间生存差异, 并分析影响其预后的相关因素。

方法 收集 2011 年 1 月至 2023 年 6 月在苏州大学附属儿童医院血液科治疗的 55 例 MDS 患者临床资料, 对实验室检查、总生存时间 (OS)、无事件生存时间 (EFS) 等进行分析。采用 SPSS 26.0 对数据进行分析, $P < 0.05$ 表示具有统计学差异。

结果 1. 根据 MDS 是否进展为急性白血病分为转白组和非转白组: 对可能影响转白的相关因素进行 logistic 分析, 原始细胞比例 $\geq 5\%$ 是转为急性白血病的高危因素。

2. 染色体核型异常共 25 例, 其中 7 号染色体缺失 (-7) 出现频率最高 (15/25, 60%)。-7 与正常核型 OS、EFS 比较, 差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。多因素分析示染色体核型异常是继发 MDS 的高危因素。

3. 单因素分析示性别、铁蛋白水平、-7、移植、使用去甲基化药物是影响患者 OS 的相关因素 ($P < 0.05$); 单因素分析示性别、-7、移植、使用去甲基化药物是影响患者 EFS 的相关因素 ($P < 0.05$)。

4. 多因素分析示 -7 是影响 MDS 患者 OS、EFS 的独立危险因素。

5. 移植、使用去甲基化药物对儿童 MDS 生存进行分析, 造血干细胞移植及去甲基化药物的使用在提高患者生存率方面, 具有优势。

结论 多因素回归分析示初诊骨髓原始细胞比例 $\geq 5\%$ 是转为急性白血病的高危因素。

多因素回归分析示染色体核型异常是继发 MDS 的高危因素。

伴 7 号染色体缺失是影响 MDS 患者 OS 及 EFS 的独立危险因素。

去甲基化药物的使用对延长儿童 MDS 患者的生存期具有优势。

PO-2208

基于 WHO 2022 版分型骨髓增生异常综合征的临床特征及预后分析

黄玉敏、王蕊
郑州大学第一附属医院

目的 探究 WHO 2022 版造血肿瘤分类下 MDS 及各型之间的临床特征、预后差异和影响疾病预后的相关因素，探讨最新分型对真实世界 MDS 患者的指导价值。

方法 收集 2019.9-2023.10 于我院初诊的 192 例 MDS 患者的临床资料，根据最新 WHO 分型标准重新进行诊断分型，统计分析各型临床特征、预后差异和影响预后的因素。

结果 1. MDS-SF3B1 血小板水平高，MDS-h 的基因突变个数少，可能与良好的预后相关；MDS-f、MDS-biTP53 的多项异常指标与不良预后相关（如更高的外周血和骨髓原始细胞计数、乳酸脱氢酶水平、复杂核型比例、IPSS-R 危险度等），生存分析及转白时间分析结果进一步显示其生存时间短，预后差，与国内外研究一致。将其独立分型可能更好地指导诊治。

2. COX 分析显示 CD36 阳性是影响疾病预后的独立危险因素，且 MDS-biTP53 的 CD36 阳性表达率高，表示免疫表型可能具有诊断和预后价值，有待于进一步扩大样本量分析。

结论 按照最新 WHO 2022 版造血肿瘤分类下 MDS 分型标准对真实世界 MDS 患者进行分析，能更好地指导诊治。

PO-2209

维奈克拉在 MDS 中疗效研究

黄玉敏、王蕊
郑州大学第一附属医院

目的 分析维奈克拉在 MDS 患者中临床实际应用情况，总结疗效及可能影响疗效的因素，推动未来维奈克拉的规范化、高效化使用。

方法 收集 2019.9-2023.10 于我院初诊的 192 例 MDS 患者的临床资料，筛选出其中应用维奈克拉治疗至少两周期的 35 例患者，总结治疗的具体方案、疗效和可能影响疗效的因素。

结果 35 例患者中 27 例治疗有效，ORR 77.1%，10 例为 CR，17 例 mCR。其中 1 例治疗时为 MDS 转白状态，3 例患者缓解后行骨髓移植。进一步对比 U2AF1、ASXL1、RUNX1、TP53 突变阳性患者与突变阴性患者的疗效及复杂核型与非复杂核型患者疗效，差异无统计学意义。

结论 维奈克拉联合治疗方案 ORR 达 77.1%，U2AF1、ASXL1、RUNX1 突变不影响维奈克拉疗效，提示维奈克拉可能克服上述高危因素；TP53 突变和复杂核型患者对治疗反应差，但差异无统计学意义。

PO-2210

JAK2V617F 突变骨髓增殖性肿瘤患者发生房颤的危险因素分析

滕广帅¹、张宇卉¹、段依璠¹、尚可¹、杜晨霄¹、王艳¹、李艳旗¹、张会勤¹、邵宗鸿¹、袁卫平^{1,2}、白洁¹

1. 天津医科大学第二医院

2. 中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所), 实验血液学国家重点实验室, 国家血液系统疾病临床医学研究中心

目的 分析 JAK2V617F 突变骨髓增生性肿瘤 (MPN) 合并心房颤动 (AF) 患者的临床特征及预后, 探讨 JAK2V617F 突变 MPN 并发房颤的危险因素。

方法 回顾性分析 241 例 JAK2V617F 突变 MPN 患者的临床特征, 采用 Kaplan Meier 生存分析及 Cox 多变量分析 JAK2V617F 突变 MPN 发生房颤的危险因素并建立危险预测模型。

结果 ①241 例 JAK2V617F 突变 MPN 患者中 23 (9.5%) 例发生房颤, 发病率为 13.3/1000 (95% CI [8.9/1000, 19.9/1000])人年。②AF 组 V617F%及 TET2 突变频率、C 反应蛋白 (CRP)、白细胞介素 (IL) -1 β 、IL-6、IL-8、肿瘤坏死因子 (TNF) - β 水平均明显高于 no-AF 组 (P<0.05)。③房颤使 JAK2V617F 突变 MPN 患者脑卒中风险增高 2.078 倍(p=0.035)。④多因素分析显示, TET2 突变(p=0.025)和 IL-1 β 增高(p=0.018)是 JAK2V617F 突变 MPN 患者发生房颤的危险因素。⑤基于多因素 Cox 回归分析构建危险预测模型, 高危组无房颤生存明显差于低危组 (p=0.002) ⑥干扰素- α 及芦可替尼可以延长高危组患者的无房颤生存 (p<0.05)。

结论 TET2 突变和 IL-1 β 增高是 JAK2V617F 突变 MPN 患者发生房颤的独立危险因素, 建立危险预测模型显示高危组无房颤生存明显差于低危组, 干扰素- α 及芦可替尼可以延长高危组患者的无房颤生存。

PO-2211

IFITMs 过表达促进髓系肿瘤继发噬血细胞性淋巴组织细胞增生症

尚可¹、滕广帅¹、张宇卉¹、段依璠¹、杜晨霄¹、王艳¹、李艳旗¹、张会勤¹、邵宗鸿¹、周圆²、袁卫平^{1,2}、白洁¹

1. 天津医科大学第二医院

2. 中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所), 实验血液学国家重点实验室, 国家血液系统疾病临床医学研究中心

目的 通过对髓系肿瘤 (myeloid neoplasms, MN) 继发噬血细胞性淋巴组织细胞增生症 (hemophagocytic lymphohistiocytosis, HLH) 患者临床特征及单细胞测序, 探索 MN 继发 HLH 发病机制的关键分子靶点。

方法 回顾性分析临床特征, Kaplan-Meier 进行生存分析, 对 MN 继发 HLH 和 MN 不伴 HLH 患者进行单细胞测序, 筛选差异基因并进行功能富集分析、进行表达验证和相关性分析。

结果 MN 继发 HLH 患者生存均明显差于不伴 HLH 的患者(p<0.05)。单细胞 RNA 测序显示: ①MN 继发 HLH 患者较 MN 不伴 HLH 患者 T 淋巴、NK 细胞比例明显增高, 单核及 B 淋巴细胞比例显著下降。②差异表达基因及通路富集分析显示 MN 继发 HLH 患者 T 淋巴及 NK 细胞中 IFN- γ 、免疫应答、炎症反应等通路出现显著上调。③DEG 分析显示, HLH 组患者的 IFN- γ 效应基因 IFITM1、IFITM2、IFITM3 在各细胞群均明显上调, 原代细胞 PCR 验证显示 IFITM1、IFITM2、IFITM3 在 HLH 患者骨髓中表达显著增高。④MN 继发 HLH 患者 NK 细胞中细胞因子相关基因表达较不伴 HLH 组显著增高, 进一步对 IFITMs 与细胞因子基因进行相关性分析, 显示 IFITM1/2/3 与 IL1B、IL18、CCL3 等促炎细胞因子表达呈正相关(p<0.05), ELISA 方法验证 HLH 患者骨髓上清中促炎细

胞因子较不伴 HLH 患者显著增加($p<0.05$)。

结论 MN 患者继发 HLH 可能与 IFITMs 过表达相关, IFITMs 过表达促进 IL1B 等促炎因子表达增加, 可能是 MN 继发 HLH 发生的关键机制。

PO-2212

TET2 突变促进 JAK2V617F+MPN 纤维化的作用研究

王艳¹、张宇卉¹、滕广帅¹、杜晨霄¹、李艳旗¹、张会勤¹、段依璠¹、袁卫平^{1,2}、邵宗鸿¹、白洁¹

1. 天津医科大学第二医院

2. 中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所), 实验血液学国家重点实验室, 国家血液系统疾病临床医学研究中心

目的 研究 TET2 突变的 JAK2V617F+MPN 患者临床特征、疾病进展生存情况, 基于骨髓 RNA-seq 分析 TET2 突变(TET2+)与未突变(TET2-)MPN 患者的差异表达基因, 探讨 TET2 突变调控 JAK2V617F+MPN 患者骨髓纤维化的可能作用机制。

方法 选取 32 例 TET2+JAK2V617F+MPN 患者, 匹配 64 例 TET2-JAK2V617F+MPN 患者应用 χ^2 检验及 t 检验研究 TET2+JAK2V617F+MPN 患者临床特征, 采用 Kaplan-Meier 方法及 COX 回归方法进行生存分析; 基于骨髓 RNA-seq 分析 TET2+JAK2V617F+与 TET2-JAK2V617F+MPN 患者的差异表达基因; 用 ELISA 方法检测 TET2+JAK2V617F+和 TET2-JAK2V617F+MPN 患者血清 TGF- β 1 水平。

结果 1.TET2+MPN 患者死亡率(15.6%)较 TET2-MPN 患者死亡率(1.6%)高($p=0.007$), TET2+MPN 患者 SMF 比例(43.8%)高于 TET2-MPN 患者(14.1%)($P=0.001$)。2.TET2+MPN 患者 FAT1、U2AF1、KMT2D 比例较 TET2-MPN 患者高, 且有统计学差异($P=0.021, P=0.001, P=0.027$)。3.多因素分析显示: TET2 突变($HR=3.951, 95\% CI [1.541, 10.129], P=0.004$)是影响 JAK2V617F+MPN 患者 SMF 的独立危险因素。4. RNA-seq 分析结果显示: TET2+JAK2V617F+MPN 患者 TGF- β 1 表达水平高于 TET2-JAK2V617F+MPN 患者, TET2+JAK2V617F+MPN 组 GO 分析及 KEGG 信号通路主要富集在炎症反应及 TGF- β 1 信号通路。5.TET2+MPN 患者 TGF- β 1 表达量高于 TET2-MPN 患者($P=0.016$)。

结论 TET2 突变是影响 JAK2V617F+MPN 患者 SMF 的危险因素, TET2 +JAK2V617F+MPN 患者 TGF- β 1 水平较 TET2-JAK2V617F+MPN 患者高。

PO-2213

SCAR1 在 JAK2V617F 驱动的骨髓增殖性肿瘤疾病进展中的作用

胡新¹、张宇卉¹、马金玉¹、段依璠¹、尚可¹、滕广帅¹、王艳¹、杜晨霄¹、张会勤¹、邵宗鸿¹、袁卫平^{1,2}、白洁¹

1. 天津医科大学第二医院

2. 中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所), 实验血液学国家重点实验室, 国家血液系统疾病临床医学研究中心

目的 分析 JAK2V617F 突变 MPN 疾病进展的基因突变特征及表达情况, 研究 SCAR1 在 MPN 疾病进展中的作用。

方法 通过二代测序检测 174 名患者 MPN 相关基因; RNA-seq 检测 12 例人骨髓样本; RT-PCR 和流式细胞术分析 MPN 患者中 SCAR1 的表达情况。建立 SCAR1 过表达 Hei 细胞系, 并进行细胞

增殖、周期与凋亡检测。所有统计分析均使用 Graph Pad 8.0 软件进行分析， $P < 0.05$ 具有统计学意义(* $P < 0.05$; ** $P < 0.01$; *** $P < 0.001$; **** $P < 0.0001$)。

结果 二代测序发现：JAK2V617F 阳性 MPN、sMF 及 MPN-sAML 患者 ASXL1、NF1、SRSF2、U2AF1 以及 CBL 突变频率明显增加 ($P < 0.05$)，提示这些突变可能参与 MPN 疾病进展 (图 1)。RNA-seq、q-PCR 以及流式细胞术结果分析发现，SCAR11 的表达在 sMF 患者中显著上调 (图 2、图 3)。建立空载组、SCAR11 野生型及过表达 SCAR11 的 He1 细胞系 (图 4)。与空载组和 SCAR11 野生型组相比，CCK8 细胞增殖实验结果表明：SCAR11 过表达组细胞增殖明显 ($P < 0.05$)；细胞周期与凋亡实验结果表明：SCAR11 过表达组 S、G2/M 期的细胞比例增加，G0/G1 期的细胞比例降低 ($P < 0.05$) (图 5)；瑞氏染色观察细胞形态发现：SCAR11 过表达组细胞大小不均、细胞核不规则、伪足增多，细胞形态更为异常 (图 6)。

结论 在 sMF 患者中 SCAR11 基因表达增加，且过表达的 SCAR11 在 He1 细胞系中促进细胞增殖。SCAR11 基因可能在 MPN 疾病进展中发挥重要的作用。

PO-2214

基于全外显子测序探索特发性红细胞增多症的胚系 变异基因与疾病相关性

段依璠¹、张宇卉¹、尚可¹、滕广帅¹、杜晨霄¹、王艳¹、张会勤¹、邵宗鸿¹、周圆²、袁卫平^{1,2}、白洁¹

1. 天津医科大学第二医院

2. 中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)，实验血液学国家重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心

目的 特发性红细胞增多症 (Idiopathic erythrocytosis, IE) 是一组以红系增生为特征的异质性疾病，本研究分析 30 例 IE 患者的临床及变异基因分布特征，并通过基因相关性研究探索 IE 的可能发病机制。

方法 回顾性分析天津医科大学第二医院血液科的 30 例 IE 患者的临床及实验室特征；通过全外显子测序 (WES) 检测 30 例 IE 与 36 例 PV 患者的红系相关基因变异，并分析基因分布特征；通过聚类分析，确定变异基因与 IE 的相关性；收集患者毛囊标本进行胚系验证，明确引起 IE 发生发展的胚系变异基因。

结果 ① IE 患者中位发病年龄 51 (23~73) 岁，男性占比 93.3% (28/30)，女性占比 6.7% (2/30)，伴脾大患者 6 例 (20.7%)，发生血栓患者 5 例 (16.7%)，无患者进展为骨髓纤维化，患者的 EPO 水平均在正常范围，6 例患者骨髓 EEC 培养结果阳性 (21.4%)。② WES 结果显示：在 IE、PV 患者中发生频率均较高的变异有 PIEZO1 (20% VS 25%)，SH2B3 (20% VS 22%)，HSPA1B (13% VS 11%)，PKLR (13% VS 39%)。③ 变异基因与 IE 的相关性分析显示：PIEZO1，SH2B3 变异与 IE 的相关性较强。④ 胚系验证结果显示：6 例 IE 和 8 例 PV 患者均携带 SH2B3 胚系变异，6 例 IE 患者变异位点均为 SH2B3 p.P242S，PV 患者中 7 例患者均为 SH2B3 p.P242S。

结论 PIEZO1、SH2B3 等胚系变异与 IE 的相关性较强，SH2B3 p.P242S 胚系突变可能与特发性红细胞增多症疾病的发生发展有关。

PO-2215

塞利尼索联合 APR-246 对骨髓增生异常综合征的治疗价值和机制

马子薇、王颖
河北医科大学第二医院

目的 观察塞利尼索和 APR-246 两种药物单独或联合应用对骨髓增生异常综合征（MDS）细胞株（SKM-1, MUTZ-1）增殖抑制、凋亡的影响，及荷瘤小鼠肿瘤生长情况的影响，从而探究其可能作用的机制。

方法 分别用塞利尼索和 APR-246 独立或联合处理 MDS 细胞株，即 SKM-1、MUTZ-1，应用 CCK-8 法检测细胞的活力和药物可能造成的细胞死亡方式，采用流式细胞术（FCM）检测分析细胞的凋亡率、周期变化。构建 MDS 荷瘤小鼠模型，后续进行给药处理，观察并检测小鼠体重、肿瘤生长情况及血常规变化情况。

结果 1. 塞利尼索和 APR-246 均可以抑制 SKM-1、MUTZ-1 细胞的增殖，呈现出剂量依赖性抑制。塞利尼索对 SKM-1 细胞的 IC50 是 72nM，对 MUTZ-1 细胞的 IC50 是 78nM；APR-246 对 SKM-1 细胞的 IC50 是 50 μ M，对 MUTZ-1 细胞的 IC50 是 88 μ M。

2. 塞利尼索联合 APR-246 作用 SKM-1、MUTZ-1 细胞，相较于单独应用，抑制细胞增殖的能力更显著，促进细胞凋亡。而且，研究发现如果先使用 APR-246，12 小时后再加用塞利尼索，其抑制效果较两药同时使用的效果更显著。

3. 利用 M-NSG 小鼠构建 MDS 荷瘤小鼠模型，联合用药组的小鼠相较于单药组小鼠瘤体生长有所减缓，另外，两药交替使用组的肿瘤抑制效果更明显。

结论 塞利尼索联合 APR-246 可协同抑制体外 MDS 细胞增殖并诱导其凋亡，同时也可抑制荷瘤小鼠肿瘤生长速度，发挥抗肿瘤作用。

PO-2216

TP53 阳性的骨髓增生异常综合征(MDS)转化急性髓系白血病（AML）并发血性胸水的诊疗探索

连晓岚²、徐珍珍^{1,2}、赵小琴^{1,2}、翁捷²、高巧珍²、郑静¹、许贞书¹、林艳娟¹
1. 福建省血液病研究所，福建省血液病学重点实验室，福建医科大学附属协和医院
2. 福建医科大学附属协和医院平潭分院，平潭综合实验区医院

目的 探讨 TP53 阳性 MDS 并发血性胸水的临床特点、诊断流程与治疗策略，旨在提高对此类复杂病例的认识与管理能力，为患者提供更有效的个体化治疗方案。

方法 选取一名 61 岁男性 TP53 阳性 MDS 患者，出现血性胸水伴呼吸困难。采用综合诊断方法，包括详细的病史采集、体格检查、胸部 CT、胸水细胞学及流式免疫分型、骨髓活检以及分子遗传学检测。基于诊断结果，制定个性化的治疗方案，涉及化学治疗、支持性治疗及针对胸水的管理措施，并密切监测治疗反应及疾病进展。

结果 胸水检测证实存在髓系白血病细胞浸润，与骨髓活检结果相符，确诊为 MDS 转化 AML（TP53 阳性伴复杂染色体核型）。应用了去甲基化联合靶向治疗及化疗方案，并实施了胸腔闭式引流。经过综合治疗，其生命体征趋于稳定，胸水生成减少，输血频率明显降低，生活质量有所改善。

结论 本研究通过一例 TP53 阳性 MDS 转化 AML 并发血性胸水的临床案例，展示了综合诊断手段与个性化治疗策略对于此类难治性病例管理的重要性。强调了分子遗传学检测，特别是 TP53 状态

分析，在指导治疗决策中的关键作用。治疗效果的初步积极反馈提示，结合精准医疗的综合治疗方法可为患者带来生存获益，同时也突出了未来研究中进一步探索新型靶向治疗和生物标志物的必要性。

PO-2217

Double Trouble: Coronary Aneurysm and Löffler Endocarditis in Hypereosinophilic Syndrome with STAT5B N642H somatic mutation

Chen Yang, Siqi Tang
Peking Union Medical College Hospital

Objective To explore the clinical characteristic and outcome of a patients with Hypereosinophilic Syndrome with STAT5B N642H somatic mutation in our center.

Methods Clinical data of a patients diagnosed with Coronary Aneurysm, Löffler Endocarditis, secondary antiphospholipid syndrome and vasculitis in Hypereosinophilic Syndrome with STAT5B N642H somatic mutation.

Results A 42-year-old man presented to our emergency room with worsening chest pain, dyspnea, and headache. He had a history of sustained hypereosinophilia diagnosed at age 34, for which he declined treatment. He remained asymptomatic until three years ago when he experienced a non-ST elevation myocardial infarction (MI) and recurrent epilepsy. Prompt coronary angiography revealed ectatic changes in the proximal left anterior descending and left circumflex arteries, a large aneurysm in the mid-right coronary artery (RCA), with thrombus and occlusion in the distal RCA. Echocardiography did not show ventricular wall thickening or hypokinesis. No intervention was performed, and he did not adhere to dual antiplatelet therapy. His epilepsy was managed with Levetiracetam.

When the symptoms manifested a month ago, he was admitted to a local hospital, where Löffler endocarditis was suspected due to apical hypertrophy and left ventricular (LV) thrombus. Anticoagulant and corticosteroid treatment was initiated, and he received a single dose of Mepolizumab. However, the eosinophilia did not resolve and he developed pulmonary embolism with a platelet count drop from $63 \times 10^9/L$ to $9 \times 10^9/L$.

On admission, the patient was drowsy with intermittent fever. Physical examination revealed multiple enlarged lymph nodes and hepatosplenomegaly. Laboratory tests revealed white blood cell counts of $30-40 \times 10^9/L$, with eosinophil counts of $3-4 \times 10^9/L$. Elevated levels of B-type natriuretic peptide, high-sensitivity troponin I, and D-Dimer were noted. He also tested positive for anticardiolipin-IgG and anti- β 2-glycoprotein 1-IgG. Brain MRI and venography revealed bilateral acute and subacute border zone infarctions and venous sinus thrombosis. Enhanced abdominal computed tomography (CT) showed multiple low-attenuation areas in the spleen, consistent with splenic infarcts.

Cardiac investigations were performed. Electrocardiography demonstrated left atrial enlargement, ST-segment depression, and T wave inversion in leads V3-V6, II, III, and aVF. Echocardiography revealed a dilated left atrium, thickened LV apex, decreased motion of the inferior wall, and impaired diastolic function. Cardiac MRI revealed a typical Löffler endocarditis: subendocardial late gadolinium enhancement in the apical and mid-ventricular segments of both ventricles, with large non-enhanced thrombi occupying the LV apex.

A workup for secondary causes of hypereosinophilia, including a whole-body positron-emission tomography/computed tomography scan, was inconclusive. Bone marrow examination did not show overt myeloid neoplasm; however, next-generation sequencing and RNA sequencing revealed a 41% somatic STAT5B N642H mutation.

Conclusion Cardiac involvement occurs in up to 40% of hypereosinophilic syndrome (HES) cases, typically featuring eosinophilic myocarditis and endomyocardial fibrosis. Concurrent MI is

primarily due to embolisms from left ventricular thrombi. Coronary aneurysms are rare causes and mostly occur in isolation, potentially resulting from direct medial destruction caused by perivascular eosinophil infiltration. In this case, the concomitant antiphospholipid syndrome also contributed to systemic thromboembolism. Herein, we highlight the very rare clinical picture of a coexisting coronary lesion and Löffler endocarditis in a patient with long-standing, untreated hypereosinophilia. STAT5B N642H is a novel somatic mutation identified in myeloid neoplasia with eosinophilia, which represents a major cause of primary HES. STAT5B is a master regulator of key biological pathways, including immunoregulation and signal path. STAT5B N642H mutation may cause secondary antiphospholipid syndrome and vasculitis in this case. Patients with STAT5B-mutated HES have a median survival of approximately 30 months and lack established treatment options. We appeal for early treatment of eosinophilia to prevent sequential organ damage.

PO-2218

骨髓增生异常综合征治疗进展

王蕊
郑州大学第一附属医院

目的 总结 MDS 诊治

方法 文献阅读

结果 MDS 异质性强，获批药物少，需要进一步治疗

结论 骨髓增生异常综合征（myelodysplastic syndromes, MDS）是起源于造血干/祖细胞的一组异质性髓系克隆性疾病，表现为无效造血、难治性血细胞减少及高风险向急性髓系白血病（acute myelogenous leukemia, AML）转化。MDS 的高度异质性归因于不同患者的临床特征（如年龄、合并症等）及疾病的生物学特征（细胞减少程度、基因组学等），目前尚无统一诊疗标准，传统治疗方式是根据患者预后分组制定适合的治疗方案，包括随访观察、红系刺激因子治疗、成分输血、祛铁治疗、去甲基化药物（Hypomethylating agents, HMA）、同种异体造血干细胞移植（Allogeneic hematopoietic stem cell transplant, Allo-HSCT）等，其中 HSCT 是目前唯一有望治愈 MDS 的方法，但适应证的局限性及移植相关不良反应或死亡率不容忽视。随着近 20 年医学检验技术的发展及对疾病发病机制的研究，对 MDS 个体间基因异常的差异和共性的探索使得疾病的诊断分型分类更加精准的同时也更复杂，各种分子靶向、免疫制剂及生物制剂等治疗措施的选择也越来越多，面对更多的诊治策略，不可避免地会对方案的选择造成一定困扰。本文旨在对目前国内外 MDS 的诊断分型、治疗方案进

PO-2219

罗特西普治疗较低危骨髓增生异常综合征的疗效分析

周华、徐丹、毛燕燕、吴小杰、计成阜
阜宁县人民医院

目的 骨髓增生异常综合征是一组起源于干细胞的异质性髓系克隆性疾病，其特点是髓系细胞发育异常，表现为无效造血，难治性血细胞减少。对于较低危的骨髓增生异常综合征患者，出现红细胞输注依赖的患者，且重组人促红细胞生成素无应答的患者，罗特西普可出现持续应答，减少输血依赖。

方法 回顾性分析阜宁县人民医院血液科 5 例在我院接受罗特西普治疗的较低危骨髓增生异常综合征患者的疗效。

结果 本研究共纳入 5 例骨髓增生异常综合征患者, 其中 3 例男性, 2 例女性, 采用 IPSS 评分, 骨髓增生异常性/骨髓增殖性肿瘤(不能分型)MDS 未分类(低危) 1 例, MDS-RS-MLD(中危-1) 1 例, MDS-SLD(低危) 1 例, MDS-MLD(中危-1) 1 例, MDS-RS-SLD(低危) 1 例, 使用前患者血红蛋白中位值 51 (45-62) g/L, 且对促红细胞应答欠佳; 其中 2 例 IPSS 评分为中危-1 患者使用 3 次罗特西普治疗后未出现应答, 输血频次与未治疗前相仿, MDS-RS-MLD(中危-1) 患者后予以阿扎胞苷治疗 6 次后进展为急性髓系白血病, 阿扎胞苷联合维奈克拉治疗无效后死于本病; MDS-MLD(中危-1) 患者予以阿扎胞苷治疗 6 次后仍无效, 放弃治疗, 目前选择定期输注红细胞治疗。3 例低危组患者, 2 例目前完全脱离红细胞输注(1 例血红蛋白保持在 80g/L, 1 例血红蛋白保持在 70g/L), 1 例红细胞输注间隔延长(既往 2 周一次红细胞 2U 输注, 目前 6 周一次红细胞 2U 输注)。

结论 罗特西普作为一种 Fc 融合蛋白, 是全球首个且目前唯一的红细胞成熟剂, 可通过促进晚期红细胞成熟及影响骨髓微环境改善无效造血。尽管我们只治疗 5 例患者, 但低危组患者疗效显著, 有效改善骨髓增生异常综合征贫血导致的相关并发症。

PO-2220

Ph 阴性 MPN 驱动基因共突变患者临床实验室特征分析

王占龙^{1,2}、田欣²、刘恩彬²、藺亚妮²、汝昆²、白洁¹

1. 天津医科大学第二医院

2. 天津见康华美医学诊断中心, 天津市血液病理智能化诊断企业重点实验室

目的 分析 Ph 阴性 MPN 中驱动基因共突变患者的发生率、临床实验室特征和基因突变谱。

方法 搜集 2017 年 8 月至 2022 年 10 月诊断为经典型 Ph 阴性 MPN 共 374 例患者病。MPN 诊断均符合 2017 版 WHO 造血和淋巴组织肿瘤分类标准。除去 15 例“三阴性”MPN 后, 根据患者驱动基因突变的类型和数量, 将只有 1 个 JAK2、MPL 或 CALR 经典型突变定义为“驱动基因单突变”, 共 304 例; 将 JAK2、MPL 或 CALR 经典型突变合并额外 JAK2、MPL 或 CALR 经典型突变或非典型突变共存定义为“驱动基因共突变”, 共 55 例。分析患者相关特征。

结果 驱动基因共突变患者占驱动基因经典型突变阳性 Ph 阴性 MPN 患者总体的 15% (55/359), 在 PV 和 ET 中均为 14%, PMF 中为 18%。驱动基因共突变 ET 组年龄较驱动基因单突变 ET 组更大[70 (28-80) vs 61 (19-82), $P=0.03$]。驱动基因共突变 ET 组 MPL 经典型突变发生率较驱动基因单突变 ET 组更高[13% (2/15) vs 0% (0/95), $P=0.02$]。驱动基因共突变 PV、ET 和 Overt-PMF 组的基因突变数量分别较驱动基因单突变 PV、ET 和 Overt-PMF 组更多[PV: 3 (2-6) vs 2 (1-7), $P<0.001$; ET: 4 (2-8) vs 2 (1-7), $P<0.05$; Overt-PMF: 5 (2-9) vs 3 (1-8), $P<0.001$]。驱动基因共突变组 SH2B3、ASXL1 和 TP53 突变发生率高于驱动基因单突变组 (SH2B3: 16% vs 6%, $P<0.01$; ASXL1: 24% vs 13%, $P<0.05$; TP53: 9% vs 3%, $P=0.06$)。在驱动基因共突变 Ph 阴性 MPN 患者中, 非典型 JAK2 突变的发生率明显高于非典型 MPL 突变和非典型 CALR 突变 (JAK2: 73%; MPL: 16%; CALR: 13%), 其中 JAK2 G127D 发生率最高 (42%, 23/55), JAK2 G127D 与 JAK2 V617F 具有共存相关性 ($P<0.01$)。JAK2 G127D+/JAK2 V617F+ 共突变组 JAK2 V617F 突变负荷低于 JAK2 G127D-/JAK2 V617F+ 组 (中位数: 30.8% vs 50.0%)。JAK2 的经典型突变和 JAK2 的非典型突变具有共存相关性 ($P<0.01$), CALR 的经典型突变和 CALR 非典型突变具有共存相关性 ($P<0.01$), MPL 的经典型突变和 MPL 非典型突变具有共存相关性 ($P<0.05$)。

结论 驱动基因的经典突变和非典型突变共存情况在 Ph 阴性 MPN 中比较常见。JAK2、MPL 和 CALR 的经典型突变和非典型突变可能并不完全互斥。JAK2、MPL、CALR 的经典型突变更易与其自身的非典型突变共存。驱动基因共突变 Ph 阴性 MPN 患者 SH2B3、ASXL1 和 TP53 突变发生率更高。

PO-2221

JAK-2 基因 R228X 突变与血小板减少症的关联性研究

邢海洲、桑丽娜、李威、秦洋
郑州大学第一附属医院

目的 本研究旨在深入探讨一例血小板减少症患者中发现的 JAK-2 基因第 7 号外显子 R228X 突变与其临床表现之间的具体关联，并分析该突变在基因表达和蛋白功能层面对血小板减少的潜在影响机制。

方法 通过对一名血小板减少症患者进行详细的骨髓基因测序，我们发现了其 JAK-2 基因第 7 号外显子上存在 R228X 突变。为了验证此突变的遗传特性及其与血小板减少之间的直接关系，我们进一步采集了患者的骨髓细胞、口腔黏膜细胞，以及其同胞姐姐的血液细胞样本，进行了深入的基因检测分析。

结果 遗传性验证：基因检测结果显示，患者骨髓、口腔黏膜细胞及其同胞姐姐的外周血细胞样本中均稳定存在 JAK-2 基因第 7 号外显子上的 R228X 突变，这一发现为突变的遗传性提供了有力证据。

突变与血小板减少的关联：目前尚未见有关 R228X 突变和血小板减少的相关报道，有限的文献报道主要集中在肺部、肠道和子宫内膜肿瘤。

基因表达与蛋白功能影响：由于 R228X 突变是一个无义突变，导致 JAK-2 蛋白的翻译提前终止，生成一个截短的、功能缺失的蛋白质。这种结构上的改变会直接影响 JAK-2 蛋白的激酶活性，破坏其在细胞信号传导中的正常作用。在 JAK-2 第 7 号外显子突变（非 V617F 突变）患者中，我们观察到 JAK-2 基因的转录水平发生明显变化，这可能直接影响血小板的生成和调控机制。

结论 本研究首次详细报道了 JAK-2 基因第 7 号外显子 R228X 突变与血小板减少症之间的直接关联，并从基因表达和蛋白功能两个层面探讨了其潜在的致病机制。这些发现不仅为血小板减少症的遗传学研究提供了新的视角，也为开发针对该突变位点的特异性治疗方法奠定了坚实基础，具有重要的科学价值和临床意义。

PO-2222

全反式维甲酸联合地西他滨对比地西他滨单药治疗骨髓增生异常综合征伴原始细胞增多的随机对照临床研究

周歆平¹、林艳娟²、高燕³、葛峥⁴、黄黎⁵、张瑾⁶、程海⁷、欧阳桂芳⁸、田雨露⁴、匡跃敏⁵、周峰平⁶、盛立霞⁸、黎健⁹、孟繁军³、金洁¹、佟红艳¹

1. 浙江大学医学院附属第一医院
2. 福建医科大学附属协和医院
3. 青岛大学附属医院
4. 东南大学附属中大医院
5. 金华市人民医院
6. 浙江大学医学院附属邵逸夫医院
7. 徐州医科大学附属医院
8. 宁波市第一医院
9. 上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 去甲基化药物是较高危骨髓增生异常综合征(myelodysplastic syndrome, MDS)患者的标准治疗，但去甲基化药物治疗缓解率低，预后不佳。本研究为探索 ATRA 联合地西他滨治疗骨髓增生异常综合征伴原始细胞增多(MDS-EB)的疗效和安全性。

方法 开展多中心随机对照临床研究。MDS-EB 的成年患者(MDS-EB1 或 MDS-EB2)被随机分配(1:1)

至 ATRA 联合地西他滨或地西他滨单药治疗组。试验组：地西他滨：每天 20mg/m²，持续静脉滴注 1 小时以上，第 1-5 天，每 28 天 1 个疗程；ATRA：25mg/m²/d，每日口服，第 1-28 天；对照组：地西他滨：静脉滴注，每天 20mg/m²，第 1-5 天，每 28 天 1 个疗程。第 5 疗程起试验组：地西他滨：每天 20mg/m²，持续静脉滴注 1 小时以上，第 1-5 天；ATRA：25mg/m²/d，每日口服，第 1-14 天，每 28 天 1 个疗程。试验组与对照组患者均连续给药至少 4 个疗程，持续用药至疾病进展、药物毒性无法耐受、或患者要求退出。主要研究终点是 4 个治疗周期内的总反应率(overall response rate, ORR)，包括完全缓解(complete remission, CR)、部分缓解、骨髓完全缓解和血液学改善。本试验在中国临床试验注册中心(ChiCTR1800018307)注册。

结果 在 2018 年 9 月 11 日至 2022 年 9 月 10 日期间，227 例患者入组临床研究，其中 223 例患者接受至少一剂治疗。ATRA 联合地西他滨组 113 例，地西他滨单药组 114 例。男性患者 145 例，女性患者 78 例。ATRA 联合地西他滨组 ORR 为 78.2%(86/110)，显著高于地西他滨单药组 51.3%(58/113)($P<0.001$)。ATRA 组无进展生存(progress free survival, PFS)较长(14.9 月 vs 10.5 月; hazard ratio [HR] 0.70; 95% CI 0.51-0.97; $P=0.03$)。ATRA 组的中位 OS 为 23.0 月，地西他滨组为 19.3 月(HR, 0.77; 95%CI, 0.54-1.09, $P=0.137$)，两组无显著差异。ATRA 组皮肤干燥(34.5% [38/110] vs 15.3% [6/113], $P<0.001$)、头痛(19.1% [21/110] vs 6.2% [7/113], $P=0.020$)和高甘油三酯血症(17.3% [19/110] vs 5.3% [6/113], $P=0.019$)发生率高于对照组，但大多数是 1-2 级。两组在 3 级或以上血液学不良事件方面没有差异。

结论 ATRA 联合地西他滨可提高成年 MDS-EB 患者的 ORR 并延长 PFS，不良反应可耐受。

PO-2223

Combination of decitabine and etoposide is highly effective in treating TP53 mutated MDS/AML via activating Notch signaling

JIEXIAN MA

huadong hospital affiliated with Fudan University

Objective Elderly patients with Myelodysplastic Syndromes/Acute Myeloid Leukemia (MDS/AML), particularly those harboring TP53 mutations, present a significant treatment challenge due to their resistance to conventional chemotherapy. Here, we show that a treatment regimen combining decitabine and low-dose etoposide exhibits superior therapeutic efficacy to standard decitabine monotherapy in MDS/AML patients with TP53 mutation.

Methods We developed decitabine and low-dose etoposide (D+E) to treat elderly high risk MDS and AML-MRC and compared the D+E regimen with decitabine monotherapy in high-risk MDS/AML. We also set up mice xenografts to validate the efficiency of D+E in TP53 Mutant and wildtype myeloid tumors. Further studies such as sequencing and gene-editing were employed to uncover a molecular mechanism underlying the selective efficacy of the D+E combination therapy

Results Decitabine and low-dose etoposide exhibits superior therapeutic efficacy to standard decitabine monotherapy in MDS/AML patients with TP53 mutation. Co-treatment with decitabine and etoposide is relatively safe and well-tolerated in elderly patients. This combinatory effect is also recapitulated in mouse xenografts with TP53 mutant AML. We show that decitabine cooperates with etoposide to induce the differentiation and subsequent elimination of TP53-mutated myeloid tumor cells, which is linked to the activation of Notch signaling. Mechanistically, etoposide and decitabine enhance the activity of γ -secretase complex through inducing the transcription of presenilin 1 and presenilin 2 respectively and meanwhile promoting their endoproteolysis, which mediates Notch cleavage and activation. When Notch signaling was blocked by genetic depletion or pharmacological inhibition, AML differentiation induced by the combination treatment is substantially diminished.

Conclusion Our study raises a promising therapeutic avenue for treating TP53 mutant AML/MDS, which could address an unmet need in this challenging patient demographic

PO-2224

罗特西普联合重组人促红细胞生成素治疗较低危初发骨髓增生异常综合征患者贫血有效性和安全性的前瞻性、单臂、多中心临床研究中期分析

胡超¹、张敏²、曾玲琪¹、杨春梅¹、梅琛¹、叶丽¹、周歆平¹、马丽亚¹、陆滢³、佟红艳¹

1. 浙江大学医学院附属第一医院
2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
3. 宁波大学附属人民医院

目的 骨髓增生异常综合征（MDS）是一类来源于克隆性造血干细胞的异质性疾病，50-60%的MDS患者处于较低危状态，以贫血为其主要临床特征，且慢性贫血和红细胞输注是其生存的独立风险因素。最近研究表明，罗特西普作用于晚期红细胞成熟，可改善较低危MDS患者的贫血及红细胞输注依赖状态，但仍有部分患者疗效不佳。为探索罗特西普联合促红细胞生成素治疗初发低危伴贫血MDS患者效果，我们开展了此项前瞻性、单臂、多中心临床研究。

方法 本研究纳入6个月内新诊断MDS患者，且IPSS-R分类为极低危、低危或中危，骨髓原始细胞<5%。患者接受罗特西普起始剂量1.0mg/kg，最高可滴定至1.75mg/kg，每3周一次，重组人促红细胞生成素1万IU皮下注射每日或重组人促红细胞生成素3.6万IU皮下注射每周2次。研究主要终点是探索罗特西普联合重组人促红细胞生成素对非5q-的较低危MDS患者治疗期（12周）的红系应答率。次要终点是探索MDS患者24周的红系应答率，至首次获得血红蛋白应答的起始时间。

结果 截至2024年5月，来自三个中心的27例患者被纳入到本研究中，中位年龄65岁（37-75），男性15例，女性12例，IPSS-R极低危组5人，低危组12人，中位组10人。EPO大于500IU/L共11例患者，RS阳性患者12例，SF3B1突变患者12例。所有患者的总体红系应答率62.9%（17/27），达到了主要研究终点。亚组分析提示EPO小于500IU/L患者红系应答率62.5%（10/16），RS阳性患者红系应答率66.7%（8/12），SF3B1突变患者红系应答率66.7%（8/12）。

结论 本研究提示罗特西普联合重组人促红细胞生成素可有效提高低危伴贫血MDS患者的红系应答率，且亚组分析提示低EPO浓度，RS阳性和SF3B1突变的MDS患者疗效佳。

PO-2225

Monocytes convert from proinflammatory to anti-inflammatory states during fibrotic progression in myeloproliferative neoplasms

Wen Xing^{1,2}, Yining Liu^{1,2}, Chao Chen^{1,2,3}, Xue Lv^{1,2}, Haoyu Wang^{1,2}, Han Wang^{1,2}, Lei Zhang^{1,2}, Yuan Zhou^{1,2}

1. Institute of Hematology
2. Tianjin Institutes of Health Science
3. Department of Pathology, Liaocheng People's Hospital and Liaocheng School of Clinical Medicine, Shandong First Medical University, Liaocheng, Shandong, 252000, China

Objective Myelofibrosis (MF) adversely impacts the prognosis of patients with myeloproliferative

neoplasms (MPN). Although researchers have focused on preventing or even reversing this progression, their attempts have been severely hampered, mainly due to our limited understanding of MF pathogenesis. Several types of cells, such as macrophages, which are characterized by their conversion from proinflammatory to anti-inflammatory phenotypes, are involved and orchestrated in the development of fibrosis. Recently, monocyte-derived fibrocytes and macrophages have been shown to mediate MF formation. To date, the relationship between MF and fibrosis occurring in nonhematopoietic tissues/organs remains unclear.

Methods To answer this question, we sorted monocytes from the bone marrow of JAK2V617F mutant mice at different ages by fluorescence-activated cell sorting and performed RNA-sequencing analysis

Results Monocytes from JAK2V617F mutant mice convert from proinflammatory to anti-inflammatory states during the progression of MPN to MF

Conclusion This finding implies that MF has a similar pathophysiological mechanism with fibrosis in non-hematopoietic tissues/organs.

PO-2226

塞利尼索联合阿扎胞苷治疗成人初治骨髓增生异常综合征伴有原始细胞增多（MDS-EB1 或 EB2）患者有效性和安全性的前瞻性、单臂、Ib/II 期临床研究

马丽亚、羊文莉、周歆平、叶丽、胡超、谢咪雪、蒋灵旭、佟红艳
浙江大学医学院附属第一医院

目的 塞利尼索是一种选择性的口服的核输出蛋白抑制剂。本研究中我们旨在评估阿扎胞苷序贯塞利尼索在新诊断的 MDS-EB1 或 EB2 患者中的安全性和有效性。

方法 我们进行了单中心、单臂、Ib/II 期试验，纳入 18 岁或 18 岁以上新诊断的 MDS-EB1 或 EB2 患者。主要终点是找到推荐的 2 期剂量（RP2D）和最大耐受剂量（MTD）。II 期主要终点为总缓解率（ORR），包括完全缓解（CR）、部分缓解（PR）、骨髓完全缓解（mCR）和血液学改善（HI）。

结果 目前共入组 28 例（I 期 9 例，II 期 19 例）。在 Ib 期，予塞利尼索 40mg qw（n=3）；40mg biw（n=3）；60mg qw（n=3）。60mg qw 组的一名患者因恶心、呕吐、疲劳和单纯疱疹病毒感染而停止治疗。II 期扩展队列分别 16 例接受 40mg qw 和 3 例 40mg biw 塞利尼索治疗。24 名患者可进行疗效评估，ORR 为 91.67%（11 例），CR 为 25%（6 例）；mCR+HI 4 例（16.67%）；mCR 12 例（50.0%）。TP53 突变患者 5 例，CR 40%，mCR+HI 40%，mCR 20%，ORR 100%。最常见的不良事件是中性粒细胞减少症（93.3%）、贫血（86.7%）、血小板减少症（80.0%）、疲劳（53.3%）、恶心（26.7%）、头晕（26.7%）、呕吐（20.0%）和食欲下降（20.00%）。没有与治疗相关的死亡。

结论 我们的研究表明，阿扎胞苷序贯塞利尼索在新诊断的 MDS-EB1 或 EB2 患者中显示出令人鼓舞的疗效。目前研究还在进行中，将为 MDS-EB 患者提供一种新的治疗选择。

PO-2227

海曲泊帕治疗成人较低危骨髓增生异常综合征伴血小板减少患者有效性和安全性的前瞻性、单臂、多中心临床研究

梅琛¹、欧阳桂芳³、林艳娟⁴、张敏²、杜欣⁵、佟红艳¹

1. 浙江大学医学院附属第一医院
2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
3. 宁波大学附属第一医院
4. 福建医科大学附属协和医院
5. 广东省人民医院

目的 60%以上的较低危骨髓增生异常综合征（MDS）患者伴有血小板减少，严重影响生活质量和总体生存。目前常用的药物治疗方法包括环孢素、沙利度胺和地西他滨等，有效率仅为 3%-20%。近年来促血小板生成素受体激动剂（TPO-RAs）例如艾曲泊帕和罗米司亭等在临床试验中有效率可达 47%，但存在一定毒副反应。海曲泊帕是一种新型的小分子非肽类 TPO-RAs，安全性更好，因此，我们设计并实施了海曲泊帕治疗较低危 MDS 患者伴血小板减少的临床研究，以评估其疗效和安全性。

方法 在这项多中心、单臂研究中，纳入了来自 5 个不同医院，并根据 2016 年 WHO 分类和修订版国际预后评分系统(IPSS-R)新诊断的较低危 MDS 患者，并伴血小板计数 $\leq 30 \times 10^9/L$ 。入组患者接受海曲泊帕 15mg/d 的治疗，治疗期持续 24 周。主要终点为治疗期内血小板应答率，血小板应答标准参考国际工作组（IWG）2006 版，在治疗期（24 周）内评估反应情况。

结果 截止 2024 年 5 月，共入组患者 28 例，中位年龄 57 岁，男性 15 例，女性 14 例，中位血小板计数 $16 \times 10^9/L$ ，总体血小板应答率为 39.3%（11/28），其中有 6 例患者（21.4%）血小板升至 $50 \times 10^9/L$ 及以上，在 10 例已完成 24 周治疗的患者血小板应答率为 40.0%。同时对 28 例患者进行了二代测序检测，U2AF1 突变患者 6 例，血小板应答率为 0.0%，ASXL1 突变患者 4 例，血小板应答率为 0.0%。

结论 本研究表明海曲泊帕能有效提高较低危 MDS 患者伴血小板减少的疗效，值得进一步随机对照研究来验证疗效。

PO-2228

Innovative Phase 1/2 Trial: Combining Unrelated Umbilical Cord Blood Stem cell microtransplantation with hypomethylating Therapy for Advanced MDS

Fei Huang, Zhongxun Shi, Yu Chen, Huijun Huang, Wenyi Shen
the first affiliate hospital with Nanjing Medical university

Objective The prognosis and treatment outcomes for high-risk myeloid dysplastic neoplasm (MDS) are dismal. Our study aimed to evaluate the efficacy and safety of unrelated umbilical cord blood stem cell microtransplantation in patients with high-risk MDS.

Methods As of January 20, 2024, 19 patients diagnosed with high-risk MDS were enrolled in this study. The median age was 68 years, ranging from 44 to 78 years. All patients received hypomethylating agent-based treatment followed by an infusion of HLA-unmatched, unrelated umbilical cord blood stem cell within 24 to 72 hours after the last dose of hypomethylating agents.

Results Median overall survival was 22.57 months (95% CI: 3.145-41.995), with a median follow-up time of 8.17 months (95% CI: 5.041-11.299). The overall response rate (ORR), including complete response (CR), complete response with incomplete hematologic recovery (CRi), partial

response (PR), and hematologic improvement (HI), was 84.2%, with 15 out of 19 patients responding after one cycle of the regimen and 2 patients responding after two cycles. Six out of 19 patients achieved CR, with a median time to response of 2.6 months (range: 1.5 to 3.7 months). Eleven out of 19 patients achieved CRi (either CR with incomplete blood count recovery [CRi] or CR with incomplete platelet recovery [CRp]), with a median time to response of 1.8 months (range: 1.1 to 4.7 months). The regimen was well-tolerated, with the major adverse reactions being fever (5.3%) and transient hypertension (5.3%). No cases of graft-versus-host disease (GVHD) or early mortality were observed.

Conclusion Our findings suggest that a hypomethylating agent-based treatment combined with HLA-mismatched, unrelated umbilical cord blood stem cell microtransplantation can provide an effective and safe treatment option for high-risk MDS, particularly in elderly patients who are not candidates for curative treatments such as allogeneic hematopoietic stem cell transplantation.

PO-2229

阿扎胞苷联合塞利尼索方案治疗骨髓增生异常综合征患者的临床疗效分析

张馨慧、陆琴琦、吴小霞、杨贞、周惠芬、苗瞄
苏州大学附属第一医院

目的 探究阿扎胞苷联合塞利尼索方案用于治疗 MDS 患者的临床疗效和安全性

方法 回顾性分析 2022 年 1 月至 2023 年 4 月收治的 19 例初诊及复发难治的 MDS 患者的临床资料, 患者接受阿扎胞苷 75mg/m² d1-d5/d7, 塞利尼索 40-60mg qw, 每 28 天为 1 周期, 分析治疗的总反应率、总生存率及不良事件发生。

结果 共 19 例患者 (中位年龄 54 岁) 接受了治疗, 其中初诊 8 例 (42.1%), 复发难治患者 11 例 (57.9%), IPSS-R 高危以上患者 16 例 (84.2%), IPSS-M 高危以上患者 17 例 (89.5%)。12 例 (63.2%) 患者在诊断时伴骨髓纤维化, 6 例 (31.6%) 伴 TP53 突变或缺失, 8 例 (42.1%) 伴肝脾肿大。6 例患者在治疗后进行了造血干细胞移植。总体患者、IPSS-R 评分高危及以上、IPSS-M 评分高危及以上、伴骨髓纤维化、TP53 突变或缺失、复发难治患者 ORR 分别为 74%、81%、76%、75%、83%、64%。7 例可评估脾脏的患者, 6 例 (85.7%) 脾脏不同程度的缩小, 1 例 (14.3%) 无明显变化。截止至随访日期, 8 例 (42.1%) 患者死亡, 11 例 (57.9%) 存活。总体患者的 6 个月中位 OS 率为 74.7% (95%CI: 45.4%-89.8%), 6 例患者在治疗后接受了异基因造血干细胞移植。所有患者在治疗期间无严重并发症发生。

结论 阿扎胞苷联合塞利尼索方案治疗 MDS 患者, 尤其是高危和 HMA 治疗失败患者具有较好的治疗效果, 延长患者生存, 且药物不良反应发生率低。

PO-2230

骨髓增生异常综合征患者外周血 LAG-3、PD-1 及相关细胞因子的表达水平及意义

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、李燕娟
兰州大学第二医院

目的 通过检测初诊 MDS 患者外周血 CD4⁺T 细胞、CD8⁺T 细胞和调节性 T 细胞 (Regulatory T cell, Treg) 上 LAG-3 及 PD-1 的表达, 检测白细胞介素 (Interleukin, IL) -6、IL-8、IL-10、TNF-

α 和 IFN- γ 水平变化。探讨初诊 MDS 患者外周血 LAG-3、PD-1 表达变化、两者之间的相关性及其与细胞因子之间的关系。

方法 收集 2021 年 12 月至 2023 年 1 月在兰州大学第二医院就诊的初诊 MDS 患者 21 例，其中较高危（Higher Risk, HR）组 14 例，较低危（Lower Risk, LR）组 7 例，健康对照组 11 例，采用流式细胞术检测患者外周血 CD4+T 细胞、CD8+T 细胞、Treg 上 LAG-3、PD-1 表达水平；采用流式微球捕获芯片技术法检测外周血细胞因子 IL-6、IL-8、IL-10、TNF- α 和 IFN- γ 水平。

结果 1.与健康对照组相比，LR-MDS 组 LAG-3 在 Treg 上表达升高（ $P<0.05$ ）；PD-1 在 CD4+T 细胞、CD8+T 细胞、Treg 上的表达升高（ $P<0.001$ ）；HR-MDS 组 LAG-3 在 CD8+T 细胞、Treg 上表达升高（ $P<0.05$, $P<0.001$ ）；PD-1 在 CD4+T 细胞、CD8+T 细胞、Treg 上的表达升高（ $P<0.001$ ）；HR-MDS 组 Treg 上 LAG-3、PD-1 表达水平明显高于 LR-MDS 组（ $P<0.05$ ）。2.与健康对照组相比，LR-MDS 组 IL-6、IL-8、IL-10、TNF- α 水平升高（ $P<0.05$ ）；HR-MDS 组 IL-10、TNF- α 和 IFN- γ 水平升高（ $P<0.05$ ），IL-6、IL-8 水平明显升高（ $P<0.001$ ）；HR-MDS 组 IL-6、IL-8、IL-10、TNF- α 、IFN- γ 水平显著高于 LR-MDS 组。3.相关性分析显示，IL-6 与 CD4+T 细胞上 LAG-3 表达呈正相关，TNF- α 与 CD4+T 细胞上 LAG-3 表达呈负相关，IFN- γ 与 Treg 上 PD-1 表达呈正相关；LAG-3+CD8+T 与 PD-1+CD4+T 表达呈正相关、LAG-3+CD8+T 与 PD-1+CD8+T 表达呈正相关、LAG-3+CD8+T 与 PD-1+Treg 表达呈正相关，PD-1+CD4+T 与 PD-1+CD8+T 表达呈正相关。

结论 1.LAG-3、PD-1 表达升高且与 MDS 分层相关，IL-6、IL-8、IL-10、TNF- α 、IFN- γ 水平明显升高。提示 LAG-3、PD-1 及相关细胞因子可能参与了 MDS 的发生、转归及免疫微环境紊乱；2.靶向 LAG-3、PD-1 等相关分子可能成为治疗 MDS 的新途径。

PO-2231

骨髓增生异常综合征患者外周血 CD4+T、CD8+T 及 Treg 细胞 TIGIT 表达及意义

李莉娟、张连生、郝正栋、郭晓嘉、楚松林、刘洋、周文、王鑫、张鸿彬、关智媛、张竞宇、雷茜
兰州大学第二医院

目的 通过研究初治 MDS 患者包括 CD4+T 淋巴细胞、CD8+T 淋巴细胞及调节性 T 细胞（Regulatory T cells, Treg）在内的 T 淋巴细胞亚群上 TIGIT 表达水平变化，及其与危险分层、免疫调控等方面是否存在关联，尝试为 MDS 的诊治提供新思路。

方法 选取 2021 年 12 月至 2023 年 3 月在兰州大学第二医院就诊的初诊 MDS 患者 21 例（其中较低危组 7 例，较高危组 14 例），健康对照组 17 例，初诊 AML 患者对照组 34 例。流式细胞术检测 TIGIT 在外周血（Peripheral Blood, PB）CD4+T、CD8+T 淋巴细胞和 Treg 细胞上的表达，流式微球捕获芯片技术法检测血清白介素 2（Interleukin, IL-2）、肿瘤坏死因子 α （Tumor Necrosis Factor α , TNF- α ）、干扰素 γ （Interferon γ , IFN- γ ）及 IFN- α 表达水平，使用 SPSS27.0 软件分析 TIGIT 在各 T 淋巴细胞亚群上的表达水平及与上述细胞因子的关系。

结果:

结果 1. 较低危组 CD4+T 淋巴细胞与 Treg 细胞上 TIGIT 表达水平高于健康对照组（ $P<0.001$ ），低于较高危组（ $P<0.05$ ），与 IL-2、TNF- α 、IFN- γ 、IFN- α 各细胞因子间无显著相关性；2. 较高危组 CD4+T 淋巴细胞、CD8+T 淋巴细胞及 Treg 细胞上 TIGIT 表达水平明显高于健康对照组与 AML 对照组（ $P<0.001$ ），相关性分析表明，CD8+T 淋巴细胞 TIGIT 表达水平与 IL-2、IFN- α 水平呈负相关（ $P<0.01$ ），Treg 细胞 TIGIT 表达水平与 TNF- α 、IFN- γ 水平呈负相关（ $P<0.05$ ）。3. AML 对照组 CD4+T 淋巴细胞、CD8+T 淋巴细胞及 Treg 细胞 TIGIT 表达水平均与 IFN- γ 表达呈负相关（ $P<0.05$ ）；Treg 细胞 TIGIT 表达水平与 IL-2（ $P<0.01$ ）、TNF- α （ $P<0.05$ ）、IFN- α （ $P<0.05$ ）水平呈负相关。

结论 1. TIGIT 在较低危组、较高危组 MDS 及 AML 中呈差异表达, 且与细胞因子水平具有相关性, 提示 TIGIT 及相关细胞因子可能参与了 MDS 的发生发展及免疫微环境紊乱; 2. 针对 TIGIT 的靶向策略有望成为治疗 MDS 的新途径。

PO-2232

真假“慢粒”

于莹¹、杨凡¹、廖丹¹、王钰君¹、陈诗丽¹、粟云艳²、潘兆东¹、罗伟全¹

1. 广州华银医学检验中心有限公司

2. 广州解序基因科技有限公司

目的 分享一例因血小板增多就诊发现染色体存在 t(9;22)异常, BCR::ABL1 基因阴性, JAKV617 基因突变的病例, 说明 MICM 综合诊断的重要性。

方法 通细胞形态、流式细胞术、染色体核型、q-PCR、FISH、二代测序的检查技术综合分析。

结果 患者男, 53 岁, WBC 9.39*10e9、Gran: 68%、LYM:20.3%、MONO: 7.7%、HB: 158g/L、PLT: 799*10e9。骨髓细胞形态学: 增生活跃, 血小板明显增多。流式细胞术: 未见异常细胞。骨髓活检及特殊染色: 符合骨髓增殖性肿瘤, 倾向原发性骨髓纤维化(纤维化前期)。骨髓染色体核型: 46,XY,t(9;22)(q34;q11.2) [3]/46,XY[27]。q-PCR: BCR::ABL1 (包括罕见型): 阴性。FISH 探针: BCR::ABL1 融合基因 阴性。二代测序: SLC36A4::PNPLA3 融合基因、JAK2V617F 突变。综合 MICM 诊断为: 原发性骨髓纤维化(纤维化前期)(pre-PMF)。

结论 染色体核型发现的 t(9;22)通过 FISH、q-PCR、二代测序证明非 BCR::ABL1 而是 SLC36A4::PNPLA3 融合基因。根据以前慢性粒细胞白血病(CML)的诊断标准有染色体 t(9;22)(q34;q11.2) 或者分子检测出 BCR::ABL1 融合基因作为 CML 诊断的金标准, 但是 2022 WHO th5CML 的诊断标准只有 BCR::ABL1 融合基因, 没有染色体 t(9;22); 只有综合 MICM 的所有结果才能得出准确诊断, 否则该例原发性骨髓纤维化(纤维化前期)(pre-PMF)会被误诊为慢性粒细胞白血病 CML。

PO-2233

伴有 TET2 基因突变的骨髓增生异常综合征患者的特征分析

秦祎哲、贡蓉

山西白求恩医院(山西医学科学院)

目的 探讨伴有 TET2 基因突变的骨髓增生异常综合征患者的临床特征。

方法 回顾性分析我院近 2 年伴有 TET2 基因突变的骨髓增生异常综合征患者的临床资料, 结合文献, 分析其临床特点, 并探讨其预后。

结果 40 例诊断为骨髓增生异常综合征的患者, 有 TET2 基因突变的有 10 例, 中位年龄为 65.5 (51-81) 岁, 男性占 90% (n=9), 女性占 10% (n=1), 其中≥2 个基因共突变患者检出有 4 例 (SF3B1 共突变 2 例, U2AF1 共突变 2 例), 均为男性。伴有 TET2 基因突变的患者中 IPSS-R 低危患者有 4 例, 中危患者 1 例, 高危患者 5 例。其中 IPSS-R 低危患者观察采用去甲基化药物(地西他滨单药)治疗 2 例, 支持治疗 2 例, 1 例 IPSS-R 中危患者采用地西他滨单药治疗, 5 例 IPSS-R 高危患者中采用去甲基化药物治疗(地西他滨单药治疗 2 例, 阿扎胞苷单药治疗 1 例) 3 例, 支持治疗 1 例, 异基因造血干细胞移植 1 例。观察发现伴有 TET2 基因突变的患者较野生型患者达到缓解所需的化疗周期更长, 通过分别比较 TET2 基因突变患者使用去甲基化药物治疗与其他两组治疗方案(异基因造血干细胞移植、支持治疗)的随访数据, 均可见去甲基化药物治疗组总生

存时间较其他治疗方案组明显延长。

结论 伴 TET2 基因突变的骨髓增生异常综合征患者多见于男性，同时 ≥ 2 个基因共突变患者亦以男性多见，中位年龄为 65.5 (51-81) 岁，IPSS-R 危险度分层多为高危组，预后多不良，伴有 TET2 基因突变的患者使用去甲基化药物治疗的远期疗效较好，达到完全缓解所需的化疗周期较长。本次研究收集的样本量不充足，仍需要扩充样本量进行更为精准的研究及统计学分析。

PO-2234

PCBP1 抑制铁死亡在骨髓增生异常综合征贫血中的作用机制研究

张梦莹、王化泉
天津医科大学总医院

目的 本研究旨在通过检测骨髓增生异常综合征 (MDS) 患者骨髓 CD235a+有核红细胞 (NEs) 的铁死亡与贫血的关系。

方法 研究纳入 2021 年-2022 年天津医科大学总医院血液科收治的初治 MDS 患者。根据 IPSS-R 评分分为低危 MDS 组 (LR-MDS) 和高危 MDS 组 (HR-MDS)。使用流式细胞术 (FCM) 检测骨髓 CD235a+有核红细胞中 Fe²⁺水平、细胞死亡比例及脂质过氧化物水平；生化法检测 CD235a+有核红细胞中谷胱甘肽 (GSH) 及丙二醛 (MDA) 含量；蛋白免疫印迹法 (WB) 检测 CD235a+有核红细胞中铁死亡相关蛋白的表达。免疫磁珠分选 MDS 患者骨髓 CD235a+有核红细胞后，加入铁死亡抑制剂 Ferrostatin-1 (Fer-1) 处理 48 小时，CCK8 法检测细胞活力，FCM 检测细胞死亡率、游离铁池 (LIP) 及脂质过氧化物水平，生化法检测 GSH 和 MDA 含量。分析数据库 GSE58831 数据集，验证铁死亡相关基因 Poly(rC)-binding protein 1 (PCBP1) 在 MDS 患者骨髓 CD235a+有核红细胞中的表达水平及其与贫血的相关性。通过慢病毒敲低 K562/SKM1 细胞中的 PCBP1 表达，检测铁死亡相关标志物的变化。敲低 K562 细胞 PCBP1 表达后，进行 RNA-seq 实验，进行 KEGG 通路和 GO 富集分析。

结果 1. 与对照组相比，MDS 患者骨髓 CD235a+有核红细胞死亡率、Fe²⁺水平、MDA 含量显著升高，GSH 水平显著降低，ACSL4 蛋白表达升高，GPX4 及 SLC7A11 蛋白表达下降。铁死亡抑制剂 Fer-1 处理后，细胞活力恢复，细胞死亡率、LIP 及脂质过氧化物水平降低，GSH 含量增加，ACSL4 表达下调，GPX4 及 SLC7A11 表达上调。这表明 MDS 患者骨髓 CD235a+有核红细胞铁死亡水平增加，且与贫血和铁过载显著相关。

2. GSE58831 数据集分析显示，MDS 患者骨髓 CD235a+有核红细胞 PCBP1 表达水平降低，并与贫血显著相关。敲低 PCBP1 后，K562/SKM1 细胞中 Fe²⁺积累增加，GSH 水平下降，MDA 水平升高，铁死亡抑制剂 Fer-1 可逆转上述变化。敲低 PCBP1 增加细胞对铁死亡诱导剂的敏感性，影响细胞内铁稳态。

3. 敲低 PCBP1 后，K562 细胞 CD235a 表达下降，Hemin 诱导 K562 细胞向红系分化后，敲低 PCBP1 抑制细胞增殖，降低 GATA1 及 KLF1 表达，损害血红蛋白合成。

4. 敲低 PCBP1 后进行 RNA-seq 实验，共筛选到 469 个差异表达基因。KEGG 和 GO 分析显示，差异基因富集在自噬、细胞衰老、细胞周期、p53 信号通路、脂质代谢及铁死亡等通路。敲低 PCBP1 激活 p53 信号通路，促进细胞衰老，影响 SLC7A11 和 ALOX12 的表达，间接增强 ALOX12 活性，促进铁死亡发生，损害红系分化。RT-qPCR 显示，MDS 患者骨髓 CD235a+有核红细胞 p53 mRNA 表达量显著高于对照组，并与 PCBP1 mRNA 表达量呈显著负相关。敲低 K562 细胞 PCBP1 的同时，沉默 p53 表达可恢复细胞增殖活性，降低细胞死亡率，逆转脂质 ROS 升高、GSH 水平下降，上调 SLC7A11 表达，抑制铁死亡，并恢复红系分化，促进血红蛋白合成。

结论 1. MDS 患者骨髓 CD235a+有核红细胞铁死亡水平升高，与贫血和铁过载显著相关。

2. MDS 患者骨髓 CD235a+有核红细胞 PCBP1 表达水平降低，与贫血显著相关。PCBP1 表达缺

失促进铁死亡发生，阻碍红系分化，减少血红蛋白合成。

3. 敲低 PCBP1 激活 p53 信号通路，促进细胞衰老，损害红系分化，导致贫血。PCBP1 通过 p53/SLC7A11/ALOX12 通路抑制铁死亡，参与终末红系分化调控。PCBP1 可能成为 MDS 贫血治疗的新靶点。

PO-2235

免疫指标对 MDS 患者预后判断的临床价值研究

刘召云、徐昕彤、付蓉
天津医科大学总医院

目的 探究骨髓增生异常综合征（myelodysplastic syndromes, MDS）患者的免疫指标：T 淋巴细胞、B 淋巴细胞、自然杀伤细胞（Natural Killer cell, NK）、树突状细胞（Dendritic Cell, DC）以及细胞因子对患者临床预后的预测价值。

方法 选择 2017-2021 年就诊于天津医科大学总医院血液内科新诊断的 MDS 患者 155 例，回顾性分析其免疫相关指标：（1）T/B/NK 淋巴细胞亚群：CD3+ T 淋巴细胞、CD3+ CD4+ T 淋巴细胞、CD3+ CD8+ T 淋巴细胞、CD3- CD56+ NK 细胞、CD19+ B 淋巴细胞的绝对计数和百分数；（2）DC 细胞亚群：DC/PBMMNC、pDC/DC、mDC/DC、pDC/mDC、CD16+mDC/mDC、mDC1/mDC、mDC2/mDC 百分比；（3）细胞因子：血清白介素（Interleukin, IL）-2、IL-4、IL-6、IL-10、肿瘤坏死因子- α （tumor necrosis factor- α , TNF- α ）、干扰素- γ （Interferon- γ , IFN- γ ）和血清 IL-17A 的水平。通过对患者进行电话、病例调阅等进行完整随访，最后确定纳入研究的患者例数为 120 例。采用独立样本 T 检验筛选具有统计学差异的免疫指标；使用受试者工作特征曲线（Receiver operating characteristic curves, ROC）和曲线下面积（Area under the curve, AUC）分析各免疫指标的最佳截断值（Cut-off 值）；采用 Kaplan-Meier 分析绘制 MDS 患者的生存曲线，采用 log-rank 检验方法分析各免疫指标与 MDS 患者总生存期（Overall Survival, OS）之间的相关性；采用 χ^2 检验评价 MDS 患者的基线特征；采用 Cox 比例回归风险模型进行单因素及多因素分析，分析影响 MDS 患者的预后因素。最后数据结果通过 $p < 0.05$ （*）， $p < 0.01$ （**）， $p < 0.001$ （***）， $p < 0.0001$ （****）来描述统计学差异。

结果 1. 一般临床特征：在经过筛选的 120 名新诊断的 MDS 患者中，男性患者 83 例（69%），女性患者 37 例（31%）；中位发病年龄为 64 岁（23-85）；年龄 ≥ 65 岁的有 62 例（51.7%），年龄 < 65 岁的有 58 例（48.3%）；存活 105 例，死亡 15 例，中位随访时间为 15 月（1-44 月）。根据国际预后积分系统修订版（Revised International Prognostic Scoring System, IPSS-R）将患者分为：极低危组 8 人（6.6%），低危组 36 人（30%），中危组 48 人（40%），高危组 14 人（11.7%），极高危组 14 人（11.7%）。

2. 120 例 MDS 患者临床指标比较：根据患者临床结局（生存和死亡）将患者分为两组，对其指标进行组间差异比较。结果提示：两组患者在骨髓原始细胞百分数（ $p=0.0476$ ）、染色体核型（ $p=0.0008$ ）、CD3+ T 淋巴细胞绝对计数（ $p=0.0220$ ）、CD3+ CD8+ T 淋巴细胞绝对计数（ $p=0.0254$ ）、CD3- CD56+ NK 细胞绝对计数（ $p=0.0398$ ）、血清 IL-4 水平（ $p=0.0008$ ）、血清 TNF- α 水平（ $p=0.0037$ ）之间有差异；在年龄（ $p=0.0967$ ）、性别（ $p=0.3183$ ）、血红蛋白数量（ $p=0.2455$ ）、血小板计数（ $p=0.6765$ ）、中性粒细胞绝对值（ $p=0.3528$ ）、血细胞减少系数（ $p=0.2161$ ）、CD3+ T 淋巴细胞百分数（ $p=0.3819$ ）、CD3+ CD4+ T 淋巴细胞百分数（ $p=0.4187$ ）、CD3+ CD8+ T 淋巴细胞百分数（ $p=0.7886$ ）、CD3- CD56+ NK 细胞百分数（ $p=0.2743$ ）、CD19+ B 淋巴细胞百分数（ $p=0.8705$ ）、CD3+ CD4+ T 淋巴细胞绝对计数（ $p=0.0523$ ）、CD19+ B 淋巴细胞绝对计数（ $p=0.5521$ ）、血清 IL-2 水平（ $p=0.3215$ ）、血清 IL-6 水平（ $p=0.3032$ ）、血清 IL-10 水平（ $p=0.4937$ ）、血清 IFN- γ 水平（ $p=0.7591$ ）、血清 IL-17A 水平（ $p=0.2245$ ）、DC/PBMMNC 百分比（ $p=0.1109$ ）、pDC/DC 百分比（ $p=0.1777$ ）、mDC/DC 百分比（ $p=0.0954$ ）、pDC/mDC 百分比（ $p=0.3909$ ）、CD16+mDC/mDC 百分比

($p=0.7433$)、mDC1/mDC 百分比 ($p=0.8062$)、mDC2/mDC 百分比 ($p=0.0509$) 之间未见明显差异。

3. ROC 曲线及 AUC 确定 Cut-off 值: 选择有明显临床差异的指标, 包括 CD3+ T 淋巴细胞绝对计数、CD3+ CD8+ T 淋巴细胞绝对计数、CD3- CD56+ NK 细胞绝对计数、血清 IL-4 水平、血清 TNF- α 水平, 绘制 ROC 曲线。根据 ROC 曲线及 AUC 确定 CD3+ T 淋巴细胞绝对计数的 cut-off 值为 806.8 个/ul (AUC 0.70, 95%CI: 0.57-0.82, 灵敏度 73.68%, 特异度 60.20%, $p=0.0073$), CD3+CD8+ T 淋巴细胞绝对计数的 cut-off 值为 262.0 个/ul (AUC 0.70, 95%CI: 0.57-0.82, 灵敏度 68.42%, 特异度 60.20%, $p=0.0075$), CD3-CD56+ NK 细胞绝对计数的 cut-off 值为 120.3 个/ul (AUC 0.75, 95%CI: 0.63-0.87, 灵敏度 68.42%, 特异度 71.43%, $p=0.0005$), 血清 IL-4 水平的 cut-off 值为 4.335 pg/ml (AUC 0.69, 95%CI: 0.51-0.87, 灵敏度 66.67%, 特异度 81.44%, $p=0.0101$)。

4. 根据免疫指标分组的 MDS 患者临床特征比较: 分别根据 CD3+ T 淋巴细胞绝对计数、CD3+CD8+ T 淋巴细胞绝对计数、CD3-CD56+ NK 细胞绝对计数、血清 IL-4 水平的 cut-off 值, 将 120 例 MDS 患者分为低水平组 ($<$ cut-off 值) 和高水平组 (\geq cut-off 值), 汇总其基线特征, 结果发现在 CD3+ T 淋巴细胞绝对计数、CD3+CD8+ T 淋巴细胞绝对计数和血清 IL-4 水平中, 低水平组和高水平组临床基线特征上并无显著差异 ($p>0.05$); CD3-CD56+ NK 细胞绝对计数低水平组和高水平组仅在骨髓原始细胞比例上有差异 ($p=0.011$)。

5. 免疫指标对 MDS 患者的预后生存分析: 将 120 例 MDS 患者分为低水平组 ($<$ cut-off 值) 和高水平组 (\geq cut-off 值), 分别绘制其生存曲线评价其 OS, 结果发现血清 IL-4 水平 ($p<0.0001$)、CD3+ T 淋巴细胞绝对计数 ($p=0.006$)、CD3+CD8+ T 淋巴细胞绝对计数 ($p=0.016$)、CD3-CD56+ NK 细胞绝对计数 ($p=0.0006$) 均对 MDS 患者的 OS 有良好的预测价值; 同时用 COX 回归进行单因素和多因素分析, 发现 CD3+ CD8+ T 淋巴细胞绝对计数、CD3-CD56+ NK 细胞绝对计数是 MDS 患者 OS 的独立保护因素, 而血清 IL-4 水平是 MDS 患者 OS 的独立危险因素。

6. 免疫指标在不同 IPSS-R 分组 MDS 患者的预后价值: 依据 IPSS-R 将患者进行评分, 并分为相对低危组 (极低危组+低危组) 和中高危组 (中危组+高危组+极高危组), 分别绘制生存曲线评价其 OS, 结果发现: 在中高危组 MDS 患者中, 血清 IL-4 水平 ≥ 4.335 pg/ml、CD3+ T 淋巴细胞绝对计数 < 806.8 个/ul、CD3+CD8+ T 淋巴细胞绝对计数 < 262.0 个/ul、CD3-CD56+ NK 细胞绝对计数 < 120.3 个/ul 的 MDS 患者的 OS 更短; 在相对低危组 MDS 患者中, 血清 IL-4 水平 ≥ 4.335 pg/ml、CD3-CD56+ NK 细胞绝对计数 < 120.3 个/ul 的 MDS 患者的 OS 更短。

结论 1. 血清 IL-4 水平、CD3+ T 淋巴细胞绝对计数、CD3+CD8+ T 淋巴细胞绝对计数、CD3-CD56+ NK 细胞绝对计数均对 MDS 患者的 OS 有良好的临床预测价值。

2. CD3+CD8+ T 淋巴细胞绝对计数 ≥ 262.0 个/ul、CD3-CD56+ NK 细胞绝对计数 ≥ 120.3 个/ul 是影响 MDS 患者 OS 的独立保护因素; 核型差、血清 IL-4 水平 ≥ 4.335 pg/ml 是影响 MDS 患者 OS 的独立危险因素。

PO-2236

自体造血干细胞移植还是化疗? AML 临床选择的荟萃分析

张帆、葛宋钰、王洪涛
中国医科大学附属盛京医院

目的 对于不适合异基因干细胞移植 (SCT) 或没有人类白细胞抗原 (HLA) 匹配供体的急性髓系白血病 (AML) 患者, 与进一步的化疗治疗相比, 自体 SCT (ASCT) 在首次完全反应 (CR1) 后是否具有更好的预后尚不清楚。一项荟萃分析评估了 ASCT 与 CR1 AML 患者进一步化疗的比较。

方法 截至 2023 年 5 月 26 日, 检索了 Medline、Embase、Cochrane 对照试验注册中心、CochraneLibrary、Web of Science 和中国国家知识基础设施数据库中的相关文献。符合条件的研

究包括前瞻性入选的 AML 成年人和没有匹配兄弟姐妹供体的随机首次应答患者。

结果 确定了 14 项随机对照试验，包括 4281 名参与者，其中 1499 名患者接受 ASCT 治疗，2782 名患者接受化疗并继续随访。在 CR1 型 AML 患者中，与化疗相比，ASCT 的复发率较低[比值比 (OR)=0.49, 95%置信区间 (CI)=0.41–0.57]。记录了显著的无病生存率 (DFS; OR=1.37, 95%CI=1.02–1.84) 和无复发生存率 (RFS; OR=2.78, 95%CI=1.28–6.02) ASCT 益处，合并研究时总生存率 (OS) 没有差异 (OR=1.12, 95%CI=0.85–1.48)。

结论 研究结果表明，与接受化疗的患者相比，首次缓解后，接受自体干细胞移植的 AML 患者具有更高的 DFS 和 RFS、相似的 OS 和更低的复发率。这表明自体干细胞移植可能具有更好的预后。

PO-2237

改变小儿急性髓细胞白血病治疗的格局： 一个简便的 SCT 临床决策支持工具

杨画、寻阳、陶玉、游华
重庆医科大学附属儿童医院

目的 目前异基因造血干细胞移植 (allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT) 是高危小儿急性髓性白血病 (pediatric acute myeloid leukemia, pAML) 的重要治疗手段。当前专门针对 pAML 患者 allo-HSCT 临床决策支持工具罕见，而现有的主流 pAML 预后模型判断性能不高，且无法为患者在移植前提供足够的决策信息。此外，目前预后模型使用的因子过多，不利于临床便捷使用。

本研究通过建立一个特定的、简便的 SCT 临床决策支持工具，为临床医生有效筛选 allo-HSCT 预后不良患者，避免无效移植和精准筛选适合 allo-HSCT 患儿提供具有重要的临床价值的依据及工具。

方法 本研究共纳入 1941 名 pAML 患者，其中 308 名接受了 SCT。训练集和验证集以 7:3 的比例进行随机划分。主要终点为总生存期 (overall survival, OS) 和无事件生存期 (event-free survival, EFS)。采用单因素和多因素 Cox 分析建立预后模型，并通过一致性指数 (C-index) 和曲线下面积 (the area under the curve, AUC) 评估模型的性能。使用临床决策曲线 (Decision Curve Analysis, DCA) 评估预测模型的临床应用价值。

结果 我们基于三个临床因素建立了名为 pAML SCT 的模型，模型有效把患者区分为低、中、高风险组，其中低、中、高风险组的 5 年 OS 分别为 44.44%、19.05% 和 7.69% ($p = 0.024$)。该模型还在 EFS 方面具有适用性，5 年 EFS 分别为 44.44%、16.67% 和 0.00% ($p < 0.001$)。值得注意的是，该模型的优于主流临床预后工具，并与另一项纳入 1224 名患者的基于细胞遗传学风险的 SCT pAML 预后模型在 C-index 和 AUC 方面相当。DCA 曲线提示我们建立的 pAML SCT 模型用于临床决策的准确性和效率最佳。最后，进一步改进了该模型后，通过与非 SCT 患者进行比较，最终得到的 pAML SCT plus 模型将患者区分为四组：无益处组、EFS 延长组、OS 和 EFS 延长组以及不适合组。OS 和 EFS 延长组具有最佳预后，不适合组的预后最差。值得注意的是，无益处组患者的生存率和未移植人群相当，提示这类患者可能存在过度治疗的风险。

结论 本研究提出一种新颖简便的临床决策支持工具，与现有主流 pAML 预后模型相比，这个临床决策支持工具提供了全面的预后信息，更高的预测效力，并有潜力识别那些接受不必要治疗或不适合进行 allo-HSCT 的患者，对改善 pAML 患者的治疗决策的精确性具有重要意义

PO-2238

Pneumonia after hematopoietic stem cell transplantation in patients with thalassemia major: incidence, risk factors, and a predictive nomogram

Hongwen Xiao, Gaohui Yang, Zhaoping Gan, Qiuling Huang, Zhenbin Wei, Meiqing Wu, Zeyan Shi, Huicheng Huang, Zhaofang Pan, Lianjin Liu, Lingling Shi, Zhongming Zhang, Rongrong Liu, Yongrong Lai
广西医科大学第一附属医院血液内科

Objective To explore the incidence and risk factors of pneumonia within 180 days after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) in patients with thalassemia major, a novel predictive nomogram was constructed to predict the risk of pneumonia.

Methods Retrospective analyses were conducted on a cohort of 217 consecutive thalassemia patients who underwent allo-HSCT from July 2020 to December 2022. Overall survival of patients were estimated using the Cox proportional hazards model. LASSO regression and multivariate Logistic regression were performed to examine risk factors, with a P-value under 0.1 used to develop the prediction nomogram.

Results In this study, the incidence of post-transplant pneumonia within 180 days was 30.9% (67/217), serving as a risk factor for 2-year overall survival. A total of 194 patients met the inclusion criteria. Based on risk factors such as Epstein-Barr virus reactivation, grades 3-4 acute graft versus host disease, non-peripheral blood stem cells infusion, low hemoglobin and albumin before transplantation, the nomogram was developed to predict post-transplant pneumonia within 180 days. The C-index of the training cohort is 0.827. The validation cohort C-index is 0.848. The calibration curves performed well in the training and validation cohorts, with Hosmer-Lemeshow test P-values of 0.81 and 0.30, respectively. Decision curve analysis (DCA) confirmed that the nomogram offered good net benefits in both the training and validation cohorts.

Conclusion This article firstly established a high-precision nomogram for predicting the risk of pneumonia within 180 days after allo-HSCT in patients with thalassemia major. The nomogram demonstrated good clinical validity and reliability.

PO-2239

心理护理应用在造血干细胞移植护理的临床效果研究

刘艳

中国人民解放军联勤保障部队第 940 医院

目的 探究心理护理应用在造血干细胞移植护理的临床效果。

方法 选择 2022 年 1 月-2023 年 1 月收治的造血干细胞移植患者 102 例，随机分组各 51 例，对照组给予常规护理，观察组加强心理干预，比对两组的干预结果。

结果 干预前两组 HAMA 与 HAMD 评分相匹配， $P > 0.05$ 。干预后 HAMA 与 HAMD 评分比干预前低， $P < 0.05$ 。干预后观察组的 HAMA 与 HAMD 评分比对照组低， $P < 0.05$ 。观察组的护理满意度高于对照组， $P < 0.05$ 。

结论 心理干预改善造血干细胞移植患者的心理状态，提高其医疗服务满意度。

PO-2240

心理护理的应用在造血干细胞移植护理的临床效果研究

刘艳

中国人民解放军联勤保障部队第 940 医院

目的 探究心理护理应用在造血干细胞移植护理的临床效果

方法 选择 2022 年 1 月-2023 年 1 月收治的造血干细胞移植患者 102 例, 随机分组各 51 例, 对照组给予常规护理, 观察组加强心理干预, 比对两组的干预结果。

结果 干预前两组 HAMA 与 HAMD 评分相匹配, $P>0.05$ 。干预后 HAMA 与 HAMD 评分比干预前低, $P<0.05$ 。干预后观察组的 HAMA 与 HAMD 评分比对照组低, $P<0.05$ 。观察组的护理满意度高于对照组, $P<0.05$ 。

结论 心理干预改善造血干细胞移植患者的心理状态, 提高其医疗服务满意度。

PO-2241

造血干细胞移植患者口腔黏膜炎变化的纵向研究

陈梅华

福建医科大学附属协和医院

目的 了解造血干细胞移植(hematopoietic stem cell transplantation, HSCT)患者住院期间口腔唾液 pH 值变化规律及口腔黏膜炎的发生情况, 探讨 HSCT 患者口腔唾液 pH 值变化对口腔黏膜炎的影响。

方法 于 2022 年 11 月~2023 年 3 月以方便抽样方法选取 HSCT 患者 30 例, 采用“四点测试法”测量患者住院期间的口腔 pH 值, 针对患者入仓时、预处理期、移植后 1 天、移植后 2 天、移植后 3 天、移植后 1 周、出仓时七个时间段口腔 pH 值进行分析, 根据世界卫生组织(WHO)量表评估患者口腔黏膜炎情况。

结果 HSCT 患者口腔唾液 pH 值在移植前后有明显的变化规律, 在移植后口腔唾液 pH 值显著降低, 口腔黏膜炎发生率显著提高。

结论 在移植后口腔唾液 pH 值显著降低, 口腔黏膜炎发生率显著提高, 二者有密切相关性, 提示护理工作应加强 HSCT 患者术后的口腔护理, 减轻口腔内环境的改变, 从而避免口腔黏膜炎的发生。

PO-2242

Prospective Clinical Analysis of Gastrointestinal Endoscopy in Pediatric Patients with Acute Gastrointestinal Graft-Versus-Host Disease After Hematopoietic Stem Cell TransplantationYuqing Jiao¹, Hao Xiong², Yuxia Zhao², Zhi Chen², Li Yang², Zhuo Wang², Fang Tao², Yu Du², Qiang Fu², Ming Sun², Wenjie Lu², Shanshan Qi²

1. Medical College of Wuhan University of Science and Technology

2. Wuhan Children's Hospital(Wuhan Maternal and Child Healthcare Hospital), Tongji Medical College, Huazhong University of Science & Technology

Objective This prospective study investigated the role of gastrointestinal (GI) endoscopy in the

diagnosis of acute GI graft-versus-host disease (GVHD) after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) in pediatric patients.

Methods We clinically analyzed 35 pediatric patients suspected of GI-GVHD after allo-HSCT who underwent gastroduodenal endoscopy and colonoscopy from January 2019 to December 2023.

Results The investigation assessed gastroduodenal and colonic endoscopic manifestations and biopsy histopathologic diagnosis and their impact on clinical management. Of the 35 patients who completed GI endoscopy, two underwent gastroduodenoscopy, ten completed colonoscopy, and 23 underwent both. The main gastroduodenoscopic manifestations included mucosal congestion (n=25), edema (n=15), erosion (n=16), and ulceration (n=3) and old bleeding spots (n=1); the main colonoscopic manifestations included mucosal congestion (n=10), edema (n=20), erosion (n=15), ulceration (n=14), and exfoliation (n=3) and active bleeding (n=2); one patient who underwent colonoscopy only presented no organic damage. Tissue biopsy histopathology was not done in seven patients, and four (14%) presented no significant histologic abnormalities. GI-GVHD could be diagnosed histologically in 24 patients (86%), of which three had GI-GVHD with cytomegalovirus enterocolitis, one had GI-GVHD with Epstein-Barr virus(EBV) enterocolitis, and 15 had GI-GVHD with thrombotic microangiopathy. Anti-GI-GVHD treatment were initiated in 16 patients based on clinical criteria before endoscopy; biopsy confirmed GI-GVHD in 14 of them. Treatment was revised in 15 patients based on the tissue biopsy findings.

Conclusion GI endoscopy should be promptly performed in patients clinically suspected to have GI-GVHD to ascertain the diagnosis.

PO-2243

重型再生障碍性贫血儿童接受异基因造血干细胞移植前铁过载的临床研究

晏黎、熊昊
武汉儿童医院

目的 探讨重型再生障碍性贫血（SAA）患儿接受异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）前铁过载与移植疗效的相关性。

方法 回顾性收集 2018 年 1 月 1 日至 2022 年 8 月 31 日在武汉儿童医院血液科接受 allo-HSCT 的 74 例 SAA 患儿临床资料。根据移植前血清铁蛋白（SF）水平，分为铁过载组（SF \geq 1000 ng/mL）和对照组（SF $<$ 1000 ng/mL），比较两组临床特征和移植预后。

结果 74 例 SAA 患儿中铁过载组 25 例（33.8%），对照组 49 例（66.2%）。与对照组相比，铁过载组移植前 SF 水平显著升高[1424.0（1245.0~1657.0）ng/mL vs 474.5（342.6~598.4）ng/mL, P < 0.001]，确诊至移植的间隔时间更长[6.0（3.0~9.5）个月 vs 3.0（2.0~4.8）个月, P = 0.007]。铁过载组在 allo-HSCT 后第 1 个月 Treg 细胞重建水平[3.5（0.0~6.5）个/ μ L vs 7.0（1.0~30.5）个/ μ L, P = 0.045]、出血性膀胱炎发生率（32.0% vs 10.2%, P = 0.020）及 III-IV 度急性移植物抗宿主病（aGVHD）发生率（24.0% vs 4.1%, P = 0.009）均明显高于对照组。随访时间至 2023 年 9 月 31 日，中位随访时间 17（12~26）个月，两组预估 2 年总生存（OS）率（87.5 \pm 6.8% vs 88.6 \pm 4.8%, P = 0.892）及无失败生存（FFS）率（83.3 \pm 7.6% vs 88.6 \pm 4.8, P = 0.71）均无统计学差异。

结论 移植前铁过载患儿 allo-HSCT 后 Treg 细胞重建延迟，且出血性膀胱炎及 III-IV 度 aGVHD 发生率均增加。SAA 患儿如有合适供者可尽早接受 allo-HSCT 以减少铁过载对 SAA 患儿移植疗效的影响

PO-2244

优质护理服务联合医学科普视频 在造血干细胞患者移植中的效果影响

周卓妮、张春风、徐燕芳、黄蓉、官小玲
广西医科大学第二附属医院

目的 探讨优质护理服务联合医学科普视频在造血干细胞患者移植中的效果影响。

方法 选取广西某三甲医院两院 2021 年 9 月至 2023 年 9 月造血干细胞移植住院患者 40 例作为研究对象，将其分为对照组与观察组各有 20 例，对照组予常规护理模式进行护理，观察组在常规护理模式基础上采用优质护理服务联合医学科普视频对患者进行护理，比较两组患者的焦虑、抑郁、依从性的效果影响。

结果 观察组患者的焦虑、抑郁的发生情况低于对照组，患者的依从性高于对照组（ $P < 0.05$ ）。

结论 优质护理服务联合医学科普视频在造血干细胞患者移植中的应用，可以降低患者的焦虑、抑郁的发生情况，提高患者的依从性。

PO-2245

Efficacy and survival outcome of allogeneic stem-cell transplantation in multiple myeloma: meta-analysis in recent ten years

Siyu Lin, Kejie Lu, Xiaona Zheng, Jian Hou, Tingting Liu
Shanghai Renji Hospital

Objective Allogeneic hematopoietic cell transplantation (AlloSCT) has curative potential in Multiple Myeloma (MM) patients due to its direct cytotoxicity and graft-versus-multiple myeloma effect (GvMM) effect. Growing trials confirmed its potential in overcoming deleterious effect brought by high-risk cytogenetic abnormalities and in improving survival outcome in newly diagnosed high-risk MM patients. Young MM patients would have a better outcome. High toxicity and NRM raises concern, and the emergence of novel drugs is challenging its effect. Our results showed sustained OS, PFS and NRM rate from the third year on. Long-term follow-up could reveal survival benefits of alloSCT in MM patients. Moreover, good response rate and promising survival outcome was observed in NDMM/frontline setting.

Methods We aimed to provide a comprehensive analysis among the recent ten years to verify the efficacy and survival outcome of alloHCT in MM patients. 60 Studies between 14 April 2013 to 14 April 2023 and a total of 15260 data from MM patients who had undergone alloSCT were included in our study. Best response rates (CR, VGPR, PR) and survival outcomes (1,2,3,5,10 year- OS, PFS, NRM) were assessed.

Results The pooled estimate CR, VGPR and PR rate was 0.45, 0.22 and 0.26 respectively. The pooled estimate of 1, 2, 3, 5, 10-year OS was 0.71, 0.59, 0.48, 0.50, 0.42 respectively; the pooled estimate of 1, 2, 3, 5, 10-year PFS was 0.5, 0.42, 0.25, 0.26, 0.27 respectively; the pooled estimate of 1, 2, 3, 5, 10-year NRM was 0.15, 0.20, 0.18, 0.19, 0.17 respectively. Our results showed constant OS, PFS, and NRM from third year onwards till the tenth year, suggest that alloSCT has sustained survival benefits.

We further conducted meta-analysis in NDMM/frontline setting and RRMM/salvage setting independently. In NDMM/upfront setting, the pooled estimate CR rate was 0.50, 5-year OS, PFS, NRM was 0.60, 0.39, 0.12 respectively. In relapsed setting, the pooled estimate CR rate was 0.21, 5-year OS, PFS, 2-year NRM was 0.29, 0.09, 0.12 respectively.

Conclusion In conclusion, long-term follow-up could reveal survival benefits of alloSCT in MM patients. Moreover, good response rate and promising survival outcome was observed in NDMM/frontline setting.

PO-2246

应用机器学习评估患者造血干细胞移植后免疫重建 ——来自 1838 例移植病例的回顾性分析结果

曹易耕¹、冯雅慧¹、竺小凡¹、孙自敏²、姜尔烈¹、陈俊仁¹

1. 中国医学科学院血液病医院（血液病研究所）

2. 中国科学技术大学第一附属医院

目的 造血干细胞移植是治疗恶性血液病、实体肿瘤、遗传代谢性疾病、骨髓衰竭性疾病等疾病最有效的手段之一，移植后免疫重建对患者的康复和长期生存至关重要，但过去研究往往存在研究对象数目过少（通常少于 200 例患者）、随访时间过短（移植后一年或更短）、患者年龄段单一（仅成人或仅儿童患者）、造血干细胞来源单一（仅骨髓、仅外周血或仅脐带血）以及没有整合移植后的多个免疫变量等问题。因此，目前仍不能实时、可视化追踪患者移植后的免疫稳态重塑过程，更缺乏可以在临床上广泛使用的量化方法用以评估患者移植后的免疫重建过程。应用机器学习梳理移植后免疫重建数据迫在眉睫。

方法 本研究回顾了 2012 年到 2020 年在中国医学科学院血液病医院及中国科学技术大学第一附属医院接受造血干细胞移植的 1945 例患者的共 11150 次免疫学数据（SKIRT），涵盖了移植类型为自体移植 107 例；同胞全相合移植 730 例；单倍体移植 443 例；脐带血 562 例。运用 Manifold Learning 算法在造血干细胞移植后不同时间点的高维外周血免疫学数据梳理移植后免疫重建规律、绘制免疫重建路径确定患者预后的免疫特征。

结果 研究发现，移植后前两个月细胞数量恢复以 CD8+T 细胞为主，免疫重建异质性在移植后约 60 天达到最大，随后自然杀伤细胞、CD8+T 细胞、CD4+T 细胞和 B 细胞广泛恢复。通过生存分析联合 Grid-Search 优化策略，经交叉验证发现移植后 91 -180 天存在可以预测的异基因移植患者死亡。本研究确定了复合免疫风险评分 Composite Immune Risk Score（CIRS），该评分整合 8 个免疫因素预测 HSCT 后的早期死亡，CIRS 在训练集（HR = 2.69, P < 0.0001）、验证集（HR = 3.64, P = 0.0014）和测试集（HR = 2.44, P = 0.0087）均良好地预测移植后患者的全因死亡，并在两个独立的患者亚组中得到验证。本研究还开发了可公开访问的网络工具——SKIRT 计算器（<https://skirt-calculator.shinyapps.io/skirt-calculator/>）——帮助临床医生评估患者移植后免疫重建的进展。

结论 应用机器学习评估患者造血干细胞移植后免疫重建切实可行，开放 CIRS 评分易于计算，可以识别出需要有针对性地预防和控制感染的异基因造血干细胞移植高危患者，对未来临床干预免疫重建不良提供有效的工具。

PO-2247

二次造血干细胞移植患者心理状态调查及影响因素分析

颜澄贇、汪靖

上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 运用国际通用的心理痛苦管理筛查工具分析二次造血干细胞移植心理痛苦程度与影响因素

方法 选取接受二次造血干细胞移植治疗的 28 例患者，采用心理痛苦温度计和问题列表收集资料，

评估患者痛苦程度和原因，并分析其影响因素

结果 D-7、D0、D7、D14、D21 这 5 期患者心理痛苦检出率分别为 14.2%、39.3%、75%、64.3% 和 46.5%。在 D-7 期，患者心理痛苦的原因主要为身体问题，文化程度和医疗费用与二次移植患者显著心理痛苦相关 ($P < 0.05$)。在 D0 期，患者心理痛苦的原因主要为情绪问题，文化程度和工作状态与二次移植患者显著心理痛苦相关 ($P < 0.05$)。在 D7，患者心理痛苦的原因主要为身体问题和情绪问题，首次移植病程与二次移植患者显著心理痛苦相关 ($P < 0.05$)。在 D14 期，患者心理痛苦的原因主要为实际问题，首次移植病程与二次移植患者显著心理痛苦相关 ($P < 0.05$)。在 D21 期，患者心理痛苦的原因主要为实际问题，婚姻状态与医疗费用与二次移植患者显著心理痛苦相关 ($P < 0.05$)。二次造血干细胞移植患者的显著心理痛苦检出率与性别、年龄、移植方式和疾病种类均无关

结论 二次移植的患者在不同阶段，心理痛苦程度与检出率是有显著差异的，其心理痛苦的原因和影响因素也是不断变化的。护理人员通过在治疗过程中不同时间点应用心理痛苦量表进行心理评估以便更及时地进行心理干预，对于减轻二次移植患者心理痛苦，从而帮助患者顺利完成二次造血干细胞移植具有重要意义

PO-2248

免疫功能紊乱与淋巴瘤自体移植患者造血重建延迟相关

全茜、冉隆荣、李杰平、杨再林、刘耀
重庆大学附属肿瘤医院

目的 分析本中心 83 例淋巴瘤患者行自体造血干细胞移植后造血重建延迟的情况，统计分析临床信息对造血重建延迟的影响，重点分析患者移植前循环免疫细胞对造血重建延迟的影响。

方法 研究对象是重庆大学附属肿瘤医院 2022 年 7 月-2023 年 12 月的 83 例进行自体造血干细胞移植的淋巴瘤患者。收集这些病人移植前的临床信息，及他们移植前的外周血循环免疫细胞表达情况。分析患者移植前的临床特征、循环免疫细胞表达与造血重建延迟的相关性。同时随访病人的生存情况，分析循环免疫细胞表达情况与生存的关系。

结果 本研究结果显示，粒细胞重建中位时间为 10 天 (8 天-25 天)，血小板重建中位时间为 12 天 (6 天-39 天)。我们依据造血重建时间，将患者分为造血延迟组 (粒细胞重建时间小于等于 11 天，血小板重建时间小于等于 13 天) 及非造血延迟组 (粒细胞重建时间大于 11 天，血小板重建时间大于 13 天)。统计分析显示，造血延迟组比非造血延迟组，患者移植前的年龄更大，移植前营养状况更差，移植前 LDH、 $\beta 2$ 微球蛋白更高，移植前 HB 更低， P 均小于 0.05。淋巴细胞亚群方面，造血延迟组的活化辅助 T 细胞 (CD4+CD25+T 细胞) 和调节 T 细胞更高，有统计学意义。

结论 综上，本研究显示，造血延迟组移植前患者的年龄、营养状况及血红蛋白等基本情况更差，且移植前的肿瘤负荷更高。分析提示，两组之间循环免疫细胞比较也存在差异，可见淋巴瘤患者自体造血干细胞后造血延迟的患者存在免疫紊乱，进一步研究患者移植前的体内免疫细胞功能可能为解决免疫重建延迟提供新的治疗思路。

PO-2249

ASCT 序贯 CD19 CAR-T 细胞治疗睾丸 DLBCL 继发 中枢神经系统侵犯 1 例的护理

段惠君

重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨自体造血干细胞移植 (ASCT) 序贯靶向 CD19 嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 治疗睾丸弥漫大 B 细胞淋巴瘤继发中枢神经系统侵犯的临床效果与专项护理措施。

方法 回顾性分析重庆大学附属肿瘤医院 2021 年 10 月收治的重庆市首例 ASCT 序贯靶向 CD19 CAR-T 细胞治疗睾丸弥漫大 B 细胞淋巴瘤继发中枢神经系统侵犯患者的临床治疗与专项护理措施, 包括设计《ASCT 联合 CAR-T 细胞治疗护理记录表》、运用免疫效应细胞相关脑病 (ICE) 评分工具, 着重加强患者造血干细胞回输护理、CAR-T 细胞回输护理、并发症的观察与护理、分阶段式健康教育、随访管理等。

结果 该患者在接受 ASCT 序贯靶向 CD19 CAR-T 细胞治疗期间经过多学科的精心的治疗与护理, 有效避免了植入综合征 (ES)、神经毒性 (NT)、细胞因子释放综合征 (CRS) 的发生。患者白细胞、血小板成功植入, 顺利出院后继续予以延续性护理, 现持续缓解 15 个月。

结论 通过对接受 ASCT 序贯靶向 CD19 CAR-T 治疗的患者实施个体化专项护理措施, 尤其是治疗期间各阶段并发症的观察和治疗以及分阶段式的健康教育, 可有效提高治疗的安全性, 减少并发症的发生率, 改善生存。

PO-2250

含西达本胺联合改良 BuCy 的预处理方案在异基因 造血干细胞移植治疗淋巴瘤/白血病的临床研究

葛冬雪

中国人民解放军总医院第一医学中心

目的 探讨含西达本胺联合改良 BuCy 预处理的异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 治疗淋巴瘤/白血病的疗效性与安全性。

方法 分析了 78 例在解放军总医院第一医学中心血液病科进行异基因造血干细胞移植治疗 ALL/LBL 的患者的临床资料。其中 36 例患者采用含西达本胺联合改良 BuCy 的预处理方案, 42 例患者采用改良 BuCy 预处理方案作为历史对照。移植后观察比较两组预处理方案相关不良反应、植入率、移植物抗宿主病 (GVHD)、非复发死亡 (NRM) 率以及总生存 (OS) 率。

结果 在含西达本胺预处理方案的 36 例患者中, 中性粒细胞和血小板中位植入时间分别为 11.5 天和 15 天。100 天内 2-4 度和 3-4 度急性移植物抗宿主病 (GVHD) 的累积发生率 (CI) 分别为 55.6% 和 8.3%。慢性 GVHD 的 2 年 CI 为 30.7%。无患者因非复发原因死亡, NRM 率为 0。其中 2 年累计复发发生率 (CIR) 为 36.4%。2 年总生存 (OS)、无病生存 (DFS) 的发生率分别为 85.7%、63.6%。含西达本胺联合改良 BuCy 预处理方案组和改良 BuCy 预处理方案组在中性粒细胞和血小板植入时间、急性 GVHD、慢性 GVHD 发生率、OS 发生率、DFS 发生率及 2 年累计复发率方面无显著差异。与历史对照组 (BuCy 预处理方案) 相比, 接受含西达本胺联合改良 BuCy 预处理方案的 ALL/LBL 患者的 2 年的非复发死亡率降低 (NRM 率: 12.0% vs 0%, $P < 0.05$)。预处理相关不良反应主要表现为恶心呕吐、腹泻及肝功能异常, 两种预处理方案并无显著差异。

结论 含西达本胺联合改良 BuCy 预处理方案的异基因造血干细胞移植治疗淋巴瘤/白血病效果较好, 提高预处理强度未增加治疗相关不良反应, 并且能降低患者的非复发死亡率。

PO-2251

Ruxolitinib combined with glucocorticosteroid as first-line therapy for acute GVHD did not increase the risk of CMV infection

Shuangyi Xing^{1,2}, Kun Qian^{1,2}, Fei Li^{1,2}, Zhenyang Gu^{1,2}, Lu Wang^{1,2}, Liping Dou^{1,2}, Daihong Liu^{1,2}

1. Medical School of Chinese PLA, Beijing, China

2. Department of Hematology, The Fifth Medical Center of Chinese PLA General Hospital, Beijing, China

Objective Ruxolitinib has been approved for the treatment of steroid-refractory acute GVHD. However, increased CMV infection was noticed in the ruxolitinib arm. The potential risk of CMV infection also raised concerns in our study of ruxolitinib combined with low-dose glucocorticosteroid as first-line therapy for intermediate to high-risk acute GVHD.

Methods We retrospectively analyzed 236 patients who underwent allo-HSCT at the PLA General Hospital from August 2018 to May 2021. Patients with intermediate to high-risk acute GVHD were assigned to steroid group (1-2 mg/kg methylprednisolone) and RUX-steroid group (5 mg/day ruxolitinib combined with 1 mg/kg methylprednisolone). This research explored the characteristics of CMV infection at day 90 and day 180 post-transplantation, multiple stages (CMV-DNAemia, CMV reactivation, and refractory CMV infection), and multiple perspectives (the duration of CMV-DNA positivity and negativity, timing of the first CMV-DNAemia, initial CMV load, peak CMV load and timing of the peak CMV load).

Results At day 90 after transplantation, there were no significant differences between the RUX-steroid group and steroid group for acute GVHD grade I-IV, grade II-IV, and grade III-IV in the cumulative incidence of CMV infection, the duration of CMV-DNA positivity, the duration of CMV negativity, the initial virus load, the peak virus load, the timing of the initial virus load or the timing of the peak CMV load. The results at day 180 after transplantation were similar to those at day 90.

Conclusion This study showed that ruxolitinib combined with glucocorticosteroid as first-line treatment for acute GVHD did not increase the risk of CMV infection.

PO-2252

含地西他滨加强预处理方案的异基因造血干细胞移植治疗 AML 的临床研究

张夏玮、窦立萍

解放军总医院第五医学中心

目的 评价地西他滨用于异基因造血干细胞移植预处理方案的疗效和安全性。

方法 回顾性分析 128 例 2018 年 8 月到 2022 年 8 月于解放军总医院第一医学中心进行异基因造血干细胞移植的 AML 患者的临床特征及疗效，包括使用含地西他滨预处理方案（地西他滨组）的患者 37 例，不含地西他滨预处理方案（非地西他滨组）的患者 91 例，观察患者总生存（OS）、复发、非复发死亡及急性移植物抗宿主病发生情况。

结果 两组患者的总体生存率（OS）无显著差异（ $P > 0.05$ ），地西他滨组与非地西他滨组 1 年 OS 分别为 75.2% 和 84.1%。两组患者 1 年复发率无显著差异（ $P > 0.05$ ）。地西他滨组与非地西他滨组 1 年累计复发率分别为 26.5% 和 21.9%。两组患者的非复发死亡率（NRM）无显著差异（ $P > 0.05$ ），地西他滨组与非地西他滨组 1 年 NRM 分别为 10.9% 和 5.9%。两组患者的急性移植物抗宿主病（aGVHD）发生率无显著差异（ $P > 0.05$ ），地西他滨组与非地西他滨组 aGVHD 累计发生率分别为 66.7% 和 67%。经过 1 疗程化疗获得 CR 的患者的 1 年 OS（100%）高于经过 1 个疗程

以上化疗达到 CR 患者 1 年 OS 87.8% (P=0.218)。经过 1 疗程化疗获得 CR 的患者的 1 年复发率 (7.7%) 低于经过 1 疗程以上化疗达到 CR 患者 1 年复发率 16.8% (P=0.428)。

结论 使用含地西他滨的预处理方案对于经过 1 疗程化疗达到 CR 的 AML 患者有益。

PO-2253

首次行异基因造血干细胞移植患者出院准备度的量表编制

赵娇

徐州医科大学附属医院

目的 研制首次行异基因造血干细胞移植患者出院准备度评估量表, 为造血干细胞移植患者出院准备程度评估提供特异性工具。

方法 在文献回顾和小组讨论的基础上形成初始量表, 采用德尔菲法对首次行造血干细胞移植患者出院准备度评估条目内容进行专家函询。

结果 共纳入 23 名专家、进行了 2 轮专家咨询。2 轮咨询的专家积极系数分别为 100%和 95.65%, 权威系数分别为 0.87, 0.87, 协调系数分别为 0.209, 0.310 (均 P<0.001)。最终形成了包括生理稳定 (5 个条目)、心理能力 (9 个条目)、信息知识及应对能力 (8 个条目)、社会支持 (6 个条目) 4 个维度、28 个条目的首次行异基因造血干细胞移植患者出院准备度评估量表。

结论 研制的首次行造血干细胞移植患者出院准备度评估量表可靠性较高, 可作为该类患者出院准备程度评估的特异性工具。

PO-2254

异基因造血干细胞移植后 EB 病毒感染的临床分析

辜晶航、郑志宏

福建医科大学附属协和医院

目的 EB 病毒是异基因造血干细胞后的常见并发症, 可导致严重威胁生命的移植后淋巴增殖性疾病 (PTLD)。本研究旨在研究异基因造血干细胞移植后早期 EBV 血症的免疫风险因素、移植后 180 天 PTLD 发病的危险因素, 为临床早期预防 PTLD 提供思路。

方法 回顾性分析 2019 年 06 月至 2021 年 12 月期间在福建医科大学附属协和医院行异基因造血干细胞移植的患者的病例资料。采用 SPSS25.0 统计软件和 Python 编程语言对数据进行分析, P<0.05 为差异有统计学意义。

结果 共有 63 名患者纳入研究分析, 根据 allo-HSCT 后 100 天是否发生 EBV 血症将患者分为两组, 分别为“EBV 组”19 例 (30.1%), “non-EBV 组”44 例 (69.8%), EBV 组和 non-EBV 组患者的基线资料基本相同。63 例中, 25 例发生移植后 EBV 血症 (39.6%), 其中 19 名感染发生在移植后 100 天内 (19/25, 76.0%), 7 名患者在移植后 180 天内 EBV 血症发展成 PTLD (7/25, 11.1%)。对发生 EBV 血症的 25 例患者进行分析, 发现移植期间细菌和/或真菌感染 (P=0.058, 95%CI: 0.053,0.062), 移植后抗 EBV 和 (或) CMV 的疗效 (P=0.015, 95%CI: 0.013,0.018) 是影响移植后 180 天 PTLD 发生的因素。免疫重建方面, 在 allo-HSCT 前 EBV 组 CD4+淋巴细胞亚群低于 non-EBV 组 (P=0.030)。移植后+90 天, EBV 组 CD8+淋巴细胞亚群显著升高 (P=0.027)。移植后+60 天, EBV 组 CD4+/CD8+比值比 non-EBV 组显著升高 (P=0.037)。患者疾病类型 (ALL vs. AML, P=0.035), 供者类型 (P=0.046), 移植后抗 EBV 和 (或) CMV 的疗效 (CR vs NR, P=0.001) 是影响移植后 1 年总生存率的因素。移植后抗 EBV 和 (或) CMV 的疗效 (CR vs NR, HR=0.042, P=0.018) 是影响预后的独立保护因素。

结论 移植后常规抗病毒预防可从不同方向改善 EBV 血症的预后。EBV 血症激发体内杀伤性 T 淋巴细胞的增殖，为 EBV 血症及 EBV 相关的移植后淋巴增殖性疾病提供风险预测因素及防治策略的临床依据。

PO-2255

比较强化免疫抑制剂和造血干细胞移植两种措施 治疗重型再生障碍性贫血疗效

郭秋玉、祝亮方
福建医科大学附属协和医院

目的 比较强化免疫抑制治疗与造血干细胞移植治疗重型再生障碍性贫血患者的疗效及其影响因素。

方法 对就诊于某院的 89 例初诊 SAA 患者进行了回顾性研究，收集患者的临床特点以及在治疗后 1、3、6、12 个月的 CR、PR、OR、NR 和 OS 情况等资料，分析可能影响疗效和生存的相关因素。

采用 SPSS26.0 软件进行统计学分析，定义 $P < 0.05$ 具有统计学意义

结果 1. 在 89 例患者中，34 例接受 IST 治疗，中位年龄 39 岁，中位随访时间为 23.5 个月。55 例患者接受 HSCT 治疗，中位年龄 15 岁，中位数随访时间为 40 个月。

2. 其中 1 个月取得 CR 有 6 例，PR 58 例，总反应率为 71.9%；3 个月 CR 有 16 例，PR 有 57 例，反应率为 82.0%；6 个月 CR 有 32 例，PR 有 43 例，总反应率为 84.3%；1 年 CR 有 36 例，PR 有 40 例，总反应率为 88.4%。1 例患者治疗后 10 个月失访，2 例患者尚未达 1 年疗效评估时间，13 例患者死亡。

3. 86 例患者随访至 1 年 OS 为 89.5%、3 年 OS 为 96.1%、5 年 OS 为 89.4%。IST 组和 HSCT 组治疗后 1 年 OS 分别为 87.1% 及 90.1%，治疗后 3 年 OS 分别为 94.1% 及 97.1% ($P > 0.05$)，治疗后 5 年 OS 分别为 75.0% 及 93.3% ($P > 0.05$)，均不存在统计学差异。

4. 单因素分析表明：疾病的严重程度、基线 ANC、年龄和治疗措施与治疗后 1 个月 OR 相关，而性别、诊断至治疗间隔时间、治疗后 1 个月内感染、基线血红蛋白、血小板计数、淋巴细胞绝对值与治疗后 1 个月 OR 无关。多因素 Logistic 回归分析结果，疾病的严重程度和治措施为治疗后 1 个月内获得总反应的独立影响因素。年龄和治疗后 1 个月感染与治疗后 3 个月 OR 相关，其余指标与治疗后 3 个月 OR 无关。治疗前 1 个月感染与治疗后 6 个月 OR 相关，其余指标与治疗后 6 个月 OR 无关所有指标与治疗后 12 个月 OR 无关。

结论 1.HSCT 治疗后 1、3、6 个月 OR 优于 IST，12 个月两组间总反应率无显著性差别，两组治疗后 1、3、6、12 个月的 OR 均无明显差异。2.患者疾病的严重程度、基线 ANC、年龄、治疗措施与治疗后 1 个月 OR 相关，其中疾病的严重程度和治疗措施为患者治疗后 1 月内获得 OR 的独立影响因素。3.IST 组和 HSCT 组治疗后 1、3、5 年 OS 无明显差异。

PO-2256

自体造血干细胞移植与自体造血干细胞移植序贯嵌合 抗原受体 T 细胞免疫治疗淋巴瘤造血重建的比较

何丽¹、鲍颖¹、朱晓健²
1. 襄阳市第一人民医院
2. 华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 比较自体造血干细胞移植 (autologous stem cell transplantation, ASCT) 与自体造血干细胞移植 (ASCT) 序贯嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 治疗淋巴瘤后中性粒细胞及血小板植入时间的差异。

方法 回顾性分析 2019 年 2 月至 2022 年 6 月本中心例淋巴瘤患者的临床资料，其中男 150 例、女 116 例，中位年龄 42（16~71）岁。ASCT66 例、ASCT 序贯 CAR-T200 例

结果 ASCT 与 ASCT 序贯 CAR-T 比较：中性粒细胞植入中位时间分别为 10.10（8~20）d、13.63（8~32）d，差异有统计学意义（ $U=1761.500$ ， $P<0.001$ ）；+30 d 中性粒细胞植入率差异无统计学意义[分别为 100%（58/58）、98.5%（191/194）， $\chi^2=0.908$ ， $P=1.000$]；血小板植入中位时间分别为 11.14（3~23）d、12.33（4~78）d，差异有统计学意义（ $U=3907.500$ ， $P=0.004$ ）；+30 d 血小板植入率差异无统计学意义[分别为 100%（55/55）、96.3%（184/191）， $\chi^2=2.075$ ， $P=0.354$]。

结论 ASCT 的中性粒细胞及血小板的植入早于 ASCT 序贯 CAR-T。

PO-2257

艾滋病相关性淋巴瘤自体造血干细胞移植护理进展研究

黄秋平

重庆大学附属肿瘤医院

目的 并采用个体化的护理方案来确保移植成功并降低并发症的风险。

方法 其原理是使用患者自己的造血干细胞在经过高浓度化疗和放疗后再被重新输注回患者体内，替代患者因疾病或治疗而损伤的造血系统，这样不仅可以消灭移植前存在的恶性细胞，还能重建患者的免疫系统，提高艾滋病相关性淋巴瘤患者的生存率。自体移植主要有两种方式，即骨髓移植和造血干细胞移植。骨髓移植是将患者的髓液中的所有造血细胞移植到患者体内，而造血干细胞移植则是将患者的造血干细胞移植到患者体内。相比于骨髓移植，造血干细胞移植需要更高纯度的造血干细胞，其造血功能恢复速度更快。但自体移植通常也会伴随着感染、出血、贫血、消化道毒性、排异反应等并发症。这可能与移植前高浓度化疗和放疗导致患者自身免疫功能降低有关。因此，在进行自体移植前需要经过细致的评估和选择，并采取有效的预防和治疗措施，这些措施包括严格的抗感染治疗、抗出血治疗、充分的营养支持、康复治疗等[4]。

结果 Auto-HCT 护理进展与影响因素

1 干细胞收集和储存技术的改进

2 化疗和放疗方案的改进

3 抗感染和抗排异治疗的进展

4 移植后监测技术的改进与康复治疗

结论 艾滋病相关性淋巴瘤是由人类免疫缺陷病毒(HIV)感染引起的淋巴瘤，是艾滋病患者的常见并发症之一。随着抗逆转录病毒治疗(ART)的普及，AAL 患者的生存期得到延长，因此对 AAL 患者进行自体造血干细胞移植(Auto-HCT)成为一种可行的治疗方案。然而，Auto-HCT 还面临着很多挑战，如并发症的高发率、移植后监测技术的改进和康复治疗的发展、个体差异和复杂的临床因素对 Auto-HCT 护理均存在一定的影响作用。因此，在进行 Auto-HCT 护理时，需要结合艾滋病相关性淋巴瘤患者的实际情况，综合考虑到这些因素对其的影响作用，并采用个体化的护理方案来确保移植成功并降低并发症的风险。

PO-2258

骨髓增生异常综合征患者移植前不同治疗方式 对移植后结局影响的网络 Meta 分析

李楠
福建医科大学附属协和医院

目的 目的:本研究旨在比较移植前不同治疗方案和移植时不同疾病状态的生存结局,以期为 MDS 患者移植前的临床综合治疗和个体化治疗提供循证医学证据,从而为不同疾病状态选择不同移植前治疗方案提供参考,达到改善患者生存结局、提高生活质量的目的

方法 在传统 Meta 分析和网状 Meta 分析 (Network meta-analysis, NMA) 中,检索 Pubmed, EMBASE, Cochrane Central Register of Control Trials 英文数据库,收集有关 MDS 患者移植前仅接受最佳支持治疗和不同类型移植前干预治疗方案的随机对照研究、病例对照研究和队列研究,提取患者生存结局数据,包括 OS、RFS、CIR 和 NRM。对纳入的原始研究应用纽卡斯尔渥太华质量评定量表 (Newcastle-Ottawa Quality Assessment Scale, NOS) 进行质量评价。采用 RevMan 5.4 软件分别对直接移植组和移植前干预治疗组、直接移植组和干预治疗后 CR 组、直接移植组和干预治疗后 no-CR 组的 OS、RFS、CIR 和 NRM 的 HR 值及 95%CI 进行分析。应用贝叶斯马尔科夫链-蒙特卡罗 (Markov Chain Monte Carlo, MCMC) 随机效应模型,比较 4 种移植前治疗方案 (最佳支持治疗、化疗、HMAs、化疗+HMAs) 的优劣。

结果 直接移植组与接受移植前治疗组的移植后结局:接受移植前干预治疗组在 OS 和 NRM 方面有相似的结局,而在增加 CIR 和减少 RFS 方面具有统计学差异。

直接移植组与接受移植前治疗后完全缓解 (CR) 组的移植后结局:接受移植前干预治疗后 CR 组在 OS、CIR 和 NRM 方面无明显差异,但显著增加了 RFS,并且差异具有统计学意义。

直接移植组与接受移植前治疗后未完全缓解 (no-CR) 组的移植后结局:直接移植组的 OS、RFS、CIR 和 NRM 均显著优于接受移植前干预治疗组。

不同治疗方式生存结局的网状 Meta 分析:在 OS、RFS、CIR 和 NRM 方面,直接移植组均显著优于另外 3 个移植前接受了干预治疗的组 (包括化疗、去甲基化治疗、化疗联合去甲基化治疗)。排序结果提示去甲基化治疗是最推荐的移植前干预治疗方式。

结论 尽快直接移植对有移植适应症的 MDS 患者具有重要价值,移植时的疾病状态对与移植后生存结局显著相关,在等待移植期间,推荐 HMAs 作为移植前的干预治疗方案。

PO-2259

芦可替尼联合激素一线治疗急性移植物抗 宿主病的多中心前瞻随机对照研究

窦立萍、李菲、金香淑、刘代红
中国人民解放军总医院第五医学中心

目的 芦可替尼作为急性移植物抗宿主病 (acute graft versus host disease, aGVHD) 的二线治疗方案取得了良好的疗效,基于此,本研究旨在探讨芦可替尼联合减低剂量的糖皮质激素一线治疗中高危 aGVHD 患者的安全性和有效性。

方法 本研究为开放标签、多中心、随机、II 期对照研究,纳入 2019 年 8 月 25 日至 2022 年 6 月 1 日国内 7 个中心接受异基因外周血干细胞移植后新诊断为 aGVHD 的患者。研究以 1:1 的比例将患者随机分为芦可/激素联合组或单纯激素组,分别接受芦可替尼 (5 mg/d) 联合甲泼尼龙

(1 mg/kg/d 或等效剂量) 或单纯甲泼尼龙 (2 mg/kg/d 或等效剂量) 治疗。研究主要终点为治疗第 28 天的总缓解率 (overall response rate, ORR)。

结果 研究共纳入 198 例患者, 中位随访时间为 656 天。芦可/激素联合组和单纯激素组患者第 28 天的 ORR 分别为 92.9%和 70.7% (P =0.002)。芦可/激素联合组第 56 天的持续总有效率 (86% vs 46%, P <0.001) 和无失败生存期 (365 天 vs 122 天, P <0.001) 均显著高于单纯激素组。芦可/激素联合组激素暴露量减少。两组患者的不良事件 (adverse events, AEs) 发生率无统计学差异, 且最常见的 3 级及以上 AEs 均为贫血、血小板减少及具有自限性的 γ -谷氨酰转氨酶升高。

结论 芦可替尼 (5 mg/d) 联合甲泼尼龙 (1 mg/kg/d) 一线治疗新诊断的中高危 aGVHD 安全有效, 第 28 天 ORR 高。

PO-2260

血液病患者异基因造血干细胞移植后弓形虫感染两例

翟卫华、张利宁、王佳丽、何祎、姜尔烈、冯四洲、韩明哲
中国医学科学院血液病医院

目的 通过两例移植后弓形虫感染病例的不同结局提示及早送检 mNGS 的意义、移植后需警惕弓形虫病的发生。

方法 例 1 男性, 48 岁, 确诊 AML (FLT3-ITD 阳性), 经化疗达 CR。患者与其女儿 HLA 配型高分辨 7/10 位点相合, 行 Haplo-PBSCT。+10d 粒系植入, +17d 起间断低热, 多次查血培养、CMV-DNA、EBV-DNA 均阴性, T-SPOT 阴性。例 2 女性, 40 岁, 2020 年 9 月确诊间变大细胞 T-细胞淋巴瘤 (ALK 阴性、III 期 B), 予维布妥西单抗+CHP 化疗 6 周期, 2021 年 5 月 24 日行自体移植。自体移植后 2 月复发, 先后予沙利度胺、米托蒽醌脂质体治疗 2 周期, 米托蒽醌脂质体+西达苯胺治疗 1 周期。患者与其胞妹 HLA 配型 6/12 位点相合, 行 Haplo- PBSCT。+10d 粒系植入, +22d 出现反复发热, 体温最高 38.5℃, 伴畏寒, 血培养阴性。

结果 例 1 经过调整抗感染治疗, 仍反复发热, 常规化验无明显阳性结果, +42d 血 mNGS 结果提示 CMV、弓形虫感染, 给予 SMZco 治疗。+46d 出现肺炎、肺 CT 提示 PJP, 经纤维支气管镜行肺活检, ROSE 见弓形体包涵体及急性纤维组织机化表现、肺泡灌洗液及肺组织 mNGS 证实为弓形虫肺炎。患者病情进展迅速、+48d 死于呼吸衰竭。例 2 移植后反复发热, 早期行血 mNGS 检出弓形虫, 及时给予足量 SMZco 治疗, 因为早发现、早诊断、早治疗, 弓形虫感染得以控制, 最终治愈。

结论 mNGS 在少见病原微生物的检出中具有一定优势, 对于反复发热患者, 尽早送检 mNGS, 及时给予精准治疗, 可以提高疗效。此外, 需警惕血液病患者 allo-HSCT 后弓形虫感染, 移植后尽早开始 SMZco 口服, 是有效预防弓形虫感染的策略, 一旦进展至弓形虫肺炎, 患者死亡率极高。

PO-2261

免疫治疗在高危急性 B 淋巴细胞白血病自体移植中的应用

翟卫华、王佳丽、何祎、姜尔烈、冯四洲、韩明哲
中国医学科学院血液病医院

目的 通过一例高危组 B-ALL 自体移植前、后应用免疫治疗探讨高危 B-ALL 治疗选择。

方法 女性, 32 岁, 2021.10.8 因“双下肢肿胀 5 天, 发现白细胞升高 1 天”就诊, 起病 WBC 270.28×10⁹/L, 融合基因 MLL/AF4 阳性, 染色体核型:

46,XX, t(4:11)(q21;q23)[10]/46,XX[10]。确诊：急性 B 淋巴细胞白血病（MLL/AF4 阳性），高危组。予 VICLP 方案诱导化疗，复查骨髓形态 CR、流式 MRD 阴性。后予 CAM+V 巩固化疗，复查骨髓形态 CR、MRD 阴性、融合基因 MLL/AF4 阴性，定量为 0。因发生重症感染、持续高热及脏器功能损害不能耐受常规化疗，后予 VCP、VD 方案巩固化疗，监测骨髓形态均 CR、MRD 阴性、融合基因 MLL/AF4 阴性，定量为 0。患者及家属因其体质差拒绝异基因移植，选择贝林妥欧单抗治疗后桥接自体移植。

结果 2022.4 开始应用贝林妥欧单抗治疗 1 疗程，骨髓 MRD 阴性、融合基因 MLL/AF4 阴性，定量为 0。予 G-CSF 静态动员后采集自体周血干细胞，采集物 MRD 阴性、MLL/AF4 阴性、定量为 0。予 TBI+Cy+Cla+Ara-C 预处理；2022.6.29 回输自体干细胞，MNC $20.91 \times 10^8/\text{kg}$ 、CD34+细胞数 $1.68 \times 10^6/\text{Kg}$ 。+12d ANC 植活，+16d 脱离 PLT 输注。+2m 开始维持治疗 VP/MM/奥加伊妥珠单抗 1mg(+4.5m)/西达苯胺/贝林妥欧单抗(+9m)/VP。+14d、+28d、+2m、+3m、+4.5m、+6m、+9m、+1y 定期复查骨穿，均 CR、MRD 阴性，融合基因 MLL/AF4 阴性，定量为 0。

结论 免疫治疗为高危 B-ALL 患者提供了新的治疗选择；移植前应用免疫治疗可使高危 B-ALL 患者获得 MRD 阴性，移植后尝试免疫治疗进行维持治疗，最终高危 B-ALL 也可能从自体移植获益。

PO-2262

髓系来源抑制细胞在 JAK1/2 抑制剂 治疗急性移植物抗宿主病的作用及机制研究

曹易耕、王佳丽、韩明哲、许元富、尔烈

中国医学科学院血液学研究所血液病医院（血液病研究所）

目的 探究髓系来源抑制细胞（MDSCs）及其亚群在芦可替尼治疗急性移植物抗宿主病（aGVHD）中的数量及功能的变化，确定芦可替尼调控 MDSCs 免疫抑制功能的潜在分子机制，为 MDSCs 作为芦可替尼的治疗 aGVHD 新靶点提供依据。

方法 纳入 2017 年 5 月至 2020 年 12 月在中国医学科学院血液病医院干细胞移植中心接受异基因造血干细胞（allo-HSCT）后接受芦可替尼治疗的 74 例激素耐药（SR-aGVHD）患者，观测整体治疗反应和总生存率（OS），并监测芦可替尼用药前及用药后 7 天、14 天时 MDSCs 及调节性 T 细胞（Tregs）的变化。同时构建 aGVHD 小鼠模型，体内体外检测芦可替尼调控 MDSCs 免疫抑制功能的潜在分子机制。

结果 1. 在 74 例接受芦可替尼治疗的 SR-aGVHD 患者中，28 天的整体反应率(ORR)为 68.9%(51/74)，应用芦可替尼获得良好反应（CR+PR）的 aGVHD 患者 6 个月 OS 为 $(68.6\% \pm 6.5\%)$ ，MDSCs，尤其是粒系来源 MDSCs（PMN-MDSCs）的比例在芦可替尼治疗过程中的变化更为灵敏，并与临床患者对芦可替尼治疗反应密切相关。2. 应用芦可替尼治疗的 aGVHD 小鼠脾脏中 PMN-MDSCs 的比例和绝对数明显增加、免疫抑制功能增强。应用 anti-Gr-1 抗体去除 MDSCs 后会明显削弱芦可替尼对 aGVHD 的治疗作用。3. 芦可替尼可以通过旁路激活 MAPK/NF- κ B 信号通路，上调 Nox2，促进 ROS 的产生，来增强 PMN-MDSCs 的抑制功能。4. 体外利用 MDSC 分化功能实验，发现芦可替尼可通过抑制 STAT5 阻断其向成熟细胞的分化，抑制 MDSCs 凋亡，从而维持 MDSCs 的稳定性。

结论 JAK1/2 抑制剂作为治疗 SR-aGVHD 患者的药物能够明显改善 SR-aGVHD 患者生存，并取得良好的总体反应率。用药前 MDSCs 的比例升高提示 aGVHD 患者接受芦可替尼治疗的良好反应。芦可替尼主要通过旁路激活 NF- κ B/MAPK-p38 信号通路，上调 ROS 表达增强 PMN-MDSCs 的免疫抑制功能，还可通过抑制 STAT5，阻断 MDSC 向下分化，促进 MDSC 扩增。

PO-2263

Evaluation of Platelet Parameters in Patients With Secondary Failure of Platelet Recovery and Cytomegalovirus Infection After Hematopoietic Stem Cell Transplantation

Yigeng Cao, Aiming Pang, Erle Jiang

Hematopoietic Stem Cell Transplantation Center, Institute of Hematology and Blood Diseases Hospital, Peking Union Medical College and Chinese Academy of Medical Sciences, Tianjin 300020, China

Objective To investigate the clinical significance of changes in platelet parameters in patients with secondary failure of platelet recovery (SFPR) and cytomegalovirus (CMV) infection after hematopoietic stem cell transplantation (HSCT).

Methods In this retrospective study, 79 patients who had undergone allogeneic HSCT (allo-HSCT), including 40 patients with SFPR and 39 patients without SFPR, were recruited. The evaluated parameters were platelet count (PLT), plateletcrit (PCT), platelet-large cell ratio (P-LCR), mean platelet volume (MPV), platelet distribution width (PDW), the incidence of CMV infection after allo-HSCT, and the correlation of SFPR and CMV infection in patients who had undergone allo-HSCT. The control group included 107 healthy donors.

Results The SFPR group had significantly lower megakaryocyte counts, PLT, and PCT and significantly higher P-LCR, MPV, and PDW than the healthy donor and non-SFPR groups. The incidence of CMV infection was higher in SFPR patients than in non-SFPR patients. Among the patients with SFPR, P-LCR, MPV, and PDW were lower in those with CMV DNA >8000 copies/mL than in those with CMV DNA <8000 copies/mL ($P < .05$ for all); the CMV viral load was slightly negatively correlated with MPV ($P = .0297$) and P-LCR ($P = .0280$).

Conclusion We demonstrate for the first time that the level of platelet activation in SFPR patients, which was closely related to CMV infection, was higher than that in non-SFPR patients, and higher CMV load was associated with the inhibition of platelet activation.

PO-2264

The Efficacy and Safety of Modified Melphalan and Busulfan-based Conditioning Regimen for Allogeneic-HSCT in refractory/relapsed or persistent MRD positive AML patients

shulian chen¹, xiaoyu zhang¹, weihua zhai¹, yi he¹, sizhou feng¹, mingzhe han¹, ting niu², yajing xu³, guangxun gao⁴, shengjin fan⁵, zeping zhou⁶, fang zhou⁷, rui xi⁸, li liu⁹, wei yang¹⁰, qifa liu¹¹, xi zhang¹², hai bai¹³, erlie jiang¹

1. State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

2. West China Hospital, Sichuan University

3. Xiangya Hospital, Central South University

4. Xijing Hospital, the Air Force Military Medical University

5. The First Affiliated Hospital of Harbin Medical University

6. The Second Affiliated Hospital of Kunming Medical University

7. The 960th Hospital of the Joint Logistics Support Force of Chinese People's Liberation Army

8. The 940th Hospital of Joint Logistics Support Force of Chinese People's Liberation Army

9. The Second Affiliated Hospital of Air Force Military Medical University

10. Shengjing Hospital of China Medical University

11. Nanfang Hospital, Southern Medical University

12. The Second Affiliated Hospital, Army Medical University

13. Shunde Hospital of Southern Medical University

Objective Abstract: Background: Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) is the only potentially curative treatment for patients with refractory/relapsed (R/R) acute myeloid leukemia (AML). However, the long-term survival results are suboptimal. Optimization of the conditioning regimen is needed to eradicate leukemia blasts and reduce early relapse. In this study, we made refinements in the conditioning regimen with both melphalan and busulfan, namely MCBC (the combination of melphalan, cladribine, busulfan, and cyclophosphamide). We aim to investigate the efficacy and safety of MCBC conditioning regimen for allo-HSCT in R/R AML patients, including patients with persistent minimal residual disease (MRD) positive.

Methods This prospective multi-center clinical trial was conducted in 13 tertiary hospitals in China, and enrolled R/R AML patients, including patients with MRD persistent positive, underwent allo-HSCT from July 2020 to October 2022 (ChiCTR Registration ID: ChiCTR2000029936). The protocol was approved by institutional review boards at participating centers. All patients enrolled received MCBC preconditioning regimen: melphalan 60mg/m²/d, day -9~-8, cladribine 5mg/m²/d, day -7~-5, busulfan 3.2mg/kg/d, day -5~-3, cyclophosphamide 30mg/kg/d, day -2~-1. Rabbit ATG was added in haploid-identical and unrelated-matched donor transplantation. FK506/CsA +short course MTX±MMF was mostly used to prevent graft-versus-host disease (GVHD). A post-transplantation consolidation treatment was provided whenever possible, including low-dose azacytidine, venetoclax, or FLT3 inhibitors. Probabilities of OS, DFS were calculated by Kaplan-Meier method. COX regression model was used for multivariate analysis.

Results This multicenter MCBC trial prospectively enrolled 97 patients, with median age 36 (ranged 13-58 years). We included 77 R/R AML and 20 patients with MRD persistent positive. Only 26 patients achieved MRD clearance before transplantation. Haplo-identical-donor HSCT (HID-HSCT) was the predominance HSCT type (n=65, 67.01%). Mucositis was the main reported regimen-related toxicity, mostly were mild and well tolerated. No graft failure was documented. All patients achieved hematology complete remission (CR) (100%) and 88.66% achieved MRD clearance on reconstitution day, indicating profound anti-leukemia capacity of MCBC regimen. The cumulative incidence of II to IV acute GVHD was 57.4±5.17%. With a median follow-up of 277 (48-875) days, the estimated one-year overall survival (OS), relapse-free survival (RFS) and NRM of all patients were 71.8±5.2%, 66.4±5.3% and 10.8±3.7% respectively. The one-year cumulative incidence of relapse was 24.5±4.9%. Survival analysis using by Kaplan-Meier method

was performed. It indicated high blast burden (blast \geq 20%) at HSCT, CMV reactivation and absence of opportune maintenance therapy post HSCT were significant independent risk factors. Competitive risk modal analysis for multivariate analysis also confirms the results.

Conclusion Our study confirms the excellent anti-leukemic capacity and good acceptable toxicity of MCBC conditioning regimen in R/R AML. Furthermore, it is important to decrease leukemic blast burden pre-HSCT and perform maintenance treatment after transplantation as soon as possible.

PO-2265

Post-remission measurable residual disease directs the choice of treatment and improves outcomes for patients with intermediate-risk acute myeloid leukemia in CR1

Lijie Han, Chen He, Mengmeng Zhang, Yafei Li, Hui Sun, Lina Sang, Jifeng Yu, Zhongxing Jiang
The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

Objective This study retrospectively investigated which cycle measurable residual disease (MRD) was associated with prognosis in patients in first complete remission (CR1) of intermediate-risk acute myeloid leukemia (AML).

Methods Overall, 235 younger patients with intermediate-risk AML were enrolled in our study. Multiparameter flow cytometry evaluated MRD after the 1st, 2nd, and 3rd cycles of chemotherapy (MRD1~3, respectively).

Results No significance was detected after the 1st and 2nd cycles. The 5-year incidence of relapse was higher in the MRD3 positive (n = 99) than in the negative group (n = 136) (48.7% vs. 13.7%, P = 0.005), while 5-year disease-free survival (DFS) and overall survival (OS) were lower in the MRD3-positive group than in the negative group (43.2% vs. 81.0% and 45.4% vs. 84.1%; P = 0.003 and 0.005, respectively). In the MRD3 positive group, allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) led to a lower 5-year relapse, and higher DFS and OS rates than chemotherapy (22.3% vs. 71.5%, 65.9% vs. 23.0%, and 67.1% vs. 23.9%; P < 0.001, 0.002, and 0.022, respectively); no influence was detected in the MRD-negative group.

Conclusion MRD3 could serve as an indicator of post-remission treatment choice and help improve outcomes for intermediate-risk AML in CR1.

PO-2266

Haematopoietic stem cell transplantation for hepatitis-associated aplastic anaemia: clinical characteristics, outcomes and risk factors

Jia Li, Sizhou Feng 冯

State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, No. 288 Nanjing Road, Tianjin, 300020, China.

Objective This study examined the clinical characteristics, outcomes, and prognostic factors of hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) in patients with hepatitis-associated aplastic anaemia (HAAA).

Methods We retrospectively reviewed 35 HAAA patients who underwent HSCT at a large Chinese blood disease hospital between 2008 and 2022.

Results HAAA patients receiving HSCT typically presented with severe AA (28.6%) and very severe AA (65.7%). Male patients were more common (68.6%), with a median onset age of 23 years (range, 9-44). Haploidentical donor-HSCT and matched sibling donor-HSCT were used in comparable proportions. The 5-year overall survival (OS) rate was 74.0%, and the cumulative incidences of grade II-IV acute and chronic graft-versus-host disease (GVHD) were 37.1% and 22.4%, respectively. Prolonged interval from diagnosis to HSCT (≥ 75 days), acute GVHD, and post-HSCT liver events (e.g., hepatic GVHD and a three-fold increase in aminotransferase or bilirubin) significantly worsened 5-year OS. Higher doses of mononuclear cell count, CD34+, CD3+, CD4+ and CD8+ cells in allografts were associated with poorer OS or GFFS. In the multivariate models, recipients with sex-matched grafts had better OS, and those with younger male donors had a lower incidence of II-IV aGVHD. Higher HLA matching degree between recipient and donor (HLA $\geq 7/10$) was an independent prognostic factor associated with better OS and GFFS.

Conclusion HSCT was a safe and effective treatment for HAAA. Pursuing higher doses of certain cells in allografts may be counterproductive given the poorer survival. Early transplantation, careful donor selection and improving post-transplant liver events were crucial to optimise outcomes.

PO-2267

Comparison of total body irradiation-based with chemotherapy-based myeloablative conditioning regimens in patients with B-cell acute lymphoblastic leukemia in first complete remission

Mengnan Lv, Yi He, Donglin Yang, Qiaoling Ma, Aiming Pang, Weihua Zhai, Jialin Wei, Xin Chen, Rongli Zhang, Sizhou Feng, Mingzhe Han, Erlie Jiang

State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Tianjin 300020, China

Objective Acute lymphoblastic leukemia (ALL) is one of the most common acute leukemia in adults, accounting for about 20%~30% of adult acute leukemia. Hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) has become a standard of care for patients with ALL. Total body irradiation (TBI)-based conditioning regimens constituted the central part of conditioning regimen for HSCT but were also associated with acute and long-term toxicity, increased treatment-related mortality and increased risk of secondary malignancy. Few studies comparing chemotherapy-based with TBI-based conditioning regimens suggested similar survival but a higher relapse rate in chemotherapy-based conditioning regimens. Thus, the ideal conditioning regimen for HSCT in ALL remains controversial.

Aims: To compare the efficacy of chemotherapy-based and TBI-based conditioning regimens in patients with B cell-acute lymphoblastic leukemia (B-ALL) in first complete remission (CR1) and provide the theoretical basis for clinical decision-making in the future.

Methods We retrospectively investigated the outcomes of 177 adult patients with B-ALL in CR1 in our center from Jan 2019 to Dec 2021. The overall survival (OS), leukemia-free survival (LFS), cumulative incidence of relapse (CIR) and non-relapse mortality (NRM) rate and the impact of minimal residual disease (MRD) after 3 chemotherapy cycles along with donor type in conditioning regimen selection were explored.

Results Between Jan 2019 and Dec 2021, 177 patients were included, of which 61 received chemotherapy-based conditioning and 116 received TBI. We divided patients into 3 groups according to donor type and MRD status after 3 chemotherapy cycles. For autologous hematopoietic stem cell transplantation (auto-HSCT) patients with negative MRD after 3

chemotherapy cycles, the 2-year OS (93.3% vs 100.0%, $P=0.317$), LFS (72.3% vs 80.0%, $P=0.628$), CIR (27.7% vs 20.0%, $P=0.628$) and NRM rates (0% vs 0%, $P=1.0$) were similar between TBI and chemotherapy-based regimens. In allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) patients with negative MRD, there was a lower trend of 2-year OS (62.5% vs 89.2%, $P=0.058$) as a result of higher NRM (40.2% vs 5.2%, $P=0.023$) in TBI-based regimens while LFS (52.9% vs 70.7%, $P=0.227$) and CIR rates (6.9% vs 24.0%, $P=0.293$) were not significantly different. As for other allo-HSCT patients with positive MRD after 3 chemotherapy cycles, TBI-based regimens showed evidence of benefit compared with chemotherapy-based conditioning regimens in terms of LFS (70.7% vs 39.4%, $P=0.042$) and relapse rates (18.4% vs 52.6%, $P=0.019$).

Conclusion Chemotherapy-based pretreatment schemes appears to be an attractive treatment option for patients with B-ALL in CR1 especially for those who achieved negative MRD after 3 chemotherapy cycles. For MRD positive patients, TBI-based pretreatment schemes may be more effective from relapse.

PO-2268

造血干细胞移植患者相关性腹泻的观察与护理

徐妍妍、张娜、姜晓
郑州大学第一附属医院

目的 观察造血干细胞移植患者发生化疗相关性腹泻的主要表现，根据病情变化采取有针对性的护理措施，同时给与患者必要的心理支持

方法 对 110 例外周造血干细胞移植患者的腹泻参照评估标准 (CID)进行评估，同时加强临床观察并予以针对性的护理措施

结果 110 例造血干细胞移植患者的腹泻中，发生腹泻根据 CID 标准：I 级为 17%，II 级为 40%，III 级为 40%，IV 级无发生。发生 CID 的时间为 OAG 时间预处理后 2-5d,一般持续 7-23d,通过护理干预患者逐步好转，但有 8 例患者存在 II 级腹泻，可未出现臀红和肛周皮肤糜烂。

结论 CID 是外周造血干细胞移植常见而严重的并发症，加强观察和护理能减轻患者 CID 并发症发生及患者痛苦，提高生活质量，使患者能够耐受造血干细胞移植。

PO-2269

靶向人 CD40L 的核酸适配体抗 aGVHD 效应的实验研究及机制探索

许晶晶^{1,3}、陈达兵^{1,3}、孙佳齐^{1,3}、朱浩杰^{1,3}、孔晖^{1,3}、任金华^{1,3}、叶辰婧^{1,3}、胡建达^{2,3}、杨婷^{1,3}

1. 国家区域医疗中心 | 复旦大学附属华山医院福建医院、福建医科大学附属第一医院，滨海院区，血液科&血液移植中心

2. 福建医科大学附属第二医院

3. 福建医科大学精准医学研究院

目的 研究靶向人 CD40L 的核酸适配体 (C7) 对人源化移植物抗宿主病 (aGVHD) 小鼠生存预后、免疫环境的影响以及其治疗机制的探索。

方法 通过对 NCG 小鼠进行白消安清髓后移植人外周淋巴细胞构建人源化 aGVHD 小鼠动物模型，于移植第 0 天起尾静脉注射靶向 CD40L 的适配体 C7，持续给药 21 天，以注射生理盐水为对照，通过比较小鼠体重、生存时间及细胞因子水平、造血重建状态，以评估 C7 对 GVHD 的治疗疗效；

利用萤火虫荧光素酶标记的 OCI-AML3 白血病细胞系移植 NCG 小鼠中构建白血病小鼠模型后进行相同的移植及 C7 治疗程序, 通过活体成像比较小鼠肿瘤负荷水平评估 C7 对移植物抗白血病效应 (GVL) 的影响; 通过单细胞转录组测序对比分析 C7 治疗组小鼠脾脏中人 CD45+ 免疫细胞亚群谱系及功能相关基因通路的变化以探讨其作用机制。

结果 成功构建了人源化 aGVHD 小鼠模型, 模型小鼠出现活动度下降、耸毛、脱毛, 黄疸等临床表现以及肝脏、小肠的 aGVHD 典型病理改变, 同时流式检测模型外周血人 CD45 比例在移植后 14 天达到 50% 以上。通过模型证实了 C7 对 aGVHD 的治疗作用, 表现为治疗组小鼠生存期明显延长, 外周血细胞因子 IFN- γ 显著下降。流式细胞术及血细胞分析仪检测小鼠脾脏及外周血细胞, 提示 C7 可通过靶向 CD40L 下调外周血中 CD4+T 的比例以及脾脏中 CD8+T 细胞的增殖控制 aGVHD 的进展, 且不影响小鼠造血重建及 GVL 效应。单细胞转录本测序分析结果提示 C7 治疗组通过靶向 CD40L 抑制 C7 适配体通过下调 LTB+IL7R+CD4+T 细胞亚群以及 TCF7+TOX+CD4+T 细胞亚群的抗原递呈、Notch 信号转导等通路, 从而抑制效应记忆性 T 细胞释放促炎因子, 诱导移植小鼠的 T 细胞表现免疫耐受表型。

结论 靶向 CD40L 的适配体 C7 在治疗 aGVHD 小鼠中表现出积极作用, 可改善小鼠生存, 减轻靶器官组织损伤。C7 通过阻断 CD40L 与 CD40 结合, 调控效应记忆 T 细胞与耗竭前体样 T 细胞功能, 降低同种异体反应性 T 细胞的效应分子分泌, 全方位多层次影响同种异体 T 细胞介导的炎症反应, 防治 aGVHD 的发生发展。

PO-2270

The Efficacy of Modified Melphalan and Busulfan-based Conditioning Regimen for Autologous-HSCT in low-risk and intermediate-risk AML patients

Weihua Zhai¹, Shulian Chen¹, Xiaoyu Zhang¹, Yi He¹, Sizhou Feng¹, Mingzhe Han¹, Xingli Zhao², Jie Bai³, Lijuan Li⁴, Zhihua Zhang⁵, Ying Wang¹, Erjie Jiang¹, Jianxiang Wang¹

1. State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College
2. Tianjin People's Hospital, School of Medicine, Nankai University
3. The Second Hospital of Tianjin Medical University
4. Tianjin Medical University General Hospital
5. The Affiliated Hospital of Chengde Medical University

Objective Treatment options for patients with low-risk and intermediate-risk acute myeloid leukemia (AML) patients (non-M3) who achieved complete response (CR) after one course of induction chemotherapy include consolidation chemotherapy, autologous hematopoietic stem cell transplantation (auto-HSCT) and allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). Compared with chemotherapy, auto-HSCT could significantly reduce relapse rate, as was associated with significantly lower transplant-related mortality compared with allo-HSCT, but relapse rate was relatively high. The selection of conditioning regimen was crucial to reduce relapse rate after transplantation. In this study, we made refinements in the conditioning regimen with two alkylating agents, namely MCBA (the combination of melphalan, cladribine, busulfan, and cytarabine). We aim to investigate the efficacy of MCBA conditioning regimen for auto-HSCT in low-risk and intermediate-risk AML patients who achieved CR after one course of induction chemotherapy.

Methods This prospective multi-center clinical trial was conducted in 5 tertiary hospitals in China, and enrolled low-risk and intermediate-risk AML patients (non-M3) who achieved CR after one course of induction chemotherapy, followed by 1-3 courses of high-dose cytarabine consolidation chemotherapy, and underwent auto-HSCT from May 2021 to June 2023 (ChiCTR Registration ID: ChiCTR2200056167). The MCBA conditioning regimen consists of melphalan 70mg/m²/d, day -

6--5, cladribine 5mg/m²/d, day -4--2, busulfan 3.2mg/kg/d, day -8--7, cytarabine 2g/m²/d, day -4--2.

Results This study included a total 21 AML patients, 14 males, 7 females, with median age 41 years (ranged 20–56 years). There were 8 of low-risk and 13 of intermediate-risk. The median infused mononuclear cell and CD34+ cell counts were 12.22×10⁸/kg (ranged 1.79–34.68×10⁸/kg) and 2.28×10⁶/kg (ranged 1.05–17.15×10⁶/kg) respectively. Neutrophil and platelet engraftment were achieved in all patients, with a median time of 13 days (ranged 11-27 days) and 32 days (ranged 12-150 days) respectively. On the day of reconstitution, all patients exhibited good responses, including hematologic CR and minimal residual disease (MRD) negativity rates of 100%. 11 (52.4%) patients received maintenance therapy after auto-HSCT, with a median time of 3.5 months (ranged 1–9 months). Azacitidine, venetoclax or geritinib were the main maintenance therapies. With a median follow-up of 306 days (ranged 43-798 days), the estimated 1-year overall survival (OS) and 1-year disease-free survival (DFS) were 80.4±13.4% and 70.9±12.8%, respectively. 4 patients relapsed within 1 year, and the median time from HSCT to relapse was 240 (101-314) days. The probability of relapsed rate was 29.1±12.8%. Mucositis was the main reported regimen-related toxicity, mostly were mild and well tolerated. Severe mucositis included grade II liver damage (4.8%), grade II oral mucositis (4.8%) and grade III-IV diarrhea (9.5%), respectively.

Conclusion The preliminary data demonstrated the efficiency of MCBA conditioning regimen for auto-HSCT in low-risk and intermediate-risk AML patients who achieved CR after one course of induction chemotherapy. The regimen-related toxicity was well tolerated.

PO-2271

贝林妥欧单抗+TMI 序贯异基因造血干细胞移植治疗 儿童难治/复发性 B 系急性淋巴细胞白血病的临床研究

唐素洁、熊昊

华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院

目的 本研究在于探究贝林妥欧单抗清除微小残留病灶 (measurable residual disease, MRD) 序贯异基因造血干细胞移植 (allogeneic hematopoietic stem cell transplant, allo-HSCT) 治疗儿童难治/复发性 B 系急性淋巴细胞白血病 (relapsed/refractory B-cell precursor acute lymphoblastic leukemia, R/R B-ALL) 的疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2021 年 12 月至 2023 年 6 月在武汉儿童医院血液科接受贝林妥欧单抗治疗的 8 例 R/R B-ALL 儿童的临床资料, 所有患儿均 allo-HSCT。

结果 8 例患者中 4 例为难治性, 化疗后持续不缓解; 4 例为复发性, 其中有 1 例为第二次复发。接受贝林妥欧单抗治疗前骨髓 MRD 平均数为 14.56% (0.005%~65%/n=8)。2 例患儿发生 1 级细胞因子释放综合征 (cytokine release

Syndrome, CRS), 3 例患儿发生 3 级 CRS, 其余 3 例患儿仅发生一过性的高热或低热, 在对症治疗或停用贝林妥欧单抗后症状均缓解。所有患儿骨在髓 MRD 转阴后均桥接 allo-HSCT, 其中 7 例患儿在行 allo-HSCT 的 -11d (-14d--9d) 均接受了全骨髓照射 (total marrow irradiation, TMI)。所有患儿在行 allo-HSCT 后均植入成功, 随访的中位时间为 250d (范围: 51~492d), 且所有患者均存活。

结论 研究结果表明, 该治疗方案具有一定的安全性和可行性, 并且治疗效果较为显著。该方案有望成为临床治疗 R/R B-ALL 的重要手段。同时, 尚需多中心大样本数据进一步研究以确定其治疗效果和安全性。

PO-2272

6 例儿童异基因造血干细胞移植术后 EB 病毒 相关淋巴组织增殖性疾病的临床分析

唐素洁、熊昊

华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院

目的 探讨异基因造血干细胞移植后 EB 病毒相关淋巴组织增生性疾病 (EBV related post-transplant lymphoproliferative disorder, EBV-PTLD) 的临床特点、诊治及预后情况。

方法 回顾性分析 2016 年 8 月至 2022 年 12 月于武汉儿童医院血液科行 allo-HSCT 的 267 例患儿的临床资料, 分析发生 EBV-PTLD 患儿的临床特点 and 治疗方法。

结果 267 例患儿中有 6 例发生移植 HSCT 后 EBV-PTLD, 总体发生率为 2.24% (6/267), EBV-PTLD 的中位发生时间为移植后 84.5d(53~223d)。受累器官为鼻咽部及浅表淋巴结 2 例, 其中 1 例形态学倾向于弥漫性大 B 淋巴瘤, 右侧肺部受累及浅表淋巴结受累 1 例, 浅表淋巴结及扁桃体受累 1 例, 仅浅表淋巴结受累 2 例。5 例患儿为亲缘 HSCT 中 HLA 配型半相合移植, 1 例患儿为无关供者 HLA 配型全相合移植。所有患者在移植前及移植后均接受常规的病毒监测, 并接受抗病毒的相关预防及治疗。6 例 EBV-PTLD 患儿中仅有 1 例在 HSCT 前发生 EBV 感染, 有 5 例在移植后发生巨细胞病毒 (cytomegalovirus, CMV) 及 EBV 共激活感染。对患儿临床资料进行总结及分析, 供、患者 HLA 配型不合、HSCT 前发生 EBV 感染、CMV 及 EBV 共激活、发生 aGVHD 及移植前包含放疗的预处理方案可能与移植后 EBV-PTLD 的发生有关。所有 EBV-PTLD 患儿均接受减停免疫抑制剂 (RIS)、利妥昔单抗 (RTX) 及抗病毒药物治疗, 对于治疗效果不明显的患儿, 予联合化疗及回输供者淋巴细胞 (DIL) 治疗。经规律治疗后 6 例 EBV-PTLD 患儿均得到控制, 随访的中位时间为 634d (473~1712d), 且全部存活。

结论 HSCT 后 EBV-PTLD 是一组进展迅猛、预后极差、临床和病理异质性的疾病, 供、患者 HLA 配型不合、HSCT 前发生 EBV 感染、CMV 及 EBV 共激活、发生 aGVHD 及移植前包含放疗的预处理方案可能与移植后 EBV-PTLD 的发生有关; 及时监测 EBV, 有助于 EBV-PTLD 的早期识别、诊断; RIS/RTX、联合化疗及 DIL 治疗效果显著。因此, 对于移植后患者的早期监测、早期预防性治疗和诊断后及时治疗有助于降低 EBV-PTLD 的发生并提高移植后患儿的远期生存率。

PO-2273

24 例恶性血液病患者异基因造血干细胞移植术后 发生巨细胞病毒病的临床分析

唐素洁、熊昊

华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院

目的 分析异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 后巨细胞病毒病的临床特点、诊断方法和危险因素。

方法 回顾性分析 2016 年 8 月至 2022 年 12 月于武汉儿童医院血液科行 allo-HSCT 的 277 例患儿的临床资料, 其中有 24 例发生移植后巨细胞病毒病, 对该 24 例患儿的临床资料进行分析。

结果 在移植后第 30 天至第 120 天, 277 例患儿中有 24 例患儿发生了移植后的 CMV 病, 其中巨细胞病毒肺炎 19 例, 巨细胞病毒肠炎 3 例, 巨细胞病毒脑炎 2 例, 巨细胞病毒视网膜炎 3 例。此外, 研究发现非同胞相合移植、发生 II 度以上急性 GVHD 及应用大剂量糖皮质激素 (泼尼松 ≥ 1 mg·kg⁻¹)、免疫抑制剂的使用等是发生巨细胞病毒病的危险因素。

结论 CMV 病是 allo-HSCT 后一种罕见但严重甚至危及生命的并发症, 本研究强调预防性治疗巨细胞感染及对 CMV 病进行早期监测及诊断的重要性, 并建议在移植后积极监测巨细胞病毒感染的情况。

况，以及加强对高风险患儿的预防措施，将会极大程度的提升 allo-HSCT 患儿的总体生存率及无病生存率，降低患儿的死亡率。该研究对于恶性血液病患儿的移植后 CMV 病诊断和治疗提供了重要的参考价值。

PO-2274

异基因造血干细胞移植治疗 T-ALL/LBL 单中心临床疗效观察

王权杰、张学军、温树鹏、王福旭、徐铮
河北医科大学第二医院

目的 回顾性分析本中心异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 治疗 T-ALL/LBL 患者的临床疗效。

方法 收集 2013 年 11 月至 2022 年 11 月于我院血液科行 allo-HSCT 治疗 T-ALL/LBL 的 34 例患者临床资料进行回顾性分析。统计 HLA 全相合组 (MD 组, MSD+MUD) 与 HID 组以及脐血辅助组与非脐血辅助组植入情况、GVHD 发生率、复发率、总生存率。

结果 移植前疾病处于完全缓解 28 例 (CR1 24 例, \geq CR2 4 例; 82.4%), NR 6 例; 行 PBSCT 7 例, BM+PBSCT 6 例, 脐血辅助 PBSCT 21 例; MSD 7 例, HID 25 例, MUD 2 例; 中位随访时间 34.25 (7-108.5) 个月; 移植后均获得 MRD (-) 完全缓解, 连续监测 STR-PCR 均成功植入且无脐血植入。MD 组与 HID 组 II-IV° 和 III-IV° aGVHD 分别为 11.1%vs48.0% (P=0.107)、11.1%vs12.0% (P=1.00), cGVHD 分别为 44.4%vs48.0% (P=1.00)。脐血辅助组与非脐血辅助组中 II-IV° 和 III-IV° aGVHD 分别为 42.9%vs30.8% (P=0.72)、9.5%vs15.4% (P=0.63), cGVHD 分别为 42.9%vs53.8% (P=1.00)。本研究随访期末累计 OS 为 82.4% (28/34), 中位生存时间为 26.25 (1.5-103.5) 个月。1、3 年 OS 分别为 88.2%、82.4%, 1、3 年 DFS 均为 79.4%。HID 及 MD 组 1、3 年 OS 均为 88.0%vs88.9%, HID 及 MD 组 1、3 年 DFS 均为 76.0%vs88.9%。复发率为 5.8%, 复发中位时间为 7.25 (3-11.5) 个月, HID 组与 MD 组复发率分别为 4.00%vs11.1%, P=0.47。脐血辅助组与非脐血辅助组复发率分别为 4.8% (1/21) vs7.7% (1/13), P=1.00。

结论 1.本组 T-ALL/LBL 患者以 allo-HSCT 治疗效果好, HLA 半相合亲缘供者与 HLA 全合供者疗效相当。2.脐血辅助与非脐血辅助组在植入情况、GVHD 发生率等方面均无统计学差异, 脐血辅助 PBSCT 可以替代骨髓+PBSCT。

PO-2275

造血干细胞移植患者价值共创行为现状及其影响因素研究

杜欣¹、唐露¹、曾荔¹、陶俊¹、吴芳芳¹、王欢²、冯一梅¹、高蕾¹、孔佩艳¹、张曦¹

1. 陆军军医大学附属第二临床医学院

2. 重庆医科大学发展与规划处

目的 分析重庆市某三甲综合医院血液科行造血干细胞移植术后随访期的患者价值共创行为现状及其影响因素, 以期通过提高患者价值共创行为, 从而提高患者随访满意度及遵医行为。

方法 采用便利抽样的方法, 于 2022 年 3 月~2023 年 4 月选取重庆市某三级甲等综合医院造血干细胞移植门诊随访的患者作为研究对象, 研究使用基于 DART 模型的患者价值共创行为量表对研究对象进行问卷调查。调查问卷含有患者基本情况、价值共创行为自评的内容。使用患者价值共创行为量表测量患者价值共创行为, 量表基于价值共创的 DART 模型、采用 Delphi 法研制, 信效度良好。患者根据自己的实际情况对自身的价值共创行为进行自评。分别使用 Epidata 3.1、SPSS 20.0 软件建立数据库和展开统计分析, 均值插补方法用于填补缺失值。使用公式: (实际初得分-

理论最低分) / (理论最高初得分-理论最低初得分) ×100, 计算患者价值共创行为的总体、各维度得分的标准分。

结果 通过分析发现 423 名被调查者价值共创行为标准化总得分为 76.45, 四个维度的评分中, 透明性维度评分最高, 获取维度评分最低。多元线性回归分析结果显示, 文化程度是影响患者价值共创行为的重要因素, 初中以上文化程度的患者评分高于初中及以下文化程度的患者。

结论 并非每位患者都能做到价值共创, 具备较高文化程度是患者价值共创行为的促发因素, 患者自身应加强对医疗卫生知识的辨识理解, 医护人员应提高沟通技能, 引导患者参与, 提高患者参与价值共创的能力。

PO-2276

一个简便的儿童 AML 患者 SCT 临床决策支持工具

游华、杨画、陶玉、寻阳、魏丽
重庆医科大学附属儿童医院

目的 由于现有预后模型的局限性, 目前儿童急性髓系白血病 (pediatric acute myeloid leukemia, pAML) 的干细胞移植 (stem cell transplantation, SCT) 的疗效仍未令人满意。开发特定的 SCT 临床决策支持工具对于准确评估 pAML 患者的复发风险和改善生存结果至关重要。

方法 共纳入 1941 名 pAML 患者, 其中 308 名接受了 SCT。训练集和验证集以 7:3 的比例进行随机划分。主要终点为总生存期 (overall survival, OS) 和无事件生存期 (event-free survival, EFS)。采用 Cox 分析建立预后模型, 并通过一致性指数 (C-index) 和曲线下面积 (area under the curve, AUC) 评估模型的性能。

结果 基于年龄、KMT2A 重排 (KMT2A rearrangement, KMT2A-r) 和第一疗程结束时的微小残留病变 (minimal residual disease at the end of course 1, MRD1), 确定了 pAML SCT 模型。低风险、中间风险和高风险组的 5 年 OS 分别为 44.44%、19.05% 和 7.69% ($p = 0.024$)。pAML SCT 模型也可用于 EFS, 相应的 5 年 EFS 率分别为 44.44%、16.67% 和 0.00% ($p < 0.001$)。值得注意的是, pAML SCT 模型在 C-index 和 1、3、5 和 7 年的 AUC 方面优于目前 4 个主流 pAML 预后模型。最后, 通过结合 FLT3/ITD 等位基因比率, 建立 Final pAML SCT 模型, 进一步将患者分为四组: SCT 无益处组、SCT 延长 EFS 组、SCT 延长 OS 和 EFS 组以及不适宜 SCT 组。通过 Final pAML SCT 模型能够有效对患者进行移植前筛选。

结论 我们开发了一个简单有效的 pAML 患者 SCT 临床决策支持工具。该工具可用于风险分层和移植前的决策制定。

PO-2277

Mutations of TP53 gene in acute lymphoblastic leukemia do not affect the survival outcomes after haploidentical stem cell transplantation

Cuiyan Zhou, Fengmei Zheng, Lanping Xu, Xiaohui Zhang, Yingjun Chang, Xiaodong Mo, Yuqian Sun, Xiaojun Huang, Yu Wang
Peking University People's Hospital

Objective Mutations in TP53 are found in all hematological malignancies, Whereas TP53 mutations were described to occur frequently in ALL. Previous studies have showed that TP53 mutation was associated with poor prognosis in ALL. Allo-HSCT represents an effective therapy for reducing the chances of relapse of ALL. Recent medical progress has led to haplo-HSCT

achieving transplant outcomes similar to those with MSD-HSCT and MUD-HSCT in patients with hematological malignancies, However, the impact of TP53mut in ALL on survival outcomes in haplo-HSCT setting remains unknown.

Methods 65 ALL patients with available TP53 status at diagnosis receiving haplo-SCT in our center were included. TP53 mutation analysis was assessed on bone marrow (BM) samples. LFS and OS were estimated using Kaplan and Meier method and tested between groups using a log-rank test. Cumulative incidence of relapse (CIR) was treated as a competing risk for non-relapse mortality (NRM).

Results 65 ALL patients with available TP53 status who underwent haplo-HSCT were divided into a TP53 mutation group (TP53mut) and a TP53 wild-type (TP53wt) group. TP53mut showed comparable 2-year CIR rates (13.1% vs 12.5%, $P = .96$) and 2-year leukemia-free survival (LFS) (74.2% vs 77.4%, $P = .80$) with TP53wt. No significant differences in 2-year overall survival (OS) rates (82.9% vs 87.3%, $P = .61$) or 2-year NRM rates (12.7% vs 10.2%, $P = .69$) were observed in TP53mut and TP53wt patients. Multivariate analysis suggested that white blood cell (WBC) count at initial diagnosis ($>50 \times 10^9/L$: hazard ratio [HR] = 3.860, $P = .016$) and age (>40 years old: HR = 4.120, $P = .012$) are independent risk factors for 2-year LFS.

Conclusion Our study showed that TP53 mutations may not be related to the unfavorable impact on survival in ALL patients after treatment with haplo-HSCT. The present results suggested that haplo-HSCT may eliminate the poor prognosis effect of TP53 mutation in ALL.

PO-2278

FLT3-ITD Allelic Ratio and NPM1 Mutation Do Not Impact Outcomes in Acute Myeloid Leukemia Patients with FLT3-ITD after Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation: A Retrospective Propensity Score- Matching Study

Cuiyan Zhou, Fengmei Zheng, Lanping Xu, Xiaohui Zhang, Yingjun Chang, Xiaodong Mo, Yuqian Sun, Xiaojun Huang, Yu Wang

Peking University People's Hospital

Objective FLT3-ITD mutation has consistently been correlated with poor outcomes in patients with acute myeloid leukemia (AML). Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) plays a major role in curing blood diseases. Whether allo-HSCT can eliminate the detrimental effects of FLT3-ITD mutation in AML patients remains debatable. In addition, studies have shown that the FLT3-ITD allelic ratio (AR) and NPM1 mutation appear to further influence the prognostic utility of FLT3-ITD in patients with FLT3-ITD-mutated AML. The influence of NPM1 mutation and AR on FLT3-ITDmut patients in our database remains unclear. We aimed to compare survival outcomes following alloHSCT between patients with FLT3-ITDmut and those with wild-type FLT3-ITD and to further analyze the influence of NPM1 and AR on outcomes.

Methods A total of 118 FLT3-ITDmut patients and 497 FLT3-ITDwt patients who underwent allo-HSCT were propensity score-matched 1:3 using nearest-neighbor matching with a caliper size of .2.

Results The study cohort comprised 430 patients with AML, including 116 with FLT3-ITDmut and 314 with FLT3-ITDwt. Overall survival (OS) and leukemia-free survival (LFS) were similar in the FLT3-ITDmut patients and the FLT3-ITDwt patients (2-year OS, 78.5% versus 82.6% [$P = .374$]; 2-year LFS, 75.1% versus 80.8% [$P = .215$]). A cutoff of .50 was applied to define subgroups with low and high FLT3-ITD AR. No significant differences in the cumulative incidence of relapse (CIR) or LFS were observed between the low AR and high AR groups (2-year CIR, $P = .617$; 2-year LFS, $P = .563$). CIR and LFS also were comparable when patients were grouped according to the

presence or absence of NPM1 and FLT3-ITD (2-year CIR, $P = .356$; 2-year LFS, $P = .159$). Additionally, the CIR and LFS of FLT3-ITDmut and FLT3-ITDwt patients tended to differ after matched sibling donor HSCT (2-year CIR, $P = .072$; 2-year LFS, $P = .084$); however, these differences were not seen in recipients of haploidentical (haplo-) HSCT (2-year CIR, $P = .59$; 2-year LFS, $P = .794$). The presence of minimal residual disease before transplantation and lack of first complete response were identified as risk factors related to inferior outcomes in a multivariate analysis regardless of FLT3-ITD or NPM1 status.

Conclusion Our results suggest that allo-HSCT, especially haplo-HSCT, may overcome the adverse effect of FLT3-ITD mutation irrespective of NPM1 status or AR. Allo-HSCT could be an ideal option for AML patients with FLT3-ITD.

PO-2279

自体干细胞移植治疗视网膜母细胞瘤疗效及安全性分析

刘红艳、刘琦、张迎丽、董泽宇、唐锁勤、孙媛
北京京都儿童医院

目的 观察大剂量化疗联合自体造血干细胞移植治疗视网膜母细胞瘤患者的疗效及安全性。

方法 2018年4月-2023年4月我科收治的12例视网膜母细胞瘤患者，其中1例三侧视网膜母细胞瘤患者，11例为眼外转移视网膜母细胞瘤患者，骨髓及骨转移6例，脑脊液转移5例，肺转移1例，肝转移2例；采用化疗加重组人粒细胞集落刺激因子(rhG-CSF)动员采集干细胞。回输的CD34+细胞数为 $(2.67-13.79) \times 10^6 / \text{kg}$ ，MNC细胞为 $(4.2-8.42) \times 10^8 / \text{kg}$ ；移植方案采用马法兰/卡铂/依托泊苷，马法兰/白消安，塞替派/卡铂/依托泊苷；依据 Bearman 标准对预处理毒性进行评估，对其造血重建、并发症及预后进行观察。

结果 12例患者均成功完成了动员、采集及回输。并发症主要表现为骨髓抑制及黏膜损伤，无移植相关死亡。外周血中性粒细胞植入时间平均为10天，血小板植入的平均时间为23天；随访时间2个月~60个月，至今1例三侧视网膜母细胞瘤患者疾病进展死亡；5例中枢转移的患者其中2例进展期移植患者疾病进展死亡，1例中枢复发目前带瘤化疗中，2例缓解中；6例非中枢转移患者1例合并呼吸衰竭死亡，余5例患儿均无病生存。

结论 1、大剂量化疗联合自体外周血干细胞移植是治疗眼外期视网膜母细胞瘤的有效方法。2、中枢神经系统转移视网膜母细胞瘤预后差，自体干细胞移植可获益。3、非中枢神经细胞转移视网膜母细胞瘤通过自体干细胞移植预后佳。4、完全缓解期患儿移植后预后佳。5、不良反应可逆，耐受性可。

PO-2280

造血干细胞移植后早期采用数字化 PCR 监测 non-DTA 基因的 MRD 能有效预测原发病复发：一项双中心回顾性研究

赵妍敏¹、陈玮颢¹、黄静涛²、赵叶千¹、黄萃¹、袁志阳³、施继敏¹、罗依¹、余建¹、来晓瑜¹、刘丽珍¹、傅华睿¹、鲍晨晖¹、黄昕¹、郑仲征³、黄河¹、胡晓霞²

1. 浙江大学医学院附属第一医院
2. 上海交通大学附属瑞金医院
3. 上海获硕贝肯生物科技有限公司

目的 数字化 PCR (ddPCR) 已经广泛应用于微小残留病灶 (MRD) 监测的领域。然而，关于异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 后使用 ddPCR 进行 MRD 监测的可行性研究有限，尤其是同

时针对多个基因靶点进行的 MRD 监测。

方法 我们的研究收集了 2018 年 1 月至 2021 年 8 月期间在两中心进行 allo-HSCT 后并且处于完全缓解的血液恶性肿瘤患者的骨髓样本，以评估移植后 ddPCR-MRD 监测是否可以识别复发高风险患者。

结果 在 186 例患者中，有 73 例（39.2%）患者在移植后 4 个月内由 ddPCR 检测到 MRD 阳性，等位基因的中位突变频率为 0.148%。研究显示 allo-HSCT 后检测到的 DTA 突变（DNMT3A、TET2 和 ASXL1 突变）的 MRD 与复发风险增加无关。队列在排除 DTA 突变后，non-DTA 基因的 MRD 阳性患者的累积复发率（CIR，40.1% vs. 10.5%， $P < 0.001$ ）较 MRD 阴性患者显著升高，而无复发生存率（RFS，52.0% vs. 82.5%， $P < 0.001$ ）和总生存率（OS，59.4% vs. 89.0%， $P < 0.001$ ）明显降低。在多变量分析中，non-DTA 基因的 MRD 阳性是 CIR（HR，4.20； $P < 0.001$ ）、RFS（HR，3.15； $P < 0.001$ ）和 OS（HR，3.23； $P < 0.001$ ）的独立危险因素。此外，同时使用 ddPCR 与多参数流式细胞术（MFC）联合检测 MRD 可以进一步准确地识别复发高风险患者（F+/M+，HR，24.63； $P < 0.001$ ，F+/M-，HR，11.03； $P < 0.001$ 和 F-/M+，HR，4.50； $P < 0.001$ ）。

结论 移植后早期使用 ddPCR 监测 non-DTA 基因的 MRD 是预测 allo-HSCT 患者移植后复发的可行方法，且与 MFC 联合监测时预测地更准确。

PO-2281

异基因造血干细胞移植治疗对 RUNX1 突变的急性髓系白血病患者的预后影响

冉炜杰、王昱
北京大学人民医院

目的 RUNX1 基因突变的急性髓系白血病患者(RUNX1+ AML)对常规化疗的反应差，其完全缓解率(CR)、无白血病生存率(LFS)和总生存率(OS)较低。我们探究了有和没有 RUNX1 突变的 AML 患者接受异基因造血干细胞移植的临床结果，以阐述 RUNX1 突变在造血干细胞移植后的预后价值。

方法 对 2020 年 1 月至 2021 年 12 月在北京大学血液病研究所进行异基因造血干细胞移植的 91 例 AML 患者(33 例 RUNX1+，58 例 RUNX1-)进行回顾性分析，中位随访时间为 17.8 个月(RUNX1+)和 18.4 个月(RUNX1-)。分析 RUNX1 突变对移植后累积总生存率(OS)、无白血病生存率(LFS)、累积复发率(CIR)、非复发死亡率(NRM)、GRFS 和移植物抗宿主疾病(GVHD)的影响。

结果 患者的中位年龄 38 (6~64) 岁，其中单倍体移植患者 73 例 (80%)，全相合移植患者 18 例 (20%)。在单变量或多变量分析中，RUNX1+和 RUNX1-患者的生存率无显著差异：RUNX1 突变组与 RUNX1 野生型组相比较，其 1 年累积复发发生率(CIR)为(9.1% vs 5.6%， $p = 0.413$)、1 年非复发死亡率(NRM)为(6.1% vs 7.2%， $p = 0.841$)、1 年无白血病生存率(LFS)为(84.9% vs 87.2%， $p = 0.578$)、1 年总生存率(OS)为(93.8% vs 92.7%， $p = 0.317$)，II - IV 级急性移植物抗宿主病 100 天累积发病率为(24.5% vs 25.9%， $p = 0.892$)，慢性 GvHD 1 年累积发病率为(32.2% vs 41.7%， $p = 0.636$)和 1 年 GvHD 无复发生存率(GRFS)为(78.8% vs 75.2%， $p = 0.949$)。多因素分析显示移植前是否达到首次完全缓解状态是影响患者 LFS 和 GRFS 的重要不良预后因素。

结论 研究中没有观察到 RUNX1 基因突变对 AML 患者移植后预后的不良影响，提示 AML 患者 RUNX1 突变的负面影响可以通过异基因造血干细胞移植来获得改善。

PO-2282

儿童异基因造血干细胞移植后预防接种建议及临床特征分析

蔡娇阳¹、陈文娟¹、张桦¹、陈静¹、费怡²、曹清¹

1. 上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心

2. 上海市疾病预防控制中心

目的 了解异基因造血干细胞移植（Allo-HSCT）后按照再接种评估流程评估的患儿临床特征及接种有效性和安全性。

方法 上海儿童医学中心与上海市浦东新区疾病预防控制中心合作制定特殊人群预防接种计划表，用于预防接种评估门诊。回顾性分析 2017 年 3 月至 2023 年 3 月于上海儿童医学中心预防接种评估门诊评估合格的 Allo-HSCT 后 516 例患儿的临床特征。组间比较采用 X² 检验和 Wilcoxon 秩和检验，移植后抗体转阴相关危险因素采用 Logistic 回归模型分析。

结果 结果 入组 516 例患儿中男 329 例，女 187 例，其中 464 例（89.9%）已经开始接种，开始接种的中位时间为移植后 2.1（1.8，2.6）年，停免疫抑制剂后 1.1（0.7，1.5）年。原发病占比最高的是再生障碍性贫血（37.6%），89.7% 干细胞来源为外周血。Allo-HSCT 前 HBsAb 阳性患儿为 418 例，移植后在预防接种门诊评估时 339（81.1%）例转阴，HBsAb 仍然阳性患儿的就诊时间是移植后 1.9（1.3，2.3）年，短于阴性患儿来就诊的时间 [2.2（1.9，2.8）年，W= 17811，P<0.001]。HBsAb 是否转阴与移植前抗体水平相关，转阴组移植前 HBsAb 高滴度的占比低于仍然阳性组（4.7% vs. 17.7%，X²=20.308，P<0.001）。单因素与多因素分析均提示移植前未完成 3 剂乙肝疫苗接种、移植前抗体滴度低、移植后≥2 年是 HBsAb 转阴的独立预后因素，与性别及原发病是否为恶性疾病无相关性。移植前接种麻腮风疫苗患儿，移植后麻疹、腮腺炎、风疹抗体阳性率分别为 19.4%（12/62）、14.5%（9/62）、17.7%（11/62）。麻腮风抗体是否转阴与性别、原发病是否为恶性疾病及就诊时是否移植后≥2 年无相关性。40 例血清 HBsAb 阴性且接受乙肝疫苗再接种患儿中，39 例（97.5%）HBsAb 滴度转为阳性；29 例麻腮风抗体阴性患儿再接种后麻疹、腮腺炎、风疹免疫应答率分别为 96.6%（28/29）、69.0%（20/29）、88.5%（23/26）。再接种患儿无严重不良反应发生。

结论 Allo-HSCT 后大部分患儿缺少免疫保护，建议按照标准流程评估后给予疫苗再接种。疫苗再接种后免疫应答率高，无严重不良反应。

PO-2283

Exploration of efficacy and safety of combined therapy of basiliximab with ruxolitinib for grade 3-4 steroid-refractory acute graft-versus-host disease: A Registered Clinical Trial (NCT05021276)

Fei Zhou^{1,2,3}, Xuefeng He^{1,2,3}, Suning Chen^{1,2,3}, Tingting Pan^{1,2,3}, Xiaoli Li⁴, Feng Du⁴, Xiao Ma^{1,2,3}, Yanming Zhang⁵, Depei Wu^{1,2,3}, Yue Han^{1,2,3}, Shengli Xue^{1,2,3}, Miao Miao^{1,2,3}

1. The First Affiliated Hospital of Soochow University

2. National clinical research center for hematologic diseases

3. Jiangsu Institute of Hematology

4. Soochow hopes hematonosis hospital

5. Huai'an Hospital Affiliated to Xuzhou Medical College

Objective None of the existing treatments show a significant advantage on treatment of steroid-refractory acute graft-versus-host disease (SR-aGVHD). We tried to assess the efficacy and safety of combined therapy of basiliximab with ruxolitinib in the treatment of grade3-4 SR-aGVHD.

Methods For 50 patients with grade 3-4 SR-aGVHD, ruxolitinib was administered 10mg bid orally, and basiliximab was administered 20mg d1/3/8/15/22 intravenously besides corticosteroid and calcineurin inhibitors.

Results The 28 day overall response rate (ORR) was 90.0%(45/50), with a complete response rate (CRR) being 48.0%(24/50). The 56 day ORR was 92.0% (46/50), of which 37 cases were CR(74.0%). The estimated 2-year failure-free survival was 66% (95%CI, 52.4-79.6) and 2-year overall survival was 76.0% (95%CI, 63.7-88.3). The median follow-up was 13.5months(range, 0.6-35.5), and a total of 12 patients(24.0%) had died. The most common adverse events up to day 28 were grade 3-4 myelosuppression(12, 24.0%),infection(7, 14.0%) and hemorrhagic cystitis(5, 10.0%). The most common adverse events up to data-cutoff day were infection(20, 40.0%) , grade 3-4 myelosuppression(20, 40.0%), hemorrhagic cystitis(8, 16.0%), relapse of hematological disease(6, 12.0%), occurrence of cGVHD(3, 6.0%), renal insufficiency(1, 2.0%).

Conclusion The combined regimen of basiliximab and ruxolitinib may constitute a promising new treatment option for severe SR-aGVHD.

PO-2284

Safety and efficacy of combination dose-adjusted ATG and anti-CD25 antibody in patients with haplo-HSCT

Lidan Zhu, Shichun Gao, Lu Wang, Huanfeng Liu, Peiyan Kong, Ting Chen, Yimei Feng, Han Yao, Yuqing Liu, Lu Zhao, Lei Gao, Xi Zhang

Medical Center of Hematology, Xinqiao Hospital, Army Medical University

Objective To figure out the safety and efficacy of combination dose-adjusted ATG (7.5mg/kg) and anti-CD25 antibody in preventing GVHD, infection and disease relapse after haplo-HSCT.

Methods From December 2020 to November 2022, 35 patients in our center who underwent haplo-HSCT for a variety of hematologic diseases were enrolled in this study. Sixteen pts were diagnosed as AML, 13 pts were ALL, 5 pts were MDS-EB, and 1 pts was CMML. All patients received combination dose-adjusted ATG and anti-CD25 antibody as follows: 29 patients received conditioning regimen with Me-CCNU+Ara-C+BU+CY+ATG+CD25 (smostomatine 0.2g/m²×1d, busulfan 0.8mg/kg q6h×3d, cyclophosphamide 1.8g/m²×2d, cytarabine 2g/m² q12h×2d, ATG 2.5mg/kg×3d, CD25 monoclonal antibody 1mg/kg×1d), and 6 cases were given G-CSF+decitabine+Me-CCNU+Ara-C+BU+CY+ATG+CD25 regimen (G-CSF: 300ug×6d, decitabine 20mg/m²×5d, busulfan 0.8mg/kg q6h×3d, cyclophosphamide 1.8g/m²×2d, cytarabine 2g/m² q12h×2d, ATG 2.5mg/kg×3d, CD25 monoclonal antibody 1mg/kg ×1d). The average number of peripheral blood mononuclear cells (MNCs) transfused was 9.55 (5.6~13.5×10⁸/kg, and the average number of CD34+ cells was 6.51 (3.33~12.2) ×10⁶/kg, The average number of bone marrow nucleated cells was 3.06 (1.19~6.2) ×10⁸/kg, and the average number of CD34+ cells was 0.66 (0.11~2.4) ×10⁶/kg. The short-course tacrolimus (FK506) + methotrexate (MTX) + mycophenolate mofetil (MMF) regimen was administered to prevent GVHD.

Results Among the 35 patients, 15 were females, and 20 were males, with a median age of 36 (15-58) years. The median time of neutrophil recovery was 17 (11-27) days, and the time for platelet reconstitution was 18 (11-33) days. All patients were 100% complete donor engraftment, and 5 patients occurred secondary implantation dysfunction, when treated with umbilical cord MSCs and TPO-RA, the 5 patients had complete engraftment. During the follow up, 20 patients occurred fever with only 6 patients had been found evidence of etiology, three cases were bacterial infections, one was fungal infection, one case was a stool culture bacterial infection, one case was a urinary culture bacterial infection, and the remaining 14 cases were agranulocytosis with fever. 15 patients (42.8%) had cytomegalovirus (CMV) infections, which was obvious lower than previous report of our center, the median time was 41 (20-66) days, only 2 patients were diagnosed as retinitis and retinal necrosis, with anti-virus treatment, the patients were recovery.

Among the 35 patients, 12 patients (34.2) developed acute GVHD with grade I-II aGVHD, no grade III-IV aGVHD was observed in our cohort, the medium time of aGVHD occurred was 48.5 (21-91) days, which was significantly lower compared with our previous results (53.5%). 9 patients (25.7%) developed chronic GVHD (cGVHD), the medium time was 117.5 (104-188) days, no significantly difference was observed compared with our previous results (23.2%). Medium followed up was 294(32-499) days, only 1 patient died with uncontrolled infection, and 1 patient died with intracranial hemorrhage and TMA. Three relapsed patients received system therapy strategy with CART, DLI, demethylating drugs and immunomodulators achieved complete remission again.

Conclusion Combination of dose-adjusted ATG (7.5mg/kg) and anti-CD25 antibody strategy could decrease the occurrence of GVHD, without increase of severe infection and risk of disease relapse. Limited to the retrospective and small scale, future prospective and controlled studies are needed to further investigate the efficacy of this treatment on haplo-HSCT.

PO-2285

Efficacy and Safety of Azacytidine Combined with Low-Dose Lenalidomide in Measurable Residual Disease-Guided Preemptive Treatment of Acute Myeloid Leukemia after Allogenic Hematopoietic Stem Cell Transplantation

Lu Wang, Lei Gao, Yimei Feng, Lidan Zhu, Ting Chen, Jia Liu, Han Yao, Shichun Gao, Huanfeng Liu, Yuqing Liu, Lu Zhao, Peiyan Kong, Xi Zhang Zhang
Medical Center of Hematology, Xinqiao Hospital, Army Medical University

Objective To analyze the efficacy and safety of azacytidine combined with low-dose lenalidomide in measurable residual disease (MRD)-guided preemptive treatment of acute myeloid leukemia (AML) patients after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation.

Methods Fifteen patients with posttransplant MRD positive who received combined preemptive treatment of azacytidine and low-dose lenalidomide were retrospectively analyzed. Azacytidine 50-75 mg/m² was subcutaneously administered on days 1-5, and lenalidomide 5-10 mg per day was orally taken on days 8-28 of each cycle. The dosing cycle was either a 28-day cycle or a 42-day cycle, adjusted according to patient's tolerance (Figure 1). If graft-versus-host disease (GVHD) occurred, the administration of lenalidomide was suspended depending on the severity. For patients whose MRD was detected again during treatment and had no manifestations of GVHD, donor lymphocyte infusion was administered according to MRD level.

Results Six months after treatment initiation, 13 of 15 patients (86.7%) achieved major response (MRD-negative complete remission). Of them, 12 patients had an overall response (relapse-free and alive) at the last follow-up, with 8 patients remained in major response after a median follow-up of 526 days (range: 369-1773) and 4 patients had a minor response (MRD-positive complete remission) after a median follow-up of 387 days (range: 283-804). Three patients relapsed. Of them, one patient used to have central nervous system leukemia recurrence after transplantation and achieved remission by intrathecal chemotherapy, and he had central nervous system leukemia recurrence again during treatment. No patients developed acute GVHD during treatment. Two patients developed mild chronic GVHD (cGVHD). And four patients developed moderate cGVHD, two of whom developed after DLI. Grade 3-4 neutropenia was observed in 9 patients, but febrile neutropenia was not observed. Grade 3-4 thrombocytopenia was observed in 2 patients and grade 3 aminotransferase elevation occurred in 2 patients. Severe adverse event, manifesting as fever secondary to oral GVHD leading to hospitalization was observed in one patient, but it was resolved after anti-infection therapy.

Conclusion The combination of azacytidine and low-dose lenalidomide has promising efficacy in MRD-guided preemptive treatment of post-transplant AML. Its side effects are controllable and does not significantly increase the risk of GVHD.

PO-2286

Decitabine combined with FB3 as conditional regimen for elderly/frail acute myeloid leukemia patient with allo-HSCT

Shichun Gao, lidan Zhu, Jia Liu, Huanfeng Liu, Lu Wang, Peiyan Kong, Cheng Zhang, Li Gao, Ting Chen, Yimei Feng, Yuqing Liu, Han Yao, Lu Zhao, Lei Gao Gao, Xi Zhang
Medical Center of Hematology, Xinqiao Hospital, Army Medical University

Objective Acute myeloid leukemia (AML) is one of the most common malignant hematological diseases, with a median age of 65 years. Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) is an important means for the treatment of AML. Elderly and frail AML patients are difficult to bear the myeloablative conditioning, and transplantation-related mortality (TRM) is significantly higher than that of young AML patients. How to reduce TRM in elderly / frail AML patients, improve the efficacy of allo-HSCT, and further expand the applicable population of allo-HSCT is a clinical problem worthy of discussion.

Methods Our center designed decitabine combined with FB3 (Dec+FB3) as conditional regimen (decitabine 20mg/m² × 5days, fludarabine 30mg/m² × 5days, busulfan 130mg/m² × 3days) for elderly/frail AML patients with allo-HSCT. The historical control group used BU+CTX (busulfan 0.8mg/kg q6h x 4days, cyclophosphamide 60mg/kg x 2days for HLA-identical hematopoietic stem cell transplantation and semustine (0.2g/m² x 1day) + busulfan (0.8mg/kg q6h x 3days) + cyclophosphamide (1.8g/m² x 2days) + cytarabine (2g/m² q12h x 2days) + rabbit anti-human thymocyte immunoglobulin (2.5mg/kg x 4days) for HLA haploidentical HSCT (haplo-HSCT), which were classic myeloablative conditioning regimen for young and strong AML patients. The leukemia-free survival (LFS) rate, overall survival (OS) rate and incidence of transplantation-related complications were observed in two groups.

Results Up to November 30, 2022, a total of 27 AML patients were enrolled in Dec+FB3 group, and 40 AML patients in the same period were included in the study as controls. There was no significant difference between the two groups at other baseline levels except that the patients in Dec+FB3 group were significantly older than those in the control group (Table 1). All patients in the Dec+FB3 group had hematopoietic reconstitution, while one patient in the control group had no hematopoietic reconstitution. In Dec+FB3 group, the median time of neutrophil reconstruction was 15 (11-69) days, and the median time of platelet reconstruction was 17 (11-167) days. 5 patients died (1 patient died of hepatic failure, 1 patient died of liver cancer for second tumor, and 3 patients died of AML recurrence). In control group: the median time of neutrophil reconstruction was 11 (10-26) days, and the median time of platelet reconstruction was 16 (10-28) days. 7 patients died (3 patients died of cerebral hemorrhage, 2 patients died of infection, 1 patient died of arrhythmia and 1 patient died of AML recurrence). The incidence of cytomegalovirus viremia and invasive fungal disease (IFD) is similar between Dec+FB3 group and control group (18.5% vs 17.5% in cytomegalovirus viremia, $p=0.953$ and 33.3% vs 47.5% in IFD, $p=0.246$) (table 1). The main adverse reactions during conditioning included dizziness, nausea, vomiting, diarrhea and oral ulcer. Symptoms were relieved after symptomatic treatment. Transient transaminase increased slightly in 3 patients, and improved after liver protection treatment. The overall tolerance of patients in Dec+FB3 group was better than control group. The median follow-up was 27 (2-77) months. The 2-year LFS and OS rate in Dec+FB3 group and control group were 80.8% vs. 83.8% ($p=0.48$, Figure 1) and 84.0 % vs. 86.5% ($p=0.53$, Figure 2), respectively.

Conclusion In the case that the age of patients in Dec+FB3 group was significantly higher than that in the control group, this study achieved similar therapeutic efficacy between two groups,

without increasing transplantation related toxicity. This indicates that Dec+FB3 conditioning regimen is safe and effective for allo-HSCT in elderly/frail AML patients

PO-2287

The outcomes and risk factors of late-onset hemorrhagic cystitis after allogeneic hematopoietic transplantation for acute leukemia: a prospective, single-center observational study

涂姚, Ting Chen, Ruihao Huang, Xiaojuan Deng, Yuqing Liu, Lidan Zhu, Jun Rao, Xixi Xiang, Jia Liu, Jiali Li, Lu Wang, Lu Zhao, Shichun Gao, Huangfeng Liu, Yimei Feng, Lei Gao, Peiyan Kong, Xi Zhang
Medical center of hematology, Xinqiao hospital, Army medical university

Objective We sought to identify risk factors for late-onset hemorrhagic cystitis (HC) and determine if the condition's prevalence and severity have an impact on overall survival (OS) and disease-free survival (DFS) in patients of acute leukemia receiving myeloablative conditioning (MAC) allogeneic transplantation.

Methods During September 2019 and February 2022, 344 acute leukemia (AL) cases, including 213(61.9%) cases of AML / MDS and 125(36.3%) cases of ALL were included. Of these 344 cases, 55 (16.0%) had HC and 289 did not develop HC. Comprehensive clinical indicators were collected to analyze the risk factors related to HC. Non-parametric analysis showed that statistically difference exists between the two groups (noHC group versus HC group), including gender mismatch between donors and receipts(D/R), white cell number (WBC), risk stratification. Therefore, propensity score matching with the nearest neighbor method was used to match patients. 55 patients in HC group and 53 patients in noHC group were screened out finally. To explore the pre-transplant remission status, minimal residue disease(MRD) , HLA match (matched siblings donors, matched unrelated donors and haplo identical donors), gender of D/R, matching status of ABO blood group , age of donor, counts of MNC as well as CD34, time of WBC as well as the time of platelet (PLT) reconstitution, also, copies of CMV and BK detected from serum and urine within 100 days post transplantation for non-parametric analysis, Preliminary screening of factors with differences between the two groups, among those were MRD, HLA match, gender of D/R , ABO blood group, age of donor, the time of PLT reconstitution, copies of CMV and BK, the P-value of the above indicators is less than 0.05, moreover, considering that the delayed of reconstitution of WBC may be have connections with the development of HC, it was included in binary logistic regression analysis, and the sensitivity and specificity of HC prediction were evaluated by ROC analysis. Survival analysis was used to assess whether the occurrence and severity of HC affected OS and DFS.

Results In AL undergoing MAC allogeneic transplantation, gender of D/R, time of platelet and WBC reconstitution, copies of CMV and BK were associated with the occurrence of HC, with copies of BKV have the highest sensitivity of 0.807 and specificity of 0.943, followed by gender of D/R. The state of MRD, the HSCT mode, the ABO blood type, and the age of donor had no significant effect on the occurrence of HC. The occurrence or severity of HC did not affect the OS and DFS ($p= 0.449$ and 0.326).

Conclusion The prevalence of HC was associated with gender of D/R, time of PLT and WBC reconstitution, copies of CMV, and BK, with copies of BK having the highest predictive accuracy for HC, followed by D/R gender, in AL treated with myeloablative conditioning (MAC) allogeneic transplantation. Remission status, MRD, levels of ferritin prior to HSCT, HLA match, ABO blood type of, and age of donor had no appreciable impact on the occurrence of HC. The OS and DFS were unaffected by the occurrence or severity of HC. (ChiCTR2200059020)

PO-2288

泊沙康唑肠溶片预防造血干细胞移植患者肺侵袭性真菌病的血药浓度分布和疗效评价

曹佳欣、庞爱明

中国医学科学院中国协和医科大学血液学研究所血液病医院

目的 研究造血干细胞移植患者应用泊沙康唑肠溶片预防肺侵袭性真菌病的有效性和安全性，以及泊沙康唑血药浓度的分布特征

方法 本研究是一项前瞻性、非随机的单臂研究，纳入自 2020 年 12 月至 2022 年 5 月在中国医学科学院血液病医院移植中心完成造血干细胞移植的 143 名患者，自移植后第 1 天至第 90 天应用泊沙康唑肠溶片 300mg 口服 QD（首剂加倍）单药预防肺侵袭性真菌病。收集患者基线资料、血药浓度等，观察是否发生肺侵袭性真菌病，并回顾性收集本中心应用非泊沙康唑肠溶片预防患者临床信息，匹配性评分比较突破率。

结果 143 例造血干细胞移植后应用泊沙康唑肠溶片单药预防真菌感染的患者中，4 例发生侵袭性肺真菌感染，突破率 2.80%，其中毛霉菌 1 例，未明确病原体 3 例。匹配的 140 例泊沙康唑肠溶片组患者相较于本中心应用其他抗真菌药物预防的 280 例匹配病例，两组真菌突破率分别为 2.86% 比 7.86% ($P=0.014$)。143 名患者移植后 90 天内共检测泊沙康唑血药浓度 246 计次，用药第 4、8、15、22、30 天平均血药浓度分别为 930.97 ng/ml、1143.97 ng/ml、1569.8 ng/ml、1652.57 ng/ml、1644.75 ng/ml，自第 15 天起，泊沙康唑血药浓度趋于稳定。在检测 UGT1A4*3 基因型的 37 名患者中，UGT1A4*3 的基因多态性与泊沙康唑血药浓度无明显相关性。本研究中肝脏不良事件发生率为 1.4%，用药前 1 天和用药 14 天后，除 ALT 较用药前稍升高外（18.29 U/L 比 26.22 U/L， $P<0.001$ ），其余肝肾功能实验室检查结果均无差异。

结论 泊沙康唑肠溶片预防造血干细胞移植后患者肺侵袭性真菌感染的疗效优于其他抗真菌药物预防方案。泊沙康唑肠溶片在移植患者体内血药浓度分布随时间逐渐上升，15 天始趋于稳定。

PO-2289

Consolidation therapy pre-transplantation does not benefit AML CR2 patients who underwent allogeneic hematopoietic stem cell transplantation

ting huang,yu wang

Peking University Peoples Hospital

Objective Relapsed acute myeloid leukemia(AML) remains a highly lethal disease. Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation(HSCT) is still the only reliable curative modality. In such patients, re-induction chemotherapy with the purpose of achieving a second complete remission (CR2) so as to enable to HSCT is often given, and HSCT is usually preceded by repeated cycles of consolidation chemotherapy. However, the clinical value of consolidation chemotherapy before HSCT is still debated. Most series published literature on clinical outcomes for HSCT have focused on AML CR1 patients. The potential therapeutic value of consolidation chemotherapy for AML patients who receive HSCT in CR2 is of interest, but there are few studies that answer this question based on clinical data. Hence, the present study evaluated the value of pre-transplantation consolidation chemotherapy on post-transplant outcomes for AML CR2 patients receiving HSCT through retrospective data.

Methods Detailed inclusion criteria for this study: AML patients who underwent a first HSCT in CR2 in our center from January 2015 to December 2019 and were regularly followed at our

center. Detailed exclusion criteria for this study: (1) patients who received second transplants. (2) patients underwent HSCT in CR1. After screening, 135 AML CR2 patients were included in the retrospectively analytic cohort (among them, 72 had received consolidation chemotherapy after achieving CR2).

Results For consolidation therapy group and no consolidation therapy group, the 5-year cumulative incidence of relapse (CIR) was (17.6% vs. 19.9%, respectively; $p=0.54$), the 5-year non-relapse mortality rate (NRM) was (9.7% vs. 17.5%, respectively; $p=0.20$), the 5-year leukemia-free survival (LFS) was (72.7% vs. 62.7%, respectively; $p=0.15$), the 5-year overall survival (OS) rate was (81.9% vs. 68.3%, respectively; $p=0.08$), the 100-day cumulative incidence of grade 2-4 acute graft-versus-host disease (aGvHD) was (18.1% vs. 19.0%, respectively; $p=0.84$), the 5-year cumulative incidence of chronic GvHD (cGvHD) was (52.2% vs. 39.7%, respectively; $p=0.29$). Our data showed that there were no significant differences in 5-year clinical outcomes between the two groups. Multivariable analysis showed consolidation chemotherapy had no significant impact on CIR, NRM, OS, GVHD, LFS.

Conclusion Our findings suggested that patients with AML who achieve a second complete remission should receive HSCT as soon as possible.

PO-2290

老年恶性血液病患者异基因造血干细胞移植的单中心回顾性研究

孔欣、宋宝全、唐晓文、薛胜利、苗瞄、韩悦、王荧、张剑、陈苏宁、孙爱宁、仇惠英、吴德沛
苏州大学附属第一医院

目的 分析本研究中心异基因造血干细胞移植 (allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT) 治疗在老年恶性血液病患者 (≥ 60 岁) 中的应用和长期生存情况。

方法 回顾 2015 年 6 月~2023 年 3 月苏州大学附属第一医院血液科收治的 67 例接受 HSCT 治疗的老年恶性血液病患者的病例资料, 统计患者的年龄、性别、移植前疾病危险度分层、疾病状态及造血干细胞移植共病指数 (Hematopoietic Cell Transplant-Comorbidity Index, HCT-CI) 等移植前数据, 预处理方案以非清髓为主 (66 例), 同时统计治疗相关毒性、感染、急/慢性移植物抗宿主病 (acute/chronic graft versus host disease, a/cGVHD)、复发和非复发死亡的累积发生率, 估算总体生存率和无事件生存率。

结果 1 年的 OS 率和 EFS 率为 62.9% 和 59.2%, 2 年 OS 率和 EFS 率分别为 55.3% 和 51.8%, 1 年非复发死亡和复发的累积发生率分别为 29% 和 21%。共有 13 例患者发生 II-IV 级 aGVHD, 1 年的累积发生率为 19.7%, 7 例患者在随访过程中发生需要治疗的 cGVHD。当按年龄组分层时, < 65 岁的患者比年龄 ≥ 65 岁的患者 OS 率高, 但无差异 ($P=0.3186$)。按疾病负荷分层时, CR 组 OS 率明显高于非 CR 组且有显著性差异 ($P<0.0001$)。按供体类型分层时, HLA 全合组和单倍体组的 OS 无差异 ($P=0.2286$)。27 例患者在 HSCT 后平均 125 天 (3-1054 天) 死亡, 死亡原因为白血病复发 (33%)、感染 (30%)、GVHD (18%)、植入不良 (11%)、多器官衰竭 (4%) 和脑血管意外 (4%)。

结论 年龄 ≥ 60 岁的患者, allo-HSCT 可以作为一种治疗选择, 尤其是复发难治患者及细胞遗传学高风险的患者, 明显改善了预后。

PO-2291

Comparison of clinical outcomes between peripheral blood stem cells and peripheral blood stem cells plus bone marrow in T acute lymphoblastic leukemia/lymphoma patients with haploidentical transplantation

Mengqian Chu, Yang Xu, Depei Wu
The First Affiliated Hospital of Soochow University

Objective Graft source may have a significant impact on haplo-HSCT outcomes. Over the past 20 years, by using a combination of G-CSF-primed bone marrow (GBM) and G-CSF-mobilized peripheral blood (GPB), as well as antithymocyte globulin (ATG) administration for the prophylaxis of graft-versus-host disease (GVHD) and graft rejection, the Beijing group initiated one of the earliest clinical trials to explore unmanipulated myeloablative haploidentical peripheral blood and bone marrow transplantation (HBMT) for leukemia. Our previous single-center study has demonstrated better survival after HBMT compared to haplo-HSCT with G-CSF-mobilized peripheral blood stem cell transplantation (HPBSCT) for MDS. Which procedure is the optimal HSC graft for patients with T-ALL/LBL remains largely unknown. Hence, the aim of this study was to compare the clinical outcomes between HBMT and HPBSCT as a post-remission therapy for patients with T-ALL/LBL.

Methods In this study, we performed a retrospective analysis. A total of 112 T-ALL/LBL patients who received HPBSCT (n = 56) or HBMT (n = 56) at the First Affiliated Hospital of Soochow University between Jan 1, 2015, and Aug 31, 2022 were enrolled using a propensity score method. The study endpoints were overall survival (OS), progression-free survival (PFS), GVHD-free, relapse-free survival (GRFS), and the cumulative incidences of relapse, TRM, and aGVHD. All endpoints were measured from the time of transplantation.

Results HBMT recipients were associated with a trend of reduced incidence of relapse ($p=0.127$), superior overall survival (OS) ($p=0.060$), progression-free survival (PFS) ($p=0.021$) and GVHD relapse-free survival (GRFS) ($p=0.087$) compared with HPBSCT, but cumulative incidence of grade III-IV acute GVHD ($p=0.891$) and TRM ($p=0.289$) were not affected. Multivariate analysis revealed that a GPB/GBM mixture was the independent factor for improved OS ($p=0.089$) and PFS ($p=0.044$). We subsequently restricted our analysis to subgroup analyses. Globally, these subgroup analyses confirmed the results for the entire population, showing even better PFS in the GPB/GBM group for patients who were aged ≥ 35 y ($p=0.016$), who had $WBC < 100 \times 10^9/L$ ($p=0.044$) or extramedullary disease involved ($p=0.040$) at diagnosis, who received CR ($p=0.061$) or BM-MRD positive ($p=0.044$) before transplant, and who received BU/CY as conditioning regimen ($p=0.022$) or received graft combined with UCB ($p=0.01$).

Conclusion In summary, our study reported that T-ALL/LBL patients who underwent haplo-HSCT using a GPB graft had a trend of higher CI of relapse, which resulted in lower PFS, OS, and GRFS compared with the recipients of a GPB/GBM graft. These results suggest that the use of a GPB/GBM graft may result in improved haplo-HSCT outcomes and could be the preferred choice for patients with T-ALL/LBL as a post-remission treatment.

PO-2292

强化的预处理方案在异基因造血干细胞移植 治疗 ALL 中的疗效分析

王萌、张靖岚、孙楠楠、邢海洲、万鼎铭
郑州大学第一附属医院

目的 急性淋巴细胞白血病（ALL）行异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）后复发率较高，严重影响患者移植后生存，因此研究强化的预处理方案治疗 ALL 的疗效及安全性，并分析影响移植后 ALL 预后的危险因素。

方法 对 2017 年 8 月 1 日至 2021 年 7 月 20 日于郑州大学第一附属医院造血干细胞移植中心初次行 allo-HSCT 的 102 例 ALL 患者的临床资料进行回顾性分析，比较强化预处理组（28 例）与标准预处理组（74 例）患者的临床特征，移植后疗效。

结果 1. 强化组与标准组患者在年龄、免疫分型、ph 染色体、移植前疾病缓解情况及 MRD、髓外浸润情况、复发难治 ALL、供者类型、供受者血型及确诊至移植时间均无显著差异（ $P>0.05$ ），但强化组细胞遗传学高危患者比例高于标准组（ $P=0.014$ ）。强化组 28 例全部获得造血重建，标准组中 2 例患者分别于+11 天与+13 天死亡，中性粒细胞及血小板均未植入，另有 4 例患者中性粒细胞植入，血小板未植入。但两组在回输 MNC 数、CD34+细胞数、造血重建成功率、中性粒细胞及血小板植入时间等方面均无统计学差异。强化组与标准组在 II~IV 度 aGVHD 和中重度 cGVHD 的发生率、移植后 EBV 和 CMV 的感染率方面无差异。但强化组的口腔黏膜炎、胃肠道毒性较标准组发生率略高。

2. 移植后中位随访时间为 18（1~52）个月，强化组 8（28.6%）例复发、标准组 16（21.6%）例复发（ $P=0.460$ ）。强化组的 3 年 OS 率高于标准组，但差异无统计学意义（ $68.4\pm 9.3\%$ vs. $58.3\pm 7.0\%$, $P=0.617$ ）；2 年 DFS 率无明显差异（ $68.6\pm 9.4\%$ vs. $75.9\pm 5.5\%$, $P=0.532$ ）。两组患者在总死亡率、非复发死亡率、移植相关死亡率上无统计学差异。

结论 强化的预处理方案不影响造血重建，不增加 GVHD 发生率、移植相关死亡率和非复发死亡率，是安全可以耐受的。强化的预处理方案有提高 OS 的趋势，但研究病例尚少，需要扩大样本量进一步研究。

PO-2293

甲氨蝶呤基因多态性与恶性血液病儿童单倍型造血干细胞移植后 围植入综合征及急性移植物抗宿主病的相关性研究

吉奇、李泊涵、董弈、卢俊、肖佩芳、李捷、张晖、刘露、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 探讨甲氨蝶呤相关转运体及代谢酶基因多态性对恶性血液病患者接受单倍型造血干细胞移植后围植入综合征和移植物抗宿主病的影响。

方法 回顾性收集 2019 年 1 月-2021 年 6 月苏州大学附属儿童医院血液科接受单倍型造血干细胞移植（halpo-HSCT）的恶性血液病患者的临床资料，采用靶向测序技术对患儿骨髓标本中的药物基因进行分型。采用 Log-rank 比较围植入综合（Peri-ES）、急性移植物抗宿主病（aGVHD）的累积发病率，并构建 COX 比例风险模型。

结果 本队列共纳入 57 例患儿，中位移植年龄 61.3（1~196）个月，其中男 46 例，女 11 例。所有患者均植入成功，中性粒细胞和血小板植入的中位时间分别为 12 天（范围，10-23 天）和 12 天（范围，5-39 天）。9 种甲氨蝶呤相关基因多态性被纳入分析，均符合 Hardy-Weinberg 平衡，最

常见的多态性类型为 ABCB1 (1236C>T), 其次为 MTHFR (665C>T)和 ABCB1 (3435C>T)。本研究发现 ABCB1 (1236C>T) CC 基因型患儿的中位血小板植入时间为 16 天(范围, 10-24 天), 而 TC/TT 基因型的中位时间为 11.5 天(范围: 5-39 天), 两者之间具有统计学差异 ($P = 0.042$)。本队列共有 61.4% (35/57) 患儿发生围植入综合征, 36.8% (21/57) 患儿出现 II-IV 级 aGvHD, 其中 8 例 (14.0%) 为 II 级, 8 例 (19.3%) 为 III 级, 5 例 (8.8%) 为 IV 级。与 SLCO1B1 (1865+4846T>C) TT 型相比, TC/CC 型患者发生围植入综合征风险更高 (75.9% vs 46.4%, $P = 0.030$)。通过多因素 Cox 分析, 发现 SLCO1B1 (1865+4846T>C) TT 型是发生围植入综合征的独立保护因素 ($P = 0.031$)。此外, 采用中位数法对单个核细胞 (MNC) 剂量进行分组, 发现高剂量 MNC 回输的患者发生 II-IV 级 aGvHD 的发生率明显高于低剂量组 (50.0% vs 24.1%, $P = 0.030$), 且高剂量 MNC 是发生 II-IV aGVHD 的独立危险因素 ($P = 0.039$)。然而本研究并未发现 aGVHD 和 MTX 相关基因多态性之间具有相关性。

结论 受体的甲氨蝶呤基因多态性可能会影响围植入综合征的发病风险。

PO-2294

造血干细胞移植患者移植期间并发 PICC 机械性静脉炎预测模型的构建及验证

张丽雪、刘玉秋、解文君
中国医学科学院血液病医院

目的 为分析造血干细胞移植患者移植期间并发 PICC 机械性静脉炎的危险因素, 构建风险预测模型。

方法 采用便利抽样法, 选取 2022 年 1 月—2022 年 12 月于中国医学科学院血液病医院移植五病区行造血干细胞移植的 231 例患者作为研究对象, 其中移植期间发生机械性静脉炎的 42 例患者为病例组, 未发生机械性静脉炎的 189 例患者为对照组, 回顾性分析一般资料以及疾病相关资料, 通过组间单因素分析以及二分类 Logistic 多因素回归分析筛选其并发 PICC 机械性静脉炎的危险因素, 应用 R3.6.1 软件绘制列线图, 并进行验证。

结果 单因素分析结果显示, 年龄、性别、KPS (卡氏评分)、HCT-CI、静脉化疗时间、穿刺次数、穿刺导管数、穿刺静脉、置管时间、首次换药时间、导管位移史、导管位置、高血压、高血脂、置管时血小板计数与造血干细胞移植患者移植期间并发机械性静脉炎有关 (均 $P < 0.05$); Logistic 多因素回归分析发现, KPS、静脉化疗时间、穿刺次数、首次换药时间、导管位移史、置管时血小板计数是造血干细胞移植患者移植期间并发 PICC 机械性静脉炎的影响因素 (均 $P < 0.05$)。Hosmer-Lemeshow 检验结果提示, 该风险预测模型具有较好的拟合度 ($\chi^2 = 0.823, P = 0.885$)。模型验证结果显示, 该模型的受试者操作特征曲线下面积为 0.786, 最佳临界值为 0.72, 准确度为 79.63%, 灵敏度为 81.12%, 特异度为 73.25%; 预测 PICC 机械性静脉炎的一致性指数为 0.753, 校正一致性指数为 0.768。

结论 本研究构建的风险预测模型具有良好的区分度与准确度, 可为临床护理人员预测造血干细胞移植患者移植期间并发 PICC 机械性静脉炎的发生风险, 为高风险患者制订针对性预防策略提供参考。

PO-2295

小剂量环磷酰胺预防供者淋巴细胞输注后 重度急性移植物抗宿主病的初步探索

郑欣慧、陈欣、姜尔烈

中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 初步探索环磷酰胺(Cy)预防供者淋巴细胞输注(DLI)后重度急性移植物抗宿主病(aGVHD)的疗效和安全性。

方法 这项回顾性研究纳入 2022-2023 年于我中心行造血干细胞移植后复发的 20 例患者,其接受化疗联合 DLI 进行挽救或抢先治疗,并于 DLI 后+3 天(同胞全相合移植,MSD)或+3, +4 天(单倍体移植或无关供者移植,HID/URD)应用环磷酰胺 20 mg/kg/d 预防 aGVHD(PDCy 组)。使用倾向性得分匹配的方法,从 2019-2023 年移植复发后接受 DLI 的 131 例患者中选择 58 例患者作为对照组,HID/URD 的患者接受钙调磷酸酶抑制剂、甲氨蝶呤等其他免疫抑制剂预防 aGVHD,MSD 的患者则未应用其他免疫抑制剂(非 PDCy 组)。

结果 中位随访时间为 4.8(0-37.1)月,PDCy 组重度 aGVHD 的发生率明显减低(III-IV, 5% vs 31%, $p=0.02$; II-IV, 25% vs 52%, $p=0.04$)。在 78 例患者中,49 例患者因血液学复发或髓外复发接受挽救治疗(PDCy, $n=16$; 非 PDCy, $n=33$),29 例患者因分子生物学复发接受抢先治疗 PDCy, $n=4$; 非 PDCy, $n=25$)。在挽救治疗组中,PDCy 组和非 PDCy 组 4 月累积复发率(20% vs 47%, $p=0.11$)、客观反应率(68.8% vs 54.5%, $p=0.6$)没有统计学差异;在抢先治疗组,微小残留病的反应率(25% vs 50%, $p=0.6$)也没有显著差异。DLI 后感染、出血性膀胱炎、心脏事件等不良事件在两组中无显著差异。4 个月的 OS 在两组中也没有显著差异(PDCy, 64% vs 非 PDCy, 59%, $p=0.51$)。

结论 上述研究初步表明,在安全性的基础上,PDCy 方案可以在移植复发后行 DLI 的患者中,有效减低重度 aGVHD 的发生,同时不影响移植物抗肿瘤效应。PDCy 方案的疗效和安全性仍需更长的随访时间和随机对照研究的验证。

PO-2296

AML 患者接受造血干细胞移植后早期 造血重建状况对 aGVHD 的指示意义

冯丹、姜尔烈

中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 探讨急性髓系白血病患者接受单倍体异基因造血干细胞移植(allo-HSCT)后早期造血重建过程,并探究其与移植后早期并发症发生间的相关性。

方法 对 2017 年 1 月到 2022 年 12 月于中国医学科学院血液病医院接受 haploidentical allo-HSCT 的 187 例 AML 患者临床信息进行回顾性分析,这些患者在移植前均达到完全缓解状态。对患者移植前-7d—+14d 血常规结果进行分析,以移植后 100d 内 aGVHD 发生为主要结局事件,60d 内 CMV 感染为次要结局事件。aGVHD 的诊断及分级参照 Glucksberg 及 MAGIC。采用 R-4.2.0 统计学软件进行统计学分析。

结果 患者中位年龄为 35 岁,其中男性患者 105 例(56.31%),女性患者 82 例(43.69%)。结果发现:① II~IV° aGVHD 组与 without aGHVD 患者(70 例 vs 87 例)比较发现,前者在 1d 表现出较低的 plt 水平($62.5 \times 10^9/L$ vs $80 \times 10^9/L$, $p=0.029$),在 10d 表现出较高的 WBC 水平($0.11 \times 10^9/L$ vs $0.07 \times 10^9/L$, $p=0.033$),在 3d 表现较低的 Hb 水平($89.5g/L$ vs $95.5g/L$,

p=0.013)。②III~IV°aGVHD 组与 without aGVHD 患者 (33 例 vs 87 例) 相比, III~IV°aGVHD 组在 1~3d 表现出较低的 plt 水平 (60×10⁹/L vs 74×10⁹/L, p=0.006; 48×10⁹/L vs 52×10⁹/L, p=0.018; 26×10⁹/L vs 36.5×10⁹/L, p=0.003), 在 10d 表现出较高的 WBC 水平 (0.14×10⁹/L vs 0.07×10⁹/L, p=0.008), 在 3d 表现较低的 Hb 水平 (83g/L vs 95.5g/L, p=0.013)。以移植后血小板维持在 20×10⁹/L 时间 3d 为界进行分组判断, <3d 组患者有更高的 100d III~IV°aGVHD 累积发生率 (63% vs 30%, p=0.015)。单因素分析提示移植后 1~3d plt 绝对值较低、HSCT 后 plt 维持在 20×10⁹/L 时间较短是 aGVHD 发生的危险因素。

结论 接受单倍体移植的 AML-CR 患者移植后早期造血重建对早期并发症的发生具有一定的指示意义, 并且, 随着 aGVHD 程度的增加, 其指示意义愈发显著。

PO-2297

Efficacy of allogeneic hematopoietic stem cell transplantation in young and high-risk multiple myeloma patients

Pan Pan, Weihua Zhai, Qiaoling Ma, Donglin Yang, Aiming Pang, Erlie Jiang, Sizhou Feng, Mingzhe Han
PUMC

Objective With the new therapeutic agents developed over the last decades, the median survival of patients with multiple myeloma has approached 10 years. However, 15-20% of high-risk multiple myeloma (HRMM) patients still have a median survival of less than 3 years, which leaves room for improvements. Thus, this study aims to evaluate the efficacy of allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) in young high-risk multiple myeloma (HRMM) patients and to conduct statistical analysis of various prognostic factors.

Methods This retrospective study analyzed clinical data from 14 young multiple myeloma patients with high-risk cytogenetic abnormalities or high-risk disease biological factors who underwent allo-HSCT at the Hematopoietic Stem Cell Transplantation Center of the Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital between November 2016 and November 2022.

Results There were 7 males and 7 females involved in this study, with a median age of 39.5 (ranging from 31 to 50) years at the time of transplantation. The median number of treatment lines before transplantation was 2 (1-6). Before transplantation, 42.9% (6/14) of the patients did not achieve complete remission (CR), with 35.7% (5/14) of the patients performing MRD (+). After transplantation, all patients could be evaluated for treatment response, in which the overall response rate was 100% (14/14). All 14 patients successfully underwent transplantation, with median engraftment times for neutrophils and platelets of 11 (10-14) days and 13 (9-103) days, respectively. Acute graft-versus-host disease (GVHD) of grades II-IV occurred in 5 patients (35.7%), and 2 patients (14.3%) developed moderate to severe chronic GVHD. The median follow-up time after transplantation was 18.93 (4.1 -72.53) months, with an expected 2-year overall survival (OS) rate of 92.9% (95% CI 80.3%-100%). Meanwhile, the expected 1-year and 2-year progression-free survival rates were 85.7% (95% CI 69.2%-100%) and 45.7% (95% CI 20.9%-99.9%), respectively, and the presence of cGVHD might influenced the outcome positively.

Conclusion Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation is an effective treatment to improve the prognosis of young high-risk multiple myeloma patients.

PO-2298

儿童再生障碍性贫血同胞全相合供者造血干细胞移植术后 迅速减停免疫抑制剂配合供体淋巴细胞输注治疗 早期植入率嵌合状态预后良好

王希楠、覃霞、罗成娟、罗长缨、王坚敏、黄小航、米蕾、林宇辰、陈静
上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心

目的 再生障碍性贫血是一种以全血细胞减少为主要表现的罕见异质性疾病。对于拥有全相合同胞供者的重型再生障碍性贫血患儿，异基因造血干细胞移植被列为一线治疗方案。在最近的十余年间，移植前非清髓的预处理方案被广泛应用并取得了良好的治疗效果。然而，移植后植入嵌合状态的发生比例也较高。对于发生移植后早期植入嵌合的患儿，如何调整免疫抑制剂始终缺乏共识。

方法 研究对本中心自 2002 年至 2022 年间，进行同胞全相合供者造血干细胞移植治疗的共 87 例患儿的疾病状态、移植过程及随访信息进行了回顾性分析，追踪移植后植入率嵌合状态的发生及治疗方案的选择。

结果 接受移植治疗的患儿中位年龄为 9 岁（1.5-16 岁）。26%的患儿移植后出现了植入嵌合现象，其中 17 名为早期植入嵌合。预处理期间低剂量环磷酰胺是嵌合发生的独立风险因素。其中 19 名患儿分别接受了 1-4 次不等的供体淋巴细胞输注。发生早期植入嵌合的患儿中，6 名通过迅速减停免疫抑制剂短时间内恢复了完全嵌合（ $P=0.008$ ）。研究随访的中位时间为 35.3 个月（2.3-146.8 个月），无嵌合组与嵌合组的总生存率分别为 95%与 100%（ $P=0.29$ ），无事件生存率分别为 92%与 78%（ $P=0.21$ ）。

结论 同胞全相合供者造血干细胞移植作为重型再生障碍性贫血的一线治疗，现有的预处理方案下移植后植入率嵌合发生比例仍高达 26%。对于发生早期植入率嵌合的患儿，及时缩短免疫抑制剂疗程配合供体淋巴细胞输注，可以有效提升植入率。此举可能诱发移植物抗宿主病的发生，但目前均处于可控范围，并获得了不逊色于无嵌合组的良好预后。

PO-2299

探究成人急性淋巴白血病患者造血干细胞移植 与传统化疗的生活质量和不良反应

李嘉、区家旺、蔡梓红、黄子聪、邓诗雨、刘启发、周红升
南方医科大学南方医院

目的 比较常规化疗和行异基因造血干细胞移植的成人急性淋巴细胞白血病（ALL）幸存者的不良反应和生活质量。

方法 从南方医科大学附属南方医院招募 101 名接受 PDT-ALL-2016 方案的成年 ALL 患者，36 名为单纯化疗患者，65 名接受异基因造血干细胞移植。利用访谈了解患者不良反应发生情况，利用健康调查简表（the MOS item short from health survey, SF-36）评估 ALL 患者的生活质量。采用卡方检验对两组不良反应出现情况进行比较，采用 t 检验进行比较化疗组与移植组在 SF-36 量表的得分差异。

结果 91 名患者（年龄范围为 16-65 岁）完成了 SF-36 量表和有关不良反应的访谈，8 名只完成了量表，2 名只完成了访谈。移植组比化疗组患者有更多的不良反应（ $P=0.01$ ），特别是在生殖系统（ $P=0.002$ ）和皮肤系统（ $P=0.02$ ）。在所有幸存者中，移植组的生活质量量表评分与化疗组相比无统计学差异。然而，将化疗时间小于 3 年与移植后时间小于 3 年的患者进行比较（ $n=38$ ），移植组的情感职能评分比化疗组高（ $P=0.025$ ），化疗时间大于 3 年与移植后时间大于 3 年的患者进

行比较 (n=61), 化疗组的情感职能评分比移植组高 (P=0.007)。另外, 在移植组 (n=64) 以及 AYA 组 (n=51) 中, 男性患者的社会功能 (P=0.07) 和心理健康评分比女性高 (P=0.05)。

结论 接受造血干细胞移植的成人 ALL 患者不良反应较单纯化疗患者为多。在情感职能方面, 接受不同治疗手段的患者在前期 (<3 年) 移植组比化疗组好, 而后期 (>3 年) 化疗组比移植组好。在所有移植患者中, 男性的社会功能和心理状态比女性好。

PO-2300

饮食因素对异基因造血干细胞移植结局的影响

陈裕平

重庆医科大学附属第一医院

目的 分析每日饮水量和辛辣刺激性食物对异基因造血干细胞移植结局的影响。

方法 回顾性分析 2019 年 8 月~2021 年 12 月在重庆医科大学附属第一医院血液内科进行异基因造血干细胞移植成功出仓并完成随访观察的 104 例患者的病例资料和随访记录。采用卡方检验、单因素和多因素 Logistic 回归分析观察患者性别、年龄、疾病、移植前疾病状态、危险分层, 移植类型、干细胞来源、HLA 相合度、血型相合、预处理方案及是否含有 ATG 及 BUCY, 长期食用辛辣刺激性食物 (辣椒、花椒、胡椒及其他香辛料) 和每日饮水量 (<1000ml, >1000ml) 等与移植结局 (造血重建不良、复发、死亡) 的关系。

结果 ① 卡方检验显示, 食用辛辣食物, 生存组 24 (30.4%) 例, 死亡组 18 (72%) 例, (X²=9.069, P<0.01); 造血重建良好组 (已排除非造血重建不良死亡) 14 (22.6%) 例, 造血重建不良组 18 (72%) 例, (X²=6.475, P<0.05); 未复发组 (已排除非复发死亡) 19 (25.7%) 例, 复发组 8 (57.1%) 例, (X²=5.481, P<0.05)。饮水量<1000ml/日, 生存组 18 (22.8%) 例, 死亡组 14 (56%) 例, (X²=9.835, P<0.01); 造血重建良好组 21 (33.9%) 例, 造血不良组 17 (65.4%) 例, (X²=7.415, P<0.01); 饮水量与复发无显著相关 (P>0.05)。④二元 Logistic 回归显示, 同时坚持清淡无刺激饮食和饮水量>1000ml/日 (移植保护性饮食) 是造血重建、复发、死亡的保护因素, B (OR) 值分别是-2.054 (0.128), -2.615 (0.073), -1.904 (0.149), 均 P<0.001; 同时进食刺激饮食和饮水量<1000ml/日是不利因素, OR (95%CI) 分别是 5.850 (1.640~20.830), 6.308(1,830~28.836), 9.232(2.758~30.905), 均 P<0.05。单纯的进食刺激饮食或饮水量<1000ml/日是造血重建的不利因素, OR (95%CI) 分别为 10.400(1.784~60.622), 7.800 (2.019~30.140), 均 P<0.01, 但在复发和死亡中不显著(P>0.05)。

结论 辛辣食物和饮水量<1000ml/日是异基因造血干细胞移植造血重建不良、复发和早期死亡的危险因素。

PO-2301

PD-1 单抗联合 HMA 治疗非血缘脐血移植后急性髓细胞白血病早期复发

张心仪、耿良权、强萍、胡星、黄淑娟、陈二玲、范倩、孙自敏、刘会兰
中国科学技术大学第一附属医院安徽省立医院血液内科

目的 移植后早期疾病复发患者生存极差, 尤其是急性髓细胞白血病 (AML), 目前缺少有效的靶向药物及免疫治疗, 脐血移植 (CBT) 后复发患者又缺少供者淋巴细胞输注。PD-1 单抗治疗外周血干细胞移植后复发有个案报道, 但致死性的移植物抗宿主病 (GVHD) 的发生阻碍了其应用。

CBT 后 AML 复发患者鲜有关于应用 PD-1 单抗应用的报告, 本研究报道 6 例 AML 在 CBT 后复发后应用 PD-1 单抗的临床疗效及安全性。

方法 累计 6 例 CBT 后 AML 复发的患者, 其中男性 2 例, 女性 4 例, 年龄 9.5 岁 (7~27 岁)。CBT 后复发的中位时间为 120 天 (62~554 天), 5 例患者为移植后早期复发 (复发时间 \leq 6 个月)。1 例患者为髓内髓外同时复发, 1 例为髓外复发, 4 例为移植后早期微小残留病灶 (MRD) 转阳。所有患者均及时停用免疫抑制剂, 并加用 HMA 治疗, 效果不理想, 随后联合 PD-1 单抗治疗。1 例患儿接受 100mg (5mg/kg) 派安普利单抗后出现高热、肺泡出血死亡, 因此调整随后的 4 例患儿的用药剂量递增至 0.3-0.5-3mg/kg 应用; 1 例晚期髓外复发的成人患者派安普利单抗的使用剂量为 200mg/次 (3mg/kg)。治疗时间为每 4~6 周一次, 联用 HMA 及 \pm 维奈托克 1-2 周。所有患者在 CBT 后抗 PD-1 治疗前均接受过 \geq 1 次的挽救性治疗, 5 例儿童患者首次应用派安普利单抗的时间均在移植后 5~7 个月内。

结果 6 例患者中, 4 例达完全缓解 (CR) 及 MRD 转阴性, 1 例 AML/ETO 阳性患者接受 1 次 PD-1 单抗治疗后基因持续下降中, 目前正在接受进一步治疗, 1 例患者因死亡无法评估其疗效。在全部患者中未观察到有新发生的 GVHD。主要不良反应为皮疹 (1 例) 和肺部感染 (1 例), 其中 1 例因肺部感染死亡。

结论 PD-1 单抗联合 HMA 等治疗 CBT 后疾病复发有效, 未见严重急性 GVHD 发生, 其剂量和疗程有待积累更多病例进一步证实。

PO-2302

移植相关血栓性微血管病的预后分析及血浆置换治疗疗效

徐一帆、李猛、高春记
解放军总医院

目的 1. 归纳 TA-TMA 患者临床特点、预后生存及影响生存的因素, 通过应用 BATAP 预后风险模型和 TMA 指数模型对 TA-TMA 的疗效及预后进行分析, 以评估两种预后风险模型在 TA-TMA 诊治中的价值。

2. 分析血浆置换 (PE) 对 TA-TMA 的疗效及影响疗效的因素。同时, 探究不同诊断标准的生存情况, 进而有助于临床医生对 TA-TMA 诊断标准的选择。

方法 回顾性分析解放军总医院第一医学中心 2018 年 1 月至 2022 年 2 月行异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 的 589 例患者, 共纳入以不同诊断标准 (BMT-CTN 标准、O-TMA 标准、probable-TMA 标准、Jodele 标准) 诊断为 TA-TMA 的 32 例患者, 总结其临床特点、治疗方法、疗效及生存。研究 BATAP 风险模型和 TMA 指数模型下 TA-TMA 风险人群构成比、治疗反应、生存情况、及对 TA-TMA 死亡预测效能的比较。Kaplan-Meier 法进行生存分析并绘制生存曲线, Cox 比例风险模型研究影响 TA-TMA 的预后因素和 PE 治疗结果的多因素分析。

结果 1. 589 例 HSCT 的患者中发生 TA-TMA 共 32 例, 发生率为 5.4%。影响 TA-TMA 100 天生存的独立危险因素: TA-TMA 诊断前的 III-IV 度 aGVHD, 肾脏或神经系统损伤, Hb $<$ 70g/L; 影响 TA-TMA 6 个月生存的独立危险因素: TA-TMA 诊断前的 III-IV 级 aGVHD, 肾脏或神经功能障碍, 以及 TA-TMA 发病时间。

2. TMA 指数模型 AUC 为 0.745 (95%CI 为 0.56-0.88, $P<$ 0.05), BATAP 模型 AUC 为 0.743 (95%CI 为 0.56-0.88, $P<$ 0.05), 提示两种预后风险模型均具有良好的预测价值。

3. 21 名用 PE 治疗的 TA-TMA 患者的缓解率为 42.8%, 100 天 OS 为 47.6%, 6 个月 OS 为 38.1%。影响 PE 治疗反应的唯一因素是 PE 治疗的次数; probable-TMA 有最高的生存率, 但 Jodele 标准有望更早诊断并为患者提供最大的益处。

结论 1. BATAP 模型和 TMA 指数模型均能较好的评估 TA-TMA 患者预后, TMA 指数模型在预测 TA-TMA 治疗反应方面可能优于 BATAP 风险模型。

2. 血浆置换是治疗 TA-TMA 的有效方法, 尤其是在无法使用补体阻断剂的情况下。此外, probable-TMA 通过早期发现 TA-TMA 患者改善预后生存

PO-2303

1 例植入双腔耐高压 PICC 儿童患者发生 4 级皮肤 GVHD 的护理

周小琴、吴芳芳、王丽、郑晓茂
陆军军医大学第二附属医院(新桥医院)

目的 探讨 1 例植入双腔耐高压 PICC 儿童患者发生 4 级皮肤 GVHD 的护理。

方法 选择 2023 年 6 月陆军军医大学附属第二医院血液科收治的 1 例植入双腔耐高压 PICC 干细胞移植后患者发生 4 级皮肤 GVHD 的女性患儿作为研究对象。导管及皮肤管理措施包括科学合理导管固定、维护中使用皮肤保护剂和粘胶祛除剂、做好皮肤 GVHD 受损皮肤的管理、加强家属参与管理的健康教育。

结果 此例患儿导管固定良好、PICC 植入部位无医用粘胶相关皮肤损伤、未加重患儿皮肤 GVHD 损伤情况、患儿维护时无疼痛刺激、1 月余患者 4 级 GVHD 情况好转。

结论 综合的护理干预, 合理的皮肤管理, 能有效保证患儿 PICC 带管质量和生活质量。

PO-2304

造血干细胞移植早期患者骨髓抑制期核心症状及症状群的识别

吴芳芳、王丽、唐全希、任勤、杜欣
陆军军医大学第二附属医院(新桥医院)

目的 基于网络分析构建 HSCT 患者骨髓抑制期症状网络, 并分析网络中心化指标识别核心症状, 并深入探索核心症状群, 以期为患者构建持续、高效的症状管理方案提供参考。

方法 选取某三甲医院 2022 年 1 月~2022 年 12 月行造血干细胞移植的患者 114 例患者为研究对象, 在骨髓抑制期(+7d)由研究者面对面调查, 采用一般资料调查表, 安德森症状评估量表-骨髓移植(MDASI-BMT)模块测量症状严重程度, 通过 JASP 软件构建症状网络, 分析中心性指标, 采用探索性因子分析法提取 HSCT 患者的症状群。通过症状网络的中心性指标初步确定核心症状和核心症状群。

结果 造血干细胞移植患者骨髓抑制期常见的症状: 疲乏、恶心、睡眠不安、身体不适、虚弱、食欲下降等, 症状最严重的分别是食欲下降、疲乏、虚弱、睡眠不安、身体不适等。在症状网络分析中, 食欲下降是强度最大($rs=1.597$)的症状, 疲乏是中介中心性最大($rB=2.595$)和紧密中心性最大($rc=1.798$)的症状。探索性因素分析共提取 5 个症状群: 躯体症状群、情绪症状群、呕吐-出血症状群、认知障碍症状群、消化系统症状群, 累积方差贡献率为 65.704%。

结论 造血干细胞移植患者骨髓抑制期有严重的症状负担和多个症状群。疲乏是最核心的位置, 发生率高, 同时也是桥梁作用最强症状。食欲下降是最重要的症状。躯体症状群(疲乏-食欲下降-虚弱-昏昏欲睡-恶心-气短)是核心症状群。护理人员可基于识别的核心症状和症状群制订干预措施, 提高移植患者骨髓抑制期症状管理的效能。

PO-2305

正念干预对造血干细胞移植患者癌症复发恐惧的系统综述

王利秀、罗彦

山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 本研究旨在系统综述正念干预对造血干细胞移植（HSCT）患者癌症复发恐惧的影响，评估其在减轻患者癌症复发恐惧和提升心理健康水平方面的作用。

方法 通过系统检索文献数据库，筛选了符合标准的相关研究文献。包括采用正念干预措施对 HSCT 患者的癌症复发恐惧进行干预的随机对照试验、队列研究、临床观察等类型的文献。对纳入文献进行了定性和定量分析，总结了正念干预对患者癌症复发恐惧的效果、干预方式及持续时间等关键信息。

结果 综合分析显示，正念干预在减轻 HSCT 患者癌症复发恐惧方面具有积极作用。通过正念练习，患者可以增强对当下的接受和专注，减少对未来的担忧和焦虑。正念干预还有助于患者建立心理应对策略，增强自我调节能力，改善情绪状态，提升生活质量。部分研究还显示，正念干预对患者的生理指标如血压、心率等有一定的调节作用。

结论 正念干预作为一种安全有效的心理干预方式，对于减轻 HSCT 患者的癌症复发恐惧具有重要的临床意义。在临床实践中，应充分利用正念干预的优势，结合个体化的护理方案，为 HSCT 患者提供全面的心理支持和关怀。未来的研究还需进一步探讨正念干预的最佳实施时间、频率和持续时间，以及其在不同人群中的效果差异，从而更好地满足患者的需求，提高干预效果。

PO-2306

正念减压对造血干细胞移植患者症状和健康相关生活质量的系统综述和 Meta 分析

罗彦、王利秀

山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 本研究旨在系统综述和 Meta 分析正念减压（MBSR）对造血干细胞移植（HSCT）患者症状和健康相关生活质量的影响，以评估其临床效果和可行性。

方法 通过检索医学文献数据库，筛选了符合标准的相关研究文献。包括采用 MBSR 干预措施对 HSCT 患者的症状和生活质量进行干预的随机对照试验、队列研究、临床观察等类型的文献。对纳入文献进行了定性和定量分析，使用 Meta 分析方法综合评估 MBSR 对患者症状和健康相关生活质量的影响。

结果 结果显示，MBSR 对 HSCT 患者的症状和健康相关生活质量具有显著改善作用。Meta 分析结果表明，MBSR 干预可以显著减轻患者的焦虑和抑郁水平，提高自我感觉的健康状态。此外，MBSR 还能改善患者的睡眠质量、减轻疼痛感和疲劳感，增强身体功能和康复速度。研究还发现，MBSR 对于提高患者的心理韧性和应对压力的能力具有积极作用。

结论 正念减压（MBSR）是一种安全有效的心理干预方式，对 HSCT 患者的症状和健康相关生活质量具有显著改善作用。在临床实践中，应将 MBSR 纳入 HSCT 患者的综合护理方案，以提升患者的整体康复水平和生活质量。未来的研究还需进一步探讨 MBSR 的最佳实施时间、频率和持续时间，以及其在不同人群中的效果差异，从而更好地满足患者的需求，提高干预效果。

PO-2307

叙事护理在造血干细胞移植患者中的应用效果研究

江玉琳

西安交通大学第一附属医院

目的 探讨叙事护理对造血干细胞移植患者的负性情绪与幸福感的效果研究。

方法 选取本院 2023 年 3 月—2023 年 8 月收治的 48 例造血干细胞移植患者作为本次研究对象，随机分为干预组和对照组，各 24 例。对照组实施常规护理，干预组在此基础上实施叙事护理。比较两组患者在干预前后的焦虑自评量表（SAS）得分、抑郁自评量表(SDS)得分、总体幸福感量表(GWB)得分。

结果 干预组的负性情绪(SAS、SDS)评分明显低于对照组，差异具有统计学意义($P<0.05$)；总体幸福感得分高于对照组，差异具有统计学意义($P<0.05$)。

结论 叙事护理干预可明显改善造血干细胞移植患者负性情绪,提高患者总体幸福感，具有临床价值。

PO-2308

比较异基因造血干细胞移植和化疗对预后良好组急性髓系白血病患者疗效分析

东汝娇、李乃农

福建医科大学附属协和医院

目的 本文旨在探讨异基因造血干细胞移植和化疗对 ELN2022 预后良好组急性髓系白血病患者的疗效对比以及移植的最佳时机。

方法 回顾性分析了 190 例就诊于福建医科大学附属协和医院的预后良好组的 AML 患者的临床资料，根据诱导化疗后有无接受造血干细胞移植进行分组，分为移植组和化疗组。分析两组的临床特征，对比两组及各亚组之间的生存结局。

结果 移植组与化疗组 3 年 OS 分别为 86.0% VS 61.3% ($P<0.0001$)；3 年 LFS 分别为 59.2% VS 49.3% ($P=0.039$)；3 年累积复发率为 3.8% VS 33.6% ($P<0.0001$)；均具有统计学差异。共有 69 例为复发/难治急性髓系白血病。从复发日期起计算的 3 年 OS 上来看，移植组与化疗组分别为 73.5%和 26.6% ($P=0.00015$)；其次，化疗组 CR-AML 病人的 3 年 OS 为 73.6%，移植组 R/R AML 病人 3 年 OS 为 77.0% ($P=0.42$)，两者无统计学差异。移植患者中，R/R AML 与 CR-AML 的 3 年 OS 分别为 77.0%和 92.8% ($P=0.056$)，两者无明显统计学差异。

结论 与化疗相比，allo-HSCT 能显著延长预后良好组 AML 患者的总生存期及无白血病生存期，并且降低复发率。对于复发/难治性预后良好组 AML，allo-HSCT 能有效延长生存期。预后良好组 AML 患者的移植时机可以推迟到复发后。

PO-2309

西达本胺用于 T-ALL / T-LBL 患者异基因造血干细胞移植后维持治疗的安全性及疗效分析

王匡非、陈萍
福建医科大学附属协和医院

目的 回顾性分析 T-ALL / T-LBL 患者移植后采用含西达本胺方案维持治疗的临床疗效及安全性，从而明确西达本胺在 T-ALL / T-LBL 患者移植后维持治疗中的地位。

方法 统计分析采用 Graphpad Prism 9.5 版本、SPSS 27.0 版本、R 语言 4.2.3 版本。计数资料组间比较时采用卡方检验。通过 Lasso 回归、共线性分析、COX 回归分析筛选预后指标，采用 Log-rank 检验评价总生存期（OS）及无进展生存期（PFS）。

结果 1. 37 例不含西达本胺维持治疗或未维持治疗的 T-ALL / T-LBL 患者 1 年、3 年、5 年 OS 率分别为 48.30%，45.28%，45.28%，1 年、3 年、5 年 PFS 率分别为 44.68%，41.70%，41.70%。38 例含西达本胺维持治疗的 T-ALL / T-LBL 患者 1 年、3 年、5 年 OS 率分别为 94.74%，85.15%，73.79%，1 年、3 年、5 年 PFS 率分别为 81.05%，66.45%，66.45%。西达本胺组患者 OS 及 PFS 均高于非西达本胺组/未维持组患者且存在统计学意义（OS: $P < 0.001$, PFS: $P = 0.004$ ）。

2. 通过多因素 COX 回归分析，发现维持治疗前 MRD（ $P = 0.011$ ）、移植前强化巩固疗程（ $P = 0.033$ ）是影响 T-ALL / T-LBL 患者 OS 的独立预后因素，维持治疗前 MRD 阴性、移植前巩固疗程 ≤ 4 次的患者预后较好。维持治疗前 MRD（ $P = 0.025$ ）、维持治疗前疾病缓解状态（ $P = 0.046$ ）是影响 T-ALL / T-LBL 患者 PFS 的独立预后因素，维持治疗前 MRD 阴性、维持治疗前为完全缓解状态的患者预后较好。

3. 西达本胺单药组中 20 例患者及西达本胺联合其他药物组 18 例患者的 OS、PFS 无统计学差异。

4. 西达本胺组 38 例 T-ALL / T-LBL 患者中，共 11 例患者出现急性移植物抗宿主反应（aGVHD），非西达本胺组 37 例 T-ALL / T-LBL 患者中，共 14 例患者出现 aGVHD，西达本胺并不会增加移植后 aGVHD 的发生率。

5. 西达本胺常见不良反应方面，血液学不良反应主要是骨髓抑制，非血液学不良反应主要表现为消化道反应

结论 1. 移植后接受含西达本胺方案进行维持治疗的 T-ALL / T-LBL 患者较未进行维持治疗或接受不含西达本胺方案维持治疗的患者疗效更佳；

2. 是否使用西达本胺维持治疗、移植前疾病状态及移植后是否存在 aGVHD 可能是影响移植后 T-ALL / T-LBL 患者预后的独立危险因素；

3. 西达本胺维持治疗安全性良好，不良反应可控；

4. 作为移植后维持治疗，西达本胺的最佳剂量及疗程仍需进一步研究确定。

PO-2310

新冠流行期间 allo-HSCT 术后患者早期肺炎影像库的建立及其新冠康复后 EB 病毒感染的临床分析

李欣桐
福建医科大学附属协和医院

目的 构建异基因造血干细胞移植（allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT）术后患者早期肺炎影像库，并分析新冠康复后 allo-HSCT 患者 EB 病毒（Epstein Barr virus, EBV）感染的临床特征以及免疫重建的特点。

方法 1.首先使用来自 Kaggle 上的肺部 CT 图像数据集对 6 个网络模型进行预训练,再选择其中性能最佳的模型采用少样本迁移学习策略的方法进行微调,使用精确率、召回率、准确率、F1 分数和曲线下的面积来评估模型性能,以建立一个能够准确区分不同肺炎图像的深度神经网络模型。本研究使用 tidyverse、pROC 和 ggplot2 计算和绘制。

2.回顾性分析 2021 年 12 月初至 2023 年 3 月底期间于福建医科大学附属协和医院血液科移植中心住院治疗的 allo-HSCT 患者新型冠状病毒感染后 EBV 感染的临床资料与历史对照进行比较。根据是否新型冠状病毒感染 (Coronavirus disease 2019, COVID-19) 进行分组,分为以下两组:“pre-COVID 组”和“post-COVID 组”,比较两组患者基本资料、临床特征、EBV 感染情况、免疫状态、临床结局的差异。本研究使用 SPSS 26.0 软件和 GraphPad prism 9.5.0 软件进行数据分析和作图,采纳 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结果 1.基于 Xception 模型构建了一个最优肺炎影像分类模型,其在验证集和测试集的准确率分别达到了 0.9752 和 0.9034。

2.共纳入 372 例患者,其中男性患者 198 例 (53.23%),女性患者 174 例 (46.77%)。其中 pre-COVID 组中共有 6 例患者感染 EBV, post-COVID 组有 29 例感染 EBV,两组间有统计学差异 (3.17% vs. 15.85%, $P = 0.001$)。将相关指标纳入多因素分析,结果显示 GVHD 发生 ($P = 0.007$)、移植后 CMV 感染 ($P = 0.046$)、COVID-19 ($P = 0.001$) 是影响 EBV 感染发生的危险因素 ($P < 0.05$)。

3.发现在移植 90 天内, post-COVID 组患者 NK 细胞计数高于 pre-COVID 组,且两组间数据有统计学差异 ($P = 0.022$)。在移植后 ≥ 365 天时, pre-COVID 组 CD19+ 细胞计数显著高于 post-COVID 组 ($P < 0.001$)。

结论 1.本研究展示了深度学习模型在提高肺炎影像学诊断效率方面的潜力,特别是在区分 COVID-19 肺炎与其他类型肺炎时的应用价值。

2.新冠感染后 allo-HSCT 患者 EBV 感染率增加, COVID-19 可能是 EBV 感染的危险因素; EBV 感染可能是“长新冠综合征”的原因之一。

3. COVID-19 破坏 allo-HSCT 患者免疫系统,且免疫系统可能遭受长期影响。

PO-2311

异基因造血干细胞移植治疗儿童重型再生障碍性贫血: 单中心回顾性研究

何敏、刘海玲、徐曼、廉国利、刘志刚
西安交通大学第一附属医院

目的 探讨异基因造血干细胞移植治疗儿童重型再生障碍性贫血(SAA)的临床疗效。

方法 回顾分析我院 2020 年 1 月至 2022 年 12 月接受异基因造血干细胞移植的 27 例重型再生障碍性贫血患儿的临床资料。

结果 ①27 例 SAA 患儿中男 18 例、女 9 例,中位年龄 8 (2~15) 岁; SAA-I 型 20 例, SAA-II 型 7 例, 3 例接受同胞全相合造血干细胞移植, 24 例接受亲缘单倍体造血干细胞移植。②27 例患儿均获得造血重建,中性粒细胞中位重建时间为 10(9~20)天,血小板中位重建时间为 12(7~26)天。急性移植物抗宿主病 (aGVHD) 发生率为 66.67% (18/27),其中 I~II 度发生率为 55.56% (15/27), III~IV 度发生率为 11.11% (3/27),慢性移植物抗宿主病 (cGVHD) 发生率为 7.40% (2/27)。移植相关血栓性微血管病发生率 (TA-TMA) 7.4% (2/27)。巨细胞病毒血症、EB 病毒血症发生率为 62.96% (17/27)、33.33% (9/27), 14.80% (4/27) 并发移植相关淋巴细胞增殖性疾病 (PTLD)。③中位随访时间为 12 (2~28) 个月,总生存率为 96.29%,26 例存活,1 例因重度急性 GVHD、TA-TMA、CMV 感染、PTLT、继发性癫痫等多种并发症死亡。

结论 异基因造血干细胞移植是治疗儿童 SAA 的有效方法,本研究有效率为 96.29%;急性 GVHD

仍是治疗成败的关键，发生率为 66.67%，供受者血型不合可能影响 GVHD 的发生率；同胞全相合造血干细胞移植降低预防 GVHD 强度，减少病毒复燃、PTLD 等并发症的发生。

PO-2312

自体造血干细胞移植治疗复发毛细胞型星形细胞瘤 1 例随访

董秀娟

海南省妇女儿童医学中心

目的 随访自体造血干细胞移植治疗复发毛细胞型星形细胞瘤 1 例。

方法 患儿，女，出生日期：2016 年 10 月 12 日。主诉：发现脊柱侧弯伴双下肢无力 2 月，脊髓占位半月余。初诊时间：2018-05-14。

2018-03 发病，脊柱侧弯，强迫屈颈，伴双下肢无力，行走障碍。2018-4-25-MRI 显示：T1-T10 节段脊髓髓内占位性病变，C1-T1 节段及 T10-L2 节段多发脊髓空洞形成。2018-05，术后病理确诊“毛细胞型星形细胞瘤伴有间变，WHOIII级”。

个人史：无特殊。

体格检查：生命体征稳定，意识清，精神可，脊柱侧弯，颈部屈曲，颈抵抗 2 指，双上肢肌力正常，双下肢肌力III-，肌张力减低，双侧巴氏征阳性。

手术中可见：硬脊膜张力高，胸段脊髓背部中央沟消失，髓内肿瘤组织向脊膜外膨胀，表面血管压迫扭曲，肿瘤尾端位于 T12，肿瘤头端位于 T1，肿瘤尾端脊髓中央管扩张明显，肿瘤组织与正常脊髓组织界限明显，胸部及头端肿瘤组织与正常脊髓无界限，切开蛛网膜，可见鱼肉状组织，无明显正常脊髓组织，大部分切除肿瘤组织，切除范围自 T1-T12，术后人工硬脑膜缝合硬脊膜。术后脊髓 MRI：提示肿瘤大部分切除，脊髓内占位明显解除。

2018-06-30 开始化疗，9 月放疗，12 月再次化疗。病情稳定，双上肢活动偶有震颤，双下肢活动不自主，较前好转。2019-04-01 复查头颅 MRI+增强提示脑脊液播散性转移征象。再次接受化疗。采用化疗+G-CSF+普乐沙福动员，采集，冻存自体外周血造血干细胞，CD34+细胞数 17.36×106/kg。于 2020-05-29 接受自体造血干细胞移植，预处理方案：卡铂+塞替派+依托泊苷。输注未净化自体外周血 CD34+细胞数 5.9×106/kg。移植后+13 天造血重建。

结果 现移植后 45 月，多次随访。原发病无进展，患儿智力语言身高体重等身心发育与正常儿童无差异，可站立，行走困难。

结论 手术切除仍是所有组织学类型胶质瘤的一线治疗方案。多学科协作诊疗肿瘤性疾病有利于患者预后，自体造血干细胞移植治疗后儿童实体瘤需继续积累临床经验。

PO-2313

异基因造血干细胞移植术后皮肤慢性移植物抗宿主病的临床分析

王雨娟

武汉儿童医院

目的 探讨异基因造血干细胞移植（allogeneic haematopoietic stem cell transplantation allo-HSCT）术后皮肤慢性移植物抗宿主病（Chronic graft versus host disease，cGVHD）的临床特征和相关危险因素。

方法 回顾性分析 2016 年 8 月 1 日-2023 年 7 月 31 日在我院血液科接受 allo-HSCT 一次成功且随访半年以上的 293 例儿童患者的连续性临床资料。其中 20 例患者术后合并皮肤 cGVHD，总结其基本资料特征；并以 1: 1 配比选取同期 allo-HSCT 后无皮肤慢性移植物抗宿主病患者 20 例作为未发生组。收集两组移植相关数据资料，包括皮肤 cGVHD 发生情况、供受者条件、疾病相关信息

等，随访至 2024 年 3 月，采用住院记录、门诊等随访方式。分析 allo-HSCT 后皮肤慢性移植抗宿主病的临床特点。

结果 293 例 allo-HSCT 术后儿童患者，共确诊 20 例皮肤 cGVHD，发生率为 6.83%，根据其皮肤 cGVHD 严重程度分级轻度 5 例（25%），中度 10 例（50%），重度 5 例（25%）；其中 1 例表现为硬化性 cGVHD，6 例表现为色素沉着或减退，余均表现为苔藓样 cGVHD；多因素分析中，既往是否发生急性移植抗宿主病（Acute graft versus host disease, aGVHD）是 allo-HSCT 后皮肤 cGVHD 的危险因素；本研究中 4 例局部、轻度皮肤 cGVHD 患者采用外用他克莫司联合类固醇治疗控制，其余中重度患者在此基础上加用环孢素、芦可替尼、健尼哌、益赛普、霉酚酸酯、甲氨蝶呤、伊马替尼或利妥昔单抗治疗。20 例皮肤 cGVHD 患者经过治疗后，17 例患者皮肤损伤好转，3 例死亡（其中因复发死亡 1 例，因肺部感染死亡 1 人，因肠道 GVHD 死亡 1 例），病死率为 15%。

结论 移植抗宿主病仍然是一种非常复杂的免疫反应，皮肤慢性移植抗宿主病是一种常见的移植后并发症，皮肤 cGVHD 影响患者的日常生活和预后，在很大程度上导致了非复发死亡率。临床研究正在提高我们对皮肤 cGVHD 的认识，儿童 cGVHD 的皮肤表现是多种多样的，通常是非特异性的，预防 aGVHD 可能有效减少 cGVHD 的发生，最常见的 aGVHD 的预防方式是环孢素或他克莫司和短期甲氨蝶呤的联合使用。皮肤 cGVHD 通常需要全身免疫抑制，儿科患者推荐的初始治疗方案包括高剂量皮质类固醇，长期使用可能导致不良事件，皮质类固醇治疗相关的不良反应是儿科患者非常关注的问题，低剂量甲氨蝶呤对儿科患者有利，吗替麦考酚酯的使用被认为可以加速减停类固醇的使用时间，目前的研究正在寻找这类疾病更多的替代治疗方案以减少有关药物不良反应。特别是在儿科人群中。随着对这种疾病的管理，将使我们能够为 GVHD 患者提供更有效的治疗方法，以预防这种疾病的长期后遗症。

PO-2314

非血缘不全相合异基因造血干细胞移植 治疗伯基特淋巴瘤合并 HIV 感染患者

张娜

郑州大学第一附属医院

目的 探讨非血缘不全相合异基因造血干细胞移植在治疗伯基特淋巴瘤合并 HIV 感染患者中的安全性和有效性，并为今后类似病例的治疗和护理提供实践经验。

方法 2022 年 4 月，对一例伯基特淋巴瘤合并 HIV 感染患者成功实施了国内首例非血缘不全相合异基因造血干细胞移植。在移植前，对全体医护及保洁人员进行了艾滋病相关知识培训，增强预防意识。患者入仓后，立即进行全环境无菌保护，并采用经过改良的 BU/CY 方案+ATG 预处理。同时，给予抗感染、抗 HIV 病毒、护肝、提高免疫力、预防排异及 VOD 等对症及营养支持治疗，并辅以心理护理和预防措施。

结果 移植后，患者中性粒细胞于 4 月 16 日成功植入，标志着移植的成功。4 月 18 日患者顺利出仓，复查高灵敏 HIV-RNA 未再检测出 HIV 病毒，提示 HIV 病毒得到有效控制。在整个移植期间，所有医护人员均未发生职业暴露及交叉感染，充分证明了预防措施的有效性。

结论 非血缘不全相合异基因造血干细胞移植在治疗伯基特淋巴瘤合并 HIV 感染患者中显示出良好的安全性和有效性，为今后类似病例的治疗和护理提供了宝贵的实践经验。同时，加强医护人员的艾滋病相关知识培训，以及实施严格的环境无菌保护和预防措施，对于保证移植成功和减少医源性感染具有重要意义。

PO-2315

Low-dose anti-thymocyte globulin plus low-dose posttransplant cyclophosphamide-based regimen for prevention of graft-versus-host disease in Haploidentical Peripheral Blood Stem Cell Transplantation for pediatric patients with hematologic malignancies

Yanlu Du, Ying Zhang, Xiaowei Xu, Yu Cai, Yu Wei, Chongmei Huang, Jun Yang, Huiying Qiu, Jiahua Niu, Kun Zhou, XinXin Xia, Chang Shen, Yin Tong, Baoxia Dong, Liping Wan, Xianmin Song
Shanghai General Hospital

Objective The low-dose anti-thymocyte globulin (ATG) plus low-dose post transplantation cyclophosphamide (PTCy) -based (low-dose ATG/PTCy-based) regimen had a promising activity in preventing of graft-versus-host disease (GVHD) in adult patients. However, its efficacy in pediatric patients remain to be defined. Here, we presented the findings from 35 pediatric patients undergoing haploidentical peripheral blood stem cell transplantation (haplo-PBSCT) with the new regimen for GVHD prophylaxis.

Methods Only patients with successful ANC engraftment were evaluated for aGVHD and cGVHD was evaluated only in patients with a minimum follow-up of 180 days. The CI of relapse was calculated from the date of allo-HSCT until relapse. Relapse was defined as the presence of blasts in the peripheral blood (PB) or BM (>5%) following CR [32]. Non-relapse mortality (NRM) was defined as death from any cause other than relapse. Overall survival (OS) was calculated from the date of stem cell infusion until death from any cause or the end of follow-up. Relapse-free survival (RFS) represented survival without relapse while maintaining continuous CR. GVHD-free and relapse-free survival (GRFS) signified survival without experiencing grade III-IV aGVHD, severe cGVHD, disease relapse, or death from any cause after haplo-PBSCT [33]. Survival curves were plotted using the Kaplan-Meier method. The statistical analyses were performed using IBM SPSS 17.0 statistical software (IBM, North Harbour, Portsmouth, UK).

Results The cumulative incidences (CIs) of grades II-IV and III-IV acute GVHD (aGVHD) were 34.3% (95% CI, 16.5–48.3%) and 11.4% (95% CI, 0.2–21.4%) within 180 days post-transplantation, respectively. The CIs of chronic GVHD (cGVHD) and moderate-to-severe cGVHD within 2 years were 25.6% (95% CI, 6.5–40.9%) and 12.1% (95% CI, 0–24.7%), respectively. The 2-year probabilities of overall survival, relapse-free survival, and graft-versus-host disease and relapse-free survival were 89.2% (95% CI, 78.1–100%), 81.8% (95% CI, 68.3–97.9%) and 58.5% (95% CI, 43.0–79.5%), respectively. The CIs of cytomegalovirus (CMV) and Epstein-Barr virus (EBV) reactivation by day 180 were 37.1% (95% CI, 18.9–51.3%) and 20% (95% CI, 5.6–32.2%) respectively. These results strongly advocate for the efficacy of the low-dose ATG/PTCy-based regimen as a robust strategy for GVHD prevention in haplo-PBSCT for pediatric patients.

Conclusion The main limitations of this study were the small cohort of patients and the short follow-up. Nevertheless, it is important to highlight that the low-dose ATG/PTCy-based regimen as GVHD prophylaxis in haploidentical PBSCT resulted in a low incidence of GVHD with reasonable outcomes in children with hematologic malignancies. Further studies with high methodological quality, such as larger sample sizes and randomized and controlled trials, are required to compare the efficacies of this regimen in children.

PO-2316

Pretransplantation risk factors for measurable residual disease after allogeneic stem cell transplantation in acute myeloid leukemia patients: A prospective study

Chunzi Yu¹, Siqi Li¹, Lanping Xu¹, Yu Wang¹, Xiaohui Zhang¹, Huan Chen¹, Yuhong Chen¹, Fengrong Wang¹, Yuqian Sun¹, Chenhua Yan¹, Meng Lv¹, Xiaodong Mo¹, Yanrong Liu¹, Kaiyan Liu¹, Xiaosu Zhao¹, Xiangyu Zhao¹, Xiaojun Huang^{1,2,3}, Yingjun Chang¹

1. Peking University People's Hospital

2. Peking-Tsinghua Center for Life Sciences

3. Research Unit of Key Technique for Diagnosis and Treatments of Hematologic Malignancies, Chinese Academy of Medical Sciences

Objective For patients with acute myeloid leukemia (AML) who undergo allogeneic stem cell transplantation (allo-SCT), relapse remains the most common cause of death. Post-SCT measurable residual disease (MRD) is the original cause of relapse. However, the risk factors before transplantation for post-SCT MRD remain unclear. We performed this study to explore the risk factors for post-SCT MRD positivity in AML patients who underwent allogeneic transplantation.

Methods A total of 478 AML patients receiving allo-SCT were enrolled in the study. Multiparameter flow cytometry was used to detect MRD. The primary endpoint was the cumulative incidence of post-SCT MRD. A Cox proportional hazard model was used to identify risk factors for post-SCT MRD.

Results The cumulative incidences of post-SCT MRD positivity at 100 days, 360 days and 3 years were 4.6%, 12.1% and 18.3%, respectively. For all of the patients, positive pre-SCT MRD was a risk factor for post-SCT MRD positivity at both 360 days and 3 years ($P < 0.001$). European LeukemiaNet (ELN) 2022 and 2017 risk stratification was a risk factor for positive post-SCT MRD at 100 days and 360 days, respectively, following allo-SCT ($P = 0.020$ and 0.047 , respectively). Accordingly, a scoring system for predicting post-SCT MRD positivity at 360 days was established by using pre-SCT MRD and ELN 2017 risk stratification. Patients were stratified into three groups according to the scoring system, with scores of 0, 1, and 2. The cumulative incidence of positive post-SCT MRD at 3 years was 13.2%, 23.6%, and 43.9% for patients with scores of 0, 1, and 2, respectively ($P < 0.001$). Multivariate analysis demonstrated that the scoring system was associated with a higher cumulative incidence of post-SCT MRD positivity, leukemia relapse and inferior survival.

Conclusion Our data indicate that positive pre-SCT MRD status, ELN 2022 risk stratification and 2017 risk stratification are independent risk factors for positive post-SCT MRD status in AML patients.

PO-2317

IEAC, CEAC and BEAM high-dose chemotherapy followed by autologous stem cell transplantation in non-Hodgkin's lymphoma patients: A single center comparative analysis of efficacy and safety

Lanxiang Liu¹, Yu Zhu², Jing Wang¹, Lin Liu¹, Li Wang¹, Hongbin Zhang¹, Yiyong Xiong¹

1. The First Affiliated Hospital of Chongqing Medical University

2. Suining First People's Hospital

Objective To compare the efficacy and safety of IEAC, CEAC and BEAM regimens followed by autologous stem cell transplantation in non-Hodgkin's lymphoma patients.

Methods We conducted a retrospective analysis comparing the outcomes of 158 NHL patients who received IEAC (idarubicin, etoposide, cytarabine and cyclophosphamide; n=39), CEAC (lomustine, etoposide, cytarabine and cyclophosphamide; n=93), or BEAM (carmustine, etoposide, cytarabine and melphalan; n=26) regimens prior to auto-HSCT at our center between 2013 and 2022. The time of hematopoietic reconstruction, adverse events and the patients' survival outcomes in the two groups were compared to evaluate the efficacy and safety of the two regimens. Univariate and multivariate analyses were performed to identify the factors potentially affecting the patients' survival.

Results No significant differences were observed in hematopoietic engraftment time, adverse events, or early overall response rate among the three groups. However, overall survival (OS) was significantly longer in the IEAC and CEAC groups compared to the BEAM group (P=0.003 and 0.023, respectively), with a similar trend in the DLBCL subgroup (P=0.011 and 0.028). Patients with T-cell lymphoma in the IEAC and CEAC groups exhibited a longer progression-free survival (PFS) than those in the BEAM group (P=0.024 and 0.033). Multivariate analysis revealed that complete response (CR) at 3 months post-auto-HSCT was a common favorable factor for both OS and PFS (P=0.036 and P<0.001), while a high International Prognostic Index (IPI) score (3-5) and the BEAM regimen were unique risk factors for OS (P=0.004 and 0.048).

Conclusion In conclusion, the IEAC and CEAC regimens offer survival benefits over the BEAM regimen with comparable early efficacy and tolerable toxicity, making them viable alternatives for auto-HSCT in NHL patients.

PO-2318

艾灸护理干预在造血干细胞移植术后 并发胃肠道 GVHD 患者护理中的应用

任文娟

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 研究艾灸护理干预在造血干细胞移植术后并发胃肠道 GVHD 患者护理中的临床效果及价值。

方法 选取 2023 年 8 月~2024 年 4 月, 造血干细胞移植术后并发胃肠道 GVHD 的患者 10 例按随机数字法分为对照组和观察组, 患者数量分别为对照组 8 例, 观察组 2 例。对照组采取常规护理措施, 观察组在对照组基础上实施艾灸治疗及护理干预。对比两组患者腹痛持续时间、腹泻持续时间、住院时间、不良情绪改善情况及护理满意度。

结果 观察组患者腹痛、腹泻持续时间, 住院时间缩短。艾灸护理干预后, 观察组抑郁自评量表 (SDS) 和焦虑自评量表分数 (SAS) 比对照组低, 观察组护理满意度比对照组的满意度高。

结论 艾灸护理干预可缩短造血干细胞移植术后并发胃肠道 GVHD 患者的腹痛、腹泻持续时间、缩短住院时间、改善患者不良情绪、提高患者对于护理的满意度。

PO-2319

单中心异基因造血干细胞移植术后临床特征及植活时间危险因素分析

梁国豪、张茜

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 通过整理单中心异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 患者的临床资料, 分析患者移植术后急性移植物抗宿主病 (aGVHD) 和术后感染的临床特征, 粒细胞、血小板植活时间和多项危险因素。为临床观察与用药提供重要依据。

方法 收集 2019 年 1 月至 2022 年 12 月期间于联勤保障部队第九四〇医院血液科接受 allo-HSCT 的 92 例患者临床资料, 采用统计学方法分析患者数据。

结果 移植前患者性别、年龄、供受者 ABO 血型关系、供受者性别差异、移植前是否合并感染等方面的差异无统计学意义 ($P > 0.05$)。92 例患者中 44 例发生 aGVHD, aGVHD 的发生率为 48.83%, 总计发生 66 次 aGVHD, 皮肤型 37 次 (56.06%), 胃肠道型 18 次 (27.27%), 肝脏型 4 次 (6.06%), 肺脏型 3 次 (4.55%), 口腔型 2 次 (3.03%)。患者中 59 例发生移植术后感染, 感染的发生率为 64.13%, 总计发生 85 次术后感染, 细菌型 69 次 (81.12%), 真菌型 16 次 (18.82%); 感染发生部位在肺脏 54 次 (63.53%)、口腔 14 次 (16.47%)、胃肠道 10 次 (11.76%)、其余部位 7 次 (8.24%)。allo-HSCT 术后粒细胞植活时间平均值 16.64 天, 95%CI[15.84,17.24]; 血小板植活时间平均值 18.08 天, 95%CI[16.99,19.14]。

结论 1. allo-HSCT 术后 aGVHD 的发生较为常见, 以皮肤型多见。

2. allo-HSCT 术后感染类型以细菌感染为主, 感染部位以肺脏多见。

3. allo-HSCT 术后粒细胞植活平均时间为 16.64 天, 95%CI[15.84,17.24], 血小板植活平均时间为 18.08 天, 95%CI[16.99,19.14]。

PO-2320

儿童异基因造血干细胞移植后可逆性后部脑病综合症的临床分析

李佐峰、熊昊

华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院

目的 总结儿童异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 后可逆性后部脑病综合征 (posterior reversible encephalopathy syndrome, PRES) 的临床特征及预后。

方法 回顾性分析在武汉儿童医院血液内科行接受 allo-HSCT 后发生 PRES 的 6 例患儿临床资料, 对其临床特性、影像学特点、治疗转归及长期预后等进行总结。

结果 2016 年 6 月-2022 年 12 月共有 281 例患儿接受 allo-HSCT, 其中 6 例 (2.14%) 发生 PRES, 中位年龄 5.1 (1.5-9.7) 岁。4 例接受亲缘单倍体供者移植, 2 例分别接受同胞全相合及无关供者全相合供者移植。6 例患儿均为急性起病, 临床表现以恶心呕吐、癫痫发作、精神障碍、视力障碍为主, 5 例均伴血压升高。所有 PRES 患儿发作期间均接受口服免疫抑制剂药物治疗, 3 例次合并不同程度 GVHD, 经调整/停用可疑药物 (环孢素等) 及对症支持处理 (口服降压药、地西泮静推止痉、甘露醇降颅压) 后大部分患儿临床症状和影像学均有效改善, 其中 1 例于首次发作 8 月余后复发。

结论 儿童造血干细胞移植后发生 PRES 少见, 其发病可能与高血压、细胞毒性药物、GVHD 等因素相关, 经积极治疗大部分可恢复, 但不完全可逆, 合并 TMA 者预后差。

PO-2321

Haploidentical hematopoietic stem cell transplantation as first-line therapy for aplastic anemia in children: A single-center experience

Zuofeng Li, Hao Xiong

Wuhan Children's Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, China

Objective HID-HSCT is considered a viable treatment option for children with AA who do not have a suitable identical donor or an unrelated donor, but there are not enough studies on how it fares in comparison to with stem cells from MSD-HSCT and UD-HSCT.

Methods This study compared the outcomes of three ways as the first-line treatment for children with AA. Between August 2016 and June 2023, 85 pediatric patients with AA who had undergone HSCT at Wuhan Children's Hospital were included. The outcomes compared were post-transplant hematopoietic reconstruction and the occurrence of GVHD, HBP, TMA and other complications, as well as the 6-year OS and GFFS.

Results We retrospectively compared the outcomes of 85 pediatric patients who underwent HID-HSCT (n = 41), MSD-HSCT (n = 10), and UD-HSCT (n = 34). In three groups, the cumulative rate of neutrophil and platelet implantation was 100%, 97.6%, and 97.1%, respectively; aGVHD, 20.0%, 26.8%, and 33.4%, respectively (P = 0.3987); cGVHD, 20.0%, 17.03%, and 11.77%, respectively (P = 0.5354). The estimated 6-year OS of the groups was 85.7%, 80.0%, and 97.1%, respectively (P = 0.1922). In the univariate and multivariate analyses, the survival outcome for the entire population was adversely associated with TMA (P = 0.040), but was not related to other factors. In summary, there were no statistically significant differences in terms of hematopoietic reconstruction and prognosis between the three transplantation methodologies.

Conclusion Thus, for individuals without HLA-matched siblings or unrelated donors, HID-HSCT might be a practical and promising primary treatment option.

PO-2322

The Effect of ABO Blood Group Incompatibility on Hematopoietic Stem Cell Transplantation in Children with Aplastic Anemia

Zuofeng Li, Hao Xiong

Wuhan Children's Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology, China

Objective The influence of ABO incompatibility on transplant results in juvenile aplastic anemia (SAA) children receiving hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) is debated, and no published data are available.

Methods This study involved 85 children with AA who received hematopoietic stem cell transplants from donors who were ABO-compatible (n = 38), major ABO-incompatible (n = 17), minor ABO-incompatible (n = 21), and bi-directionally incompatible (n = 9).

Results Except for a statistical difference in acute graft-versus-host disease (aGVHD), the four groups did not have significantly different chronic GVHD, overall survival, and neutrophil and platelet implantation rates, and no pure red cell aplasia or passenger lymphocyte syndrome.

Conclusion Therefore, we inferred that ABO blood group-incompatible donors do not significantly affect HSCT outcomes and are not a barrier.

PO-2323

已妊娠女性供体可能是低剂量抗胸腺细胞球蛋白联合低剂量移植后环磷酰胺方案预防单倍体外周血干细胞移植后移植物抗宿主病的最佳供体

李星颖^{1,2}、蔡宇^{1,2}、杨隽^{1,2}、黄崇媚^{1,2}、许晓巍^{1,2}、邱慧颖^{1,2}、牛家华^{1,2}、周琨^{1,2}、张莹^{1,2}、夏新新^{1,2}、魏昱^{1,2}、沈畅^{1,2}、童茵^{1,2}、董宝侠^{1,2}、万理萍^{1,2}、宋献民^{1,2}

1. 上海交通大学医学院附属第一人民医院
2. 上海细胞治疗临床转化工程技术研究中心

目的 单倍体造血干细胞移植(haplo-HSCT)在很大程度上解决了供体不足的问题, 而其供体选择是多种多样的, 最佳供体对于接受 haplo-HSCT 患者的生存至关重要。抗胸腺细胞球蛋白(ATG)和移植后环磷酰胺(PTCy)在 haplo-HSCT 预防移植物抗宿主病(GVHD)方面具有良好的效果, 进一步研究基于 ATG 和 PTCy 联合方案为基础的 GVHD 预防方案中不同单倍型相合供体对移植结果的影响以及最佳供体选择具有重要的临床价值。

方法 将在本中心接受低剂量 ATG/PTCy 预防 GVHD 的 haplo-PBSCT 患者进行了一项回顾性研究。

结果 本研究共纳入 262 例患者, 按照供体的不同, 分为年轻男性供体组(年龄<30 岁, n=74)、未妊娠女性供体组(n=25)、年长男性供体组(年龄≥30 岁, n=117)和已妊娠女性供体组(n=46)。移植后 180 天内 II-IV 度急性 GVHD 累积发生率 11.45% (95% CI, 7.95%-15.65%), 移植后 2 年中度及重度慢性 GVHD 累积发生率 19.04% (95% CI, 14.38%-24.22%)。在多因素分析中, 已妊娠女性供体组具有增加 II-IV 度急性 GVHD 的趋势 (HR, 3.32, 95% CI, 0.99-11.10; P=0.051), 并且能够显著降低累积复发率 (HR, 0.14, 95% CI, 0.03-0.63; P=0.010)。在已妊娠女性供体组中, 2 年 OS 和 RFS 均为 73.37% (95% CI, 61.49%-87.54%), 与其他供体组相比较高。

结论 不同类别的单倍型供体对基于低剂量 ATG/PTCy 预防 GVHD 方案的 haplo-PBSCT 生存没有影响, 已妊娠女性供体可能降低复发率, 改善生存, 仍有待于进一步明确。

PO-2324

BMI 对健康供者外周血造血干细胞动员的影响

梁秀丽、朱静静、韩丽、石雪东、汪书淇、李振宇、徐开林、程海
徐州医科大学附属医院

目的 探讨体重指数 (Body Mass Index, BMI) 对造血干细胞动员效率的影响。

方法 回顾性分析 2011 年 1 月-2022 年 9 月于徐州医科大学附属医院行外周血造血干细胞动员的健康供者 (以下简称供者) 的临床资料。根据 BMI 中国标准将供者分为正常体重 (BMI<24、超重 (24≤BMI<28) 和肥胖 (BMI≥28) 3 组。动态监测外周血白细胞计数、中性粒细胞计数、CD34+ 细胞比例及计数, 应用两组独立样本的非参数检验、卡方检验对数据进行分析。

结果 158 例供者的中位年龄为 36 (18-65) 岁, 其中 18-39、40-49、50-59 和 ≥60 岁的供者分别为 68.4%、24.1%、6.3% 和 1.3%; 男性 102 名 (64.6%), 女性 56 名 (35.4%)。正常体重、超重和肥胖组分别为 68、56 和 34 例。采集单个核细胞计数 (Mononuclear Cell, MNC): 正常体重组 8.55 (3.50-19.30)×10⁶/kg, 超重组 9.15 (3.73-26.20)×10⁶/kg, 肥胖组 9.79 (4.14-30.90)×10⁶/kg, 3 组数据两两比较差异无统计学意义 (P=0.598)。采集 CD34+ 细胞数: 正常体

重组 4.56 (1.44-11.47)×10⁶/kg, 超重组 4.66 (2.27-12.60)×10⁶/kg, 超重组 5.27 (1.48-13.48)×10⁶/kg, 3 组数据两两比较差异无统计学意义 (P=0.496)。

结论 BMI 对造血干细胞动员效率无明显影响。

PO-2325

血浆生物标记物水平与儿童异基因造血干细胞移植术后的临床相关性研究

杨微、朱光华、秦茂权、贾晨光、王彬
首都医科大学附属北京儿童医院

目的 研究血浆生物标记物(可溶性生长刺激表达基因 2、胰岛再生衍生因子 3 α 、肿瘤坏死因子受体 1、白细胞介素 6、白细胞介素 8)水平变化与儿童异基因造血干细胞移植术后急性移植物抗宿主病(aGVHD)、移植相关血栓性微血管病变(TA-TMA)、移植后病毒感染的临床相关性,以期对 aGVHD、TA-TMA、移植后病毒感染的早期识别、鉴别诊断、预测治疗效果提供可靠的检测指标。

方法 收集我院自 2019 年 6 月 1 日至 2023 年 7 月 1 日行异基因造血干细胞移植术并采集血浆生物标记物标本的儿童检测指标,共计 157 例患者,采集患儿临床怀疑急性移植物抗宿主病发生时的外周血,采用 Luminex 方法检测血清 sST2、Reg3 α 、TNFR1、IL-6、IL-8 水平。利用 EBMT-NIH-CIBMTR 分级标准对儿童移植术后的 aGVHD 进行评估分级,利用《造血干细胞移植相关血栓性微血管病诊断和治疗中国专家共识》对 TA-TMA 进行诊断,利用荧光 PCR 方法检测移植术后患儿 EB 病毒、CMV 病毒、BK 病毒的核酸定量。

结果 ①在 157 例患儿中,未发生急性移植物抗宿主病 42 例,发生急性移植物抗宿主病有 115 例,其中 I 度 aGVHD 32 例,II 度 aGVHD 40 例,III 度 aGVHD 19 例,IV 度 aGVHD 24 例,1-4 度 aGVHD 中合并 TA-TMA 35 例,1-4 度 aGVHD 中合并病毒感染 67 例;②aGVHD 组发生点的 sST2 水平高于无 aGVHD 组,差异有显著性意义(P < 0.05)。III-IV 度 aGVHD 组的 sST2、Reg3 α 、TNFR1 的水平明显高于 I-II 度 aGVHD 组,差异均有显著性意义(P < 0.05)。与无肠道 aGVHD 组相比,肠道 aGVHD 组 sST2 水平显著增加(P < 0.05)。I-IV 度 aGVHD 合并 EB 病毒感染组,IL-8 水平高于 I-IV 度 aGVHD 不合并 EB 病毒感染组(P < 0.05)。I-IV 度 aGVHD 中合并 CMV 病毒、BK 病毒感染组与非感染组,血浆生物标记物水平无差异(P > 0.05)。aGVHD 组与 TA-TMA 组之间,sST2、Reg3 α 、TNFR1、IL-6、IL-8 均无显著差异(P > 0.05)。③在所有 aGVHD 患者中,与激素敏感组相比,激素耐药组的 sST2、Reg3 α 水平呈上升趋势。

结论 移植后 sST2 水平升高提示 aGVHD 的发生,sST2、Reg3 α 、TNFR1 的水平有助于评估 aGVHD 的严重程度,有助于分层诊疗,同时 sST2、Reg3 α 水平的升高,也提示患儿有激素耐药可能。合并 EB 病毒感染的 aGVHD 患儿,IL-8 的水平高于未合并者。aGVHD 组与 TA-TMA 组的血浆生物标记物水平无明显差异,血浆生物标记物的水平不能对二者的诊断起到特异性鉴别作用,特别是急性移植物抗宿主病中合并便血、血小板、血红蛋白下降的患者易于与 TA-TMA 在临床诊断上造成混淆,需寻求其他特异性指标以资鉴别。

PO-2326

儿童异基因造血干细胞移植术后病毒感染的临床分析

唐素洁、熊昊

华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院

目的 研究分析异基因造血干细胞移植术后巨细胞病毒及 EB 病毒感染患儿的临床资料, 探讨发生病毒感染的危险因素, 对巨细胞病毒病及 EB 病毒相关淋巴增殖性疾病 (Epstein-Barr virus-related post-transplant lymphoproliferative disorders, EBV-PTLD) 的发生率、发生时间、感染部位、诊疗以及预后等情况进行分析, 为儿童异基因造血干细胞移植术后病毒感染的诊疗提供临床参考。

方法 回顾性分析 2016 年 8 月至 2022 年 6 月在武汉儿童医院血液科接受异基因造血干细胞移植 (Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT) 共 263 例患儿的相关临床资料。

结果 共 113 例发生巨细胞病毒 (Cytomegalovirus, CMV) 感染, 发生率为 42.97%, 总体生存率为 80.00%。CMV 感染时初次监测到的病毒核酸载量拷贝数中位数为 5.49×10^4 ($6.70 \times 10^2 \sim 7.70 \times 10^6$) 拷贝数/ml。初次发生 CMV 病的外周血 CMV-DNA 载量中位拷贝数为 1.09×10^4 ($1.09 \times 10^3 \sim 3.07 \times 10^7$) 拷贝数/ml。共有 109 例发生 EB 病毒 (Epstein-Barr virus, EBV) 感染, 发生率为 41.44%, 总体生存率为 82.19%。有 7 例发生 EBV-PTLD, 发生率为 2.66%; EBV 感染时初次监测到的病毒核酸载量中位拷贝数为 4.33×10^4 ($5.42 \times 10^2 \sim 7.74 \times 10^6$) 拷贝数/ml。发生 EBV-PTLD 时病毒核酸载量峰值中位拷贝数为 8.51×10^5 ($1.49 \times 10^4 \sim 7.74 \times 10^6$) 拷贝数/ml。

结论 移植后 EBV-PTLD 及 CMV 病发生率不高, 但预后差、进展迅速, 通过早期监测, 并采取积极的预防与治疗措施, 可以明显降低移植后 EBV 及 CMV 相关病死率, 并提高移植后患儿的生存率; 及时的监测移植后患儿外周血病毒核酸载量, 当外周血病毒核酸持续阳性且大于等于 104 拷贝数/ml 时, 开启抢先治疗可以降低 EBV-PTLD 及 CMV 病的发生率。

PO-2327

The clinical influence of complete remission with incomplete count recovery (CRi) on single-unit umbilical cord blood transplantation in patients with acute leukemia

Yue Wu, Xiaoyu Zhu, Guangyu Sun, Yaxin Cheng, Baolin Tang, Kaidi Song

Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of USTC

Objective Recent evidence has indicated that measurable residual disease (MRD) markedly affects the prognosis of patients with acute leukemia post-transplantation. However, the prognostic relevance of complete remission with incomplete count recovery (CRi) before transplantation has not been extensively explored.

Methods In this single-center, longitudinal study, we assessed the outcomes of 466 MRD-negative acute leukemia patients who underwent single-unit unrelated cord blood transplantation (sUCBT), including 117 patients with CRi.

Results We observed that acute myeloid leukemia (AML) patients with CRi had a significantly lower cumulative incidence of both neutrophil (90.8% vs. 96.5%) and platelet engraftment (67.2% vs. 85.3%) and experienced increased transplant-related mortality (TRM) (100-day TRM: 14.2% vs. 5.3%; 5-year TRM: 22.1% vs. 11.3%; $P = 0.024$ and 0.034 , respectively) compared to those in complete remission (CR). Multivariate analysis revealed that CRi was an independent adverse predictor of both neutrophil and platelet engraftment and increased 5-year TRM in AML patients. However, CRi status did not affect relapse or reduce 5-year overall survival (OS), leukemia-free survival (LFS), or GVHD-free relapse-free survival (GRFS) in the AML cohort. Conversely, for

patients with acute lymphoblastic leukemia (ALL), CRi did not impact engraftment, TRM, relapse or survival after sUCBT.

Conclusion Our findings underscore that CRi status before sUCBT portends poorer engraftment outcomes and a greater TRM in AML patients, although it does not significantly affect the prognosis of ALL patients.

PO-2328

Ruxolitinib plus basiliximab therapy for steroid-refractory acute graft-versus-host disease in unrelated cord blood transplantation: a large-scale study

Yue Wu, Xiaoyu Zhu, Guangyu Sun, Baolin Tang, Kaidi Song

Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of USTC, Division of Life Sciences and Medicine, University of Science and Technology of China, Hefei, China

Objective Steroid-refractory (SR) acute graft-versus-host disease (aGVHD) is a major cause of mortality after allogeneic stem cell transplantation (allo-HSCT). We aimed to evaluate the effectiveness and safety of ruxolitinib plus basiliximab for treating SR-aGVHD after unrelated cord blood transplantation (UCBT).

Methods Among the 1154 patients with hematological malignancies who underwent UCBT between February 2014 and May 2022, 198 patients with grade II to IV SR-aGVHD were enrolled, 112 of whom were treated with basiliximab alone (basiliximab group) and 86 of whom received basiliximab plus ruxolitinib (combined therapy group).

Results The combined therapy group demonstrated a significantly higher complete response rate (CRR) on day 28 (36.0%) than did the basiliximab group (12.5%, $P < 0.001$). SR-aGVHD patients were further stratified into standard-risk and high-risk groups using the refined Minnesota aGVHD risk score. For standard-risk patients, combined therapy significantly improved the CRR (51.1% versus 13.6%, $P < 0.001$) and 3-year overall survival (74.5% versus 52.4%, $P = 0.033$). However, high-risk patients did not exhibit the same benefits.

Conclusion Compared with basiliximab monotherapy, ruxolitinib plus basiliximab therapy was an effective therapy for patients with standard-risk SR-aGVHD following UCBT. The effectiveness of combined therapy in high-risk patients was not apparent, indicating the need for other treatments.

PO-2329

AI 提升造血干细胞移植患者疼痛管理自我效能的创新应用

何业艳、陈小丽、张曦

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探索 AI 技术在提升造血干细胞移植 (HSCT) 患者疼痛自我管理效能及生活质量方面的应用效果。

方法 本研究选取某直辖市某三甲医院 2023 年 06 月至 2024 年 3 月治疗的 616 例 HSCT 患者。随机分为对照组和研究组，对照组接受常规治疗，研究组辅以 AI 虚拟护理助手，通过自然语言处理技术提供个性化健康评估、实时疼痛管理建议及心理支持。对比两组在疼痛控制、自我效能、自我护理能力、焦虑、生活质量及并发症发生率的差异。

结果 引入 AI 虚拟护理助手后，研究组在疼痛视觉模拟评分 (VAS) 和焦虑症状评分量表 (SAS) 上均表现出显著降低趋势，而生活质量量表 (SF-36) 评分得到显著提升 ($P < 0.05$)。此外，研究

组在自我效能感量表（GSES）和自我护理力量表（ESCA）上的得分也显著超过了对照组（ $P < 0.05$ ），且并发症的总发生率有显著下降（ $P < 0.05$ ）。

结论 AI 虚拟护理助手作为一种非侵入式护理工具，通过提供动态的健康评估和实时的支持，有效地提升了 HSCT 患者的自我效能和自我护理能力。其减轻了患者的痛苦和焦虑，降低了并发症的风险，并显著改善了患者的生活质量。这一创新技术的应用不仅优化了传统的慢性病管理流程，也为未来的临床护理实践提供了新的方向。

PO-2330

Large-Scale Mediator MR Analysis Identifies Multiple Immune Cells Mediating the Causal Link Between Gut Microbes and Chronic Graft-Versus-Host Disease Risk

Yiyin Chen^{1,2}, Xinghao Yu^{1,2}, Yiming Cai^{1,2}, Zhou Jin^{1,2}, Yang Xu^{1,2}

1. Jiangsu Institute of Hematology, National Clinical Research Center for Hematologic Diseases, The First Affiliated Hospital of Soochow University
2. Institute of Blood and Marrow Transplantation, Collaborative Innovation Center of Hematology, Soochow University

Objective Disorders of gut microbiota and immune cells have been observed to involve in the occurrence of chronic graft-versus-host disease (cGVHD), but their causal connections have yet to be fully understood. The aim was to explore the causal effects of specific gut microbial taxa and immune traits on the incidence of cGVHD, employing mediation analysis to identify which immune traits might mediate the effects of microbiota on this condition.

Methods The study utilized Mendelian randomization (MR), integrating genome-wide association study (GWAS) meta-analyses from the MiBioGen consortium (microbial taxa), the SardiNIA project (immune traits), and disease data from the FHCRC cohort to investigate their complex relationships.

Results Main analysis observed significant causal associations of three specific microbial taxa with cGVHD after multiple tests adjustment: *Lactococcus*.id.1851 (OR = 1.989, 95% CI = 1.311 ~ 3.019, $P = 0.001$), *Ruminiclostridium*9.id.11357 (OR = 3.273, 95% CI = 1.604 ~ 6.679, $P = 0.001$), and *Intestinimonas*.id.2062 (OR = 0.400, 95% CI = 0.230 ~ 0.697, $P = 0.001$). Complex sensitivity analysis and multivariable MR analysis ruled out possible horizontal pleiotropy and bias. Additionally, after multiple tests adjustment, 10 immune traits (FDR $q < 0.1$), predominantly covering Tregs and B cells, were identified as influencing cGVHD risk. The two-step mediation MR analysis presented the effect of identified microbial taxa on Tregs and B cells and detailed the pathways through which *Intestinimonas* impacts cGVHD via CD27 on memory B cells (Proportion mediated = 4.2%). Similarly, the role of interactions between *Ruminiclostridium*9 and effector memory double-negative (EM DN; CD4⁻ CD8⁻) T cells in mediating cGVHD was quantified, accounting for 9.5% of the total effect.

Conclusion In conclusion, this MR study highlighted the critical interplay between specific microbial taxa and immune cells in cGVHD development, offering insights into potential therapeutic targets and pathways for disease management.

PO-2331

Epstein-Barr virus reactivation after haplo-peripheral blood stem cell transplantation in patients with hematological malignancies: immune reconstitution and influence on survival

Ling Ma¹, Ying Zhang¹, Ting Wang², Yu Cai¹, Jun Yang¹, Yin Tong¹, Chongmei Huang¹, Huiying Qiu¹, Kun Zhou¹, Xiaowei Xu¹, Jiahua Niu¹, Chang Shen¹, Xinxin Xia¹, Yu Wei¹, Jie Shao¹, Min Yang¹, Jingjing Cao¹, Xianmin Song¹, Liping Wan¹

1. Shanghai General Hospital

2. Zhongshan Hospital Qingpu Branch, Fudan University

Objective To compare immune reconstitution and survival between patients with and without EBV reactivation after haplo-identical hematopoietic stem cell transplantation (Haplo-HSCT).

Methods All patients aged 18 to 60 years old, diagnosed with hematological malignancies and underwent haplo-HSCT in our center from January 2018 to December 2021 were enrolled the study. The risk factors for EBV reactivation after Haplo-HSCT were analyzed by Logistic regression analyses, and the prediction model was established using R software. The model was tested and appraised. Generalized linear mixed model was used to determine the influence of EBV reactivation on post-transplantation immune reconstitution. Kaplan-Meier was used to analyze overall survival and log-rank test was used to compare the significance of differences.

Results After a median of 58 days posttransplant, 176 patients (54.6%) had EBV reactivation, but only five patients developed post-transplant lymphoproliferative disorder (PTLD). Logistics multivariate analysis showed EBV IgA-negative donor, cytomegalovirus (CMV) reactivation, and graft-versus-host disease (GVHD) prophylaxis with anti-thymocyte globulin (ATG) were independent risk factors of EBV reactivation. Then a risk factor prediction model for EBV reactivation after transplantation was established based on the multivariate regression. The results were visually demonstrated as a nomogram, and the model proved to be of good differentiation, calibration, and clinical utility. As for immune reconstitution after transplantation, a significantly higher number of CD3+ T cells, CD8+ T cells, CD16+CD56+ natural killer (NK) cells, and CD8+CD45RO+ memory T cells were observed in patients with EBV reactivation within one year after haplo-HSCT. The analysis based on the generalized linear mixed model showed dramatic improvements in the reconstitution of CD8+CD45RO+ memory T cells and CD8+CD28+ T cells of the EBV reactivated group. There was no statistical difference in OS($p=0.26$), RFS($p=0.72$), GRFS($p=0.44$), CIR (Gray's test $P=0.72$), and TRM (Gray's test $P=0.066$) between patients with and without EBV reactivation.

Conclusion Our study showed EBV IgA-negative donor, CMV reactivation, and GVHD prophylaxis with ATG were independent risk factors of EBV reactivation. Posttransplant EBV reactivation had no significant influence on the outcomes of patients, but its impact on immune reconstitution might be complicated. The predictive model based on the study could direct our attention toward patients at high risk of EBV reactivation.

PO-2332

现代移植技术结合移植前状态改善提高了青少年与成人重型地中海贫血移植结果

廖建云¹、卜朝可¹、何兰¹、何钜坚¹、张维维¹、周彦凤¹、吕博¹、师文欠¹、夏玉倩¹、何岳林¹、冯晓勤²、吴学东²、李春富¹

1. 东莞台心医院
2. 南方医科大学南方医院

目的 探讨青少年及成人重型地中海贫血患者移植总生存率、无地中海贫血生存率及移植术后并发症的情况。

方法 1、回顾性分析 2011 年 1 月 1 日至 2023 年 12 月 27 日于春富血液研究院造血干细胞移植 69 例青少年与成人重型地中海贫血患者的临床资料。男:女为 46:23, 青少年 (14-17 岁) 54 例, 成人 (18-29 岁) 15 例, 中位随访时间 671 天 (65 天-4521 天)。按人类白细胞抗原 (Human Leucocyte Antigen, HLA) 配型相合度分组, 分为 4 组, 同胞全相合组 (MSD 组) 13 例, 无关全相合组 (MUD 组) 16 例, 半相合亲缘供者组 (Haplo 组) 21 例, TCR $\alpha\beta$ -T 细胞清除造血干细胞移植组 (TDH 组) 19 例。2、移植前 1 年高频输血, 血红蛋白保持在 100-120g/L, 同时加强排铁治疗, 移植前血清铁蛋白 (SF) \leq 3500ng/mL, 移植前磁共振成像肝铁沉积 \geq 2.7ms 以上, 心脏铁沉积 \geq 14ms, 心脏彩超射血分数 \geq 60%, 移植前脾脏增大达到平脐部位, 建议行切脾手术。3、MSD 和 MUD 移植预处理方案采用 NF-08-TM 方案, Haplo 组使用移植后环磷酰胺预防移植物抗宿主病。为促进植入, TDH 组采用移植前及移植后 2 次供者淋巴细胞输注的方法提高植入率。患者如未找到合适全相合供者, 同时合并供者特异性抗体, 选择 Haplo 组方案移植, 无 DSA 抗体选择 TDH 组移植。

结果 69 例患者总体存活率 94.6%, 无地中海贫血生存率 93.2%, 移植相关死亡率 5.4%, 3 例患者死亡, 分别为 MUD 组及 Haplo 组各 1 例因合并血栓性微血管病死亡, 1 例 Haplo 组死于新冠病毒感染。TDH 组 1 例植入失败, 其 3 组全部患者均成功植入, 植入失败率 1.4%, aGVHD 发生率 15.94%, cGVHD 发生率 4.35%。

结论 年长地贫患者做好移植前护理, 针对患者不同特点选择不同的预处理方案, 现代造血干细胞移植技术能有效提高青少年与成人重型地中海贫血的成功率。

PO-2333

抗 HLA 抗体对骨髓增生异常综合征异基因造血干细胞移植预后的影响

谢甜甜、郭荣
郑州大学第一附属医院

目的 本研究旨在探讨 MDS 患者中抗 HLA 抗体阳性的危险因素, 深入了解抗 HLA 抗体在 MDS 患者 allo-HSCT 中的影响。从而指导临床及时发现抗 HLA 抗体阳性高风险患者并采取相应措施, 为个性化治疗提供依据, 改善患者预后。

方法 本研究回顾性收集自 2016 年 12 月 1 日到 2023 年 9 月 1 日于郑州大学第一附属医院接受抗 HLA 抗体筛查和 allo-HSCT 的 MDS 患者 94 例, 其中抗 HLA 抗体阳性组 50 例, 阴性组 44 例。移植前后动态监测抗 HLA 抗体。通过比较两组的一般临床资料, 研究 MDS 患者抗 HLA 抗体阳性的影响因素。根据患者移植前临床特点和移植后生存及并发症情况, 分析抗 HLA 抗体对 MDS 患者造血干细胞移植后 aGVHD、cGVHD、植入失败/不良 (GF/PGF)、移植相关血栓性微血管病 (TA-

TMA)等并发症及长期生存(OS、DFS)的影响。

结果 本研究共纳入 94 例患者,其中男性 57 例,女性 37 例。抗 HLA 抗体阳性率在有无妊娠史的患者之间有显著统计学差异($P=0.022$)。抗 HLA 抗体阳性组和阴性组死亡率具有显著统计学差异($P=0.018$)。抗 HLA 抗体持续阳性、阳性转阴性和持续阴性三组之间死亡率($P=0.043$)存在统计学差异,TA-TMA 发生率($P=0.083$)未达到统计学显著水平,但存在差异。女性是抗 HLA 抗体阳性的独立危险因素($P=0.018$);CD34+细胞计数 $<4.0\times 10^6/\text{kg}$ 是 GF/PGF 的独立危险因素($P=0.024$);半相合移植($P=0.030$)、IPSS-R 预后分层极低危/低危($P=0.005$)是 MDS 患者发生 aGVHD 的独立危险因素;IPSS-M 分层高危($P=0.010$)是 MDS 移植患者 OS 的独立危险因素;抗 HLA 抗体阳性($P=0.063$)患者 OS 较差,但二者相关性未达显著水平。两组 OS($P=0.017$)和 DFS($P=0.017$)的差异具有显著统计学意义。阳性组中女性患者和男性患者在 OS($P=0.041$)和 DFS($P=0.033$)上也存在显著统计学差异。对抗 HLA 抗体持续阳性组、阳性转阴性组以及持续阴性组进行生存分析,三组之间 OS($P=0.022$)和 DFS($P=0.025$)具有显著统计学差异。抗 HLA 阳性组与阴性组在 GVHD 累积发生风险($P=0.037$)上存在显著的统计学差异。

结论 1. MDS 患者中女性患者是抗 HLA 抗体阳性的高风险群体。

2.在接受 allo-HSCT 的 MDS 患者中,抗 HLA 抗体阳性组的长期生存情况较差,特别是女性群体。此外,抗 HLA 抗体持续阳性患者长期生存状况比阳性转阴性组及持续阴性组差。

3.接受半相合移植或 IPSS-R 预后分层极低危/低危的 MDS 患者发生 aGVHD 风险更高。抗 HLA 抗体阳性组与阴性组之间在 GVHD 累积发生风险上存在显著的统计学差异。

4.抗 HLA 抗体阳性患者 TA-TMA 的累积发生风险呈现高于阴性组的趋势。

PO-2334

异基因造血干细胞移植治疗 ASXL1 突变的急性髓系白血病的疗效分析

石雅洁、谢新生
郑州大学第一附属医院

目的 总结 ASXL1 突变的 AML 患者的临床特征及基因突变特点,探讨 allo-HSCT 治疗该类患者的疗效并分析影响移植疗效的因素。

方法 收集 2019 年至 2022 年我院收治的 122 例 ASXL1 突变的 AML 患者的临床资料,总结临床特征及基因突变特征,将中高危组 90 例 AML 患者根据是否接受 allo-HSCT 分为移植组(42 例)与化疗组(48 例),比较两组患者 3 年 OS 及 DFS,分析影响 ASXL1 突变的 AML 移植患者预后的不良因素。

结果 1. 临床特征分析:122 例 ASXL1 突变的 AML 患者,男性 65 例,女性 57 例,中位年龄 48 (14-81)岁,初诊时中位白细胞计数 $12.05 (0.63-238)\times 10^9/\text{L}$,中位外周血原幼细胞比例 38 (0-94)%,骨髓原幼细胞比例为 55.5 (20.5-94)%。移植组与化疗组在性别、年龄、初诊时血细胞计数、FAB 分型等临床基线的比较上差异无统计学意义。

2. 突变特征分析:122 例 ASXL1 突变的 AML 患者中移码突变 65 例,错义突变 40 例,无义突变 17 例。ASXL1 中位变异频率为 45.91%,高 VAF 组患者初诊时外周血原幼细胞比例高于低 VAF 组($P=0.042$)。ASXL1 常见的共突变基因为 TET2、NRAS、CEBPA、U2AF1、FLT3-ITD、DNMT3A。

3. 生存分析:122 例患者中位随访时间为 32.65 (3.5-56.17)个月,死亡率为 38.5%,复发率为 31.1%,移植组复发率显著低于化疗组,差异具有统计学意义(14.3% vs 35.4% $P=0.029$)。移植组 3 年 OS 率及 DFS 率高于化疗组,差异有统计学意义(OS:63.2% vs 35.2% $p=0.044$ DFS:61.3% vs 33.7% $p=0.041$)。针对 42 例移植患者,发生 aGVHD 的患者 3 年 OS 率、DFS 率较未发生 aGVHD 患者低,两组间差异有统计学意义(OS:44.9% vs 80%

p=0.004 DFS:44% vs 75.6% p=0.011)。

4. 预后影响因素分析：在单因素分析中发现移植年龄>50岁、初诊时白细胞计数、移植后有无aGVHD与预后相关(P<0.05)。对单因素分析筛选出的变量纳入COX多因素分析，结果提示移植年龄>50岁、移植后有aGVHD是影响患者OS、DFS的独立危险因素。

结论 1. ASXL1突变高VAF患者初诊时外周血原幼细胞比例高。

2. 异基因造血干细胞移植可改善ASXL1突变的AML患者预后。

3. 移植年龄>50岁及移植后发生aGVHD是影响ASXL1突变的AML移植患者疗效的不良预后因素。

PO-2335

Efficacy of Letermovir Prophylaxis in Preventing CMV Infection Following Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation: A Comparative Observational Study.

梦阳 朱

郑州大学第一附属医院

Objective This observational study aims to evaluate the effectiveness and safety of using letermovir for the prevention of CMV infection following allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT).

Methods In this observational registry study, we evaluated the outcomes of allogeneic hematopoietic stem cell transplantation patients who were administered letermovir for CMV infection prevention from September 2023 to March 2024. These outcomes were compared with those of patients who received ganciclovir for the same purpose from January 2020 to March 2024. The patients in the letermovir group were categorized into high-risk and standard-risk groups based on CMV infection risk factors, with letermovir prophylaxis starting respectively on +1 day and between +7 to +14 days after hematopoietic stem cell infusion. Conversely, all patients in the ganciclovir group had received ganciclovir solution prior to hematopoietic stem cell infusion, without using letermovir or any other antiviral treatment. The primary outcome was the presence of clinically significant CMV infections within 100 days post-transplant, specifically measuring the proportion of patients with CMV viremia and CMV disease in the main effective population. Secondary outcomes included measuring the overall survival rate, non-relapse mortality rate, relapse rate, and GVHD incidence rate at 30, 100, and 180 days post-transplant.

Results Of the 392 eligible patients, 113 received letermovir prophylaxis and 279 were administered ganciclovir prophylaxis and included in this analysis. After an average follow-up of 100 days, the letermovir-treated group demonstrated a significantly lower risk of CMV viremia than the ganciclovir group (7.1% vs. 23.7%; hazard ratio 4.58; 95% CI 2.38-8.79; P<0.001). Similarly, the risk of CMV disease was also reduced (1.8% vs. 2.5%; hazard ratio 2.24; 95% CI 0.71-6.98; P<0.001). In the observed annual survival rates, no statistically significant difference was found (86.7% vs. 89.2%; hazard ratio 1.26; 95% CI, 0.75-2.11; P=0.91). Additionally, the incidence of GVHD was also lower (12.4% vs. 22.6%; hazard ratio 1.22; 95% CI 0.77-1.97; P=0.32). The common side effects are generally mild, primarily consisting of gastrointestinal reactions, where vomiting was the most common adverse event. Vomiting occurred in 26% of patients treated with letermovir, compared to 19% of those treated with ganciclovir. In addition, in the letermovir group, 7.1% developed refractory CMV viremia, compared to 13.5% in the ganciclovir group; a condition that may be related to letermovir resistance stemming from genetic mutations or certain clinical factors.

Conclusion The prognosis for patients with CMV infection following allo-HSCT remains poor. In this contemporary clinical practice registry study, we determined that initiating letermovir prophylaxis was significantly more effective than ganciclovir in preventing CMV infection.

Compared to previous antiviral regimens, letermovir more effectively decreased the incidence of CMV viremia and CMV disease, subsequently enhancing the overall prognosis.

PO-2336

异基因造血干细胞移植后合并巨细胞病毒肺炎的临床分析

张素平

郑州大学第一附属医院

目的 目的:分析异基因造血干细胞移植后巨细胞病毒(CMV)肺炎的临床特点.

方法 方法:回顾性分析 2019 年 1 月 1 日至 2022 年 10 月 31 日在郑州大学第一附属医院接受异基因造血干细胞移植后并发 CMV 肺炎的 29 例患者的临床资料.

结果 结果:29 例中,确诊 1 例,临床诊断 16 例,拟诊 12 例.18 例(62.1%)治疗有效,11 例(37.9%)无效.无效组合并其他病原微生物感染($P = 0.001$)、移植物抗宿主病($P = 0.005$)及接受有创通气($P = 0.018$)患者比例大于有效组.

结论 结论:异基因造血干细胞移植后合并 CMV 肺炎确诊困难,治疗有效率低,需尽早明确诊断,尽早治疗.

PO-2337

异基因造血干细胞移植后化脓性髋关节炎两例

张素平

郑州大学第一附属医院

目的 通过分享两例患者的治疗,移植科医师能尽早识别造血干细胞移植罕见并发症化脓性关节炎,并积极治疗。

方法 报道本中心两例急性髓系白血病 allo-HSCT 后并发化脓性髋关节炎患者的诊治过程。

结果 两例患者经骨科手术治疗联合敏感抗菌药物应用后治愈。

结论 化脓性关节炎是 allo-HSCT 后罕见的并发症,患者以关节疼痛、活动受限为主要首发表现,进展期会伴发热、炎症指标明显增高以及脓毒症表现。移植后化脓性本文中两例患者关节疼痛、活动受限均是主要症状。在 allo-HSCT 后患者长期应用免疫抑制剂,如出现单一关节疼痛、活动受限时,除考虑缺血性骨坏死,应高度警惕化脓性关节炎的可能,尽早请有经验的关节科医生会诊,考虑化脓性关节炎时应尽早穿刺明确诊断,并尽快手术治疗,可缩短患者住院时间,减轻患者痛苦,改善预后。

PO-2338

Successfully treatment with double unrelated umbilical cord blood transplantation in a donor specific antigen positive adult patient with very severe aplastic anemia: A Case Report and Review

Meng Lu

Affiliated People's Hospital of Jiangsu University

Objective To overcome the cell-dose barrier of cord blood, double unrelated UCB transplantation (UCBT) has been increasingly used in adults with severe aplastic anemia (SAA). Pre-existing donor specific anti-HLA antibody (DSA) has been identified as a risk factor of GF. Desensitization therapy should be conducted to reduce circulating DSA levels to reduce the risk of GF.

Methods This report describes a woman with acquired SAA who presented with pre-transplantation anti-HLA antibodies. Desensitization with rituximab, intravenous immunoglobulin (IVIG) and plasma exchange (PE) was performed before transplantation with a conditioning regimen of fludarabine (FLU, 30 mg/m² for 6 days) and cyclophosphamide (Cy, 50 mg/kg/d for 4 days).

Results DSA titers were significantly reduced, and the patient was successfully treated with double unrelated UCBT. At present, complete remission (CR) status has been maintained for over a year after UCBT with no significant graft-vs-host disease (GVHD).

Conclusion Based on our experience in treating this case, We consider that Double unrelated UCBT is now recommended for adult SAA if cell doses of single Unit UCB are inadequate; Monitoring and reduction of DSA levels before and after UCBT is an efficient way to reduce the risk of GF.

PO-2339

强化免疫抑制治疗与替代供者造血干细胞移植治疗极重型再生障碍性贫血的多中心回顾性临床研究

付安蝶¹、陈苗²、黄丽芳¹、程平³、吴佳颖¹、朱晓健¹、徐金环¹、杨漾¹、王娜¹、徐斌¹、曹阳¹、孟凡凯¹、张东华¹、张义成¹

1. 华中科技大学同济医学院附属同济医院

2. 北京协和医院

3. 武汉市第一人民医院

目的 比较强化免疫抑制治疗 (IST) 与替代供者造血干细胞移植 (AD-HSCT) 治疗极重型再生障碍性贫血 (VSAA) 患者的临床疗效与转归, 探讨 VSAA 患者生存及预后的影响因素。

方法 回顾性分析从 2012 年到 2023 年于华中科技大学同济医学院附属同济医院、北京协和医院和武汉市第一人民医院接受不同治疗方案的 VSAA 患者的临床资料。比较接受 IST 和 AD-HSCT 的 VSAA 患者的治疗后的疗效, 总体生存率 (OS) 率、无失败生存率 (FFS) 率、治疗相关死亡率、造血重建等临床指标。

结果 共纳入 223 例 VSAA 患者, 其中 152 例患者接受 IST, 71 例患者接受 AD-HSCT。AD-HSCT 组患者与 IST 组患者相比在治疗后第 3 个月、6 个月和 12 个月均具有更高比例的造血恢复 ($P<0.001$ 、 $P=0.005$ 和 $P=0.001$)。在随访终点, IST 组和 AD-HSCT 组分别有 87 (57.24%) 例、62 (87.32%) 例患者达到了完全缓解 (CR) ($P<0.001$)。在总体生存预后方面, AD-HSCT 组的 5 年 OS 率和 5 年 FFS 均显著优于 IST 组, 为 85.47% vs. 70.30%, $P=0.040$ 和 82.21% vs.

45.32%, $P=0.001$ 。单因素和多因素分析结果显示, 年龄 <40 岁和 AD-HSCT 作为治疗选择分别是影响患者 OS 和 FFS 的独立保护因素($P=0.033$ 和 $P=0.004$)。患者治疗疗效的独立保护因素是 AD-HSCT 作为治疗选择、年龄 <40 岁和 2018 年以后接受治疗 ($P=0.001$ 、 $P=0.023$ 和 $P=0.045$)。将所有的患者分为两个年龄级别 (<40 岁和 ≥ 40 岁) 进行亚组分析, 结果显示, 在年龄 <40 岁患者中, AD-HSCT 组和 IST 组两组患者的 5 年 OS 率相当, 分别为 87.00%和 75.54%, $P=0.204$ 。AD-HSCT 组的 5 年 FFS 率好于 IST 组, 分别为 82.84%和 49.83%, $P=0.001$ 。在年龄 ≥ 40 岁的患者中, AD-HSCT 组和 IST 组两组患者的 5 年 OS 率分别为 80.14%和 60.86%, $P=0.285$ 。两组患者的 5 年 FFS 率分别为 80.14%和 39.42%, $P=0.030$ 。在 PSM 队列中, AD-HSCT 组 ($n=40$) 和 IST 组 ($n=40$) 的 5 年 OS 率相当, 分别为 88.79%和 71.59%, $P=0.336$ 。但是 AD-HSCT 组的 5 年 FFS 率显著优于 IST 组, 分别为 83.06%和 55.45%, $P=0.033$ 。多因素分析无影响 PSM 队列患者 OS 和 FFS 的独立保护因素, AD-HSCT 作为治疗选择和年龄 <40 岁是影响患者治疗疗效的独立保护因素 ($P=0.009$ 和 $P=0.019$)。

结论 相较于 IST, AD-HSCT 治疗 VSAA 可以在短期内完成造血重建, 疗效好, 移植相关死亡率低, 有长期生存优势。

PO-2340

Selinexor Combined with Helical Tomotherapy as a Conditioning Regimen for Relapsed/Refractory Extramedullary Multiple Myeloma by Haploidentical Haematopoietic Stem Cell Transplantation: A Case Report and a Review of the Contemporary Literature

Bin Chen^{1,2,3,4}, Rong-rong Guo^{1,2,3,4}, Yan-yan Niu^{1,2,3,4}, Wei Guo^{1,2,3,4}, Tao Wang^{1,2,3,4}

1. Third Hospital of Shanxi Medical University

2. Shanxi Bethune Hospital

3. Shanxi Academy of Medical Sciences

4. Tongji Shanxi Hospital

Objective The study is to explore an effective treatment for relapsed/refractory multiple myeloma (RRMM) and extramedullary multiple myeloma (EMM), which are challenging conditions for patients with multiple myeloma (MM) post-disease progression. The aim is to improve the efficacy of allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) by finding a safer and more effective conditioning regimen.

Methods The study reports a case of EMM involving multiple sites, including the breast, supraclavicular region, mediastinum, and pleural effusion. The patient was unresponsive to standard treatments with a proteasome inhibitor (PI), immunomodulatory drugs (IMiDs), and a monoclonal antibody targeting CD38. Consequently, the patient was recommended to undergo haploidentical hematopoietic stem cell transplantation as a salvage treatment. The conditioning regimen for allo-HSCT primarily utilized selinexor and helical tomotherapy.

Results Following the allo-HSCT with the specified conditioning regimen, the patient achieved a complete response and experienced a long-term disease-free survival period of 11 months.

Conclusion The case study suggests positive implications for future research on RRMM and EMM. The use of selinexor and helical tomotherapy in the conditioning regimen for allo-HSCT appears to be promising, leading to a complete response and prolonged disease-free survival in the patient. The authors express hope that more cases can be included in allo-HSCT in the future, potentially offering a more effective treatment option for patients with RRMM and EMM.

PO-2341

不同环孢素应用方式对重型再生障碍性贫血患者 异基因干细胞移植急性移植物抗宿主病的影响分析

郭伟、赵雅倩、马梁明、王涛
山西白求恩医院

目的 分析不同环孢素的应用方式对重型再生障碍性贫血（Severe Aplastic Anaemia, SAA）患者异基因干细胞移植（allogeneic stem cell transplantation, allo-HSCT）后急性移植物抗宿主病（acute graft-versus-host disease, aGVHD）的疗效影响。

方法 回顾分析 63 例 SAA 患者，所有患者均在 allo-HSCT 后合并 aGVHD，25 例接受传统环孢素预防的患者为 T1 组（移植后患者的胃肠功能恢复正常后，环孢素静脉注射改为口服应用），38 例接受延迟口服环孢素静脉注射方案的患者为 T2 组（连续静脉注射环孢素直至+50 d，然后改为口服环孢素方案）。分析不同环孢素应用方式后 aGVHD 的发生率、环孢素导致的药物不良反应、出现 aGVHD 的危险因素、环孢素平均浓度、总生存期（overall survival time, OS）的差异。

结果 两组间 II-IV 级 aGVHD 的发生率有显著差异（T1 组和 T2 组，64.0% vs 36.8%， $P = 0.032$ ）。对于 HLA 不全相合（HLA-mismatched-related donor, HLA-MMRD）移植，II-IV 级 aGVHD 的发生率也有显著差异（T1 组 vs T2 组，56.0% vs 18.4%， $P = 0.001$ ）。T1 方案和 HLA-MMRD 是 II-IV 级 aGVHD 发生率的重要独立危险因素。两组之间的 OS 有显著差异（T1 组和 T2 组，68.9% 和 89.5%，HR: 2.526, 95% CI 1.131-5.638, $P=0.039$ ）。

结论 延迟口服环孢素方案可能是降低 SAA 患者 aGVHD 发生率的有效方式。

PO-2342

Recombinant human coagulation factor VIIa combined with glacial-norepinephrine jejunal tube perfusion for severe gastrointestinal bleeding caused by aGVHD after Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation: a case report and literature review

Wei GUO, Tao Wang
Third Hospital of Shanxi Medical University Shanxi Bethune Hospital

Objective The report is to explore the use of recombinant human coagulation Factor VII (rFVIIa) as a treatment for gastrointestinal bleeding caused by acute graft-versus-host disease (aGVHD) after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation. The study aims to provide insights into managing a situation with no authoritative conclusion on the best hemostatic plan, given the rapid development and poor prognosis of this complication.

Methods The case described involves a patient with aGVHD who experienced persistent gastrointestinal bleeding after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation. The patient was initially treated with conventional hemostatic therapy, which failed to control the bleeding. Subsequently, the patient was treated with rFVIIa and ice norepinephrine (NE) injected into a jejunal nutrition tube as an off-label treatment.

Results The treatment with rFVIIa and ice NE was successful in managing the persistent gastrointestinal bleeding in the patient with aGVHD. This approach was used after conventional hemostatic therapy had failed, indicating that rFVIIa and NE could be effective in such cases.

Conclusion The successful treatment of the patient's gastrointestinal bleeding with rFVIIa and ice NE suggests that this combination may offer a potential solution for similar situations in the future. Although rFVIIa is commonly used for other bleeding conditions and has shown good hemostatic performance, its use in treating aGVHD-related gastrointestinal bleeding is off-label. The case report provides valuable experience that could aid in the management of aGVHD complications post-transplantation.

PO-2343

Comparative study on the effect of different infusion frequencies of umbilical cord-derived mesenchymal stem cells on severe acute graft-versus-host disease after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation

Bin Chen^{1,2,3,4}, Rong-rong Guo^{1,2,3,4}, Liang-Ming Ma^{1,2,3,4}, Wei Guo^{1,2,3,4}, Tao Wang^{1,2,3,4}

1. Third Hospital of Shanxi Medical University

2. Shanxi Bethune Hospital

3. Shanxi Academy of Medical Sciences

4. Tongji Shanxi Hospital

Objective Acute graft-versus-host disease (aGVHD) is an important complication after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) that may lead to transplant failure or lead to increase in non-relapse mortality. In this study, we intend to identify the efficacy of different infusion frequencies of umbilical cord-derived mesenchymal stem cells (MSCs) in severe aGVHD. The therapeutic effects of mesenchymal stem cells on aGVHD in different organs were also compared.

Methods Comparative analysis of the efficacy and prognosis of MSC therapy once a week and three times a week in grade III to IV aGVHD patients with reference to immune indicators of lymphocyte subsets and regulatory T cells (Tregs) at different times.

Results A total of 43 patients with severe aGVHD who received MSC therapy (once a week group: n=25; three times a week group: n=18) were enrolled in this retrospective study. The ORR and CR rates in the three times a week group were both significantly higher than those in the once-a-week group (ORR: 77.8% vs. 48.0%, P=0.033; CR: 55.6% vs. 20.0%, P=0.017). For patients with grade III-IV aGVHD of the gastrointestinal tract (GI), the efficacy of three times-a-week therapy was also significantly higher than that of once-a-week therapy (ORR: 73.3% vs. 35.0%, P=0.019). The median value and the median time for CD3+CD8+ T cells to drop to the lowest point in the three-times-a-week group were all significantly lower than those in the weekly therapy group (weekly vs. three times: 52.09% versus 21.16%, P=0.017; 21 days versus 10 days, P=0.028). The 2-year probability of OS after MSC treatment was 47.4% and 78.1% for the once-a-week and three-times-a-week groups, respectively (P=0.037).

Conclusion For severe aGVHD patients, the efficacy of the thrice-weekly regimen of MSCs was significantly higher than that of the once-weekly regimen. In-depth research for expanding on the findings is worthwhile.

PO-2344

Using T-lymphocyte subsets at engraftment to predict the risk of acute graft versus host disease in patients with thalassemia major: development of a new predictive nomogram

Hongwen Xiao, Gaohui Yang, Rongrong Liu, Yongrong Lai
The First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

Objective Acute graft-versus-host disease (aGvHD) is the primary cause of mortality following allogeneic hematopoietic cell transplantation (HCT). This study aimed to predict the risk of aGvHD after HCT in patients with thalassemia major (TM) using a novel predictive nomogram.

Methods We performed retrospective analyses on 407 consecutive thalassemia patients who underwent HCT. Risk factors for aGvHD were analyzed using Cox proportional regression models. T lymphocyte subsets were collected from 240 patients at the time of neutrophil engraftment. LASSO regression was utilized to screen the indices, with cut-off values established through restricted cubic spline (RCS) regression. The predictive model was developed by integrating these T lymphocyte subsets with clinical features, aiming to enhance the accuracy of aGvHD risk prediction.

Results Among 402 thalassemia patients analyzed post-transplantation, significant independent risk factors for aGvHD included matched unrelated donors, haploid related donors, peripheral blood stem cell infusions, and donor age over 40 years. Our RCS analysis indicated a marked increase in aGvHD risk when CD4+T cell counts exceeded 36 cells/ μ l and CD8+T cell counts exceeded 43 cells/ μ l during neutrophil engraftment. The integration of T lymphocyte subsets with clinical features into a Cox regression model demonstrated strong predictive performance for assessing aGvHD risk.

Conclusion This study presents a novel model designed to predict aGvHD in thalassemia patients post-transplantation by utilizing T-lymphocyte data at the time of engraftment. The model facilitates the creation of personalized treatment plans, aiming to minimize the incidence of aGvHD and improve patient outcomes.

PO-2345

造血干细胞移植患者失眠的原因分析及护理对策

王晶

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 分析影响造血干细胞移植患者失眠的原因，并采取有效的护理对策。

方法 通过发放自制的失眠影响因素调查问卷，对 2022 年 3 月-2023 年 10 月在我科行造血干细胞移植的 50 例患者的睡眠质量进行调查，并分析原因，制定相应的护理对策。

结果 50 例造血干细胞移植患者中有 40 例存在睡眠障碍，失眠发生率为 80%，造血干细胞移植患者失眠原因主要体现在：病房风机噪音、化疗副作用、存在孤独感、经济负担、移植效果及并发症、移植对以后生活的影响等方面，其中以化疗副作用、移植效果及并发症对患者影响程度是最大的，根据以上原因制定了相应的护理对策，来帮助患者顺利完成造血干细胞移植治疗。

结论 通过分析造血干细胞移植患者的失眠原因，并开展有效的护理对策后，使患者失眠发生率从 80% 普遍下降到 30%，从而显著提高了患者的睡眠质量，进一步促进了造血干细胞移植患者的康复。

PO-2346

LncRNA NEAT1 通过调控 JNK 通路 促进 M1 巨噬细胞极化调控 aGVHD 的发生

王莉¹、黄珍莉¹、姜中兴¹、夏凌辉²、张然¹

1. 郑州大学第一附属医院

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 主要探索 LncRNA NEAT1 影响巨噬细胞极化参与 aGVHD 的具体机制

方法 1.收集在 allo-HSCT 后发生与未发生 aGVHD 患者 PBMCs, RT-qPCR 检测 LncRNA NEAT1 基因水平, ROC 分析 LncRNA NEAT1 在 aGVHD 中的诊断价值。

2. LPS (100ng/ml) 刺激经 siNEAT1 及阴性对照转染的 BMDMs, 此外根据不同的处理方式将未转染的 BMDMs 设置 3 组:空白组(PBS+DMSO)、LPS 组(DMSO+100ng/ml LPS)、LPS+JNK 抑制剂组 (100ng/ml LPS+JNK 抑制剂, 20nmol/ml), RT-qPCR 检测 LncRNA NEAT1、iNOS 基因水平, Western Blot 检测 iNOS、p-JNK、JNK 蛋白水平改变, 流式细胞术检测 M1、M2 极化状况, ELISA 检测细胞因子分泌水平。

3.构建 BM、aGVHD、aGVHD+JNK 抑制剂三组 (JNK 抑制剂, 每只小鼠 20mg/kg) 小鼠模型, HE 染色观察小鼠脏器病理变化, 组织免疫荧光检测肝脏中 M1、M2 浸润比例, 流式细胞术检测脾脏中 M1、M2 比例, ELISA 检测小鼠血清中细胞因子分泌水平。

结果 1.与移植后非 aGVHD 患者相比, LncRNA NEAT1 在 aGVHD 患者 PBMCs 中基因明显上调, ROC 和 AUC 分析证实 LncRNA NEAT1 基因表达水平与 aGVHD 发生存在相关性。

2.敲低 LncRNA NEAT1 可明显下调 BMDMs 中 iNOS 基因及 iNOS、p-JNK 蛋白表达, 降低 M1、升高 M2 比例, 降低 TNF- α 和 IL-1 β 、升高 IL-10 细胞因子水平。与 LPS 组相比, JNK 抑制剂明显下调 iNOS 基因及 iNOS、p-JNK 蛋白表达, 降低 TNF- α 和 IL-1 β 、升高 IL-10 细胞因子水平。

3.JNK 抑制剂可延长 aGVHD 小鼠生存时间, 减轻 aGVHD 小鼠临床症状及脏器病理评分, 降低 aGVHD 小鼠肝脾中 M1、升高 M2 比例, 降低 aGVHD 小鼠血清中 TNF- α 和 IL-1 β 、升高 IL-10 细胞因子水平。

结论 LncRNA NEAT1 可能通过激活 JNK 通路促进巨噬细胞 M1 极化与炎症细胞因子的分泌进而调控 aGVHD 反应。

PO-2347

激活 PPAR δ 促进骨髓血管内皮祖细胞的造血支持能力

梁密、吕中石、张圆圆、唐菽谦、刑通、陈育红、王昱、江倩、许兰平、张晓辉、黄晓军、孔圆

北京大学人民医院

目的 植入功能不良 (PGF) 是异基因造血干细胞移植的严重并发症, 是移植失败的重要原因之一。本团队系列工作揭示, 骨髓血管内皮祖细胞 (EPCs) 损伤所致的造血干细胞功能异常是导致 PGF 的重要原因之一, 但是, 骨髓 EPCs 损伤, 特别是其造血支持能力损伤的分子机制及其调控策略仍是亟待解决的重要科学问题。近年研究发现, 过氧化物酶体增殖物激活受体 δ (PPAR δ) 作为经典的调节细胞能量代谢的关键转录因子, 能够调节多种疾病状态下的内皮细胞功能障碍。然而, PPAR δ 是否参与调控骨髓 EPCs 数量和功能, 特别是骨髓 EPCs 的造血调控能力, 尚未见报道。因此, 本研究拟探讨: 1.PPAR δ 在骨髓 EPCs 在损伤中的作用和机制; 2.纠正 PPAR δ 异常是否可以修复受损的骨髓 EPCs, 促进造血恢复。

方法 首先, 为明确骨髓 EPCs 中是否存在 PPAR δ 表达异常, 我们开展了前瞻性临床病例配对研究, 纳入了异基因造血干细胞移植后 PGF 患者以及临床特征相匹配的植入功能良好患者 (GGF) 和健

康供者（HD），通过流式细胞术检测其骨髓 EPCs 中 PPAR δ 的表达水平。另外，为研究 PPAR δ 对于骨髓 EPCs 的作用，我们先后对 HD 来源骨髓 EPCs 中的 PPAR δ 进行了敲低和过表达处理，并检测其凋亡水平、迁移能力、成管能力、双染能力及其造血支持能力。进一步，为明确激活 PPAR δ 对于骨髓 EPCs 的修复作用，我们先后建立了骨髓 EPCs 体外损伤模型、化疗所致骨髓造血损伤的小鼠模型，然后用 PPAR δ 激动剂 GW501516 进行干预。同时，我们对 PGF 患者、急性白血病化疗后完全缓解患者的骨髓 EPCs 进行了 GW501516 的疗效观察。最后，我们应用 RNA 干扰、RNA 测序等实验技术，对 PPAR δ 导致骨髓 EPCs 损伤的机制进行了探究。

结果 我们发现，与 GGF 患者和 HD 相比，PPAR δ 在 PGF 患者的骨髓 EPCs 中异常低表达。PPAR δ 敲低会导致骨髓 EPCs 数量和功能损伤，特别是造血支持能力损伤，PPAR δ 过表达能够逆转因 PPAR δ 敲低引起的骨髓 EPCs 的损伤。另外，通过体外实验和小鼠实验发现，激活 PPAR δ 可以修复化疗所致的骨髓 EPCs 功能损伤，促进化疗后造血恢复。进一步，本研究发现激活 PPAR δ 可以修复 PGF 和化疗患者的骨髓 EPCs 损伤，改善其造血支持能力。关于 PPAR δ 导致骨髓 EPCs 损伤的机制，我们发现 PPAR δ 通过介导活性氧（ROS）生成酶 NOXs 的表达上调导致骨髓 EPCs 的 ROS 水平升高，进而导致骨髓 EPCs 氧化应激损伤。此外，PPAR δ 可能通过激活 ROS/p53 通路导致骨髓 EPCs 的损伤。

结论 本研究首次发现 PPAR δ 异常是骨髓 EPCs 损伤及其造血支持能力下降的新机制。激活 PPAR δ 可以修复化疗和移植后造血重建不良患者的骨髓 EPCs 损伤，改善其造血支持能力。因此，调控骨髓 EPCs 的 PPAR δ 有望成为造血重建不良患者潜在的治疗新靶点。

PO-2348

造血干细胞移植相关的免疫效应细胞相关神经毒性综合征

王春静、王晓东、张瑜、周小辉、张倩、李越、杨春兰、刘四喜
深圳市儿童医院

目的 报道一例重型地中海贫血患儿于深圳市儿童医院行异基因造血干细胞移植过程中出现的神经系统并发症，诊断为免疫效应细胞相关神经毒性综合征，并复习相关文献。

方法 一例 15 岁男性患儿，诊断为 β 地中海贫血（重型 CD41-42 纯合子），2023 年 10 月 30 日接受胞妹（5/10 HLA）外周血造血干细胞移植术。

结果 结果 该患儿于异基因造血干细胞移植干细胞输注后第四天出现尖叫、惊恐、胡言乱语，幻觉，情绪低落、睡眠障碍的表现，结合脑脊液及脑部 MRI 等检查诊断为免疫效应细胞相关神经毒性综合征。

结论 免疫效应细胞相关神经毒性综合征（ICANS）不仅是嵌合抗原受体 T 细胞（CAR-T）免疫疗法的常见不良反应，同样可见于异基因造血干细胞移植过程，旨在提高临床医务工作者对造血干细胞移植过程中神经系统毒副反应的发生有新的认识，从而做到有效预防和治疗。同时需要多中心更多的临床病例资料形成系统的认识。

PO-2349

Multiple small-dose infusions of G-CSF-mobilized haploidentical lymphocytes after autologous haematopoietic stem cell transplantation for acute myeloid leukaemia

Fei Yang
河南省肿瘤医院

Objective This study utilized G-CSF-mobilized HLA-haploidentical lymphocytes for post-ASCT maintenance therapy in AML patients to evaluate its potential to prevent primary disease relapse.

Methods For AML patients intended for G-CSF-mobilized haploidentical lymphocyte infusion, the procedure was initiated after successful haematopoietic system reconstruction and when platelets exceeded $40 \times 10^9/L$. Treatment was administered at least every three months for the first year, totalling 4-6 sessions. Subsequent sessions were determined based on patient preference and the remaining stored cell quantity. For patients with non-infused lymphocyte maintenance therapy, the maintenance treatment plan was determined according to the patient's condition after transplantation.

Results In the intermediate-risk group, the 4-year OS (91.6% vs. 50.8% and 91.6% vs. 52.3%, $P = 0.007$ and $P = 0.004$) and DFS (88.2% vs. 44.4% and 88.2% vs 59.4%, $P = 0.001$ and $P = 0.010$) was significantly higher in the lymphocyte maintenance therapy group compared to the non-lymphocyte maintenance therapy group and the no-maintenance therapy group. In the intermediate-risk group, the lymphocyte maintenance therapy group showed a significantly lower relapse rate compared to the non-lymphocyte maintenance therapy group and the no-maintenance therapy group (10.3% vs. 55.6% vs. 38.1%, $P = 0.011$).

Conclusion Multiple small-dose infusions of G-CSF-mobilized haploidentical lymphocytes may represent a promising therapy for intermediate-risk AML patients post-ASCT. Further study may help establish standardized post-transplant maintenance treatment protocols, improve outcomes for AML patients, and offer safer and more effective therapies for this challenging malignancy.

PO-2350

“宣教先行”在预防异基因造血干细胞移植后并发出血性膀胱炎中的应用

王创琦、王茜
上海市第一人民医院

目的 观察“宣教先行”健康教育模式在预防异基因造血干细胞移植 (allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT) 后并发出血性膀胱炎 (hemorrhagic cystitis, HC) 的应用效果。

方法 97 例在我院行 allo-HSCT 的血液病患者随机分为对照组 (n=49) 和观察组 (n=48), 观察组在移植前采取“宣教先行”模式, 针对性为患者移植期间水化进行 HC 预防健康教育, 对照组采取常规移植前宣教。比较两组患者 HC 发生率、饮水依从性、饮水合格率、护理满意度。

结果 观察组 HC 发生率 16.3% 低于对照组 2.1% ($P < 0.05$), 观察组的饮水依从性、饮水合格率、护理满意度均高于对照组 ($P < 0.05$)。

结论 “宣教先行”健康教育模式可提高患者饮水依从性、饮水合格率、护理满意度, 显著降低 allo-HSCT 后 HC 发生率, 值得临床上推广。

PO-2351

Clinical characteristics and outcomes of overt gastrointestinal bleeding in children undergoing haploidentical hematopoietic stem cell transplantation: a single-center retrospective analysis

Shanshan Qi, Hao Xiong
Wuhan Children's Hospital

Objective Overt gastrointestinal bleeding (GIB) is a potentially serious and life-threatening condition in patients undergoing allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). However, relatively little information is available regarding overt GIB in children. This study aim to assess the prevalence, clinical patterns, and outcomes of overt GIB in children undergoing haploidentical hematopoietic stem cell transplantation (haplo-HSCT).

Methods A total of 123 consecutive patients with malignant or non-malignant blood disorders who received haplo-HSCT were reviewed in our hospital between October 2017 and October 2022. Overt GIB was determined as hematemesis, melena or hematochezia. Continuous variables were compared by Mann Whitney U test. Categorical parameters were compared by the χ^2 test or Fisher's exact test. Kaplan-Meier curves and log-rank tests were used to assess overall survival (OS), non-relapse mortality (NRM) and relapse. Univariate and multivariate analyses were performed to identify potential risk factors of overt GIB development.

Results The median follow-up was 26.3 (range, 1.7–74.8) months. Overt GIB occurred in 31 patients (25.2% incidence), with a median time elapsed after haplo-HSCT of 41 days (range, 5–289 days). Compared with the non-GIB group, patients with overt GIB had reduced OS and increased NRM. In multivariate analysis, grade III–IV acute graft versus-host disease (aGvHD), thrombotic microangiopathy (TMA) and cytomegalovirus (CMV) viremia were significant risk factors for the occurrence of overt GIB after haplo-HSCT.

Conclusion Overt GIB is a frequent complication after haplo-HSCT in pediatric patients, and associated with worse survival. Grade III–IV aGvHD, TMA and CMV viremia were associated with its development.

PO-2352

MSCs 促进 SAA 患者 Allo-HSCT 术后的造血和免疫重建

陈达兵^{1,3}、许晶晶^{1,3}、朱浩杰^{1,3}、孔晖^{1,3}、胡建达^{2,3}、杨婷^{1,3}

1. 国家区域医疗中心 | 复旦大学附属华山医院福建医院、福建医科大学附属第一医院，滨海院区，血液科&血液移植中心
2. 福建医科大学附属第二医院
3. 福建医科大学精准医学研究院

目的 异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 是治疗重症再生障碍性贫血 (SAA) 的主要治疗方法。移植患者常因长期反复化疗、感染或移植物抗宿主病等导致体内免疫抑制功能逐渐被破坏，表现为体内淋巴细胞活化释放大量炎症因子，引起组织损伤。间充质干细胞 (MSCs) 因其强大的免疫调节和抗炎特性而备受关注。因此本研究旨在探讨 MSCs 促进 SAA 患者移植后造血重建的作用及机制，进一步探究其应对移植后炎性环境下的免疫调控机制。

方法 通过多中心回顾性研究调查 MSCs 与 allo-HSCT 共移植对 SAA 患者预后的影响。比较分析 allo-HSCT 术后 GvHD 的发生率、移植相关并发症和总生存率 (OS)。探讨 MSCs 在体内外对造血重建和免疫调节的影响。利用 TFN- γ 和 TNF- α 模拟体内炎性环境。通过 MSCs 及 CD34+ 人造血

干细胞（HSC）的体外共培养及集落形成实验分析 MSCs 在炎性条件下的辅助恢复造血功能。应用流式细胞术分析 MSCs 对淋巴细胞增殖、分化以及同种异体 T 细胞免疫反应的调控作用。在人源化 PBMC 移植小鼠模型基础上，评估 MSCs 对其生存预后及造血重建的影响。

结果 临床结果显示，MSCs 与骨髓和外周血来源的造血干细胞共同移植可显著提高生存率。体外研究发现，MSCs 在炎症环境中抑制淋巴细胞增殖活化同时抑制同种异体 T 细胞免疫反应。此外，MSCs 还能增强 Treg 细胞的表达、造血干细胞的增殖和集落的形成。动物实验进一步支持了这一发现，通过人源化 PBMC 移植小鼠模型，证实 MSCs 在炎性环境下辅助小鼠造血和免疫重建，主要表现为炎症反应减少，生存延长，体重上升及细胞植入时间缩短。

结论 通过临床分析、体外细胞学实验和动物模型，揭示了 MSCs 在炎性环境下依旧能够促进移植后造血重建，并具有较好的免疫调控作用。对于 SAA 患者，MSCs 与 allo-HSCT 联合治疗可能是一种有前景的治疗方法，值得进一步深入研究。

PO-2353

间充质干细胞（MSC）重建移植后免疫增强抗 CMV 的作用研究

陈达兵^{1,3}、许晶晶^{1,3}、叶辰婧^{1,3}、孙佳齐^{1,3}、朱浩杰^{1,3}、孔晖^{1,3}、胡建达^{2,3}、杨婷^{1,3}

1. 国家区域医疗中心 | 复旦大学附属华山医院福建医院、福建医科大学附属第一医院，滨海院区，血液科&血液移植中心

2. 福建医科大学附属第二医院

3. 福建医科大学精准医学研究院

目的 移植后巨细胞病毒（CMV）感染/再激活是移植失败和患者死亡的重要原因，现有的治疗手段十分有限。本研究基于人源化 PBMC 移植小鼠模型和 CMV 感染疾病模型，旨在探讨 MSC 对移植免疫重建的作用及机制，进一步探究其激发 CMV 特异性免疫应答和发挥稳定抗 CMV 的作用，并建立治疗优化策略。

方法 构建人源化 PBMC 移植小鼠模型和 CMV 感染疾病模型，观察 MSC 对移植免疫重建的疗效和抗 CMV 的作用，评估其对小鼠生存预后的影响。应用活体成像分析 MSC 在小鼠体内富集情况，RT-qPCR 检测 CMV-DNA 和 miRNA 水平。通过血细胞计数仪检测小鼠外周血常规，流式细胞术鉴定免疫细胞重建和细胞因子表达情况。

结果 成功构建了人源化 PBMC 移植小鼠模型和 CMV 感染疾病模型，小鼠具备完善的人类免疫系统。MSC 回输后主要在肺部富集，2 小时后归巢并在体内持续存在 7 天。CMV 感染后，MSC 共输注小鼠表现出较低的 CMV-DNA 和 miRNA 水平。此外，接受 MSC 治疗的小鼠具有较好的造血系统和免疫系统功能重建，其外周嵌合度高于仅接受 PBMC 移植的小鼠，且生存情况和体重改变都更为优异。

结论 通过动物实验模型，揭示了 MSC 能够促进移植后免疫重建，进而发挥抗 CMV 的作用。对于移植后 CMV 感染/再激活的患者，MSC 可能是一种有前景的治疗方法，值得进一步深入研究。

PO-2354

发热性中性粒细胞减少阻碍化疗动员及增加自体移植感染风险

乾虎¹、王鑫炜²、彭娟¹、赵洁³、贺少龙³、赵瑾⁴、郭佳琪³、方玥琨¹、孟凡凯¹、曹阳¹、黄丽芳^{1,3}、魏俊妮²、马梁明³、苏丽萍⁴、田卫伟^{2,3}、张义成^{1,5}、隗佳^{1,3}

1. 华中科技大学同济医学院附属同济医院血液科

2. 山西医科大学公共卫生学院

3. 山西医科大学附属山西白求恩医院血液科

4. 山西省肿瘤医院血液科

5. 器官移植教育部重点实验室，国家卫生健康委员会器官移植重点实验室，中国医学科学院器官移植重点实验室

目的 本研究旨在评估化疗动员期间发热性中性粒细胞减少症(febrile neutropenia, FN)对多发性骨髓瘤(multiple myeloma, MM)/淋巴瘤患者外周血 CD34+干细胞采集效率及其自体造血干细胞移植(autologous stem cell transplantation, ASCT)后感染风险的影响。

方法 这项来自武汉同济医院、山西白求恩医院和山西省肿瘤医院的多中心回顾性研究纳入 2017 年 1 月至 2023 年 10 月行 ASCT 治疗的 256 例 MM 或淋巴瘤患者。所有患者接受化疗联合 G-CSF 的动员方案。本研究使用 Graphpad Prism 9.0 软件， $P < 0.05$ 被认为有统计学差异。

结果 患者根据动员期间中是否有 FN 分为 FN 和 Non-FN 两组，FN 组有 73 (28.52%) 例患者。两组 CD34+ 细胞计数中位数无显著差异($6.63 \times 10^6/\text{kg}$ vs. $7.23 \times 10^6/\text{kg}$, $P = 0.33$)。但 FN 组优质动员频率低于 Non-FN 组(42.46% vs. 60.66%, $P = 0.01$)。单因素分析显示，术前放疗($P = 0.01$)和 FN($P = 0.03$)是影响优质动员的重要因素。多因素分析进一步提示，动员时出现 FN 是影响优质动员的独立危险因素($OR = 1.90$, 95% CI = 1.07-3.38, $P = 0.03$)。亚组分析显示，FN 显著影响 MM 患者的动员效率($P < 0.01$)，而对淋巴瘤患者无显著影响($P = 0.76$)。75.78% 的患者出现移植后感染，两组间感染率无统计学差异(83.56% vs. 72.68%, $P = 0.07$)。对于淋巴瘤患者，FN 与移植后感染风险增加有关($P = 0.03$)。

结论 FN 显著影响多发性骨髓瘤患者的干细胞动员效率，并可能增加淋巴瘤患者行 ASCT 后的感染风险。这些发现对优化 ASCT 流程和患者管理具有重要意义。

PO-2355

移植前抑郁对自体造血干细胞移植患者的影响

谭逢梅

西南医科大学附属医院

目的 探讨自体造血干细胞移植患者移植之前抑郁对移植后临床结果的影响

方法 回顾性分析我院 2021 年 01 月~2023 年 12 月收治的 116 例自体造血干细胞移植患者数据，比较移植前是否抑郁患者之间的住院天数、疲劳程度、睡眠障碍、OS 等。

结果 116 例自体造血干细胞移植患者其中 15 例移植前患有抑郁，101 例移植前无抑郁，移植前抑郁组与非抑郁组比较住院天数增加 ($P > 0.05$)、疲劳程度增加 ($P < 0.05$)、睡眠障碍发生率增加 ($P < 0.05$)、患者总生存期 OS 减少 ($P < 0.05$)。

结论 接受自体造血干细胞移植患者移植前抑郁与移植后疲劳、睡眠障碍增加有关，与患者总生存期减少相关。移植前患有抑郁患者与非抑郁患者比较更易发生移植并发症，移植后生活质量更低

PO-2356

以病人需求为导向的健康教育对造血干细胞移植病人知信行、舒适度的影响

韦莹莹

郑州大学第一附属医院

目的 探讨以病人需求为导向的健康教育在造血干细胞移植病人移植过程中的知信行及舒适度的应用效果

方法 选取 2023 年 4 月-2024 年 4 月我病区收治的 180 例造血干细胞移植病人作为研究对象，以单双号随机分组形式将其分为随机组和观察组，各 90 例，对照组给予常规护理干预，观察组在常规护理基础上实施以病人需求为导向的健康教育。比较两组的干预效果。

结果 干预后，观察组的心理、生理及环境维度评分高于对照组（ $P<0.5$ ）。干预后，观察组的认知、信念及行为维度评分均高于对照组（ $P<0.5$ ）。

结论 以病人需求为导向的健康教育有助于提高移植病人的舒适度，改善知信行，从而保证移植效果，值得推广。

PO-2357

血浆 sC5b-9 与儿童造血干细胞移植相关血栓性微血管病相关性的临床研究

罗琳琳、熊昊

华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院

目的 探讨儿童异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）后血浆人末端补体复合物 C5b-9（sC5b-9）浓度动态变化与 HSCT 相关血栓性微血管病（TA-TMA）的相关性。

方法 回顾性分析 2020 年 5 月-2022 年 5 月 74 例患儿在武汉儿童医院血液肿瘤科接受 allo-HSCT 后规律动态检测血浆 sC5b-9 浓度的临床资料。

结果 临床资料完整的 74 例患儿纳入研究。中位年龄 6（3.1-10.6）岁，42（56.7%）例为男性。原发疾病主要为再生障碍性贫血 26（35.1%）例，急性髓系白血病 23（31.1%）例以及 β 地中海贫血 9（12.1%）例。其中 17（14.7%）例患者诊断 TA-TMA，中位发病时间为移植后 83（56-120）天，其中早发型 TA-TMA 10（62.5%）例，迟发型 TA-TMA 7（37.5%）例。TA-TMA 患儿移植后 1 年 OS 为（ 34.3 ± 11.8 ）%，非 TA-TMA 患儿为（ 96.4 ± 2.5 ）%，差异有统计学意义（ $\chi^2=31.46$ ， $P<0.05$ ）。比较 TA-TMA 患儿移植前后 sC5b-9 水平显示血浆 sC5b-9 浓度与 TA-TMA 患病存在相关性（ $P<0.05$ ）。血浆 sC5b-9 浓度每提升 1ng/ml 会导致 TA-TMA 患病风险提升 1.3%。当 sC5b-9 的浓度 ≥ 344.67 ng/ml 时其鉴别效应即最大曲线下面积（AUC）为 0.934（95%CI=0.872-0.996），此时诊断 TA-TMA 敏感度为 94.1%，特异度为 89.8%。

结论 儿童 allo-HSCT 后血浆 sC5b-9 浓度与儿童 TA-TMA 发生密切相关，当血浆 sC5b-9 ≥ 344.67 ng/ml 可有助于临床诊断 TA-TMA。

PO-2358

异基因造血干细胞移植治疗 19 例 高危多发性骨髓瘤患者临床分析

沈莉菁、余凤惠、倪蓓文、路莎莎、张旻玥、侯健
上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 探讨异基因造血干细胞移植（allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT）在高危多发性骨髓瘤（multiple Myeloma, MM）治疗中的疗效及安全性。

方法 收集 2020 年 5 月至 2023 年 12 月于上海交通大学医学院附属仁济医院接受 allo-HSCT 的 19 例含复发难治在内的高危 MM 患者，分析患者移植疗效、毒副作用、死亡原因、无进展生存期（PFS）、总生存期（OS）等。

结果 19 例患者中位年龄 50 岁（28~54 岁），女性 13 例，男性 6 例，其中一线移植 12 例，挽救性移植 7 例。1 例患者 73 天死于感染，余 18 例移植后 100 天的客观反应率达 100%，完全缓解率从移植前 5.6%（1/18）提升至移植后 77.8%（14/18）（ $\chi^2=19.314$, $P<0.001$ ）；微小残留病阴性缓解率经移植后达 50.0%（9/18）（ $P=0.001$ ）。3 例（16.6%）患者出现 1~2 级皮肤急性 GVHD，4 例（21.1%）患者发生 cGVHD。1 例患者发生移植相关血栓性微血管病，3 周后治愈。2 例患者移植后出现嵌合率进行性下降，行供者淋巴细胞输注后嵌合均达完全嵌合。13 例（68.4%）患者出现巨细胞病毒血症，均治愈。中位随访时间 19.8 个月（3~49 个月），13 例生存，复发死亡 3 例，非复发死亡 3 例。5 例复发（超高危和浆细胞白血病的 1 例；挽救性移植患者 3 例，其中 2 例移植前有髓外侵犯），中位复发时间 12.7（9~26）月。1 年 PFS 率和 OS 率分别为 75.6% 和 88.8%，2 年 PFS 率和 OS 率分别为 55.0% 和 66.7%。Log-Rank 检验单因素分析显示移植前患者存在髓外侵犯的 PFS 明显低于未侵犯者（16.46 个月 vs 32.19 个月， $\chi^2=2.379$, $P=0.023$ ）。

结论 Allo-HSCT 应用于有合适供者的年轻高危患者或复发难治 MM 患者，能显著提升患者的缓解深度并转化为生存获益，但挽救性移植仍有较高的复发率。Allo-HSCT 后的治疗策略尚无共识，是否需要新药新技术的序贯治疗来防范复发需要更多的探索。

PO-2359

一例 HLA-A 新型别的鉴定

陈媛媛、孙小娇、徐海霞、孙黎、马浩然、柯蒙蒙
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 探讨 1 例 HLA-A 新等位基因，并分析其核苷酸的序列。

方法 采用 DNA 测序分型技术（Sanger 测序）对一例样本进行 HLA 分型检测，发现新型别后，采用高通量测序技术（NGS 测序）进行型别鉴定与确认。

结果 该样本一代分型结果为 02:121*，c.601 G>A 与同源性最高的 02:121* 相比，第 3 外显子 601 碱基发生 G>A 变异；NGS 分型为 02:425，且软件提示为新等位基因，进一步分析分型差异的原因。一代只检测外显子 2, 3, 4 故报出位点为 02:121*，c.601 G>A；NGS 可检测 HLA-A 全外显子，报出 02:425 是因为 IMGT/HLA 中 02:425 序列并不完整，只给出外显子 3 的型别序列，该患者的完整序列可能是新的型别。已向 GeneBank 提交完整序列并命名，得到序列号，随后向 IMGT 提交型别进行审核。

结论 通过 NGS 开展 HLA 分型，相比一代检测范围更全，研究新等位基因的序列可为 HLA 基因相关研究和应用提供信息。

PO-2360

造血干细胞移植患者营养管理质量评价指标体系的构建

杨海丽、刘敏杰

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 构建成人造血干细胞移植患者营养管理质量评价指标体系，为监测临床造血干细胞移植患者营养管理质量提供科学、客观依据。

方法 基于美国证据分析图书馆制定的营养照护过程模式，建立评价指标体系的基本框架；基于循证护理方法进行证据总结，拟定人造血干细胞移植患者营养管理质量评价指标条目池，通过焦点小组讨论确定指标的计算公式和实施细则；通过 2 轮专家咨询，最终建立造血干细胞移植患者营养管理质量评价指标体系。

结果 建立了临床造血干细胞移植患者营养管理质量评价指标体系，包括营养管理的 4 项一级指标（营养评估、营养诊断、营养干预和营养监测与评价），17 项二级指标和 55 项三级指标。两轮函询，专家积极系数分别为 93%和 96%，权威系数为 0.886 和 0.898，协调系数为 0.272 和 0.239。

结论 在标准指引下，基于循证、专家意见和临床实际情况所构建的造血干细胞移植患者营养管理质量评价指标体系具有科学性、可行性和可操作性，可作为临床造血干细胞移植患者营养护理实践和质量评价的工具。

PO-2361

造血干细胞移植膳食教育的循证护理实践

杨海丽、刘敏杰

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 构建基于最佳证据的造血干细胞移植患者膳食教育流程和实施方案，并评价其应用效果。

方法 首先，检索并汇总造血干细胞移植患者膳食教育的最佳证据；其次，基于证据制订审查指标；最后，基于指标进行基线审查，并分析促进和障碍因素，实施循证护理实践，比较证据应用前后护理人员膳食知识和行为的改善程度，患者膳食自我管理知识的改善程度。

结果 证据应用后，护理人员的造血干细胞移植膳食教育知识得分由（75.24±9.25）分提升至（92.96±4.33）分，差异有统计学意义（ $t=-14.63$ ； $p=0.00$ ）；造血干细胞移植患者膳食教育行为质量控制得分由 88 分提升至 98 分，达到质量标准。造血干细胞移植膳食教育循证护理实践结果显示，循证护理实践组患者的膳食管理知识得分（83.40±9.38）分明显高于基线组（66.15±8.75）分，差异有统计学意义（ $t=-8.52$ ； $p=0.00$ ）。

结论 造血干细胞移植膳食教育的循证护理实践能够优化护理人员相关知识结构，规范其健康教育指导行为，进一步提高造血干细胞移植患者膳食管理的科学性。

PO-2362

造血干细胞移植患者入舱前多措施健康宣教的效果分析

李贵平

郑州大学第一附属医院

目的 造血干细胞移植患者入舱前多措施健康宣教的效果分析

方法 选取医院 2023 年 1 月-2023 年 12 月收治的 202 例造血干细胞移植患者资料。使用动态随机法分组（参照组：n=101，测试组：n=101），患者均进行造血干细胞移植，但入舱前给予参照组常规健康宣教，仅医护人员按流程讲述；给予试验组加入多措施健康宣教（入舱前护士电话交流、面对面一对一交流、让移植后效果好的患者现身宣讲、科室开展入舱前讲座）。对比入舱后两组治疗及护理效果。

结果 试验组入舱后患者配合度高，治疗及护理有效率显著高于参照组。试验组患者移植后出舱时间显著早于对照组。

结论 造血干细胞移植患者入舱前多措施健康宣教对移植过程中配合综合治疗及护理措施，治疗和护理效果显著提升，同时缩短患者在舱中时间，及早恢复患者正常生活。

PO-2363

基于 LEARNS 模式的健康教育对造血干细胞移植后病人的影响

杜金叶

山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 探讨基于 LEARNS 模式的健康教育对造血干细胞移植后病人自我管理和生活质量的影响

方法 选取 2023 年 1 月—2024 年 5 月在山西省某三级甲等医院接受住院治疗的 70 例造血干细胞移植后病人，采用随机数字表法将其分为试验组和对照组，各 35 例。试验组接受基于 LEARNS 模式的健康教育，对照组接受常规健康教育。比较两组病人干预前、出院时、出院后 3 个月的自我管理水平和主观幸福感和生活质量

结果 造血干细胞移植后病人两组自我管理量表得分、总体幸福感量表得分、生活质量量表各维度得分的时间效应、组间效应和交互效应差异均有统计学意义($P<0.001$)，且出院时、出院后 3 个月试验组造血干细胞移植后病人自我管理量表得分、总体幸福感量表得分、生活质量量表各维度得分均高于对照组，差异有统计学意义($P<0.05$)

结论 基于 LEARNS 模式的健康教育有利于改善慢性肾脏病病人的自我管理行为，提高其主观幸福感和生活质量。

PO-2364

造血干细胞移植治疗湿疹-血小板减少-免疫缺陷病 2 例并文献复习

张萌萌、王颖洁、闫金松、康志杰、刘俊莉

大连医科大学附属第二医院

目的 总结异基因造血干细胞移植治疗湿疹-血小板减少-免疫缺陷病（Wiskott-Aldrich syndrome, WAS）的诊治经验。

方法 总结 2020 年大连医科大学附属第二医院收治 2 例 WAS 患儿的病例资料。查阅相关文献，对 WAS 的诊治经验进行总结。

结果 2 例男童，分别为 6 月龄，2 岁 5 月龄，2 人系表兄弟，均出生后出现便血、反复感染，其中 1 例伴有周身湿疹，2 人经遗传学检测结果分别为：WAS 基因 c.183dupT:p.A61fs 纯合变异、WAS 基因 c.183dupT:p.E62X 纯合变异，诊断为 WAS。2 人均采用父亲为供体，经 IA+FluBuCy 的预处理方案，行异基因造血干细胞移植治疗。经治疗后，患儿血小板减少、湿疹以及反复感染情况均得到改善。

结论 异基因造血干细胞移植不但能解决 WAS 患儿的血液系统异常，免疫学异常也可恢复正常，湿疹及反复感染症状均得到改善，因此，异基因造血干细胞移植是目前治疗 WAS 最有效的方法。

PO-2365

Haploidentical transplantation with modified post-transplant cyclophosphamide in patients with aplastic anaemia: Advantages of the combined application of Thiotepa

Zhengwei Tan, jia feng, xinhe zhang, wenbin Liu
浙江中医药大学附属第一医院

Objective Allogeneic haematopoietic stem cell transplantation (Allo-HSCT) is the main radical treatment option for aplastic anaemia (AA), and haplo-HSCT (Haplo-HSCT) has emerged as an alternative transplantation modality for patients without a matched sibling donor (MSD), however previous Haplo-HSCT regimens based on post-transplant cyclophosphamide (PTCy) in AA patients have been associated with delayed neutrophil and platelet implantation. We prospectively used bone marrow stem cells (BMSCs) and peripheral blood stem cell (PBSCs) as the graft source, added Thiotepa (TT) to promote implantation by substitution (Total body irradiation, TBI), and combined calcineurin inhibitor (CNI) and mycophenolate mofetil (MMF) to prevent graft-versus-host disease (GvHD).

Methods We retrospectively analysed the clinical data of 20 AA patients who underwent haploidentical haematopoietic stem cell transplantation at the First Affiliated Hospital of Zhejiang University of Traditional Chinese Medicine from April 2022 to July 2023, and all of them received a modified PT-CY preconditioning regimen based on Thiotepa. Preconditioning regimen: -7 to -5d, ATG 2mg/kg; -7 to -3d, Fludarabine (Fu) 30mg/m²; -4d, Busulfan (Bu) 3.2mg/kg; -4 to -2d, Cyclophosphamide (CTX) 25mg/kg/d; and -2d, Thiotepa (TT) 5mg/kg; Graft source: -1d, back to MSCs, 01d, back to donor bone marrow stem cells, 02d, back to donor peripheral stem cells; GvHD prophylaxis regimen: +3 to +4d, cyclophosphamide (CTX) 40mg/kg/d; and from -2d, cyclosporine (CsA) 2.5mg/kg, with an effective trough concentration maintained at 150-250ng/mL, or FK506 at 0.15-0.3mg/kg qd, with an effective concentration maintained at 5-15ng/mL, tapering after 1 year; mycophenolate mofetil (MMF) 0.5mg orally on D-2 until implantation is halved, discontinued at D+30.

Results Of the 20 haploidentical transplant patients, 19 (95%) had successful engraftment of both granulocyte and megakaryocyte lineages within 28 days of the bone marrow transplant, with a median time to platelet and neutrophil engraftment of 12 (8-25) and 14 (8-21) days, respectively. And despite successful granulocyte cell line transplantation, only one patient developed persistent thrombocytopenia. Fortunately, due to CMV prophylaxis with Leitmovir, the 1-year incidence of CMV reactivation in this study was significantly lower, at only 10 percent, compared to a 1-year cumulative incidence of EBV reactivation of 60 percent; and no patients progressed to post-transplant lymph node proliferative disease (PTLD), despite the relatively high rate of EBV reactivation compared to other studies. In our study, only 2 (10%) of 20 AA patients developed aGvHD, both of which were grade I-II skin rejection, and the cumulative incidence of grade III-IV aGvHD was 0%, and no patient died of aGvHD during the follow-up period, and we observed a comparatively significant trend towards a lower GvHD when compared with other GvHD prevention strategies. Regarding cGvHD, only 2 cases (10%) of cGvHD occurred after 100 days of transplantation, both of which were limited grade I-II skin rejection and were well controlled by immunosuppressive agents and calmodulin phosphatase inhibitors. The median follow-up was 15 months (range 5-19 months), with a survival rate of 19/20 (95 percent) during the follow-up period and only one patient dying as a result of treatment failure due to a serious lung infection.

Conclusion Our study suggests that a modified PTCy regimen using BMSCs and PBSCs as graft sources, combined with Flu and Bu for immunosuppression, and the addition of TT as an alternative to TBI for GvHD prevention in combination with calcmodulin phosphatase inhibitors (CNIs) and mycophenolate mofetil (MMF) could be a new option for Haplo-HSCT in patients with AA, which has a higher engraftment rate and a faster engraftment, lower incidence of aGvHD and cGvHD, and higher OS and GRFS. However, viral infection remains a major concern, especially EBV virus, and further follow-up and prospective trials with large samples are needed to confirm this modified PTCy regimen.

PO-2366

Comparison of autologous hematopoietic cell transplantation, matched sibling donor hematopoietic cell transplantation, and chemotherapy in patients with favorable- and intermediate-risk acute myeloid leukemia

Mingyang Wang¹, Shulian Chen¹, Junshi Zhang², Linyu Yuan², Weihua Zhai¹, Xingli Zhao², Erjie Jiang¹

1. Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

2. Tianjin Union Medical Center of Nankai University

Objective The recommended treatment options for acute myeloid leukemia (AML) after remission are hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) and chemotherapy. In this retrospective study, 112 patients with de novo favorable- and intermediate-risk AML, categorized according to the ELN 2022 criteria, were investigated to compare outcomes following autologous HSCT (auto-HSCT), matched sibling donor HSCT (MSD-HSCT), and chemotherapy.

Methods This was a retrospective comparative analysis of two institutions, comparing auto-HSCT and MSD-HSCT to chemotherapy for favorable and intermediate-risk de novo AML based on the 2022 ELN criteria. Induction chemotherapy cycles, consolidation chemotherapy cycles, and MRD status before HSCT was included in propensity score matching with a caliper width of 0.2.

Results Through propensity score matching for disease status before HSCT, 42 cases in first complete remission were selected for each of the auto-HSCT group and the MSD-HSCT group. Additionally, 28 cases in the chemotherapy group, excluding patients with early relapse or death, were included for comparison. The results revealed that in the overall population, the 2-year overall survival (OS) rates were 90.5%, 85.6%, and 68.5% in the auto-HSCT, MSD-HSCT, and chemotherapy groups, respectively ($P=0.070$). The 2-year disease-free survival (DFS) rates were 81.0%, 85.6%, and 60.5%, respectively ($P=0.004$). Notably, both auto-HSCT and MSD-HSCT demonstrated significantly better DFS compared to chemotherapy in patients with favorable-risk AML. Multivariate analysis indicated that chemotherapy was significantly associated with inferior DFS compared to auto-HSCT ($HR=2.89$; 95% CI, 1.23-6.83, $P=0.015$), while DFS was similar between the MSD-HSCT and auto-HSCT groups ($HR=0.78$; 95% CI, 0.30-2.04, $P=0.62$).

Conclusion Overall, the findings suggested the advantages of both MSD-HSCT and auto-HSCT over chemotherapy as post-remission therapy for AML patients with favorable- and intermediate-risk.

PO-2367

A simple and effective method for donor-specific anti-HLA antibody desensitization in allogeneic transplantation

zhen li,jian zhou
河南省肿瘤医院

Objective Donor-specific anti-HLA antibodies (DSAs) are linked with graft failure in mismatched unrelated hematopoietic stem cell transplantation (MMUD-HSCT) and haploidentical hematopoietic stem cell transplantation (Haplo-HSCT). A higher mean fluorescence intensity (MFI) of DSA has been associated with an increased rate of graft failure. However, there is no consensus on a clear cut-off above which the DSA is likely to cause graft failure. Currently, desensitization regimens for DSA are time-consuming, cumbersome, and economically costly. They can also impair the patient's immune function and require antibody replacement with large amounts of plasma, making them unsuitable for patients in urgent need of salvage therapy.

Methods To address this issue, we conducted a retrospective study on 36 patients with $MFI \geq 5000$ who underwent MMUD-HSCT and haplo-HSCT. During transplantation conditioning, the majority of patients were desensitized with low-dose total body irradiation (TBI), intravenous immunoglobulin (IVIg), and dexamethasone (DEX), and nine patients with $5,000 \leq MFI < 10,000$ were not desensitized. Additionally, 72 DSA-negative patients with matched baselines were enrolled as controls.

Results Our study found that graft outcomes after desensitization were comparable between the DSA and DSA-negative groups ($P > 0.05$). Subgroup analysis showed that the efficacy of desensitization was consistent regardless of MFI, with comparable graft outcomes. In addition, the graft outcomes of the 9 cases with $5000 \leq MFI < 10,000$ who did not receive desensitization therapy were comparable to those of the other subgroups ($P > 0.05$). Multivariate analysis confirmed that DSA did not affect transplant endpoints including overall survival (OS), disease-free survival (DFS), the cumulative incidence of relapse (CIR), and non-relapse mortality (NRM).

Conclusion In conclusion, low-dose TBI, IVIg, and DEX are effective in reducing DSA levels, facilitating transplantation, and improving transplant outcomes. It is expected that implantation can be ensured without additional desensitization for patients with MFI less than 10,000, without affecting prognosis.

PO-2368

叙事护理对造血干细胞移植患者的护理效果研究

高金洁
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 研究叙事护理对造血干细胞移植患者移植的护理效果。

方法 选取 2023 年 3 月—2024 年 3 月期间在我院收治的造血干细胞移植患者 193 例，随机分为对照组和观察组。对照组进行常规护理，观察组采用叙事护理；比较两组的心理状态评分、自我感受负担情况、总体幸福感得分、生活质量评分、治疗依从性及护理满意度。

结果 护理前，两组的心理状态评分无显著差异（ $P > 0.05$ ），护理后，观察组的 SAS、SDS 均低于对照组的，组间差异显著（ $P < 0.001$ ）；观察组在照护、心理/情感及治疗方面的负担得分显著低于对照组（ $P < 0.05$ ），而经济/家庭负担得分与对照组无差异（ $P > 0.05$ ）；观察组的总体幸福感量表均显著优于对照组的；观察组各方面的治疗依从性显著高于对照组（ $P < 0.05$ ）；观察组的总满意率（95.8%）明显高于对照组的（81.8%），组间差异显著（ $P < 0.05$ ）。

结论 在造血干细胞移植患者进行移植时采用叙事护理，能有效改善患者的心理状态，减轻自我感受负担，提高其幸福感和生活质量水平，促进患者积极治疗，临床护理效果显著，值得推广。

PO-2369

Fludarabine, busulfan, melphalan, and cytarabine as conditioning prior to allo-HSCT in patients with relapsed or refractory AML: a single-center experience from China

Tong Cui^{1,2,3}, Huiyu Li^{1,2,3}, Qian Zhu⁵, Shiyuan Zhou^{1,2,3}, Jing Li^{1,2,3}, Shijia Li^{1,2,3}, Zaixiang Tang⁴, Xiao Ma^{1,2,3}, Depei Wu^{1,2,3}, Xiaojin Wu^{1,2,3}

1. The First Affiliated Hospital of Soochow University

2. National Clinical Research Center for Hematologic Diseases, Jiangsu Institute of Hematology

3. Institute of Blood and Marrow Transplantation, Collaborative Innovation Center of Hematology, Soochow University

4. Department of Epidemiology and Statistics, School of Public Health, Faculty of Medicine, Soochow University

5. Department of Hematology, Soochow Hopes Hematosis Hospital

Objective Patients with relapsed or refractory acute myeloid leukemia (R/R AML) often require multiline induction chemotherapies and one of the most effective treatments is allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT), of which the conditioning regimen is an essential part. However, most reduced-intensity conditioning regimens have been associated with a high risk of post-transplant relapse, making it a significant challenge for decades. To explore a superior alternative conditioning regimen for R/R AML, a prospective clinical trial of a melphalan-based conditioning regimen with reduced toxicity was conducted in this population.

Methods We conducted a prospective, single-arm clinical trial of a conditioning regimen consisting of fludarabine, busulfan, melphalan, and cytarabine (FBMA) before allo-HSCT in patients with R/R AML in China (ChiCTR2100050657). We then compared the efficacy and safety of FBMA with the modified busulfan and cyclophosphamide (mBuCy) conditioning regimen, which has a similar transplant conditioning intensity, using propensity score matching (PSM) analysis.

Results At a median follow-up of 351 days, the results showed that the FBMA group (N=49) had a 1-year leukemia-free survival (LFS) rate of 64.60% and overall survival (OS) rate of 76.30%, with a cumulative incidence of relapse (CIR) of 11.60% and non-relapse mortality (NRM) of 23.76%. Compared to mBuCy (N=212), FBMA had slower platelet engraftment within 60 days, a lower 1-year CIR, but a higher 1-year NRM. After balancing baseline discrepancies, 78 patients are allocated to the study arm (FBMA) and historical control arm (mBuCy) through PSM. Encouragingly, FBMA demonstrated a notable reduction in the 1-year CIR (13.77% vs. 37.23%, $p = 0.007$), with a comparable NRM rate (20.20% vs. 17.47%, $p = 0.751$). After the landmark analysis, the estimated LFS and OS were both significantly better in the FBMA group (LFS: from +1 to +12 month, 73.6% vs. 47.6%, $p = 0.007$; OS: from +2 to +12 month, 91.6% vs. 52.2%, $p < 0.001$).

Conclusion Our findings highlight the promising therapeutic value of FBMA conditioning in R/R AML patients undergoing allo-HSCT, indicating that enhanced synergistic anti-leukemia effect with reduced toxicity in conditioning might be more crucial than merely increased intensity.

PO-2370

自体造血干细胞序贯二次移植的护理体会

周赛
绍兴市人民医院

目的 探讨外周血自体造血干细胞序贯二次移植的护理要点及护理配合。

方法 从移植准备阶段的造血干细胞采集静脉通路的优化、移植期用物准备、层流洁净病房的精细化管理、各类移植临床护理路径的标准化、入仓流程的标准化、患者及家属的宣教及心理辅导；移植期间医护的配合沟通、移植患者数据库的管理、移植并发症如口腔感染、肛周/皮肤感染、肠道感染、出血等的预防及治疗、饮食管理、亲情陪护管理、心理辅导等；以及移植成功后的随访等延续性护理的不断完善。

结果 经过移植全程护理精细化管理，移植患者均未发生院内感染，移植成功率 100%。

结论 通过医护一体化联合移植全程精细化管理，能有效降低移植并发症的发生及严重程度，提高患者就医体验感，有利于患者进行序贯二次移植的信心，大大提高对医护人员的满意度。

PO-2371

心理护理干预模式在造血干细胞移植护理的应用效果分析

彭雪铭
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 观察心理护理干预模式在造血干细胞移植护理的应用效果。

方法 从本院 78 例造血干细胞移植患者为本次研究对象，按照是否使用心理护理干预将患者分为对照组（39 例：一般护理手段）与实验组（39 例：实施心理护理手段）。比较两组护理实际配合度与满意度、SDS 与 SAS 实际得分。

结果 实施心理护理手段的实验组 39 例病人护理实际配合度与满意度，比实施一般护理手段的对照组 39 例病人高，而 SDS 与 SAS 实际得分，要比实施一般护理手段的参照组 39 例病人低。

结论 心理护理干预模式在造血干细胞移植护理的应用效果优于一般护理，实施心理护理手段能大幅度降低 SDS 与 SAS 实际得分，提高护理实际配合度和满意度。

PO-2372

医院-社区-家庭一体化护理模式 对造血干细胞移植后患者中的应用

周盼、杜欣、曾荔、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨医院-社区-家庭一体化护理模式对造血干细胞移植后患者中的应用效果

方法 选择 2023 年 7 月 1 日—2023 年 12 月 31 日 50 例造血干细胞移植患者作为研究对象,随机分为观察组和对照组各 25 例,对照组给予常规护理干预,观察组在此基础上开展医院-社区-家庭一体化护理模式;比较两组干预前后造血干细胞移植后焦虑自评量表(SAS)、抑郁自评量表(SDS)、自我护理能力测定量表(ESCA)、生活质量简表(WHOQOL-BREF)评分,并发症发生率。

结果 两组患者干预完成后焦虑、抑郁评分均较干预前下降 ($P < 0.05$)，且观察组焦虑、抑郁评分均低于对照组 ($P < 0.05$)；两组患者干预完成后自我护理能力测定量表(ESCA)、生活质量简表(WHOQOL-BREF)评分较干预前升高 ($P < 0.05$)，且观察组生理状况、社会/家庭状况、情感状况、功能状况评分高于对照组 ($P < 0.05$)；观察组患者护理满意度高于对照组。

结论 医院-社区-家庭一体化护理模式应用后可有效促进造血干细胞移植后患者恢复,缓解不良情绪,提高自护能力,改善生活质量,减少并发症,提高患者满意度。

PO-2373

CD7 CAR-T 桥接 allo-HSCT 显著提高难治/复发 T 细胞急性淋巴细胞白血病/淋巴瘤的无病生存

李智慧、郑勤龙、杨可言、王先选、李静、温晓培、王晶晶、宋艳智、赵永强、吴彤
北京高博博仁医院

目的 在本研究中探索了 r/r T-ALL/LBL 在 CD7 CAR-T 后桥接 allo-HSCT 的长期结局，分析了接受 allo-HSCT 后的预后相关危险因素。

方法 研究纳入 2018 年 2 月至 2023 年 1 月期间，在本院接受 allo-HSCT 的 90 例 r/r T-ALL/LBL 患者。中位年龄为 14 (2~65) 岁。移植前通过基因测序检测体细胞和胚系突变。移植前 32 例 CR (A 组)，58 例 NR。58 例 NR 中 41 例在 allo-HSCT 前行 CD7 CAR-T 治疗 (B 组)，17 例 NR 行挽救性移植 (C 组)。供者类型包括半相合 60 例、非血缘 16 例和同胞全合 14 例。TBI/FLU 51 例或 BU/FLU 39 例的清髓性预处理方案

结果 所有患者获得了持久植入。三组患者的 aGVHD、cGVHD 和感染发生率无明显差异。中位随访 25.5 (19.6~32) 个月，B 组的 2 年 OS 与 A 组相似 ($P=0.33$)，远高于 C 组 ($P=0.0065$)；B 组的 2 年 DFS 与 A 组相似 ($P=0.24$)，远高于 C 组 ($P=0.0029$)。B 组、A 组和 C 组的 TRM 无统计学意义 ($P=0.65$)。B 组的 2 年累计复发率 (31.7%) 与 A 组 (29.0%) 相似，远低于 C 组 (70.5%)。

体细胞 TP53 突变或 MED12 突变的复发和死亡风险更高。胚系突变对移植后的预后无明显影响。多变量分析显示，CD7CAR-T、TBI 预处理方案和 cGVHD 是 OS 的保护性因素，而 aGVHD 和 TP53 突变是 OS 的危险因素。同时 CD7 CAR-T 和 TBI 的预处理方案对 DFS 保护性影响，而 TP53 突变对 DFS 也有危险影响。

结论 CD7 CAR-T 桥接 allo-HSCT 显著改善了化疗耐药 T-ALL/LBL 的长期 DFS，且治疗的安全性和有效性与接受 allo-HSCT 的化疗敏感患者相当。本研究还揭示了 r/r T-ALL/LBL 的体细胞和胚系基因突变及在这种情况下影响移植预后的一些保护性因素和危险因素。

PO-2374

TP53 突变恶性血液病行异基因造血干细胞移植后应用奥拉帕利的维持治疗

李智慧、徐腾、郭奕霏、王先选、温晓培、王磊、王晶晶、宋艳智、赵永强、吴彤
北京高博博仁医院

目的 本研究回顾性分析了 TP53 基因突变的恶性血液病患者行 allo-HSCT 后应用奥拉帕利维持治疗的有效性和安全性。

方法 本研究纳入 2018 年 9 月至 2022 年 11 月期间在本院接受 allo-HSCT 治疗的 71 例 TP53 突变恶性血液病患者。诊断结果包括 AML 17 例、BALL 36 例、TALL/LBL 8 例和 NHL 10 例。29 例复发患者接受了二线治疗。21 例接受了二次移植。中位年龄为 20.35 岁。移植前 33 例有髓外疾病，27 例染色体异常。移植前 45 例完全缓解，26 例未缓解。移植类型包括 3 例同胞全合，17 例非亲缘和 51 例单倍型。采用以 TBL/FLU 40 例或 BU/FLU 31 例为基础的清髓性预处理。32 例在 HSCT 后接受奥拉帕利维持治疗，39 例患者在移植后没有接受任何维持治疗。两组的临床特征无明显差异。开始奥拉帕利治疗的中位时间为移植后 67（25-496）天，中位剂量为 75（50-150）mg，每周 2 次。奥拉帕尼维持治疗的中位持续时间为 10（0.24-45）个月。

结果 中位随访时间为 12.30 个月，OS 和 PFS 分别为 56.36% 和 51.33%。奥拉帕利组的 OS 和 PFS 分别为 90.63% 和 84.38%。对照组的 OS 和 PFS 分别为 25.51% 和 23.52%。奥拉帕利维持治疗显著改善 OS 和 PFS。奥拉帕利组的复发率明显低于对照组。8 例（11.3%）患者暂时停用奥拉帕利，11 例（15.5%）患者因副作用而调整剂量。奥拉帕利治疗期间出现 2 级副作用，但未观察到 ≥3 级副作用。

结论 移植后使用奥拉帕利维持治疗 TP53 突变恶性血液病患者是安全有效的，可以显著降低复发率，改善 OS 和 PFS。未来应进一步开展样本量更大的前瞻性、随机对照临床试验。

PO-2375

曲美替尼在 RAS 突变的恶性血液肿瘤维持治疗中可显著降低复发率改善预后生存

李智慧、王先选、温晓培、王磊、王晶晶、吴彤
北京高博博仁医院

目的 本研究回顾性分析了异基因移植后使用曲美替尼维持治疗在 RAS 突变血液恶性肿瘤患者中的疗效和安全性。

方法 研究纳入 2018 年 1 月至 2023 年 1 月在我院接受 allo-HSCT 的 61 例 RAS 突变血液恶性肿瘤患者。疾病诊断包括 AML（37.7%）、BALL（54.1%）、TALL（5.0%）和其他（3.3%）。中位年龄为 15（1-68）岁。移植前，5 例患者伴有髓外病变，16 例伴有染色体异常。53 例接受了二线治疗。15 例二次移植。移植前完全缓解（68.9%）和未缓解（31.1%）。供者类型包括同胞全相合（8.2%）、非亲缘（18.0%）和单倍型（73.8%）。采用以 TBI/FLU（54.1%）或 BU/FLU（45.9%）的清髓预处理。25 例在移植后接受了曲美替尼维持治疗，36 例在移植后未接受任何维持治疗。两组患者的临床特征无显著差异。曲美替尼治疗开始的中位时间为 94（63-178）天，中位剂量为 1（0.5-2）mg/d。

结果 中位随访 16.5（16.8-24.8）个月，OS 和 PFS 分别为 81.2（68.6-89.1）% 和 73.0（59.7-82.5）%。曲美替尼组 OS 和 PFS 分别为 91.5（70.0-97.8）% 和 88.0（67.3-96.0）%。对照组 OS 和 PFS 分别为 73.9（55.9-85.6）% 和 65.8（47.7-78.9）%。曲美替尼维持治疗可显著改善 OS 和 PFS。曲美替尼组的复发率显著低于对照组。曲美替尼维持治疗的中位持续时间为 270（30-630）天。9 例由于副作用暂时停用曲美替尼，12 例调整剂量。曲美替尼治疗期间出现 2 级副作用，未见 ≥3 级副作用。

结论 移植后使用曲美替尼维持治疗 RAS 突变血液恶性肿瘤患者安全有效，且可显著降低复发率，改善 OS 和 PFS。未来需进一步开展更大样本量的前瞻性、随机、对照临床试验。

PO-2376

以 MeCBA 方案预处理的挽救性异基因造血干细胞移植治疗非缓解状态难治复发急性髓系白血病的单中心回顾性研究

袁芳芳、李明会、王勇奇、符粤文
河南省肿瘤医院

目的 探讨处于未缓解状态（NR）的难治复发急性髓系白血病（R/R AML）接受以司莫司汀、克拉屈滨、白消安和阿糖胞苷组成的 MeCBA 方案为预处理的挽救性异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）的疗效及安全性。

方法 纳入 2018 年 1 月至 2022 年 6 月在河南省肿瘤医院接受含 MeCBA 增强预处理挽救性 allo-HSCT 治疗的 30 例处于未缓解状态的 R/R AML 患者，对其临床资料进行回顾。

结果 30 例患者中男 16 例，女 14 例，中位年龄 37（16~53）岁。同胞全相合供者移植 3 例，无关供者移植 1 例，单倍型移植 26 例。移植前接受化疗中位疗程为 4（3~22）。移植后粒系、巨核系植入时间分别为 14（9~22）天（d）、18（10~40）d，+30d 粒系累积植入率为 100%，+100d 巨核系累积植入率为 96.7%（95%CI: 85.4-97.5%）。22 名（73.3%）患者出现 1-2 级胃肠道反应，未出现 3-4 级脏器毒性。中位随访 37.1 个月，3 年 OS 为 70.0%（95%CI: 50.3%-83.1%），3 年 EFS 为 65.3%（95%CI: 44.8%-79.8%），3 年累积复发率为 21.2%（95%CI: 9.2%-44.4%），3 年非复发死亡率为 16.7%（95%CI: 7.3%-35.5%）。

结论 MeCBA 方案安全有效，可作为 NR-R/R AML 患者挽救性移植的可选预处理方案。

PO-2377

新型健康教育护理模式在造血干细胞移植后患者临床护理中的应用

余宗玉
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探索新型健康教育护理模式在造血干细胞移植后患者临床护理中的应用效果

方法 在本科室成立新型健康教育护理模式组 and 传统健康教育护理模式组，以“加强造血干细胞移植后患者的健康教育”为活动主题，随机抽取造血干细胞移植后患者病人 78 例分为观察组和对照组各 39 例，对照组采用传统健康教育护理模式，观察组采用新型健康教育护理模式，对两组病人缺乏造血干细胞移植后患者健康知识的原因分别进行分析，制定相应措施并实施，制定统一的观察目标，以出院时两组病人对造血干细胞移植后知识掌握情况和护理服务满意度作为对比。

结果 观察组对护理工作满意度明显高于对照组（ $P < 0.05$ ），病人及家属对造血干细胞移植后知识的掌握率高于对照组（ $P < 0.05$ ）。

结论 新型健康教育护理模式是一种比较理想的工作方式，能有效地促进病人的康复、提高病人生存、生活质量。

PO-2378

Intensive Conditioning Regimens of Busulfan-Cyclophosphamide and Melphalan Followed by Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation for Patients with Acute Lymphoblastic Leukemia

Meiqing Wu, Beicai Liu, Lianjin Liu, Lingling Shi, Jing Li, Zhongqing Li, Yongrong Lai, Zhongming Zhang
The First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

Objective Allogeneic hematopoietic stem-cell transplantation(allo-HSCT) is a curative therapy for adult patients with acute lymphoblastic leukemia (ALL). The objectives of this retrospective study were to evaluate the efficacy and toxicity of busulfan-cyclophosphamide(BuCy) plus Melphalan conditioning in allo-HSCT for ALL.

Methods This study retrospectively analyzed the outcomes of 79 consecutive patients with ALL who underwent allo-HSCT between March 2018 and September 2023 in the First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University. The median patient age was 23 years(range 10 to 55 years). Seventy-two patients were in first CR (CR1), 4 were in second CR (CR2), and 3 were in a more advanced stage (refractory/relapse). Thirty-eight patients underwent allo-HSCT with haploidentical donor, 31 with HLA-matched sibling donor, and 10 with unrelated donor.

Results With a median follow-up of 18 (range 1 to 64) months, 51 patients survived and 28 died. The 2-year OS was 70.0±5.6%. There was no difference of 2-year OS among pretransplant disease status[CR1 68.9%±5.9% vs. ≥CR2 83.3%±15.2%(median 34.5 months), P=0.720]. Patients younger than 40 years had superior outcomes, with a 2-year OS of 82.5% ± 4.6%, compared with 21.4% ± 17.8% (median, 8 months; P=0.016) for patients older than 40 years. The 2-year LFS was 58.8%±6.1%. LFS was 63.2%±6.3% in patients younger than 40 years old, compared with 18.8%±15.8% (median, 7 months) in patients older than 40 years (P=0.015). The 100-days TRM was 10.1%±3.4%; the 1-year TRM was 21.1%±4.7%, and the 2-years TRM was 23.2%±5.0%. The 2-years TRM was 16.7%±4.7% in patients younger than 40 years old, compared with 81.2%±15.8% (median, 7 months) in patients older than 40 years (P<0.001).

Conclusion This study demonstrates that BuCy and Melphalan can be considered a feasible conditioning regimen for patients younger than 40 years old with ALL undergoing allo-HSCT.

PO-2379

罗特西普治疗异基因造血干细胞移植后贫血的临床观察

祖瓊玲、桂瑞瑞、李珍、王娟、张文丽、周健
河南省肿瘤医院

目的 探讨罗特西普治疗异基因造血干细胞移植后(allo-HSCT)贫血的疗效及安全性。

方法 回顾性分析河南省肿瘤医院 2023 年 3 月至 2023 年 11 月 7 例应用罗特西普治疗异基因造血干细胞移植后贫血的患者临床资料, 出现重度贫血时给予罗特西普 1mg/kg 皮下注射, 21 天为一周期。

结果 7 例患者中, 男 3 例, 女 4 例, 中位年龄 15 (7-52) 岁; 再生障碍性贫血 1 例, 急性髓系白血病 4 例, 急性杂合细胞白血病 1 例, 急性淋巴细胞白血病 1 例; 同胞全和移植 1 例, 无关供者 9/10 相合 2 例, 亲缘半合移植 4 例; 血型相合 1 例, 主要不合 4 例, 次要不合 2 例; 7 例患者造血重建后出现重度贫血中位时间为 7 (4-12) 月, 5 例患者应用 1 次, 2 例患者应用 2 次; 脱离输血中位时间 7 (4-14) 天, 3 例患者伴血小板升高。1 例患者应用后出现四肢肿胀, 余无不良反应发生。

结论 罗特西普可作为异基因造血干细胞移植后合并贫血患者的有效治疗策略。

PO-2380

以 TBI-ATG 为基础的预处理方案改善成人进展期 外周 T 细胞淋巴瘤患者半相合异基因造血干细胞移植后生存

赵初娴、魏道林、刘慧霞、蒋瑛、邵珊、李肃、王椿、朱骏
上海闸新医院

目的 评估以 TBI-ATG 为基础的预处理方案对接受单倍体异基因造血干细胞移植的进展期外周 T 细胞淋巴瘤患者的疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2020 年 4 月至 2023 年 12 月在本中心接受半相合异基因造血干细胞移植（Haplo-allo-HSCT）的进展期外周 T 细胞淋巴瘤患者。所有患者均接受以 TBI-ATG 为基础的清髓性预处理方案，包括 TBI（8-10Gy）、兔源 ATG（10mg/kg）、环磷酰胺（100mg/kg）和依托泊苷（30mg/kg）或噻替派（10mg/kg）。移植物抗宿主病（GvHD）预防包括他克莫司和短程甲氨蝶呤。

总生存期（OS）被定义为从 HSCT 到任何原因导致患者死亡的时间或未次随访。无复发生存期（RFS）被定义为从 HSCT 到疾病复发/进展的时间。OS 和 RFS 使用 Kaplan-Meier 方法和对数秩检验进行估计。

结果 24 例患者被纳入研究，移植时的中位年龄为 50.5（16-69）岁。所有患者在 allo-HSCT 时疾病评估均为 PD。所有患者均接受来自单倍体亲缘供者的外周血干细胞（PBSC），输注的平均 MNC $17.85 (5.0-33.51) \times 10^8/\text{kg}$ ，CD34+细胞 $9.46 (8.65-22.04) \times 10^6/\text{kg}$ 。所有患者均成功植入，并在移植后第 30 天实现完全供者嵌合。其中 1 例患者血小板未植入。中性粒细胞植入的中位时间为 14（10-16）天，血小板植入的中位数时间为 13（9-21）天。

1 例患者在移植后 2 个月复发，1.5 个月后死于 aGvHD。另一例在移植后 5 个月复发，再次获得 CR，并无病存活。1 年累计复发发生率为 9.57%[95%CI:3.12%-16.02%]。6 名患者为非复发死亡。其中 1 例死于 TA-TMA，2 例死于重度 aGvHD，3 例因感染死亡，分别为 HHV-6 脑炎、新型冠状病毒肺炎、鼻-眶-脑毛霉菌病。非复发死亡率（NRM）为 25%。截至 2024 年 1 月，中位随访 16.1（1.7-38.4）月，总生存率和无病生存率分别为 67.67%和 67.46%。

结论 以 TBI-ATG 为基础的预处理方案改善了成年进展期外周 T 细胞淋巴瘤患者单倍体异基因造血干细胞移植后的生存。

PO-2381

异基因造血干细胞移植无关供者移植期心理体验的现象学研究

耿丽萍
中国人民解放军联勤保障部队第九八〇医院

目的 了解异基因造血干细胞移植无关供者从得知配型成功到入院捐献干细胞这一阶段真实的自身体验，希望能帮助无关供者消除疑虑、平衡矛盾心理，为其实施个性化护理提供方法依据。

方法 采用质性研究中的解释现象学分析法，以研究者本人为研究工具，运用目的抽样法，对 18 例异基因造血干细胞移植无关供者进行正式无结构式自由访谈，运用解释现象学分析程序进行资料分析、整理及主题提炼。

结果 异基因造血干细胞移植无关供者在不同时间点心理体验的主要主题共 4 个，即左右为难的矛盾心理、强烈求知欲望、承受较强的心理负荷、强烈的幸福感如获重生。

结论 异基因造血干细胞移植无关供者自身体验多为复杂, 左右为难的矛盾心理与强烈的幸福感并存, 虽有诸多不确定感依然能平衡心理。临床医护工作者根据无关供者不同时期的需求, 提供相关信息支持, 实施专业管理、服务, 以提高无关供者的心身健康水平, 使越来越多的患者受益。

PO-2382

RAP 无激素方案治疗异基因造血干细胞移植后 中重度闭塞性细支气管炎综合征的单中心回顾性分析

杨曦¹、黄晓兵¹、李成龙¹、王宇²、叶雪梅²、毛妍²、蒲文琪²

1. 四川省医学科学院·四川省人民医院

2. 成都东篱医院

目的 回顾性分析 RAP 无激素方案(芦可替尼、阿奇霉素、吡非尼酮)治疗中重度 BOS 的临床疗效及影响因素。

方法 本研究纳入 2018.1.1~2023.12.31 我中心 Allo-HSCT 后发生中重度 BOS 的 14 例患者, 回顾性分析 RAP 无激素方案—“芦可替尼、阿奇霉素、吡非尼酮”临床疗效及影响因素。

结果 (1)有效率:3、6 和 12 月治疗总反应率分别为 50.0%、57.1%和 50.0%。治疗有效的 8 例患者肺功能、运动耐力及全身状况等有显著改善。(2)生存:中位随访 13 月, 5 例(35.7%)死亡, 死因为重症肺炎并发症。单因素分析提示 RAP 疗程延长与生存改善趋势相关($P=0.089$)。(3)激素暴露:14 例均有长期糖皮质激素使用史, 8 例(57.1%)1 月内停用, 2 例减量 50%以上。(4)安全性良好, 主要不良反应为 3 级以下胃肠反应及血液学改变。

结论 RAP 无激素方案治疗中重度 BOS 显示良好疗效, 允许快速停用糖皮质激素, 提高患者生活质量和长期生存。但限于小样本量和回顾性设计, 有待前瞻性研究进一步验证。

PO-2383

亲缘单倍体造血干细胞移植治疗 KMT2A-r 婴儿急性白血病临床疗效分析

陈智、王卓、陶芳、杜宇、付强、孙鸣、熊昊

华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院

目的 探讨亲缘单倍体造血干细胞移植(Haplo-HSCT)治疗 KMT2A-r 基因重排婴儿白血病的疗效及安全性。

方法 对 2017 年 1 月—2022 年 12 月在本中心接受 Haplo-HSCT 的 14 例伴有 KMT2A-r 婴儿白血病患儿的临床资料进行回顾性分析。

结果 14 例患儿中, 急性淋巴细胞白血病(ALL)4 例, 急性髓系白血病(AML)9 例, 急性混合细胞白血病(MPAL)1 例。患儿发病中位年龄为 10.5 (4-19) 个月, 接受移植中位年龄为 16 (7-26) 个月。HLA 配型均为亲缘单倍型相合, 预处理均为 Bu/Cy 为基础的清髓方案, 均接受经 G-CSF 动员的外周血造血干细胞移植。输入单个核细胞中位数为 $19.95(7.6\sim31.5)\times 10^8 / \text{kg}$, CD34+细胞中位数为 $12.01(1.46\sim20.45)\times 10^6 / \text{kg}$ 。14 例患儿均获造血重建。1 例因急性 GVHD 死亡, 2 例移植后复发最终死亡。存活 11 例患儿中位随访时间 50 (21~73) 个月, 入组患儿预计 3 年总生存率(OS)为 78.6% (11/14)。

结论 Haplo-HSCT 治疗 KMT2A-r 婴儿急性白血病安全有效, 仍需进一步减少移植相关并发症发生以改善患儿的长期存活率和生活质量。

PO-2384

叙事护理联合健康教育对造血干细胞移植患者依从性的影响研究

刘娅、高磊、糜雅芬
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 研究叙事护理联合健康教育对造血干细胞移植患者治疗依从性的影响。

方法 使用随机数字表法将我院血液科造血干细胞移植病区于 2023 年 7 月-2023 年 12 月收治的 165 例造血干细胞移植患者分成对照组 (n=83) 和实验组 (n=82)，对照组予以常规健康教育，包括饮食、活动、用药、预防出血、预防跌倒、预防口腔黏膜炎等,实验组则采取叙事护理联合健康教育护理模式。对比两组患者治疗依从性。

结果 对照组和观察组患者在年龄、性别、文化程度方面无显著差异 (P>0.05)，干预后，实验组治疗总依从率为 93.52%，明显高于对照组的 85.61%，差异有统计学意义 (P<0.05)。

结论 叙事护理联合健康教育通过鼓励患者讲述自身战胜疾病的经历，并为其重新构建积极故事，可帮助患者宣泄内心的痛苦，拉近护患关系，从而获得患者的认可并积极参与护理，故可以提高造血干细胞移植患者治疗依从性，是一种有效的健康教育方法。

PO-2385

**自体脐血造血干细胞移植治疗获得性再生障碍性贫血的疗效：
一项回顾性队列研究及个体病例数据汇总分析**

江超前、陈霞、郭晔、杨文钰、竺晓凡
中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 目的 探讨自体脐血造血干细胞移植 (auto-UCBT) 治疗获得性再生障碍性贫血 (AA) 儿童患者的疗效。

方法 方法 回顾性分析 2011 年至 2023 年于我院行 auto-UCBT 与 MSD-HSCT 治疗获得性 AA 的患儿在中性粒细胞植入时间 (NT)、血小板植入时间 (PT)、免疫重建及总生存期 (OS) 等方面的差异，并对 NT、PT 进行校正潜在混杂因素的多变量分析。检索 Pubmed、Embase、中国知网等数据库汇总 auto-UCBT 治疗获得性 AA 的个体病例数据，比较疗效差异。

结果 结果 auto-UCBT (n=10) 组与 MSD-HSCT (n=24) 组患儿的中位年龄及范围分别为 3.5 (1~13) 岁 vs 7 (1~13) 岁。两组患儿的 NT 差异无统计学意义 (中位数及范围 18[6~31]d vs 13[11~15]d, p=0.06)，auto-UCBT 组患儿 PT 延长 (中位数及范围 33[20~48]d vs 13[10~31]d, p<0.001)。多变量分析中，移植前活动性感染是 NT 延长的独立危险因素 (p<0.05)；移植前活动性感染、移植物 CD34+细胞计数是 PT 延长的独立危险因素 (p<0.05)。两组患儿免疫重建及 5 年 OS (100% vs 95.8%, p=0.356) 未见明显差异。汇总个体病例数据共 19 例，中位年龄及范围为 3.7 (1~9) 岁，NT、PT 中位数及范围分别为 22 (11~40) d、28 (14~87) d，5 年 OS 为 94.7%，与本中心对比，差异均无统计学意义 (p=0.745；p=0.490；p=0.348；p=0.470)。

结论 结论 auto-UCBT 组患儿在造血恢复、免疫重建、总生存期等方面与 MSD-HSCT 组患儿相当。控制移植前活动性感染、增加移植物 CD34+细胞计数或可获得更好疗效。

PO-2386

人 CD34+细胞中外源性 EP4 基因的克隆及其鉴定

黄丽君、李萍、许多荣
中山大学附属第一医院

目的 通过构建前列腺素受体 4(EP4)基因过表达慢病毒载体, 将外源性 EP4 基因克隆至人 CD34+细胞中, 为研究 EP4 基因介导造血干细胞归巢机制提供一个有效生物工具。

方法 ①采用化学方法合成 EP4-cDNA 片段, 将其克隆到 GL107 质粒载体中, 构建 GL107-EP4+质粒。②通过 293T 细胞将其包装成 GL107-EP4+慢病毒, 同时将 GL107 空白质粒(GL107-EP4-)包装成慢病毒用作为阴性对照。③用上述病毒感染人 CD34+细胞, 倒置荧光显微镜观察慢病毒感染效果、流式检测慢病毒感染效率。④Western blot 检测 EP4 蛋白表达情况。

结果 ①DNA 测序证实 GL107-EP4+质粒中的 EP4-cDNA 序列正确。②GL107-EP4+质粒能通过 293T 细胞包装成慢病毒, 病毒滴度大于 1×10^8 TU/ml。③慢病毒感染人 CD34+细胞后, GL107-EP4+及 GL107-EP4- 的 GFP 荧光强度比未感染病毒的人 CD34+细胞(空白对照)明显增强; 流式检测 GL107-EP4+ 和 GL107-EP4- 慢病毒感染效率分别为可 28.0%和 66.7%。④Western blot 检测人 CD34+细胞中 EP4 蛋白表达: 空白对照及 GL107-EP4-的蛋白表达较低且没有差异, 而 GL107-EP4+蛋白表达明显增强。

结论 EP4 基因可成功克隆至人 CD34+细胞, 且 EP4 蛋白可成功表达。

PO-2387

造血干细胞移植后患者首次出院准备度现状及影响因素分析

韩松蓉、张静静
大连医科大学附属第二医院

目的 了解造血干细胞移植后患者出院准备度的情况, 分析出影响造血干细胞移植后患者出院准备度的因素。

方法 采用便利抽样的方法, 选择 2023 年 10 月~2024 年 5 月某三级甲等医院血液内科住院治疗的 86 例首次进行造血干细胞移植的患者作为研究对象, 采用一般资料调查问卷、出院准备度量表、出院指导质量量表、慢病管理自我效能量表、家庭功能评估量表进行问卷调查。

结果 患者的出院准备度平均得分为 (5.19 ± 1.25) 分, 出院指导质量平均得分 (6.90 ± 0.94) 分, 慢病管理自我效能量表均分得分为 (5.64 ± 1.91) 分, 家庭功能评估总分为 (7.56 ± 2.73) 分。出院准备度得分与出院指导质量得分、慢病管理自我效能得分、家庭功能评估得分均呈正相关。

结论 造血干细胞移植后患者的出院准备度较低。医护人员需根据患者实际情况进行评估, 制定有针对性、个性化、多元化的出院指导方案和出院准备计划, 提升患者的出院准备度水平与院外生活质量。

PO-2388

异基因造血干细胞移植前儿童卵巢组织冻存 36 例

陈姣、孙清政、刘周阳、姜帆、樊世芬、吕琳琳、孙媛
北京京都儿童医院

目的 了解卵巢组织冻存(ovarian tissue cryopreservation, OTC)取材手术安全性及对造血干细胞移

植 (hematopoietic stem cell transplantation, HSCT) 影响。

方法 回顾性分析 2021 年 10 月~2024 年 5 月北京京都儿童医院 36 例异基因 HSCT 前行 OTC 的病例资料。

结果 36 例患儿中位年龄 7 岁 (7 月~15 岁), 中位体重 22.8 (7.2~77.2) kg。冻存前有月经 11 人 (30.6%), 无月经 25 人 (69.4%)。白血病 9 例 (25%); 再生障碍性贫血 8 例 (22.2%); 慢性活动性 EB 病毒感染 6 例 (16.7%); 免疫缺陷 6 例 (16.7%); 舒-戴二氏综合征及噬血细胞综合征各 2 例 (5.6%); 黏脂质贮积病、纯红细胞再生障碍性贫血及骨髓增生异常综合征各 1 例 (2.8%)。术前血常规示中位白细胞计数 $4.19 (1.86\sim 21) \times 10^9/L$, 中位中性粒细胞绝对值 $2.09 (0.23\sim 15) \times 10^9/L$, 中位血红蛋白 $99 (76\sim 131) g/L$, 中位血小板计数 $246 (53\sim 505) \times 10^9/L$ 。激素水平示抗米勒管激素 (anti-Mullerian hormone, AMH) 中位水平 $1.48 (<0.06\sim 6.85) ng/ml$; 雌二醇 (Estradiol, E2) 中位水平 $<18.35 (<18.35\sim 134.5) pg/ml$; 卵泡刺激素 (Follicle-Stimulating Hormone, FSH) 中位水平 $2.53 (0\sim 8.64) IU/L$ 。5 例 (13.9%) 行双孔或三孔腹腔镜手术, 31 例 (86.1%) 行单孔腹腔镜手术。36 例均单侧卵巢切除, 在首都医科大学附属北京妇产医院卵巢组织冻存库冻存。36 例均行新鲜卵巢组织卵泡活性计数。15 人 (41.7%) 接受过化疗, 卵泡活性计数为 744.08 ± 691.299 ; 21 人 (58.3%) 未接受过化疗, 卵泡活性计数为 340.21 ± 445.302 , 差异无统计学意义 ($P=0.182$)。36 例患儿术后均未发生手术部位及伤口感染; 35 例 (97.2%) 未发生手术部位出血, 1 例 (2.8%) 再生障碍性贫血患者, 因出院后不洁饮食致胃肠炎, 术后第 7 天在血小板低至 $11 \times 10^9/L$ 情况下频繁呕吐, 出现腹腔出血及失血性休克, 经输红细胞及血小板, 抗感染, 并开腹探查, 好转后已成功完成 HSCT。31 例 (86.1%) 已完成 HSCT。卵巢组织取材手术与 HSCT 预处理放化疗中位间隔 13 (3~92) 天, 术后 ≤ 7 天开始放化疗有 10 人 (32.3%)。30 人 (96.8%) 存活, 1 人 (3.2%) 死亡。

结论 OTC 是异基因 HSCT 前保护生育力及卵巢内分泌功能的安全有效方式, 手术不影响造血干细胞移植进程, 手术前已行化疗的患者 HSCT 前仍有卵巢组织冻存机会及意义。

PO-2389

3 例淋巴瘤相关性噬血细胞综合征患者 行单倍体造血干细胞移植的护理

范炯同、张秋会

中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

目的 探讨淋巴瘤合并噬血细胞综合征患者行单倍体造血干细胞移植患者护理方法, 为临床工作提供参考。

方法 回顾性分析 3 例患者的临床表现、治疗及护理经过, 总结该类患者造血干细胞移植期间的护理重点。

结果 本案例中 3 例患者在移植过程中均表现为持续发热, 应做好高热状态下的护理, 加强基础护理, 规范手卫生及无菌操作, 减少机会性感染。由于患者凝血功能障碍, 周身好发出血点及皮肤破损, 应密切观察患者周身皮肤状况, 入仓后予以皮肤保护剂涂抹, 有创操作后应加强局部皮肤的保护, 皮肤破损后及时予以消毒、抗菌敷料外敷以防感染, 受压部位及时予以硅酮外敷, 必要时予气垫床应用; 每班查看有无新发出血点; 输血制品时注意移植前后血型转换, 避免发生溶血反应。2 例患者出现消化系统受累, 呈慢性腹泻, 应密切观察患者大便情况, 准确记录出入量, 维持水电解质平衡; 加强患者肛周护理, 重视便后坐浴, 预防肛周感染的发生。另外由于该病治疗难度大, 治疗过程长, 花费大, 给患者和家属带来较大心理压力, 因此做好针对性的心理护理对促进疾病恢复具有重要意义。感染是该类患者预后不良的重要原因, 其中肺功能受损是病情恶化的不良征兆, 本案例中两例患者均由于感染控制不佳, 移植后最终发展为颅内感染和多脏器功能障碍后放弃治疗离院, 另一例粒细胞顺利植入。

结论 该病发展迅速，死亡率高，对于该类患者进行护理时应重视患者症状护理，预防感染、出血等严重并发症的发生和进展，做好皮肤保护，减少继发感染的可能，协助挽救患者生命。

PO-2390

4 例骨髓增生异常综合征伴发 Sweet 综合征行异基因造血干细胞移植患者的护理

范炯同、张秋会

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨骨髓增生异常综合征伴发 Sweet 综合征行异基因造血干细胞移植患者的护理方法，为临床工作提供参考。

方法 通过回顾性分析 4 例患者的临床表现、治疗及护理经过，对该类患者造血干细胞移植护理要点予以总结。

结果 由于该病主要表现为发热、急性发作的皮肤触痛性红斑病变为主要临床表现，部分表现不典型，在诊断时需与局部软组织感染相鉴别。本案例其中三例患者于移植前就已确诊 sweet 综合征，分别表现为局部皮疹、肢体新发红色硬结伴压痛和臀部皮肤破溃；另有一例患者在预处理期间出现四肢、腰部散在大面积红色片状硬结，按压时疼痛，因此在骨髓抑制期间应每班观察患者皮肤状态，观察有无新发皮疹或硬结及现有症状的转归。对于进行骨穿或留置针穿刺等有创性操作的患者，应加强对针眼部位的消毒，避免感染的发生。对于皮肤破溃处予以涂抹生长因子凝胶及派瑞松软膏以防感染。糖皮质激素治疗是 sweet 综合征的首选药物，也是移植抗宿主病的首选治疗方案，加之预处理对胃肠道黏膜的损害，用药期间应加强对胃黏膜的护理，预防消化道溃疡的发生。另外由于半数以上的 sweet 综合征患者会同时伴有发热症状，对于处于骨髓抑制期的患者而言，若持续发热，需要警惕心功能不全的发生，严格控制液体滴速，详细记录出入量，密切观察患者血压及肾功能状态。

结论 通过予以激素治疗、高热护理、控制感染，重点观察患者皮肤状态，最终 4 例患者粒细胞均顺利植入，局部皮疹或硬结消退，顺利出仓。

PO-2391

造血干细胞回输前 aGvHD 生物标志物的预后预测价值

董天、陈心传、季杰、邝璞、刘志刚、李健、牛挺、刘霆

四川大学华西医院

目的 急性移植抗宿主病（aGvHD）是异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）的严重并发症，30-80%的患者会出现 aGvHD，并且仍然是非复发死亡(NRM)的主要原因。目前临床 aGvHD 被诊断时，疾病已经在细胞水平上持续了多天，炎症细胞因子级联被完全激活，而针对 aGvHD 尚无有效预测方法。目前相对公认的方法是移植后第 7 天测量肿瘤发生抑制因子 2（sST2）和再生胰岛 3 α （REG3 α ）该 2 种 aGvHD 生物标志物的血清浓度来预测严重 aGvHD 和 NRM。我们考虑该两种生物标志物的检测结果是否受到其他相关因素例如预处理强度、患者处于活跃感染或细胞因子释放综合征、以及患者个体差异等情况影响，故在干细胞回输前测量该两种标志物评估有无相应预后价值。

本研究回顾本中心接受 allo-HSCT 治疗的成人患者在回输前检测的 sST2 与 REG3 α 情况，观察其与预后相关性。

方法 回顾性分析我中心自 2023 年 4 月至 2024 年 4 月异基因造血干细胞移植患者在干细胞回输前检测的 sST2 与 REG3 α 情况。预处理方案以白舒非、氟达拉滨为基础，部分患者据病情联合阿糖胞苷、西达本胺、塞替哌。急性移植物抗宿主病 (aGvHD) 预防药物为 PTCY 联合环孢霉素，部分患者加用半量 ATG 及 MMF。

结果 研究共纳入患者 46 例，中位随访时间 534 天 (90-808 天)。aGvHD 生物标志物送检时间为回输-6 天至回输当日。其中 34 例为预处理完成后送检，12 例为预处理前送检。按 MAP 评分计算，5 例高危，4 例中危，37 例低危。结果为中高危患者中，检测当时合并重症感染或 CRS 或疾病活动者比例为 77.8%，低危患者该比例为 10.8%。后续观察中，中高危组患者中，无出现 100 天内 3 $^{\circ}$ 以上 aGvHD 及 NRM 者。

结论 我中心患者在干细胞回输前检测 sST2 和 REG3 α 该 2 种 aGvHD 生物标志物的血清浓度，目前考虑可能与感染、CRS 等因素相关，暂未得出对预后具有直接预测价值的有统计学意义的结果。但可观察到回输前患者如处于活跃感染或细胞因子释放综合征等情况，该两种生物标志物有相应升高。

PO-2392

巴瑞替尼治疗激素难治性移植物抗宿主病的有效性及安全性研究

王泽蓉、陈心传、熊梓麟、季杰、邝璞、董天、刘志刚
四川大学华西医院

目的 评估异基因造血干细胞移植术后，SR-GVHD 患者使用巴瑞替尼治疗的有效性和安全性。

方法 本研究回顾收集了 2022 年 4 月至 2024 年 2 月华西医院使用芦可替尼或巴瑞替尼治疗的 93 例 SR-GVHD 患者的临床资料，包括 aGVHD 50 例，cGVHD 43 例，评估各受累器官反应、治疗相关不良事件等。

结果 SR-aGVHD 组使用芦可替尼 31 例，使用巴瑞替尼 19 例，SR-cGVHD 组使用芦可替尼 17 例，使用巴瑞替尼 26 例。芦可替尼治疗 aGVHD 和 cGVHD 患者的 ORR 分别为 83.87% (CR 45.16%) 和 70.59% (CR 11.76%)；巴瑞替尼治疗 aGVHD 和 cGVHD 患者的 ORR 分别为 84.21% (CR 57.89%) 和 84.62% (CR 23.08%)。皮肤、肝脏、消化道 aGVHD，芦可替尼的 CR 率分别为 45.00%、50.00% 和 70.00%；巴瑞替尼分别为 53.85%、100.00% 和 85.71%。芦可替尼和巴瑞替尼治疗 cGVHD 各器官 CR 率分别为：消化道 66.67% VS 80.00%、口腔 44.44% VS 45.45%、肝脏 28.57% VS 80.00%、皮肤 18.18% VS 38.89%、眼睛 10.00% VS 8.33%、关节及筋膜 0% VS 42.86%、肺部 0% VS 50.00%。在 SR-aGVHD 组中，使用芦可替尼或巴瑞替尼血小板减少发生率分别为 64.52% 和 36.84%；感染事件总发生率分别为 58.06% 和 42.11%，恶性血液病复发率分别为 3.23% 和 10.53%。在 SR-cGVHD 患者中，两组血小板减少发生率分别为 17.65% 和 7.69%；感染事件总发生率分别为 41.18% 和 30.77%。随访期间，共 18 例患者死亡，其中芦可替尼组 13 例，巴瑞替尼组死亡 5 例。

结论 与芦可替尼相比，巴瑞替尼治疗 SR-GVHD 安全可控，耐受良好，具有一定疗效，可能改善患者生存，可以作为 SR-GVHD 的二线备选药物。

PO-2393

移植相关血栓性微血管病最新诊疗进展：基于补体

朱科昕、郭荣
郑州大学第一附属医院

目的 本文综述了目前病理生理学、诊断及治疗的最新进展，并表达了对未来的展望。

方法 暂无

结果 移植相关血栓性微血管病（TA-TMA）是移植后一种严重的并发症，死亡率较高。TA-TMA 以内皮细胞活化、补体失调和微血管溶血性贫血为特征，可影响多数器官。由于移植后情况复杂化、缺乏统一的诊断标准，使得 TA-TMA 的诊断困难重重。近十年来，补体激活在 TA-TMA 中的作用越来越得到重视，使得 TA-TMA 的诊断及治疗取得了巨大的进展。

结论 补体在移植后 TA-TMA 中起着核心作用

PO-2394

一例异基因造血干细胞移植后并发 EB 病毒相关 中枢神经系统淋巴增殖性疾病的护理

张京慧
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨异基因造血干细胞移植后并发 EB 病毒相关中枢神经系统淋巴增殖性疾病患者的病情观察及护理措施。

方法 对 1 例异基因造血干细胞移植后并发 EB 病毒相关中枢神经系统淋巴增殖性疾病患者的病情观察及护理过程进行总结。造血干细胞移植是治疗血液系统疾病有效甚至是唯一的方法。感染性疾病是移植后常见并发症，EB 病毒（EBV）感染相关的移植后淋巴增殖性疾病（PTLD）是一种严重的并发症。EBV-PTLD 是指移植后患者由于免疫抑制而导致 EBV 感染或再激活后发生的一组表现为良性淋巴组织增殖或恶性肿瘤的异质性淋巴系统增殖性疾病。国内外研究显示：异基因造血干细胞移植后 EBV-PTLD 发生率为 0.8-11.9%，移植后 1-5 个月为 PTLD 的发病高峰期，中位发生时间为移植后 55-63 天。本例患者在移植后 5 月出现下肢乏力，伴头痛、恶心、呕吐症状，患者全身多处淋巴结肿大，结合既往 EB 病毒感染病史及头部影像学检查，诊断为 EB 病毒相关的神经系统 PTLD。予患者从应用利妥昔单抗、甘露醇和更昔洛韦等药物的用药护理、症状护理、患者的安全护理及心理护理等方面采取针对性护理措施。

结果 患者下肢乏力症状明显改善，肌力增加，头痛消失，恶心呕吐症状缓解，未发生相关并发症。

结论 EB 病毒相关中枢神经系统淋巴增殖性疾病是异基因造血干细胞移植后少见但严重的并发症，可进展迅猛，如不能得到及时诊治，死亡率可高达 60-80%，但给予及时、正确的治疗，患者远期生存率可接近 60%。对于本例患者，针对治疗做好各项护理和病情观察，同时注意患者的安全护理及心理护理是成功治愈异基因造血干细胞移植后 EB 病毒相关中枢神经系统淋巴增殖性疾病的关键。

PO-2395

两例血液病患者伴有腭痿行造血干细胞移植的护理

张桂丽、张秋会

中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 探讨血液病患者既往合并腭痿行单倍体造血干细胞移植期间的护理方法，为临床提供参考。

方法 回顾病例，两例患者移植前均有腭痿，总结针对该类患者干细胞移植期间的护理要点。

结果 腭痿作为口鼻腔之间的异常通道，在造血干细胞移植患者处于骨髓抑制期间是发生感染的高风险部位，因此应做好腭痿部位的日常清洁和感染预防，对于痿管较大的患者应给予三餐后痿道冲洗，痿管较小的患者予以氧氟沙星滴眼液滴鼻预防感染，每周予腭痿部位采集拭子监测有无感染，每班加强观察患者腭痿情况，详细记录有无渗出变化，必要时遵医嘱输入抗生素抗感染治疗。患者因伴有感染灶，当出现发热症状时应及时抽取血培养，遵医嘱予以退热治疗。在护理该类患者时应严格注意手卫生，加强无菌观念，在对患者的日常护理中也要额外注重口腔护理的重要性。患者本身因疾病心理压力，移植期间应给予针对性的心理护理，增强其治愈的信心。经过治疗，由于一例患者入仓时伴有肺部感染同时合并铜绿假单胞菌耐药菌感染，粒缺期多重耐药菌感染，感染控制不佳，后出现急性左心衰转入ICU后并发多脏器功能衰竭放弃治疗，自动出院；另一例患者则血象恢复顺利出仓。

结论 当患者存在腭痿时，在造血干细胞移植过程中可能会导致多部位感染，同时局部和血流同时感染，引起菌血症，增加了多脏器功能衰竭的风险。在护理过程中要对患者既往耐药菌、感染部位及感染菌株重点监测，对症护理，使患者造血干细胞移植的风险降至最低。

PO-2396

白消安与大剂量伊达比星预处理方案联合自体造血干细胞移植巩固治疗急性髓系白血病患者疗效分析

洪鸣、江兆清、刘文洁、孙倩、钱思轩

江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 探讨白消安（Bu）与大剂量伊达比星（IDA）预处理方案（I-Bu）联合自体造血干细胞移植（ASCT）巩固治疗首次完全缓解（CR1）的急性髓系白血病（AML）患者的临床疗效及安全性。

方法 回顾性分析南京医科大学第一附属医院血液科2004年12月至2021年12月接受I-Bu预处理方案联合ASCT作为缓解后治疗的59例AML患者的临床资料(自体移植组)，并与53例行中大剂量阿糖胞苷（Ara-C）巩固化疗的低中危AML患者（单纯化疗组）对比，分析比较2组的总生存期（OS）及无病生存期（DFS）。同时采用单因素及多因素分析探讨影响患者OS的预后因素。

结果 112例患者中位随访时间为65个月（6~200月），随访截止时间为2022年6月20日。自体移植组与单纯化疗组的中位随访时间分别为73个月（7-200月）及34个月（6-136月），中位OS均未达到，分析得出自体移植组2年、5年及10年OS分别为83.1%、77.9%及71.8%；2年、5年及10年的DFS分别为76.2%、72.5%及69.7%，巩固化疗组2年、5年、10年OS分别为60.2%，55.7%，55.7%，2年、5年、10年DFS分别为54.3%，51.8%，51.8%。自体移植组OS及DFS明显优于化疗组（OS：P=0.033，HR=0.481，95%CI：0.246~0.942；DFS：P=0.027，HR=0.490，95%CI：0.260~0.923）。单因素分析发现初诊时患者治疗方案（自体移植或单纯化疗）是影响预后的因素，多因素分析结果表明，仅有治疗方案（是否接受ASCT）是影响患者OS的独立预后不良因素。

结论 I-Bu预处理方案联合ASCT用于AML患者的缓解后治疗安全有效，可能改善患者的长期生存。

PO-2397

Treatment of central nervous system viral infections after allo-HSCT with intrathecal donor lymphocyte infusion

Ruirui Gui,Zhen Li,Juan Wang,Yingling Zu,Jian Zhou
Henan cancer hospital

Objective To investigate the efficacy and safety of intrathecal donor lymphocyte injection (IDLI) in the treatment of central nervous system virus infection after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT).

Methods The clinical data of 32 patients with central nervous system virus infection after allo-HSCT treated with IDLI from May 2014 to February 2024 were retrospectively analyzed. Once the central nervous system virus infection was diagnosed, the patient or his family signed the IDLI treatment consent. The mononuclear cells were isolated from 20ml of peripheral blood of the original donor or a third immediate family member under strict aseptic conditions, then IDLI was performed once a week, until the virus in cerebrospinal fluid turns negative by PCR and/or mNGS.

Results In terms of donor lymphocyte origin, 27 cases were from the original donor and 5 were from a third immediate family member. The first IDLI was on day 16 (40-1946) after allo-HSCT. The median number of cycles of IDLI was 3(1-12), median number of donor lymphocytes in a single IDLI was $2.7 (1.25-3.18) \times 10^7$, median duration of IDLI was 16 days (6-84). 29 cases (90.6%) had an objective response, with best overall response of complete response in 21 (65.6%), partial response in 8 (7%), median time to complete response was 17 days (8-77) after IDLI. Median follow-up was 201 days (2-3560), a total of 125 times IDLI were given, only 1 patient developed chronic graft-versus-host disease after the 12th IDLI treatment, and no immediate or long-term adverse reactions were observed in the other patients.

Conclusion IDLI provides clinical benefit in patients with central nervous system virus infection after allo-HSCT, with high safety. These data represent a transformative and accessible treatment advance for patients with central nervous system virus infection after allo-HSCT with few treatment options.

PO-2398

改良 ChiFAB 方案（西达本胺、氟达拉滨、阿糖胞苷和拆分白消安）改善未缓解急性髓细胞白血病白血病和 MDS 患者异基因造血干细胞移植的预后

刘志刚、董天、邝璞、陈心传、徐娟、牛挺、刘霆、季杰
四川大学华西医院

目的 验证移植前有白血病残留或未达到缓解，或年龄偏大、一般功能状态不佳的急性髓细胞白血病或 MDS 患者接受拆分白消安为基础的预处理方案后进行异基因造血干细胞移植的疗效和安全性。

方法 改良 ChiFAB 给药方式如下：西达本胺，从 D-15 开始，口服 30 mg，每周两次，持续 3 周；氟达拉滨，30 mg/m²，D-7 至 D-3；阿糖胞苷，氟达拉滨结束后 4 小时，1 g/m²，D-7 至 D-3；白消安，2 周内分两次使用，累积剂量为 12.8mg/kg 或达到 20,000 ±12%μmol/分钟（D-14，-13 给与预激剂量 80mg/m²，剩余剂量在 D-7 至 D-4 给与）。HLA 全相合供者急性移植抗宿主病预防为移植后环磷酰胺加环孢霉素，单倍体移植在上述基础上加用移植后抗胸腺细胞球蛋白和霉酚酸酯。供者淋巴细胞输注在本试验中没有常规使用。

结果 共纳入 26 例患者，其中 AML19 例、MDS4 例、MDS-EB2 3 例，中位年龄 48 岁（范围 23~65 岁）。男女比例为 1: 1.2。19 例患者为高危核型。其中 7 例接受同胞全相合移植，2 例为无关供者全相合移植，17 例为单倍体移植。14 例移植前 MRD 阳性（骨髓原始细胞<5%），12 例为疾病未缓解（骨髓原始细胞超过 5%，其中 4 例为难治性 AML，骨髓原始细胞超过 20%）。移植后中性粒细胞和血小板植入时间平均 13 天（11-18 天）和 16 天（11-53 天）。24 例（92.3%）患者在移植后 30 天达到 MRD 阴性。3 例发生（12.5%）II°aGVHD，2 例（8.3%）在移植后 100 天内发生 TA-TMA。中位随访时间为 370 天（60-1365），估计 1 年无进展生存期（PFS）和总生存期（OS）分别为 56.4%和 69.2%。对于 MRD+或活动性疾病的患者，估计 1 年 PFS 分别为 64.8%和 45.5%，这两组患者的估计 1 年 OS 分别为 76.2%和 63.6%。非复发死亡率为 19.2%，其中肺炎为最常见的原因（3 例为 COVID19 肺炎，2 例为 CMV 肺炎）。

结论 拆分白消安为基础的改良 ChiFAB 预处理化疗方案可使 MRD 阳性或未缓解的急性髓细胞白血病或 MDS 患者获得移植后生存优势且具有良好的耐受性。

PO-2399

Efficacy of modified melphalan and busulfan-based conditioning regimen for ASCT in patients with low- or intermediate-risk AML

shulian chen^{1,2}, xiaoyu Zhang^{1,2}, yi He^{1,2}, sizhou Feng^{1,2}, mingzhe Han^{1,2}, xingli Zhao³, jie Bai⁴, lijuan Li⁵, zhihua Zhang⁶, ying Wang^{1,2}, jianxiang Wang^{1,2}, weihua Zhai^{1,2}, erlie Jiang^{1,2}

1. State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College
2. Tianjin Institutes of Health Science
3. Tianjin People's Hospital
4. The Second Hospital of Tianjin Medical University
5. Tianjin Medical University General Hospital
6. The Affiliated Hospital of Chengde Medical University

Objective Treatment options for patients with low-risk or intermediate-risk acute myeloid leukemia (AML) patients (non-M3) who achieved complete response (CR) after one course of induction chemotherapy include consolidation chemotherapy, autologous hematopoietic stem cell transplantation (ASCT) and allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). Compared with chemotherapy, ASCT could significantly reduce relapse rate, as was associated with significantly lower transplant-related mortality compared with allo-HSCT, but relapse rate was relatively high. The selection of conditioning regimen was crucial to reduce relapse rate after transplantation. In this study, we made refinements in the conditioning regimen with two alkylating agents, namely MCBA (the combination of melphalan, cladribine, busulfan, and cytarabine). We aim to investigate the efficacy of MCBA conditioning regimen for ASCT in low-risk or intermediate-risk AML patients who achieved CR after one course of induction chemotherapy.

Methods This prospective multi-center clinical trial was conducted in 5 tertiary hospitals in China, and enrolled low-risk or intermediate-risk AML patients (non-M3) who achieved CR after one course of induction chemotherapy, followed by 1-2 courses of high-dose cytarabine consolidation chemotherapy, and underwent ASCT from May 2021 to January 2024 (ChiCTR Registration ID: ChiCTR2200056167). The MCBA conditioning regimen consists of melphalan 70mg/m²/d, day -6~-5, cladribine 5mg/m²/d, day -4~-2, busulfan 3.2mg/kg/d, day -8~-7, cytarabine 2g/m²/d, day -4~-2.

Results This study included a total 26 AML patients, 18 males, 8 females, with median age 43 years (ranged 20~59 years). According to the 2017 European LeukemiaNet (ELN) criteria, there were 9 low-risk and 17 intermediate-risk patients. The median counts of infused mononuclear cells and CD34+ cells were 11.94 × 10⁸ (range: 1.79 × 10⁸–34.68 × 10⁸) and 2.36 × 10⁶/kg

(range: 1.05×10^6 – 17.15×10^6), respectively. Neutrophil and platelet engraftment were achieved in all patients, with a median time of 12 days (range: 10–27) and 31 days (range: 12–150) respectively. On the day of reconstitution, all patients exhibited good responses, including hematologic CR and minimal residual disease (MRD) negativity rates of 100%. 18 (69.2%) patients received maintenance therapy after ASCT, with a median time of 3.25 months (range: 1–9 months). Azacytidine, venetoclax, decitabine or gilteritinib were the main maintenance therapies. Following a median follow-up of 511 days (range, 72–1048 days), the 1-year overall survival (OS) and disease-free survival (DFS) rates were $90.6\% \pm 6.3\%$ and $72.0\% \pm 9.8\%$, respectively. Additionally, seven patients were reclassified as adverse risk cases based on the 2022 ELN criteria, three of whom experienced a relapse. In the univariate analysis, the absence of maintenance therapy post-ASCT and the adverse risk category based on the 2022 ELN criteria were significantly associated with worse OS.

Conclusion The preliminary data demonstrated the efficiency of MCBA conditioning regimen for ASCT in low-risk or intermediate-risk AML patients who achieved CR after one course of induction chemotherapy. Immediate initiation of maintenance therapy post-ASCT is recommended to enhance OS. Utilizing the 2022 ELN criteria holds promise for better patient screening and improved autologous transplantation efficacy in the future.

PO-2400

The efficacy and safety of cladribine involved dual-alkylating regimen for allogeneic transplantation in patients with refractory/relapsed AML: middle-term outcome of a multicenter trial

shulian chen^{1,2}, xiaoyu Zhang^{1,2}, weihua Zhai^{1,2}, ting Niu³, yajing Xu⁴, guangxun Gao⁵, shengjin Fan⁶, zeping Zhou⁷, fang Zhou⁸, fei Li⁹, li Liu¹⁰, wei Yang¹¹, qifa Liu¹², xi Zhang¹³, yi He^{1,2}, sizhou Feng^{1,2}, mingzhe Han^{1,2}, erlie Jiang^{1,2}

1. State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

2. Tianjin Institutes of Health Science

3. Sichuan University West China Hospital

4. Xiangya Hospital Central South University

5. The First Affiliated Hospital of Air Force Medical University

6. First Affiliated Hospital of Harbin Medical University

7. The Second Affiliated Hospital of Kunming Medical University

8. PLA 960th Hospital

9. The First Affiliated Hospital of Nanchang University

10. Tangdu Hospital Fourth Military Medical University

11. Shengjing Hospital of China Medical University

12. Southern Medical University Nanfang Hospital

13. Army Medical University Xinqiao Hospital, Medical center of Hematology

Objective Allogeneic Hematopoietic stem cell transplantation (Allo-HSCT) offers the only survival opportunity for refractory/relapsed (R/R) AML patients, as those patients responded insufficiently to chemotherapy. However, the overall survival (OS) rate after HSCT is reported to be only 20~40%. Optimization of the conditioning regimen aims to eradicate leukemia blasts and reduce early relapse. In this study, we made refinements in the conditioning regimen with both melphalan and busulfan, namely MCBC (the combination of melphalan, cladribine, busulfan, and cyclophosphamide). We aim to investigate the efficacy and safety of MCBC conditioning regimen for allo-HSCT in R/R AML patients.

Methods This prospective multi-center clinical trial was conducted in 12 tertiary hospitals in China, and enrolled R/R AML patients underwent allo-HSCT from March 2020 to January

2022(ChiCTR Registration ID: ChiCTR2000029936). All patients enrolled received MCBC preconditioning regimen: melphalan 60mg/m²/d, day -9~-8, cladribine 5mg/m²/d, day -7~-5, busulfan 3.2mg/kg/d, day -5~-3, cyclophosphamide 30mg/kg/d, day -2~-1. A post-transplantation consolidation treatment was provided whenever possible, including low-dose azacytidine, venetoclax, chidamide or FLT3 inhibitors.

Results This study included 56 R/R AML patients, including 31 refractory and 25 relapsed AML. 28 males, 28 females, with median age 38 years (range, 13-56 years). Only 23 patients achieved hematology remission before transplantation, and 10 patients presented with active disease, defined as marrow blasts > 20% or extramedullary disease at HSCT. It is inspiring that hematopoietic reconstitution was achieved in all 56 patients, and all patients (100%) achieved hematology complete remission (CR) on day +14. With a median follow-up of 854 days (range 48 to 1343), the 2-year overall survival (OS) and relapse-free survival (RFS) were 60.7 ± 6.5% (95% CI 47.5~73.9) and 57.1 ± 6.6% (95% CI 43.8~70.5), respectively, the estimated 3-year OS and RFS rates were 58.9 ± 6.6% (95% CI 45.6~72.2) and 55.4 ± 6.6% (95% CI 41.9~68.8), respectively. A total of 19 patients experienced relapse, the 2-year cumulative incidence relapse (CIR) rate was 34.2 ± 6.6% (95% CI 19.5~44.8), the estimated 3-year CIR rate was 36.3 ± 6.7% (95% CI 21.1~46.7). Six patients died of severe infection or GVHD. The NRM rate was 11.8 ± 4.5% (95% CI 2.4~19.1). 31 patients received maintenance therapy after HSCT. The median time from HSCT to the start of maintenance therapy was 2.5 months (range, 1-4.5 months). Mucositis was the main reported regimen-related toxicity, and it was well controlled. Subgroup analyses illustrated that blasts count ≥ 20% before HSCT and the absence of maintenance treatment after HSCT were poor predictors.

Conclusion MCBC conditioning regimen displayed profound anti-leukemia activity with good tolerability, high OS and RFS rates, and low NRM rates in patients with R/R AML. For patients with a high leukemic blast burden, opportune maintenance treatment led to significantly improved OS and RFS.

PO-2401

2 例白血病患者行异体周血干细胞移植后 感染嗜肺军团菌致心衰的护理

王晓晗、张秋会

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨患者行异体周血干细胞移植后感染嗜肺军团菌致心衰护理方法，为临床工作提供参考。

方法 回顾性分析 2 例患者的临床表现、治疗及护理经过，总结嗜肺军团菌致心衰的护理重点。

结果 本案例 2 例患者在行异体周血干细胞移植后均表现为持续发热、心力衰竭、咳嗽咳痰；2 例患者分别于移植后+3d、+7d 静脉血 NGS 回报嗜肺军团菌；应做好高热状态下护理，加强基础护理，规范手卫生及无菌操作，避免交叉感染；患者出现胸闷憋气予以鼻导管氧气吸入 3L/min，抬高床头，积极补充蛋白，予以蛋白后利尿剂应用，严格限制液体速度，控制饮食量，减轻心脏负担，详细记录 24h 出入量，每日监测患者体重及腹围变化，查看患者是否出现水肿；应用抗生素抗感染治疗，予以布地奈德雾化吸入。其中一例患者出现低钾血症、高钠血症，以致引起肾损伤，密切观察尿的颜色、量。由于患者长时间卧床，皮肤不可忽略，观察患者是否出现压疮。除此之外，做好针对性的心理护理对促进疾病恢复具有重要意义。

结论 感染该菌后病情发展迅速，可引起多器官功能衰竭，应重点关注患者心、肾功能以及肺。经过精心护理，2 例患者胸闷憋气症状较前好转，发热频率较前下降，分别于移植后+12d、+18d 均粒细胞植入顺利出仓。

PO-2402

VLA-4 Agonist Promote Engraftment and Immune Reconstitution of Allogeneic Hematopoietic Stem Cells

Qiaomei He¹, Xi Sun¹, Lin Chen², Jun Yang¹, Ying Gao³, Liping Wan¹, Yu Cai¹, Xiao Zhou¹, Lianghua Shen¹, Peiyao Jiang¹, Xiaodan Ding¹, Yin Tong¹, Huiying Qiu¹, Chongmei Huang¹, Baoxia Dong¹, Kun Zhou¹, Yuqin Yang⁴, Pengran Wang¹, Xiaozhen Liang³, Yan Zhang¹, Bo Zhou², Fang Zhang¹, Xianmin Song¹

1. Department of hematology, Shanghai General Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

2. State Key Laboratory of Cell Biology, Shanghai Institute of Biochemistry and Cell Biology, CAS Center for Excellence in Molecular Cell Science, Chinese Academy of Sciences, Shanghai 200031, China.

3. CAS Key laboratory of molecular virology and immunology, Chinese Academy of Sciences, Shanghai 200031, China.

4. Department of Laboratory Animal Center, Shanghai General Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, 201620, China

Objective Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) is hinged on the successful engraftment of donor-derived hematopoietic stem cells (HSCs) and the achievement of full-donor chimerism (FDC) for the reconstitution of the recipient's hematopoietic and immune system. Moreover, early cell immune reconstitution after allo-HSCT is pivotal to prevent pathogenic microorganism infection and original disease relapse, which are the two most important causes of transplantation failure. Therefore, it is of great clinical significance to effectively promote donor HSC implantation and accelerate immune reconstitution after allo-HSCT. However, little is known about how to promote implantation and early immune reconstitution of HSCs through regulating its own functions.

Methods Single-cell transcriptome sequencing analysis on bone marrow cells from clinical samples and mouse models in two states, from mixed donor chimerism (MDC) to FDC, was performed to explore the key regulatory target affecting HSC implantation after allo-HSCT. The effects of the agonists that modulate this target on HSC implantation after transplantation were investigated in a novel MDC mouse model. The effects of the agonist regulating this target on HSC function were investigated by competitive transplantation mouse model and serial umbilical cord blood (UCB) xenograft transplantation model. The mechanisms of the agonist were further explored by single-cell sequencing.

Results We identified very-late antigen (VLA-4) as a pivotal target in regulating HSC implantation. Critically, we screened out a VLA-4 agonist, which could promote the implantation and long-term hematopoietic reconstitution of donor HSCs in a mixed donor chimerism (MDC) mouse model and serial xenotransplantation model of human CD34+ cells from umbilical cord blood (UCB), with increasing the number of severe combined immunodeficient (SCID)-repopulating cells (SRCs) five-fold in vivo. Furthermore, the VLA-4 agonist could facilitate early post-transplant immune reconstitution by boosting T cell output of HSCs, and the reconstituted immune cells have the potency of anti-virus and -tumor effects without aggravating graft-versus-host disease. Mechanistic investigations revealed that the VLA-4 agonist modulates HSC functions and lymphoid progenitor differentiation via the ERK1/2 phosphorylation pathway, without increasing leukemia transformation risk.

Conclusion Our research underscores the significant potential of the VLA-4 agonist in addressing two of the foremost challenges in allo-HSCT: enhancing engraftment efficiency and facilitating early immune reconstitution of HSCs. These findings pave the way for further clinical exploration and application of the VLA-4 agonist in HSCT.

PO-2403

自体造血干细胞移植患者居家未满足需求现状及影响因素

罗琴

重庆大学附属肿瘤医院

目的 调查自体造血干细胞移植患者居家未满足照护需求现状并分析其影响因素。

方法 采用一般资料调查表、中文版癌症患者未满足需求简明量表（The Chinese Version of Short-Form Survivor Unmet Needs Survey, SF-SUNS-C）、癌症治疗功能评价系统—普适性量表（Functional Assessment of Cancer Therapy-General: FACT-G）、病人健康问卷-9（Patient Health Questionnaire 9, PHO-9）对 100 例自体造血干细胞患者进行问卷调查。

结果 多元线性回归分析显示，不同性别、文化程度、家庭收入情况、疾病分期、既往疾病种数是自体造血干细胞移植患者居家未满足的主要影响因素($P<0.001$)。

结论 自体造血干细胞移植患者居家未满足照护需求处于中等水平,医务人员应以降低并发症发生率、缓解病人抑郁情绪、提高病人社会支持水平为切入点,提供整体化和个性化相结合的干预措施。降低病人居家未满足照护需求水平,改善病人的预后和生存质量。

PO-2404

一例急性髓性白血病患者行异体周血干细胞移植期间合并房颤的护理体会

韩俊英、张秋会

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨一例急性髓系白血病患者行异体周血干细胞移植期间合并房颤的护理经验分享。

方法 回顾性分析患者的临床表现、治疗用药及护理观察要点。

结果 本案例中患者在-1d 凌晨睡眠状态下利用远端心电监护系统提示房颤，复测心室率 132-183 次/分，血压 136/68mmhg，患者主诉略感心慌伴饥饿感，指尖血糖正常，血钾 3.55mmol/L,应遵医嘱预防性用药，应用保护心脏药物；症状处理按时予以患者美托洛尔 25mg 口服，补钾治疗；房颤发生时，遵医嘱床旁心电图，10 分钟一次；症状无好转，遵医嘱及时药物治疗，严格用药剂量、用药途径，西地兰 0.2mg 静注，观察 1 小时后仍未转复窦律，予可达龙泵滴，心电监护仍示房颤律，心室率 97-135 次/分。继续应用胺碘酮治疗静脉点滴，1mg/min 泵入，观察用药后病情变化；密切监测心率、血压、血氧等生命体征变化，持续心电监护，密切观察患者心律转窦性心率后心率变化情况；病情观察，及时发现患者病情变化，患者在骨髓抑制期间出现咽痛、口腔溃疡疼痛，发生吞咽动作时，心率一过性快速上升至 150 次/分左右，伴有心率不齐；患者突发病情变化，造成一定心理压力，产生恐惧心理，因此做好针对性的心理护理具有重要意义。通过一系列观察、治疗、护理，患者经治疗后心律转窦性心率，停用胺碘酮，予普罗帕酮及美托洛尔口服，未再发生房颤，+23 天患者血象恢复顺利出仓。

结论 造血干细胞移植是治疗恶性血液病的有效治疗方法。由于预处理药物毒副作用，患者发生房颤，提前用药保护心脏治疗，密切观察病情变化，及早发现房颤发生，准确用药，观察用药反应防止房颤再次发生，通过以上护理措施，本例患者移植后未再发生房颤，顺利出仓。

PO-2405

一例骨髓异常增生综合征患者行半倍体造血干细胞移植期间 消化道出血、血栓性外痔合并肛周感染的护理

张玲

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 分析 1 例男性 31 岁，骨髓增生异常综合征患者，行半倍体造血干细胞移植期间出现消化道出血、既往痔疮病史未清除致粒缺期血栓性外痔合并尿肠球菌感染，针对该患者的主要护理问题提出相应的护理措施。

方法 分析 1 例男性 31 岁，骨髓增生异常综合征患者，行半倍体造血干细胞移植期间出现消化道出血、既往痔疮病史未清除致粒缺期血栓性外痔合并尿肠球菌感染，针对该患者的主要护理问题提出相应的护理措施。

结果 预处理期间严密观察患者消化道症状的、排便后肛周的变化，及时给予相应的护理措施，如止吐、止泻、保护胃肠药物的应用；指导患者正确坐浴方法，保持局部的清洁；-1 天痔核充血、2*3CM，不可还纳，疼痛评分 6-8 分，局部予麻药止痛；观察痔核大小、颜色，减轻局部的水肿，口服草木犀片，局部外涂中药湿敷。粒缺期严格无菌操作，+1 天患者肛周拭子结果尿肠球菌，美罗培南联合替考拉宁抗感染治疗；鉴别内外痔的出血、消化道出血，+7 天腹泻、黑便，并伴有痔核渗血，痔核发黑，给予禁食、加强保胃药物与止血药物的应用，积极输入血制品；腹泻、禁食期间预防电解质紊乱，及时补钾补钠补钙等治疗。+12 天痔核缩小，症状好转，感染控制，粒细胞顺利植活。

结论 既往合并痔疮史等肛周疾病的患者，移植期间由于严重的消化道症状及粒缺时间的延长，会有原有肛周疾病的加重、增加局部或全身感染的风险，在护理此类患者时应严格遵守各项操作流程及无菌原则，严密观察病情变化，积极对症治疗，使患者顺利完成造血干细胞移植。

PO-2406

入院准备核查表在造血干细胞移植患者中的应用

周文静

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 设计造血干细胞移植患者入院准备核查表并评价其在移植患者中的应用效果。

方法 通过文献检索与专家函询构建造血干细胞移植患者入院准备核查表，通过临床应用 6 个月后，对比使用入院核查表前后的效果，观察核查表对患者入院准备合格率、护士工作耗时情况以及患者对护理满意度的影响。

结果 设计的造血干细胞移植患者入院准备核查表包含 4 个核查时间点和 19 个条目，在临床应用后，移植患者准备合格率由 78.1% 上升至 98.6% ($P < 0.05$)，入院时护士收治平均耗时从 48min 降至 12min ($P < 0.05$)，患者对护理满意度从 88% 上升至 95% ($P < 0.05$)。

结论 本研究构建的造血干细胞移植患者入院准备核查表具有较好的科学性与实用性，该核查表的应用降低了因患者准备不足或者护士准备不足而造成的意外事件，缩短了入院耗时并减轻临床护士的工作量，提高了患者满意度与护理质量，实现了双赢，具有一定的临床推广价值。

PO-2407

口腔低温治疗联合紫外线治疗仪照射防治高剂量马法兰导致口腔粘膜炎症效果观察

王璇、郭树霞
郑州人民医院

目的 探讨康复新液口腔低温治疗联合紫外线治疗仪照射治疗口腔粘膜炎症效果。

方法 选取在郑州人民医院血液内科予以单次高剂量马法兰预处理的患者 30 例，随机分为对照组 15 例，试验组 15 例。两组均给予常规口腔护理，每日 2 次基础上，对照组联合康复新液常温含漱，试验组给予康复新液冷冻冰块后含化，均自输注马法兰前 1h 起，至输注结束后 3h，持续含漱/化，观察两组患者口腔黏膜炎发生率。当出现口腔黏膜炎，对照组给予外用重组人酸性成纤维细胞生长因子涂抹创面，试验组给予康复新液口腔低温治疗；试验组给予紫外线治疗仪体腔照射，两组病人于用药 7d 后评价疗效比较两组的治疗效果。

结果 试验组患者口腔黏膜炎发生率低于对照组，且均能良好耐受冰块的冷刺激；对口腔黏膜炎的治疗，对照组与试验组治疗的总有效率分别为 60% 与 93%，试验组疗效优于对照组，差异有统计学意义。

结论 康复新液口腔低温治疗可有效降低高剂量马法兰导致口腔黏膜炎的发生率；康复新液口腔低温治疗联合紫外线治疗仪照射防治高剂量马法兰导致口腔黏膜炎效果显著。

PO-2408

淋巴瘤自体造血干细胞移植中含苯达莫司汀预处理方案的疗效及安全性

赵德芳、邢宏运、何光凤、曾凤
西南医科大学附属医院

目的 探讨含苯达莫司汀的 BeEAM（苯达莫司汀+依托泊苷+阿糖胞苷+美法仑）和 BeEAC（苯达莫司汀+依托泊苷+阿糖胞苷+环磷酰胺）预处理方案用于淋巴瘤自体造血干细胞移植的临床疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2021 年 1 月至 2024 年 2 月西南医科大学附属医院行含 Ben 的预处理方案自体造血干细胞移植的 22 例淋巴瘤患者的临床资料，其中行 BeEAM 预处理方案 12 例，BeEAC 预处理方案 10 例；霍奇金淋巴瘤 1 例，非霍奇金淋巴瘤 21 例；初治患者 17 例，复发或难治性患者 5 例。分析患者造血重建情况、移植后疾病转归及预处理相关不良反应。

结果 22 例患者均成功获得造血重建，移植时回输的造血干细胞 CD34+ 细胞中位数为 4.01 (1.75-10.18) ×10⁶ / kg，单核细胞中位数 8.13 (3.70-15.53) ×10⁸ / kg，初治患者的中性粒细胞植入中位时间 12 (9-25) d，血小板植入中位时间 14 (9-26) d；复发或难治性患者中性粒细胞植入中位时间 14 (9-18) d，血小板植入中位时间 17 (12-28) d。中位随访时间 19 (1-37) 个月，至随访结束死亡 1 例，移植造血重建后 1 月死于脓毒症、急性左心衰。患者移植 12 和 24 个月生存率分别为 95.45% 和 95.45%，无进展生存率分别为 61.75% 和 61.75%。中位无进展生存期及总生存时间均未到达。21 例患者发生不同程度的恶心呕吐、腹泻，均为 1-2 级；肾功能异常发生率 13.64%，均为 1-2 级；3-4 级肝功能异常的发生率为 13.64%。另外，5 例患者发生 3-4 级发热性中性粒细胞减少，9 例患者发生 1-2 级贫血，9 例患者发生 3-4 级血红蛋白减少，予以对症治疗后好转，无移植相关死亡事件发生。

结论 含 Ben 的方案作为淋巴瘤自体造血干细胞移植预处理临床疗效显著，移植相关不良反应可耐受。

PO-2409

儿童造血干细胞移植后胸腔漏气综合征继发堪萨斯分枝杆菌肺病 1 例并文献复习

余嘉明、王晓东、杨莉莉、李越、张瑜、黄晓婵、贺小慧、王春静、杨春兰、文飞球、刘四喜
深圳市儿童医院

目的 报道 1 例急性髓性白血病（AML）儿童移植术后胸腔漏气综合征（TALS）继发堪萨斯分枝杆菌肺病的临床特征、治疗及随访，提高对该并发症的认识。

方法 回顾性分析 1 例 AML 行单倍体造血干细胞移植术（HSCT）患者的临床资料，并通过中国知网、万方数据库、Pubmed 数据库进行文献检索（建库至 2024 年 2 月），结合本例资料总结堪萨斯分枝杆菌肺病诊治特点。

结果 患儿，女，11 岁，因 AML 行单倍体异基因造血干细胞移植术（allo-HSCT），术后+193 天并发 TALS；术后+262 天患儿胸部 CT 提示右肺上叶厚壁空洞形成，给予伏立康唑联合卡泊芬净治疗无效；术后+307 天肺泡灌洗液病原学提示堪萨斯分枝杆菌感染，对利福平耐药，给予乙胺丁醇+异烟肼+莫西沙星+克拉霉素联合治疗显著；现术后 580 天，仍需低流量给氧支持，复查影像学明显好转，继续随访治疗。检索到儿童 HSCT 后 TALS 相关的中文文献 3 篇，英文文献 10 篇，共报道 26 例儿童病例资料。未能检索到儿童 HSCT 后堪萨斯分枝杆菌感染的病例报道。

结论 儿童 allo-HSCT 后 TALS 罕见且可合并感染；当继发肺空洞病变且抗真菌治疗无效时，需警惕非结核分枝杆菌感染。这是国际首例儿童 allo-HSCT 后 TALS 继发堪萨斯分枝杆菌肺病的病例报道。

PO-2410

肠内营养对儿童异基因造血干细胞移植患者肠道菌群的影响

宋欣平、刘四喜
深圳市儿童医院

目的 探究小佰太能全营养配方食品作为肠内营养补充剂对因重型地中海贫血行异基因造血干细胞移植的儿童患者肠道菌群的影响。

方法 对 2022 年 2 月至 2023 年 6 月期间因重型地中海贫血于深圳市儿童医院血液肿瘤科接受异基因造血干细胞移植的 88 名患儿行单中心、前瞻性队列研究。入住移植仓期间，暴露组采用无菌饮食+服用小佰太能全营养配方食品，非暴露组仅无菌饮食。观察两组肠道菌群的变化、一般情况及不良事件发生率和营养指标变化。

结果 1.两组患者的住院天数、仓内住院天数、三系植入时间、移植抗宿主病（皮肤、肠道、肝脏）、口腔黏膜炎、腹泻病、低蛋白血症、低丙种球蛋白血症、电解质紊乱（低钠、低钾、低镁、低钙、低磷）和肝窦静脉阻塞综合征发生率均无显著统计学差异；2.两组肠道菌群多样性对比分析显示：移植早期，暴露组肠道菌群 Chao1 指数显著高于非暴露组；3.两组主要菌群差异对比分析显示：门水平上，移植晚期暴露组梭菌门相对丰度显著高于非暴露组；纲水平上，移植早期暴露组芽孢杆菌纲相对丰度显著高于非暴露组；移植晚期暴露组梭杆菌纲相对丰度显著高于非暴露组；目水平上，移植早期暴露组乳杆菌目相对丰度和移植晚期暴露组梭杆菌目相对丰度均显著高于非暴露组；科水平上，移植晚期暴露组梭杆菌科相对丰度显著高于非暴露组；属水平上，移植晚期暴露组

中 *Phocaeicola*、梭杆菌属相对丰度显著高于非暴露组；种水平上，移植晚期暴露组中 *Phocaeicola_vulgatus*、*Bacteroides_hominis* 相对丰度显著高于非暴露组；4.营养指标对比分析显示：两组的体重、BMI、血清总蛋白、血清白蛋白、血清球蛋白、血清白球比、血清前白蛋白和血清视黄醇结合蛋白在时间效应存在统计学差异，组间效应及交互效应无显著统计学差异。

结论 1.使用小佰太能全营养配方食品作为肠内营养补充剂在减轻异基因造血干细胞移植的儿童患者移植早期的肠道菌群多样性失调方面具有显著积极作用并具有保护肠道菌群稳态的潜能；2.小佰太能全营养配方食品在异基因造血干细胞移植儿童患者中的应用具有安全性。

PO-2411

健康教育路径在造血干细胞移植患者及家属心理护理中的应用

郭玉帅、刘玉秋

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 造血干细胞移植(HSCT)病程较长，在化疗和放疗期间药物的副作用较大，异基因移植患者术后需要长期服用免疫制剂，给患者及家属带来了沉重的经济负担，同时也带来心理负担。整个移植过程主要经历了五个心理阶段：入层流病房前、预处理期、干细胞移植、骨髓抑制期及出层流病房时的健康教育。护士通过针对患者不同阶段的心理状态，进行有效的健康教育，使患者克服恐惧、焦虑心理，鼓励患者树立战胜疾病，顺利走出层流病房的信心。分析健康教育在造血干细胞移植患者及家属心理护理中的应用。

方法 选取 2023 年 1 月-6 月我院收治的造血干细胞移植患者 60 例作为研究对象，将其随机分为观察组与对照组，各 30 例，对照组接受基础护理，观察组由护士长及责任护士的共同组成，依据造血干细胞移植护理计划健康教育内容，在全面评估患者和家属对健康知识需求基础上制定规范、系统的健康教育路径，采用患者 SAS 评分评价患者焦虑程度，患者住院满意度及住院时间、住院费用对比两种护理的效果。

结果 观察组造血干细胞移植患者的 SAS 评分明显低于对照组；观察组满意率比对照组高，观察组患者的平均住院费用及住院时间明显低于对照组，差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 应用健康教育路径对造血干细胞移植患者进行健康教育，可减轻患者的焦虑程度，提高患者的满意率，减少患者的住院费用及住院时间。

PO-2412

造血干细胞移植后的血液病患者 ICU 治疗及转归

王栋、梁佩淇、谢妍、刘子溢、李倩、高梦、吴德沛、付建红

苏州大学附属第一医院

目的 分析并探讨异基因造血干细胞移植 (allogenic stem cell transplantaion, allo-HSCT) 后收治至血液专科 ICU 的患者治疗情况及预后转归。

方法 回顾性分析 2020 年 10 月至 2024 年 4 月收治至苏州大学附属第一医院血液 ICU 的 75 例 allo-HSCT 后 (≥ 28 天) 患者的临床数据，并进行生存分析、多因素分析等。

结果 75 例患者中，接受 ICU 治疗的中位时间为移植后 173 天 (33-1683 天)，入 ICU 病因的前五位为肺部感染 (38.7%)、消化道出血 (13.3%)、感染性休克 (12.0%)、移植物抗宿主病 (12.0%) 和血栓性微血管病 (6.7%)。患者在 ICU 住院的中位时间为 9 天 (0-41 天)，29.3% 的患者在住院期间依赖血管活性药物，33.3% 和 20.0% 的患者在住院期间需要无创呼吸机和气管插管辅助通气。经 ICU 治疗，41 例 (54.7%) 患者好转出 ICU，34 例 (45.3%) 患者好转出院，中

位随访时间 387 天（17-1252 天），患者总生存率为 38.5% (95% CI, 29.4-50.6%)。将患者分为生存组和死亡组，多因素分析显示高胆红素、SOFA 评分高、APACHE II 评分高、依赖血管活性药物以及机械通气等是患者 ICU 住院期间死亡的危险因素。

结论 allo-HSCT 后收治至 ICU 的患者以肺部感染居首位，患者总体病情危重，死亡率高；高胆红素、高 SOFA 评分、依赖血管活性药物等是预后不良的危险因素。

PO-2413

异基因造血干细胞移植术后合并神经系统并发症的临床特征及危险因素分析

石亚军、汉英、王莹、张君玲、李亚珍、蕙瑞、吴涛
中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 异基因造血干细胞移植术（allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT）后合并神经系统并发症（neurological complications, NCs）影响移植成功率，严重威胁患者生命。现统计联勤保障部队第九四〇医院血液科二十年来 allo-HSCT 患者合并 NCs 的种类、临床特征及危险因素分析

方法 统计我中心 2000 年 1 月至 2023 年 12 月行 allo-HSCT 且合并 NCs 的患者，对其临床资料进行回顾性分析。

结果 共 30 例 allo-HSCT 患者出现 NCs，其中，脑出血有 6 例，颅内感染 8 例，可逆性后部脑病综合征有 6 例，重症肌无力有 3 例，合并中枢肿瘤 1 例，单纯及合并癫痫有 8 例次；单因素分析显示血小板植入延迟、合并重度感染及急性 GVHD 是 allo-HSCT 患者发生 NCs 的危险因素。

结论 allo-HSCT 患者合并 NCs 最常见的是癫痫及颅内感染，血小板植入延迟、合并重度感染及急性 GVHD 是 allo-HSCT 患者发生 NCs 的危险因素。

PO-2414

脐带间充质干细胞在儿童地贫 haplo-HSCT 中的临床应用研究

杨莉莉、刘四喜
深圳市儿童医院

目的 探究脐带间充质干细胞（UC-MSCs）在儿童地中海贫血单倍体造血干细胞移植治疗中预防急性移植物抗宿主病和加快造血重建的有效性及安全性。

方法 收集 2019 年 1 月 1 日至 2021 年 06 月 30 日期间在深圳市儿童医院血液肿瘤科行单倍体造血干细胞移植治疗的地中海贫血患者的病例资料，根据是否输注 UC-MSCs 分为 UC-MSCs 组和对照组；分析两组患者之间移植相关并发症包括 aGVHD、cGVHD、BOS、PGF、GF、PTLD 的发生率、中性粒细胞（ANC）植活时间、血小板(PLT)植活时间和末次红细胞输注时间上的差异，并观察 UC-MSCs 相关不良反应等。

结果 1、分组情况：

（1）共 176 例患者纳入研究，均常规使用药物预防 GVHD：抗人胸腺免疫球蛋白(ATG)+环磷酰胺(PT-Cy)+他克莫司(FK-506)+吗替麦考酚酯(MMF)。

（2）UC-MSCs 组：共 130 例患者，在常规药物预防 GVHD 的基础上给予输注 UC-MSCs，输注时间为移植后第 5 天、第 15 天，平均输注细胞数为 $2.2(1.5\sim 3.6)\times 10^6/\text{kg}$ ；对照组：共 46 例患者未输注 UC-MSCs。

(3) 基线特征: 两组患者在年龄、性别、供者性别和来源、血型匹配、HLA 配型相合程度以及造血干细胞来源间的差异均无统计学意义 ($p>0.05$)。

2、植入失败: UC-MSCs 组 129 例患者成功植入, 1(0.8%)例继发性 GF, 发生率 0.8%; 对照组 45 例患者成功植入, 1 例原发性 GF, 发生率 2.2% ($p=0.456$)。

3、造血重建: 两组患者 ANC 植活中位时间为+17(10~23)天; PLT 植活中位时间为+14(7~39)天; 末次红细胞输注时间为+14(4~24)天。

UC-MSCs 组、对照组 ANC 平均植活时间分别为: +16.9(10~23)天、+19.0(15~22)天 ($p<0.001$), PLT 植活时间和末次红细胞输注时间差异无统计学意义 ($p>0.05$)。

4、移植相关并发症: UC-MSCs 组与对照组患者 II~IV 度 aGVHD 发生率分别为 3.1%、13.3% ($p=0.019$); 两组患者间 cGVHD、BOS、PTLD 发生率差异均无统计学意义 ($p>0.05$)

5、随访情况: 随访至今两组患者均未出现死亡病例。UC-MSCs 组中位随访时间为 16.3 个月, 随访至今所有患者均未出现严重不良反应; 对照组中位随访时间 22.8 个月。

结论 1、儿童地中海贫血患者 Haplo-HSCT 后+5 天、+15 天输注 UC-MSCs 能够降低 II~IV 度 aGVHD 发生率。

2、UC-MSCs 可促进造血重建, 加快中性粒细胞植活。

3、UC-MSC 输注安全性良好

PO-2415

色素上皮衍生因子抑制照射损伤内皮间质转化促进造血重建研究

鞠文^{1,2,3,4}、郝晓雯^{1,2,3}、李兴悦^{1,2,3}、李曰^{1,2,3}、袁胜男^{1,2,3}、黄玉金^{1,2,3}、徐开林^{1,2,3}、乔建林^{1,2,3}、曾令宇^{1,2,3}

1. 徐州医科大学血液病研究所
2. 徐州医科大学附属医院
3. 江苏省骨髓干细胞重点实验室
4. 徐州瑞虎健康管理咨询有限公司

目的 在前期明确 PEDF 修复损伤骨髓内皮细胞促进造血重建基础上, 研究色素上皮衍生因子 (PEDF) 在骨髓内皮损伤修复和造血重建中的作用机理

方法 建立移植预处理因素损伤骨髓内皮细胞体外和体内小鼠模型, 采用 RT-qPCR、流式细胞技术、免疫荧光标记技术、Western Blot、组学分析等方法, 检测 PEDF 对损伤内皮细胞内皮间质化 (endoMT) 的抑制作用和对 Keap1-NRF2 信号通路的影响, 阐明 PEDF 依赖 Keap1-NRF2 通路抑制 EndoMT, 促进造血重建的具体机理。

结果 本研究发现, 内皮细胞损伤后 PEDF 表达水平明显降低, 加入 PEDF 后内皮细胞 EndoMT 程度降低, 间质化直接相关的 ROS 水平降低, 内皮功能改善, 同时 PEDF 联合输注能够促进造血重建; 进一步机理分析证实非经典 Keap1-NRF2 通路激活是 PEDF 抑制 HSCT 相关骨髓内皮细胞 EndoMT 的潜在机制。

结论 PEDF 可抑制 EndoMT, 保护骨髓血管功能, 是阻断 HSCT 相关内皮进行性损伤, 促进 HSCT 后造血重建的潜在有效策略。

PO-2416

异基因造血干细胞移植治疗 ANKRD26 相关性 血小板减少症 1 例报告并文献复习

王向丽、吴涛、毛东锋、刘恒、刘文慧、周茵、田红娟
中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 我科收治了 1 例多次被误诊的 ANKRD26-RT 患儿，经 allo-HSCT 治疗效果良好。现予以报道，以期提高临床医师对本病的认识。

方法 选择 2023 年 7 月，我科收治的 1 例 10 岁女性 ANKRD26-RT 患者为研究对象。采用回顾性分析，对患者的临床表现与诊治过程进行分析。

结果 ①患者因“发现血小板减少 6 月余，皮肤出血点 1 天”入院。查血小板 $6 \times 10^9/L$ 。儿童血液病基因组套：ANKRD26 基因 5'UTR 区域 c-135A>C、FANCD2 基因 p.Thr908I1e、FANCM 基因 p.G1u471Lys、TCIRG1 基因 p.A1a322Thr、SMC2 基因 p.Met934Va1、MPL 基因 p.Thr62I1e 和 CTC1 基因 p.G1y131Arg 变异。②8 月 15 日行 allo-HSCT，+12d 粒系植活，+22d 血小板植活。+60d 骨穿：全片分 2 个巨核细胞，血小板可见、小堆偶见。2024 年 5 月 8 日血小板 $185 \times 10^9/L$ 。移植后复查嵌合均呈完全嵌合状态，在后续治疗随访中。

结论 ANKRD26-RT 罕见，易误诊、漏诊和治疗不当。其治疗旨在预防和治疗出血，HSCT 及基因治疗是其治愈性疗法，但临床上证据很少。我们本例报道的患儿，现造血功能重建，血小板恢复良好，印证了 HSCT 在 ANKRD26-RT 中的可行性。

PO-2417

TRB 多样性分析用于评估免疫缺陷患者 HCT 后 T 细胞重建 质量及早期识别 aGVHD 和 CMV 感染风险

朱光华¹、郑杰¹、王彬¹、骆燕辉¹、杨微¹、杨骏¹、贾晨光¹、井远方¹、陈薇¹、张顺进²、王晓霞²、刘晓^{2,3}、秦茂权¹

1. 首都医科大学附属北京儿童医院
2. 深圳泛因医学有限公司
3. 清华大学深圳国际研究生院

目的 本研究旨在通过高通量测序技术分析免疫缺陷患者在造血干细胞移植（HCT）前后的 T 细胞受体 β 链（TRB）库，以评估 T 细胞重建的质量，并探讨与治疗效果相关的因素。

方法 收集 16 例免疫缺陷患者在 HCT 前，以及移植后 3 个月、6 个月、9 个月和 12 个月的血液样本，并同时收集供者的血液样本。通过高通量测序技术对这些血液样本进行 TRB 测序。对 TRB 库的组成和多样性进行纵向分析，以评估患者在 HCT 后的 T 细胞重建情况。

结果 从移植前到移植后 3 个月，TCR 多样性的变化趋势主要受疾病本身的影响。在移植后 3 至 6 个月期间，TRB 多样性大多数呈上升趋势。研究发现，移植来源和移植前是否使用 ATG 与移植后 TRB 多样性的高低相关。亲缘供者的患者在移植后 TRB 多样性高于无关供者的患者，而移植前使用 ATG 的患者在移植后的 TRB 多样性低于未使用 ATG 的患者。此外，在移植后 3 个月时，发生急性移植物抗宿主病（aGVHD）的患者 TRB 多样性低于未发生 aGVHD 的患者。

供者的 TRB 多样性与受者在移植后发生 aGVHD 和 CMV 感染的风险相关。供者 TRB 多样性低的患者在移植后发生 aGVHD 和 CMV 感染的比率较高。感染 CMV 的患者的供者中病原体克隆种类及 CMV 克隆种类的比例较低，而在发生 aGVHD 的患者中，供者的病原体克隆种类占比较低。

结论 TRB 多样性分析可用于评估免疫缺陷患者 HCT 后的 T 细胞重建质量。供者 TRB 多样性的分

析有助于早期识别可能发生 aGVHD 和 CMV 感染的患者，提高临床预警和防治效果。

PO-2418

复发难治急性淋巴细胞白血病行第二次造血干细胞移植的护理

李悦

郑州大学第一附属医院

目的 1例复发难治急性淋巴细胞白血病行第二次造血干细胞移植术，为有效治疗患者疾病，提高患者生存时间及生活质量。

方法 经过完善相关体格检查，移植团队对患者进行充分的评估，做好充分预案，经过化疗、抗感染、保肝护胃、输注无偿中华骨髓库非血缘外周造血干细胞、预防排异、预防 VOD 及营养支持等相关的治疗。患者出现了肝功能异常，转氨酶、胆红素升高，给予保肝、祛黄、降胆红素药物应用，密切监测肝肾功能及电解质水平变化，严格监测患者出入水量，每日测量体重及腹围。医护人员严格执行无菌操作规程；保护肛周皮肤；保持病室温湿度合适；保持床单位平整，皮肤的清洁；加强口腔护理；严格观察与感染有关的早期征象，监测病人化验结果。给予患者心理护理，正确及时的给予健康教育，增加战胜疾病的信心。

结果 患者行非血缘异基因造血干细胞移植术后第 10 天中性粒细胞顺利植入，第 12 天血小板顺利植入，患者转氨酶、胆红素逐渐下降，第 14 天患者病情稳定，顺利出仓。

结论 此次造血干细胞移植顺利完成，为恶性血液病探索了一个有效的治疗手段。

PO-2419

单倍体造血干细胞移植治疗急性白血病 PTCY 联合小剂量 ATG 预防 GVHD 的研究

曾凤、邢宏运、赵德芳、何光凤

西南医科大学附属医院

目的 回顾性分析单倍体造血干细胞移植治疗急性白血病，采用小剂量抗胸腺球蛋白（antithymocyte globulin, ATG）联合标准剂量移植后环磷酰胺（post transplantation cyclophosphamide, PTCY）预防单倍体造血干细胞移植患者移植抗宿主病（graft versus host disease, GVHD）的疗效与安全性。

方法 回顾性分析 2021 年 7 月至 2024 年 2 月在西南医科大学附属医院血液内科行单倍体造血干细胞移植治疗 35 例急性白血病患者，使用小剂量 ATG（1.25mg/kg）联合标准剂量 PTCY（50mg/kg）方案预防 GVHD 的资料。分析患者造血重建情况、GVHD 发生情况、移植后疾病回归及移植其他相关不良反应。

结果 结果 ①32 例患者造血重建，中性粒细胞植入的中位时间 16（13-36）d，血小板植入的中位时间为 23（12-60）d。②aGVHD 发生率 34.29%，其中 I 度 aGVHD 发生率 22.86%，II 度 aGVHD 发生率 2.86%，IV 度 aGVHD 发生率 8.57%。③巨细胞病毒及 EB 病毒激活率分别为 20%和 5.71%，出血性膀胱炎、血小板延迟植入发生率分别为 11.42%、8.57%，非血液性毒性主要为粒缺期发热、恶心呕吐、腹泻、口腔黏膜炎、肝功能不全、肾功能不全、心功能不全、消化道出血，分别为 100%、82.86%、77.14%、80%、31.43%、11.43%、14.28%、28.57%。④随访至 2024 年 4 月 30 日，复发率 8.57%，非复发死亡率 5.71%，死亡率 17.14%，1 年和 2 年总生存率分别为 85.20%和 80.20%，1 年和 2 年无进展生存率为 85.08%和 79.76%。

结论 单倍体造血干细胞移植治疗急性白血病，采用小剂量 ATG 联合标准剂量 PTCY 方案预防

GVHD 具有较低的 GVHD 发生率、非复发死亡率及较高的总生存率，显示出良好的疗效和安全性。

PO-2420

Cxcl10 和 Cxcr3 调节造血干细胞的自我更新和分化

刘芳舒、曾辉
暨南大学附属第一医院

目的 在生理稳态下，造血干细胞（Hematopoietic stem cells, HSC）大部分处于静止状态，仅有少部分细胞会增殖和分化，以维持正常谱系细胞的生成。然而，对于 HSC 在骨髓（BM）微环境中生存和自我更新的调控机制尚未完全清楚。

方法 在本研究中，与正常 WT 小鼠相比，在 Cxcl10^{-/-}或 Cxcr3^{-/-}小鼠中，BM 细胞数量降低，脾脏的数量与重量增加。而 Cxcl10^{-/-}小鼠中 LT-HSC、ST-HSC、MPP3 和 MPP4 的比例显著增加，Cxcr3^{-/-}小鼠中 LT-HSC、MPP2 和 MPP4 的比例显著增加。进一步通过细胞周期分析发现 Cxcl10^{-/-}、Cxcr3^{-/-}小鼠的 LT-HSC 处于 G0 期的比例减少，而处于 G1-S-G2-M 期的比例增加，这表明 Cxcr3、Cxcl10 缺失促进 LT-HSC 进入细胞周期。接着，为了研究 Cxcr3 或 Cxcl10 缺失的微环境对 HSC 功能的影响，我们将 CD45.1 的供体细胞分别移植到 WT 小鼠和 Cxcr3^{-/-}或 Cxcl10^{-/-}小鼠（受体小鼠 CD45.2）并检测供体来源细胞的造血生成。

结果 结果表明，我们通过辐照应激的方法研究探索 Cxcr3 或 Cxcl10 敲除对 HSC 功能的影响。与 WT 供体细胞相比，一次移植未在外周血中发现 Cxcr3^{-/-}或 Cxcl10^{-/-}供体细胞贡献率的区别。取一次移植受体鼠骨髓进行二次移植，发现 Cxcr3^{-/-}或 Cxcl10^{-/-}的供体细胞的贡献率低于 WT 供体细胞且贡献率持续降低，我们进一步检测了 Cxcr3 或 Cxcl10 缺失对谱系分化能力的影响，结果表明 Cxcr3^{-/-}供体细胞谱系分化正常、无谱系偏好，而 Cxcl10^{-/-}供体细胞偏好分化为 B 淋巴细胞，髓系分化能力明显减弱。

结论 Cxcr3 或 Cxcl10 缺失影响其自我更新能力，而 Cxcl10 缺失还影响了 HSC 谱系分化能力。

PO-2421

无冻存一体化自体造血干细胞移植模式治疗新诊断 多发性骨髓瘤的回顾性临床研究

杨曦、黄晓兵、李成龙、陈姣、车菲菲
四川省医学科学院·四川省人民医院

目的 探讨无冻存一体化自体造血干细胞移植模式在多发性骨髓瘤（MM）患者中的疗效和安全性。

方法 纳入 2020 年 7 月 31 日至 2022 年 12 月 31 日在电子科技大学附属医院·四川省人民医院接受自体造血干细胞移植的新诊断多发性骨髓瘤（NDMM）患者 96 例，对其临床资料进行回顾性分析。41 例患者接受无冻存一体化移植模式（观察组），造血干细胞动员采集后冷藏于医用输血冰箱（4℃）并立即启动美法仑预处理，预处理结束 24 h 后回输自体造血干细胞；55 例患者接受传统移植模式（对照组），造血干细胞动员采集后液氮冷冻保存，择期启动移植流程。两组患者均采用 G-CSF 联合普乐沙福进行自体造血干细胞动员。

结果 ①观察组移植前疾病状态为非常好的部分缓解（VGPR）及完全缓解（CR）患者占比显著高于对照组 [82.9%（34/41）对 60.0%（33/55）， $P=0.016$]。②与对照组相比，观察组 1 级口腔黏膜炎的发生率较高（ $P<0.001$ ），但 2、3 级口腔黏膜炎的发生率较低（ $P=0.004$ ， $P=0.048$ ），两组均未发生 ≥ 4 级口腔黏膜炎；观察组 1 级腹泻的发生率较高（ $P=0.002$ ），3 级腹泻的发生率较低（ $P=0.007$ ），4 级腹泻的发生率差异无统计学意义（ $P=0.506$ ），两组均未发生 5 级腹泻。③

观察组细菌感染发生率低于对照组（34.1%对 65.5%， $P=0.002$ ），真菌感染（29.3%对 31.4%， $P=0.863$ ）、病毒感染（4.88%对 3.64%， $P=0.831$ ）发生率差异无统计学意义。④观察组与对照组粒细胞植入时间和血小板植入时间差异无统计学意义 [10（8~20）d 对 11（8~17）d， $P=0.501$ ；13（10~21）d 对 15（10~20）d， $P=0.245$]。⑤移植后 100 d 前所有患者均未使用来那度胺治疗。移植后 30 d，观察组 CTL、NK、Th 细胞计数低于对照组（ $P<0.001$ ， $P=0.002$ ， $P=0.049$ ），NKT 细胞计数高于对照组（ $P=0.024$ ）。移植后 100 d，观察组 CTL、NKT、Th 细胞计数高于对照组（ $P=0.025$ ， $P=0.011$ ， $P=0.007$ ），NK 细胞计数两组差异无统计学意义（ $P=0.396$ ），详见表 6。⑥中位随访 18（4~33）个月，观察组和对照组移植后 2 年总生存率分别为 91.5%、78.2%（ $HR=0.57$ ，95%CI 0.18-1.79， $P=0.337$ ），RFS 率分别为 85.3%、77.6%（ $HR=0.62$ ，95%CI 0.21-1.82， $P=0.386$ ），CIR 分别为 9.8%、16.9%（ $HR=0.61$ ，95%CI 0.21-1.79， $P=0.373$ ）。

结论 在 NDMM 中，无冻存一体化自体造血干细胞移植模式可获得与传统移植模式相似的疗效，重度黏膜炎和感染率低于传统移植模式。

PO-2422

Oral cryotherapy by Kangfuxin for prophylaxis of oral mucositis in patients undergoing autologous hematopoietic stem cell transplantation

Dan Chen¹, Fangfang Li¹, Hao Yao¹, Hongmei Zhu¹, xiao Wang¹, Xiaomei Zhang¹, Ting Ma¹, Hui Zhang¹, Xinmiao Wang¹, Yonghua Wang², Hai Yi¹

1. Department of Hematology, General Hospital of the Chinese People's Liberation Army Western Theater

2. Department of Nursing, General Hospital of the Chinese People's Liberation Army Western Theater

Objective Oral mucositis is a common occurrence in autogeneic transplant patients, and there is currently no effective treatment method. This study aims to explore the preventive and delaying effects of oral cryotherapy by Kangfuxin (KFX) on oral mucositis in patients undergoing autologous hematopoietic stem cell transplantation(auto-HSCT).

Methods A randomized grouping method was employed to select 86 patients who underwent autologous hematopoietic stem cell transplantation in the department between January 2020 and August 2023. The patients were divided into a control group (40 cases) and an experimental group (46 cases) randomly. Cold physiological saline mouthwash was used for the prevention and treatment of oral mucositis in the control group, with intermittent rinsing during chemotherapy drug infusion and throughout the chemotherapy process. The experimental group used KFX, starting 30 minutes before chemotherapy and with intermittent rinsing during chemotherapy. The two groups were compared in terms of oral mucositis grading, pain scores, and general patient conditions, and observations and records were made.

Results The results showed that the experimental group effectively prevented the occurrence of oral mucositis compared to the control group, with a higher proportion of Grade 0 oral mucositis. The proportion of Grade III-IV in the control group was 32.5%, lower than the experimental group's 10.8%, with statistically significant differences between the two groups ($P<0.05$). The experimental group had fewer days of using lidocaine mouthwash and lower pain scores, showing statistically significant differences ($P<0.05$).

Conclusion In conclusion, KFX oral cryotherapy has promising prospects as a dressing for full-thickness wound healing. It has a significant effect on the oral cryotherapy of patients undergoing auto-HSCT. It effectively prevents and delays the occurrence of oral mucositis, alleviates its severity, pain, and discomfort, and improves the general patient condition.

PO-2423

中高危及性髓系白血病异基因造血干细胞移植后低剂量阿扎胞苷序贯交替递增剂量维奈克拉维持治疗疗效观察

张建华、齐凯、王黎媛、郭建利
山西医科大学第二医院

目的 评估中高危及性髓系白血病（AML）异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）后低剂量阿扎胞苷（AZA）序贯交替递增剂量维奈克拉（VEN）维持治疗的疗效及安全性。

方法 入组 2021 年 7 月至 2023 年 7 月我院接受 allo-HSCT 的中高危 AML 患者，不适宜 FLT3、IDH1 及 IDH2 抑制剂维持治疗，HSCT 后+3 月、+4 月、+5 月、+6 月、+9 月、+12 月接受 AZA 100mg/d, 3-5 天，+7 月、+8 月、+10 月、+11 月接受 VEN 200mg/d, 7-14 天，+13 月至+24 月，VEN 400mg/d, 14 天；通过骨髓形态学、流式微小残留病（MRD）、WT-1 及二代测序（NGS）评价疗效，统计分析治疗方案的可行性、1 年无进展生存率（PFS）及安全性。

结果 1.符合入组标准 13 例，男性 6 例，女性 7 例；HSCT 前 CR1 11 例，CR2 2 例；亲缘全相合 2 例，亲缘半相合 10 例，非血缘全相合 1 例；2.随访至 2024 年 5 月，12 例完成 AZA 及 1 年内 VEN 治疗，中位疗程分别为 5、3.5，1 年 PFS 100%，MRD 持续阴性，预计 11 例（84.62%）完成第 2 年治疗方案；中断治疗多发生于 HSCT 后+3 月至+6 月，原因依次为 GVHD、感染、血小板下降。3.轻度胃肠道反应 3 例，心脏毒性及肝肾功能异常 0 例，中重度慢性 GVHD 5 例（38.46%），≥2 级血小板减少 4 例（30.77%），感染 9 例（69.23%）。

结论 不适宜 FLT3、IDH1 及 IDH2 抑制剂维持治疗的中高危 AML，allo-HSCT 后低剂量阿扎胞苷序贯交替递增剂量维奈克拉维持治疗具有可行性，依从性好，疗效稳定，但需注意加强感染的预防。

PO-2424

肺泡灌洗液呼吸道病原体靶向检测在异基因造血干细胞移植患者合并可疑感染性肺结节的诊断效能评估

张建华、齐凯、王黎媛、郭建利
山西医科大学第二医院

目的 评估肺泡灌洗液（BALF）呼吸道病原体靶向检测（t-NGS）技术在异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）患者合并可疑感染性肺结节的诊断效能。

方法 回顾性分析 2023 年 1 月至 2023 年 12 月我院接受 allo-HSCT 患者中合并可疑感染性肺结节的 20 例患者，移植前后进行支气管镜检查，比较 BALF-t-NGS 检测与 BALF 其他检测，包括常规培养、抗酸染色、G/GM 试验、病理、真菌涂片镜检等，评估诊断效能。

结果 1.20 例患者均在支气管镜检查 24-48h 内获取 BALF-t-NGS 检测结果，阳性病例 16 例，及时调整治疗方案。2.5 例患者为 HSCT 前，影像学发现肺结节，无临床症状，常规检测均阴性，BALF-t-NGS 检测 4 例阳性，分别为近平滑念珠菌、黑曲霉及新型隐球菌，个体化预防真菌治疗，移植后 14-180 天每月随访，肺结节完全吸收。3.15 例患者为 HSCT 后 0.5-26 月，影像学提示不同程度的肺结节；11 例伴呼吸道症状，4 例无症状，痰及常规检测均阴性；2 例 BALF-t-NGS 检测阴性，13 例阳性，EBV 阳性率最高，其次为新冠病毒、CMV、烟曲霉、耶氏肺孢子菌、流感病毒等，进行个体化抗感染治疗，1 例患者因重症肺炎继发 ARDS 死亡，其余 14 例均有效控制。

结论 BALF-t-NGS 检测为 allo-HSCT 前后可疑感染性肺结节的高效鉴别方法，为精准实施个体化预防或治疗提供可靠证据，明显改善 allo-HSCT 后患者的生存。

PO-2425

采用个体化白消安联合氟达拉滨作为预处理方案在儿童非恶性疾病异基因造血干细胞移植的临床疗效观察

孙熙木、张凯歌、贾晨光、王彬、郑杰、骆燕辉、孙宁、张萌、杨微、陈宁宁、王晓玲、秦茂权、郭鹏、朱光华
首都医科大学附属北京儿童医院

目的 评价基于个体化血药浓度监测的白消安联合氟达拉滨预处理方案在非恶性疾病患儿异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）中的疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2022 年 3 月-2024 年 3 月就诊于我院行个体化白消安联合氟达拉滨预处理方案的 allo-HSCT 治疗非恶性疾病患儿的临床资料。

结果 共 23 名患儿被纳入研究，中位移植年龄为 2 岁（范围 4 月-13 岁）。18 名患儿原发疾病为免疫缺陷病（SCID 8 例，CID 4 例，PID 6 例），5 名患儿为遗传代谢病（MPS 4 例，Krabbe 1 例）。无关供者全相合 7 例，HLA 9/10 位点相合 8 例；亲缘供者全相合 5 例，亲缘半相合 3 例。多数患儿（19/23）为外周干细胞回输。根据首剂预测的白消安暴露中位值为 75.7（47.9-169.0）mg*h/L，只有 3 个患儿在目标范围内。经剂量调整后，白消安暴露达 86.62（59.8-97.8）mg*h/L。所有患儿均在 28 天内达到植入，中性粒细胞植入时间为 12.3 ± 3.4 天，血小板植入时间为 11.2 ± 2.5 天。4 例患儿出现混合嵌合状态，予供者淋巴细胞回输或间充质干细胞回输后可达完全嵌合。没有出现原发及继发移植排斥。中位随访时间为 422 天（63-771 天），生存率 100%。6 名患儿（26.1%）发生轻中度急性移植物抗宿主病，5 名（21.7%）患儿发生慢性移植物抗宿主病。主要不良事件是以转氨酶升高为代表的肝功能损伤（12/23），其中 8 名可达 III-IV 级。

结论 白消安在推荐范围（85-95 mg*h/L）内联合氟达拉滨对接受 allo-HSCT 的非恶性疾病患儿有较好的疗效和安全性。

PO-2426

Selinexor was safe and effective in conditioning regimens for allogeneic hematopoietic stem cell transplantation in high-risk myeloid malignancies

Bingjie Wang, Qian Wang, Zeyin Liang, Yue Yin, Yuan Li, Jinping Ou, Hanyun Ren, Yujun Dong
Department of Hematology, Peking University First Hospital

Objective To investigate the safety and efficacy of adding selinexor to the routine conditioning regimen of allogeneic haematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) in the treatment of relapsed/refractory acute myeloid leukemia and related high-risk myeloid malignancies.

Methods Eight patients with refractory/relapsed(R/R) acute myeloid leukaemia (AML) and high-risk myeloid neoplasms received a conditioning regimen including selinexor and allo-HSCT between 2022-1 and 2023-4. The adverse effects during transplantation and the follow-up were retrospectively analyzed and summarized.

Results Six males and two females were enrolled with a median age of 55.5 years at transplantation. Seven patients were R/R AML; one was high-risk blastic plasmacytoid dendritic cell neoplasm (BPDCN). All patients received chemotherapy before allo-HSCT which the median chemotherapy cycle was three, with 2 cases achieving CRi, 1 PR and 4 R or NR statuses. All patients received selinexor 60 mg biw during Bu/Flu or Bu/Cy conditioning regimens. Common adverse effects during the conditioning regimen included hyponatraemia (100%), nausea (62.5%), vomiting and diarrhoea (37.5%). One patient received rescued second donor transplantation due to poor donor mobilization of the first donor. The remaining patients had a median leukocyte

engraftment of +12days post-transplantation, one patient had no platelet engraftment within 60 days, and the others had a median platelet engraftment of +12.5days post-transplantation. Four patients developed aGVHD; two had haemorrhagic cystitis, two had PTLD, two died from infectious complications post-transplantation, and two relapsed at 10 and 12 months post-transplantation.

Conclusion Adding selinexor to the routine conditioning regimen for allo-HSCT resulted in manageable adverse effects, rapid recovery of haematopoietic function, stable engraftment and no significant increase in transplantation-related mortality in R/R AML and high-risk related myeloid malignancies.

PO-2427

低剂量芦可替尼治疗糖皮质激素耐药慢性移植物抗宿主病疗效观察

张建华、齐凯、王黎媛、郭建利
山西医科大学第二医院

目的 探讨低剂量芦可替尼在异基因造血干细胞移植（Allo-HSCT）后慢性移植物抗宿主病（cGVHD）中的疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2020 年 1 月至 2024 年 5 月我院接受低剂量芦可替尼治疗糖皮质激素耐药 cGVHD 患者的临床特征、疗效反应、不良反应及对原发疾病的影响等。

结果 1.入组 30 例 cGVHD 患者，男性 15 例，女性 15 例，急性髓系白血病（AML）15 例，急性淋巴细胞白血病（ALL）9 例，骨髓增生异常综合征（MDS）5 例，其他 1 例；同胞全相合 11 例，亲缘半相合 18 例，非血缘全相合 1 例；单一器官中度 6 例，≥2 个器官受累 24 例，含皮肤重度 3 例，肝脏重度 2 例，肺脏重度 1 例，口腔重度 1 例，眼部重度 1 例；芦可替尼中位开始治疗时间+11 月（5-72 月），二线早期（cGVHD 发生 4 周内）转换 18 例，单药治疗组 16 例，联合他克莫司、泼尼松、西罗莫司等治疗组 14 例。2.2 周内皮肤及口腔症状缓解 91.30%（21/23），8 周内肝脏 GGT 或 ALP 下降 50% 73.91%（17/23）；1 年总体反应率（ORR）76.67%（23/30），3 月缓解减药率 78.26%（18/23），预计 1 年内缓解停药率 65.22%（15/23）。3.无消化道不良反应、肝毒性等非血液学毒性，2 级以上血小板减少 2 例，疾病复发 2 例，死亡 3 例，CMV 复发 1 例。

结论 1.低剂量芦可替尼对糖皮质激素耐药中重度皮肤、口腔及肝脏 cGVHD 疗效确切，二线早期转换应答率更高。2.血液学毒性轻微，尚未观察到对原发疾病复发进展、CMV 及其他感染风险增加。

PO-2428

M 蛋白相关性杆状体肌病 4 例及文献回顾

董文灏、郭冬梅
山东大学齐鲁医院(青岛)

目的 对 4 例怀疑 M 蛋白相关性杆状体肌病患者进行肌肉病理检查、M 蛋白筛查明确诊断，提高对这一罕见疾病的认识并探讨对此疾病的诊疗方案

方法 报道 4 例 M 蛋白相关性杆状体肌病，结合文献复习对病例特点进行总结

结果 4 例患者均表现为进行性加重的肌肉无力症状，完善肌肉活检诊断为杆状体肌病，合并 M 蛋白，给予行自体造血干细胞移植治疗有效。

结论 散发的晚发型成人杆状体肌病是一种罕见的、亚急性进展的肌病，常合并 M 蛋白，针对清除 M 蛋白的治疗是有效的。

PO-2429

甲氨蝶呤联合地塞米松鞘内注射治疗造血干细胞移植后 中枢神经系统移植物抗宿主病引起的癫痫: 病例报告和文献综述

郑瑞豪、周小辉、刘四喜
深圳市儿童医院

目的 报道 1 例输血依赖型重型 β 地中海贫血患儿行 haplo-HSCT 术后出现中枢神经系统移植物抗宿主病 (central nervous system graft-versus-host disease) 的临床表现, 诊治经过, 并提供一种新的治疗思路。

方法 回顾性分析 1 例 haplo-HSCT 术后出现中枢神经系统移植物抗宿主病患儿的临床资料, 并结合类似文献报道, 总结本例资料的诊治特点。

结果 患儿, 男, 5 岁 8 月, 因输血依赖型重型 β 地中海贫血行 haplo-HSCT(供者为患儿哥哥, 供 O+/受 O+)。患儿在移植术后第 80 天突发癫痫持续状态, 脑电图提示癫痫发作, 甲泼尼龙冲击及丙球支持治疗后情况可稳定, 并予左乙拉西坦预防癫痫。术后第 129 天再次因癫痫发作入院, 予甲泼尼龙及丙种球蛋白冲击治疗, 同时上调左乙拉西坦的用量, 症状暂时得到缓解。此后患儿于术后第 150、204、255 天均出现癫痫发作, 意识丧失, 虽加维生素 B6, 调整左乙拉西坦剂量, 加用奥卡西平, 但治疗效果不佳。综合病史及实验室检查, 我们诊断其为中枢神经系统移植物抗宿主病所致癫痫。在术后第 260 天我们采用鞘内注射甲氨蝶呤+地塞米松进行治疗。首次鞘内注射后, 患者未发抽搐, 神经内科门诊定期复查脑电图提示背景活动正常, 后逐渐减量 LEV、OXC。

结论 中枢神经系统移植物抗宿主病是同种异体造血干细胞移植后的中枢神经系统罕见的并发症之一。该病发病机制复杂, 其病理生理学尚未明确, 没有规范统一的治疗方法。我们利用鞘内注射甲氨蝶呤和地塞米松治疗该病, 并取得不错的疗效。类似文献报道罕见, 因此, 本案例可能为临床医生治疗该病提供一个新的治疗思路。

PO-2430

舍地西他滨、克拉屈滨强化预处理方案与舍地西他滨预处理方案 造血干细胞移植治疗 R/R AML 及高危 MDS 患者的疗效对比

朱意、同茜雯、徐斌、张东华
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 比较舍地西他滨、克拉屈滨的增强预处理方案与舍地西他滨预处理方案异基因造血干细胞移植 (Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT) 治疗复发难治急性髓系白血病 (Relapsed/refractory acute myeloid leukemia, R/R AML) 和高危骨髓增生异常综合征 (Myelodysplastic syndrome, MDS) 的疗效, 为患者治疗提供新的选择。

方法 回顾性分析 2016 年 1 月至 2023 年 8 月期间同济医院血液内科 89 例符合纳入标准的接受 allo-HSCT 的 AML、MDS 患者移植前后相关指标。将 44 例采用地西他滨、克拉屈滨联合改良 Bu/Cy 预处理方案的患者作为研究组, 将 45 例采用地西他滨联合改良 Bu/Cy 预处理方案的患者作为对照组, 收集两组移植前后相关临床资料。采用 SPSS 27.0 软件进行数据分析, $P < 0.05$ 判定为差异具有统计学意义。连续变量用中位数或四分位数范围 (IQR) 值表示。使用 Kaplan-Meier

生存分析计算 OS (Overall survival) 和 RFS (Relapse-free survival)。

结果 研究组和对照组移植前基线资料无统计学差异, 具有可比性。两组移植前的 CR/CRi 率及 MRD 阴性率无统计学差异。两组 EBV 病毒血症、CMV 病毒血症、移植相关并发症及移植后 3 月内 MRD 持续阴性率均无统计学差异。研究组的 aGVHD 发生率显著低于对照组, 差异具有统计学意义 (27.3% vs.51.1%, $P=0.021$), aGVHD 发生时间明显提前 (16d vs. 30d, $P=0.034$)。两组的 1、3 年 OS 分别为 83.4% vs.77.2% ($P>0.05$), 69.7% vs.65.5% ($P>0.05$); 1、3 年 RFS 分别为 71.7% vs.72.8% ($P>0.05$), 50.2% vs.48.2% ($P>0.05$)。进行亚组分析发现, 单倍体移植患者中, 研究组的 aGVHD 发生率显著低于对照组 (35.7% vs.58.8%, $P=0.070$); R/R AML 患者中, 研究组的 aGVHD 发生率亦显著低于对照组 (22.2% vs. 66.7%, $P=0.039$)。

结论 含地西他滨、克拉屈滨的强化预处理方案组与含地西他滨强化预处理方案组相比, 移植后 aGVHD 发生率低, aGVHD 发生时间提前。含地西他滨、克拉屈滨组的 1、3 年生存率稍高于含地西他滨组, 但差异尚无统计学意义。两组移植后 EBV、CMV 病毒血症及相关并发症发生率无明显差异。在单倍体移植患者和 R/R AML 患者中, 采用含地西他滨、克拉屈滨强化预处理方案的患者 aGVHD 发生率亦比采用含地西他滨强化预处理方案的患者低。

PO-2431

Comparisons of Modified Post-Transplantation Cyclophosphamide and Fludarabine plus Cyclophosphamide / Antithymocyte Globulin Regimens for Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation in Patients with Aplastic Anemia.

Zhengwei Tan, wenbin Liu, jia feng, xinhe zhang
The First Affiliated Hospital of Zhejiang Chinese Medical University

Objective We retrospectively analysed the clinical data of 53 AA patients who underwent Allo-HSCT and received either the modified PTCy (mPTCy) regimen (n = 25) or the Flu+CTX/ ATG (FCA) regimen (n = 28) from April 2022 to July 2023 at our centre. Aims to analyse the efficacy of two pre-treatment regimens in the transplantation treatment of aplastic anaemia and to assess the risk factors associated with the transplantation treatment of aplastic anaemia.

Methods 28 patients received FCA pretreatment regimen: Flu 30 mg/m²/d×5 d, total Cy 120-160 mg/kg×4 d; Rabbit anti-human thymocyte globulin (rATG) 2.5-3.5 mg/kg/d×4 d; 25 patients received a modified PTCy pretreatment regimen: -7 to -5 d, ATG 2 mg/kg; -7 to -3 d, Fludarabine (Fu) 30 mg/m²; -4 d, Busulfan (Bu) 3.2 mg/kg; -4 to -2 d, cyclophosphamide (CTX) 25 mg/kg/d; and -2 d, +3 to +4 d, Thiotepa (TT) 5 mg/kg;

Results The cumulative NE engraftment rate in the mPTCy group was 100 % (95 % CI , 86.3 % ~ 100 %), and the cumulative NE engraftment rate in the FCA group was 100 % (95 % CI , 87.7 % ~ 100 %), with no statistically significant difference ($P = 0.304$). The cumulative PLT engraftment rate in the mPTCy group was 96 % (95 % CI , 79.6 % ~ 99.9 %), and the cumulative PLT engraftment rate in the FCA group was 89.29 % (95 % CI , 71.8 % ~ 97.7 %), with no statistically significant difference ($P = 0.708$).

The cumulative incidence of aGVHD in the m PTCy group was 12 % (95 % CI , 2.5 % ~ 31.2 %), and that of aGVHD in the FCA group was 39.3 % (95 % CI , 21.5 % ~ 59.4 %), and the difference was statistically significant ($P = 0.020$). The cumulative incidence of II-IV degree aGVHD in the mPTCy group was 0% (95 % CI , 0 % ~ 13.7 %), which was significantly lower than that in the FCA group of 28.6% (95 % CI , 13.2 % ~ 48.7 %) ($P=0.003$). The 1-year cumulative incidence of cGVHD was 8 % (95 % CI : 1 % ~ 26 %) in the m PTCy group and 17.9 % (95 % CI , 6.1 % ~ 36.9 %) in the FCA group ($P = 0.275$).

The cumulative CMV reactivation incidence in the mPTCy group was 12 % (95 % CI , 2.5 % ~ 31.2 %), which was significantly lower than that in the FCA group at 39.3 % (95 % CI , 21.5 % ~ 59.4 %) (P=0.020). In addition, the cumulative rate of EBV reactivation was similar in the 2 groups, 60% (95 % CI , 38.7 % ~ 78.9 %) in the m PTcy group and 57.1% (95 % CI , 37.2 % ~ 75.5 %) in the FCA group, with no statistically significant difference.

The 1-year OS was 92 % (95 % CI , 74 % ~ 99 %) in the m PTcy group and 78.6 % (95 % CI , 59 % ~ 91.7 %) in the FCA group; The 1-year GRFS was 92 % (95 % CI , 74 % ~ 99 %) and 78.6 % (95 % CI , 59 % ~ 91.7 %) in the m PTcy group and the FCA group, respectively (P=0.02) .

PLT un-engraftment, CMV disease are independent risk factors for OS. FCA regimen, PLT un-engraftment, CMV reactivation, and CMV disease are independent risk factors for aGVHD. Non-infusion of mesenchymal stem cells is an independent risk factor for cGVHD.

Conclusion Our modified TT-based modified PTcy regimen could be a new option for aplastic anaemia, with advantages in terms of prolonged survival, reduced incidence of GVHD.

PO-2432

异基因造血干细胞移植术后合并脑炎临床分析并文献复习

石亚军、吴涛

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 探讨异基因造血干细胞移植术 (allo-HSCT) 合并脑 (膜) 炎患者的临床特征、诊断、治疗及预后, 并进行相关文献复习。

方法 选择 2020 年 12 月至 2021 年 4 月第九四〇医院血液科收治的 2 例血液病行 allo-HSCT 后发生脑炎的患者为研究对象。采用回顾性研究方法, 对患者的病史、临床表现、实验室及影像学检查结果等临床资料进行分析。

结果 (1) 病例 1: ①因“再障移植术后 3 年半, 肌无力 1 月余”于 2020 年 12 月 28 日本院血液科就诊。②入院实验室检查如下。脑脊液压力 350mmH₂O, 脑脊液生化: 氯 129.4mmol/L、葡萄糖 2.85mmol/L、脑脊液蛋白 879.0mg/L; 脑脊液常规: 白细胞计数 15×10⁶/L、蛋白定性阳性; 送检降钙素原 (PCT) 0.047 ng/ml, 白介素-6: 2.0 pg/ml, 血培养阴性, 血清病毒系列及脑脊液病毒系列均阴性, 脑脊液墨汁染色阴性, 脑脊液细菌及真菌培养均阴性, 送检脑脊液及血清自身免疫性脑炎抗体均阴性; ③病例 1 最后诊断为自身免疫性脑炎, 给予镇静、大剂量激素 (甲泼尼龙) 及丙球冲击、抗癫痫、脱水降颅压、抗感染及呼吸机辅助呼吸等治疗后, 体温逐渐正常, 脱机可自主呼吸, 治疗有效, 意识逐渐恢复, 可简单进行问答, 但生活不能自理, 智力低下。④按照本研究设定的文献检索策略, 纳入 4 篇 allo-HSCT 后发生自身免疫性脑炎的相关文献, 共计纳入包括本研究 1 例患者在内的 6 例 allo-HSCT 后合并自身免疫性脑炎的病例。(2) 病例 2: ①因“诊断 B-ALL, allo-HSCT 后 1 年 4 月余, 突发头痛 2 天, 伴精神行为异常 1 天”于 2021 年 04 月 26 日本院神经内科就诊。②入院实验室检查如下。入院查血常规: WBC 12.49×10⁹/L, Neu 10.59×10⁹/L, HGB 85g/L, PLT 51×10⁹/L, 感染指标: PCT: 16.390ng/ml, 脑脊液常规: 黄色、浑浊、无凝块、蛋白定性阳性、白细胞计数 158×10⁶/L、中性粒细胞百分比 82%、淋巴细胞百分比 18%。生化: 氯 122.3mmol/L、葡萄糖 0.07mmol/L、脑脊液蛋白 8157.0mg/L, 脑脊液一般细菌学培养及血培养均为肺炎链球菌 (图 2: a 和 b)。行头颅 MRI (图 3: E1-E4) 提示: 双侧大脑及小脑半球软脑膜、小脑幕、室管膜异常强化, 考虑脑膜炎、室管膜炎; 幕上三脑室及双侧脑室扩张、积水, 双侧脑室后角内少许积脓, 脑室周围间质性脑水肿。

结论 在 allo-HSCT 术后免疫重建过程中, 患者可合并免疫性或感染性脑炎, 该病进展迅速, 致残致死率高。本文旨在通过以上病例的描述及讨论, 提高临床医师对 allo-HSCT 术后合并不同病因脑 (膜) 炎的全面认识, 进一步提高早期诊治率, 极大程度改善不良预后。

PO-2433

异基因造血干细胞移植后外周血淋巴细胞亚群的重建规律及免疫球蛋白变化规律对临床预后的影响

卢英豪¹、王季石^{1,2}、张燕^{1,2}、李艳菊^{1,2}、詹云^{1,2}、赵鹏^{1,2}、李燕^{1,2}

1. 贵州医科大学附属医院

2. 贵州省血液病研究所

目的 异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）作为多种恶性和非恶性血液病的根治方法，通过分析 allo-HSCT 患者外周血淋巴细胞亚群及免疫球蛋白的动态变化，研究移植前后外周血淋巴细胞亚群的重建规律及免疫球蛋白变化规律与临床预后之间的关系，同时探讨两者与移植后患者总生存期（OS）的相关性。

方法 收集 2018 年 1 月至 2022 年 12 月在我院血液内科行 allo-HSCT 的 208 名患者的完整临床资料。收集患者移植前、移植后第 30d、60d、90d 外周血 CD3+T、CD4+ T、CD8+T、B、NK 细胞的绝对细胞计数以及外周血免疫球蛋白 IgG、IgM、IgA 水平。分析淋巴细胞亚群计数及免疫球蛋白水平与 aGVHD 之间的关系，并通过 ROC 曲线计算出在 aGVHD 发生前的 CD4+ T、CD8+T、NK 细胞计数、IgG 及 IgA 水平最佳临界值，进一步分析它们对患者 OS 的影响。分析淋巴细胞亚群计数及免疫球蛋白水平与 EBV、CMV 感染之间的关系，并通过 ROC 曲线计算出在发生 CMV 感染前的 CD8+T、IgM 水平最佳临界值，进一步分析它们对患者 OS 的影响。

结果 Allo-HSCT 后第 30d、60d、90d 各淋巴细胞亚群恢复速度不同，其中 B 淋巴细胞及 NK 细胞重建速度较快，在移植后第 30d 可超过移植前的 B 淋巴细胞及 NK 细胞计数；CD8+ T 淋巴细胞重建速度次之。而 allo-HSCT 后免疫球蛋白 IgG、IgA、IgM 水平在移植后均呈逐渐上升趋势，在第 90d 仍未达到移植前水平。在 allo-HSCT 后第 30d，发生 aGVHD 组的 CD4+T 细胞计数较未发生 aGVHD 的细胞计数明显升高，而发生 aGVHD 组 CD8+T、NK 细胞却明显低于未发生 aGVHD 组的细胞计数。在移植后第 60d，发生 aGVHD 组的 CD3+T、CD8+T、B、NK 细胞计数明显低于未发生 aGVHD 组的细胞计数。在移植后第 90d，发生 aGVHD 组的 CD3+T、CD4+T、CD8+T、B 细胞计数明显低于未发生 aGVHD 组的细胞计数。移植后发生 EBV 感染的中位时间在第 33 天，数据显示在移植后第 33 天前（即发生 EBV 感染之前），EBV 感染率与移植前 NK 细胞计数呈负相关，且 $P < 0.05$ 。移植后发生 CMV 感染的中位时间在第 31 天，数据显示在移植后第 31 天前（即发生 CMV 感染之前），CMV 感染率与移植后 CD8+T 细胞计数、IgM 水平呈负相关，且 $P < 0.05$ 。在第 31 天后，CMV 的感染率与 CD3+T 细胞计数、IgM 及 IgA 水平呈负相关，且 $P < 0.05$ 。

结论 Allo-HSCT 后不同免疫细胞重建规律不同，CD3+T、CD4+T 淋巴细胞恢复速度较慢，Allo-HSCT 后免疫球蛋白 IgG、IGA、IgM 恢复速度较缓慢。Allo-HSCT 患者在发生 EBV 感染之前，NK 细胞低计数与 EBV 感染率有关。

PO-2434

儿童异基因造血干细胞移植术后失禁相关性皮炎的危险因素分析及 Nomograma 预测模型的建立

涂美娟

中国科学技术大学附属第一医院（安徽省立医院）

目的 调查儿童异基因造血干细胞移植术（allo-allo-HSCT）后失禁相关性皮炎（IAD）的现状及临床特征，分析儿童 allo-allo-HSCT 术后发生 IAD 的危险因素并建立 Nomograma 预测模型。

方法 通过现况调查方法收集 2020 年 8 月至 2023 年 12 月我院造血干细胞移植亚专科 164 例接受

allo-*allo*-HSCT 患儿的临床资料，根据术后 IAD 的发生情况将患者分为发生组 (n=38) 与未发生组 (n=126)。使用 Logistic 回归分析儿童 *allo*-HSCT 后 IAD 发生的危险因素，采用 R 软件构建 Nomograms 模型，通过受试者工作特征 (ROC) 曲线评估列线图模型对儿童 *allo*-*allo*-HSCT 后 IAD 的发生的预测价值并进行内部验证。

结果 单因素分析结果提示患者的费用来源、营养方式、合并 aGVHD、巨细胞病毒感染、有发热、使用抗生素、大便次数≥3 次/天、大便量≥500ml/天，大便性状不成形、回输有核细胞数少、低白蛋白、PAT 评分≥6 分，差异均有统计学意义 (P<0.05)。多因素分析结果显示，大便次数≥3 次/天、PAT 评分≥6 分、巨细胞病毒阳性是儿童 *allo*-*allo*-HSCT 后 IAD 发生的独立危险因素。基于多因素结果构建 Nomograms 预测模型，ROC 方法评估模型的预测价值，其曲线下面积 (AUC) 为 0.967 (95%CI: 0.944-0.990, P<0.05)。使用 Bootstrap 法进行内部验证，原始数据重复抽样 1000 次，校准曲线结果显示，预测曲线和标准曲线拟合度好，校正后的一致性指数 (C-index) 为 0.963。

结论 大便次数≥3 次/天、PAT 评分≥6 分、巨细胞病毒阳性是儿童 *allo*-*allo*-HSCT 后 IAD 的发生的独立危险因素，基于危险因素构建的 Nomograms 模型对儿童 *allo*-*allo*-HSCT 术后 IAD 发生的预测具有较高的区分度和准确度。

PO-2435

β 重型地中海贫血单倍体造血干细胞移植研究进展

陈冬艳

深圳市儿童医院

目的 β 地中海贫血 (β-Thalassemia) 是 β 珠蛋白基因突变的一种遗传性血液疾病，由于患者体内缺乏正常的血红蛋白合成所需的 β 球蛋白链，导致红细胞生成无效、溶血增加和铁稳态紊乱，临床上重型地中海贫血 (Thalassemia major, TM) 需要终身输血支持。通过输血和铁螯合剂治疗，TM 可转变为预期寿命延长至少 50 年的慢性疾病，但可能有合并症及疾病负担较大，影响患者生活质量。目前，异基因造血干细胞移植 (allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, *allo*-HSCT) 是临床上治愈 TM 成熟有效的方法。单倍体移植 (haploidentical hematopoietic stem cell transplantation, *haplo*-HSCT) 是指供者和受者的人白细胞抗原 (human leukocyte antigen, HLA) 位点有 3/6 是相合的 *allo*-HSCT 技术。*haplo*-HSCT 技术，已显示出与 HLA 相合造血干细胞移植相似的疗效，并逐渐成为我国 *allo*-HSCT 的主要选择。但移植后，移植物抗宿主病 (graft versus host disease, GVHD) 预防及免疫重建的问题仍不可忽视。因此，本文将综述 *haplo*-HSCT 在 β-TM 中的应用，重新评估当前的基础研究及临床结果，并讨论未来的前景。

方法 回顾 β-TM 近五年的文献，对相关文献进行搜集、整理、分析和归纳，全面了解 *haplo*-HSCT 的发展状况、研究结果和研究趋势，为进一步的研究提供基础和参考。

结果 在 *haplo*-HSCT 方面，研究主要集中在两个方面：关键供体的选择和移植预后效果评估。目前的研究表明：兄弟姐妹往往是最佳的供体选择，因为他们与受者间组织相容性较高。移植预后评估指标包括供体造血功能的恢复、移植相关并发症如 GVHD 发生率以及患者的生存率和生活质量。最新的研究表明，接受 *haplo*-HSCT 的 β-地贫患者的总体生存率 和无地贫生存率为 92.5% 和 88.5%，发生 III~IV 度 aGVHD 和 cGVHD 的概率分别为 11.5% 和 23.1%，发生移植相关死亡的概率为 6.5%。当前研究显示，接受 HSCT 的 β-TM 患者的长期健康相关生活质量良好，并优于输血依赖性 β-TM 患者。移植后免疫重建是目前基础研究的重要关注点。有研究显示，体外诱导同种异体前体 T 细胞，通过 RANK/RANKL 通路促进胸腺归巢，快速修复受损胸腺，从而恢复免疫功能，避免免疫重建缓慢引发的免疫缺陷和严重感染。不少研究显示，HSCT 中基于调节性 T 细胞的免疫抑制疗法可通过诱导免疫耐受预防 GVHD。

结论 *haplo*-HSCT 是 β-TM 较好的治疗方法。而关于 *haplo*-HSCT 存在的问题，HSCT 与免疫疗法之间的交叉点可能是该领域最有吸引力的点。

PO-2436

例造血干细胞移植患者骨髓抑制期局部感染 耐药菌嗜水气单胞菌的护理体会

韩俊英、张秋会

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨一例造血干细胞移植患者骨髓抑制期局部感染耐药菌（嗜水气单胞菌）的护理体会

方法 回顾性分析患者的临床表现、治疗用药及护理重点观察要点。

结果 本案例患者+9天右侧大腿内侧出现片状红肿热痛，面积进行性扩大至约10cm×10cm大小，考虑皮肤软组织感染，遵医嘱应用特治星、美罗培南联合达托霉素抗感染。+10天皮肤红肿热痛范围进行性加重（红肿面积约32cm×22cm），会诊意见考虑为右下肢蜂窝织炎，更换为替加环素联合多粘菌素、达托霉素抗细菌感染。+11d患者病情进展迅速，红肿面积继续扩大（面积约64cm×48cm，部分表面发黑、水疱），+12d皮肤红肿疼痛向右侧腹部蔓延，皮肤发黑面积扩大，局部破溃，表面多个大水疱形成。+13d皮肤红肿范围进行性扩大，上至脐上10cm，下至膝关节处，皮肤发黑范围增大，局部破溃，皮肤表面水疱部分破溃，皮肤红肿处水疱液培养：嗜水气单胞菌，药敏示多重耐药，遵医嘱应用硫酸依替米星、替加环素、头孢哌酮舒巴坦、卡泊芬净。护理方面做好：醒目的床旁隔离提示卡，全员知晓，包括医生、护士、护理员；进行所有操作时均戴双层无菌手套，穿一次性隔离衣；病房外、三室治疗车均放置消毒凝胶，严格执行手卫生制度；科室所有水源均进行水标本培养，结果均为阴性；病人所有物品均单独放置，标识明确，按时消毒，包括送饭车、开水壶、放置液体及物品的蓝色小筐等；病人排泄物：尿液、粪便、痰液、分泌物等均统一处理；所有病人使用后的物品均放在黄色垃圾袋内，从病房内传递口传出。患者局部感染部位的护理：密切观察感染部位面积大小、颜色、有无水泡、渗出等并准确记录；保持床单位整洁，铺大尿垫防止污染床单位并及时更换；右侧患肢留置3处T型引流管，后接负压吸引，密切观察引流液颜色、量、性状并准确记录；妥善固定引流管，防止导管脱出；定时挤压引流管，防止堵塞；血疱及破溃处皮肤给予凡士林油纱条外敷并给予无菌纱布覆盖，常规每天换药一次，出现渗血、渗液较多时随时更换。+15d皮肤面积进一步扩大，波及右侧腹腰部、右侧季肋部、右侧腋窝处及右下肢，大腿处皮肤发黑范围约整个大腿周径的2/3，血象中性粒细胞 $1.99 \times 10^9/L$ ，血象恢复，出仓继续治疗，出仓后病室严格终末消毒

结论 干细胞移植患者骨髓抑制期需加强皮肤定植菌的管理，定期进行拭子培养2次/周；嗜水气单胞菌感染患者病情进展迅速；提高患者出现皮肤异常的敏感性，及时进行药敏试验，找到敏感抗菌素；加强对各种病菌感染后出现症状的预判能力，及时进行有针对性用药；科室严格执行消毒隔离制度。

PO-2437

五步叙事护理对造血干细胞移植患者心理状态 及幸福指数的影响研究

邓巧玲

十堰市太和医院

目的 分析五步叙事护理对造血干细胞移植患者移植期间的焦虑、抑郁心理状态、疾病应对及幸福指数的影响。

方法 选取我院移植中心收治的60例接受造血干细胞移植的恶性血液疾病患者为观察对象，通过随机数字法分成观察组和对照组，对照组30例实施常规移植护理，观察组30例在此基础上同时实施

五步叙事护理, 比较两组患者在干预前后的焦虑自评量表得分(Self-rating Anxiety Scale, SAS)、抑郁自评量表得分(Self-rating Depression Scale, SDS)、简易应对方式问卷(Simplified Coping Style Questionnaire, SCSQ)评分、总体幸福感量表(General Well-being Schedule, GWB)得分;
结果 观察组患者在实施五步叙事护理后, 焦虑自评量表得分、抑郁自评量表得分低于对照组, 差异具有统计学意义($P < 0.05$); 两组简易应对方式问卷积极应对评分观察组高于对照组, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。观察组患者幸福感得分高于对照组, 差异具有统计学意义($P < 0.05$);
结论 对造血干细胞移植患者行五步叙事护理, 可有效缓解其移植期间焦虑、抑郁等负性情绪, 积极应对, 提高治疗信心, 提升患者幸福指数及总体满意度。

PO-2438

含 G-DAC 预处理对接受 allo-HSCT 铁过载 MDS 患者的影响

赵文舒¹、曾祥宗²、潘丹琪³、宣丽¹、范志平¹、黄芬¹、许娜¹、孙竞¹、刘启发¹、戴敏¹

1. 南方医科大学南方医院
2. 清远市人民医院
3. 暨南大学附属第一医院

目的 探讨含地西他滨(DAC)和粒细胞集落刺激因子(G-CSF)预处理(G-DAC 预处理)对接受异基因造血干细胞移植(allo-HSCT)铁过载 MDS 患者预后的影响。

方法 回顾性分析 197 例患者的临床资料。根据血清铁蛋白(SF)水平和预处理方案的不同, 将患者分为 4 组: SF $< 1000 \mu\text{g/L}$ +G-DAC 组(cohort1)、SF $< 1000 \mu\text{g/L}$ +non-G-DAC 组(cohort2)、SF $\geq 1000 \mu\text{g/L}$ +G-DAC 组(cohort3)和 SF $\geq 1000 \mu\text{g/L}$ +non-G-DAC 组(cohort4)。分析 4 组患者的临床特征和预后。

结果 4 组患者的 2 年总生存率(OS)分别为 77.0%、72.1%、73.8%和 38.7% ($P = 0.001$), 2 年无病生存率(DFS)分别为 75.7%、62.8%、71.7%和 35.5% ($P = 0.001$), 累积非复发死亡率(NRM)分别为 17.3%、25.0%、15.2%和 53.1% ($P = 0.001$), 复发率分别为 8%、13.6%、13.1%和 12.5% ($P = 0.592$)。Cohort4 的 OS 和 DFS 较其他 3 组差, NRM 较其他 3 组高($P < 0.05$)。多因素分析显示 SF $\geq 1000 \mu\text{g/L}$ 是 OS、DFS 和 NRM 的危险因素($P = 0.022$, $P = 0.025$, $P = 0.036$), 而含 G-DAC 预处理是其保护性因素($P = 0.009$, $P = 0.003$, $P = 0.004$)。将 cohort1-cohort4 4 组患者纳入多因素分析时, 只有 cohort4 是 OS、DFS 和 NRM 的危险因素($P < 0.05$), 但 cohort3 与 SF $< 1000 \mu\text{g/L}$ 的患者相比, 预后无统计学差异。

结论 含 G-DAC 的预处理可部分克服铁过载 MDS 患者的不良预后。

PO-2439

伊布替尼联合甲泼尼龙治疗两例重型地中海贫血造血干细胞移植术后自身免疫性溶血

卜朝可、刘楠、冯宗信、张燕
东莞台心医院

目的 自身免疫性溶血是重型地中海贫血造血干细胞移植术后常见并发症, 探索联合伊布替尼及甲泼尼龙治疗该类溶血的疗效。

方法 两名重型地中海贫血患儿移植后发生 AIHA 经甲强龙冲击治疗, 血浆置换, 美罗华, 硼替佐米, 免疫球蛋白治疗不佳, 改用伊布替尼联合甲泼尼龙治疗后, 观察血红蛋白上升及溶血情况。

结果 例 1, 女性, 6 岁, 重型 β 型地中海贫血, 于 9/10 无关供者外周血造血干细胞移植, 血型不

合 (AB +供 A +), +251d 出现血红蛋白进行性下降, 由 130g/ L 降至 90g/ L, Ret、LDH 升高, Coombs 试验阳性 (抗 IgG4+, 抗 C3d1+, 间抗 3+), 不规则抗体筛查阳性, 嵌合率 FISH99.2~100%, 诊断造血干细胞移植术后 AIHA, 予甲泼尼龙, 利妥昔单抗, Hb88~100g/ L, +272d 加用伊布替尼, +318d 复查 Coombs 试验: 直抗 1+, 间抗弱阳性, 不规则抗体阴性, Hb120~130g/ L。例 2, 男性, 5 岁, α 型地中海贫血 (输血依赖型), 5/10 体外去 T 方案造血干细胞移植, 血型合 (O +供 O+), +203d 出现血红蛋白进行性下降, 由 130g/ L 降至 87g/ L, Ret、LDH、IBIL 升高, 嵌合率 STR100%, Coombs 试验阳性 (抗 IgG4+, 抗 - C3d4+, 间抗 4+), 诊断造血干细胞移植术后 AIHA, 予人免疫球蛋白, 氟达拉滨+环磷酰胺、血浆置换、利妥昔单抗、硼替佐米、吗替麦考酚、甲泼尼龙, Hb 波动在 51~94g/L, +242d 加用伊布替尼, +250d 血红蛋白回升, +267dHb133g/ L, 但不规则抗体阳性, Coombs 试验阳性 (抗 IgG4+, 抗 - C3d4+, 间抗 2+)。

结论 BTK 是 B 细胞受体信号通路中的关键酶, 参与调节 B 细胞的成熟和活化。BTK 抑制剂通过抑制这一通路, 减少错误活化的 B 细胞介导的免疫反应。此外, BTK 抑制剂在减少 B 细胞介导的自身免疫反应方面显示出潜在的疗效。伊布替尼联合甲泼尼龙可以多个途径抑制溶血的发生, 两名患儿在伊布替尼应运后两周左右出现血红蛋白上升, 溶血控制有效。所以此伊布替尼联合甲泼尼龙可能是以后治疗造血干细胞移植后 AIHA 的一种有效方案。

PO-2440

The addition of interferon- α to sorafenib maintenance therapy is associated with improved outcomes for relapsed acute myeloid leukemia patients after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation

Xiaoxia Chen, Qifa Liu
Nanfang Hospital, Southern Medical University

Objective Relapsed acute myeloid leukemia (AML) after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) confer a dismal prognosis and lack of optimal treatment strategy after remission. This study aimed to evaluate the efficacy of maintenance treatments with sorafenib plus interferon-alpha (IFN- α) for the relapsed AML patients after allo-HSCT.

Methods We retrospectively analyzed the data of 83 posttransplant relapsed AML patients who received sorafenib maintenance alone (sora group, n=44) or sorafenib plus IFN- α (sora+IFN- α group, n=39) between July 2015 to June 2023. The outcomes such as the cumulative incidence of relapse (CIR), overall survival (OS), progression-free survival (PFS) and graft-versus-host disease (GVHD) after posttransplant relapse between groups were compared.

Results The cumulative incidence of acute GVHD in sora and sora+IFN- α group was 44.0% (95%CI, 28.8%-58.2%) and 35.9% (95%CI, 21.2%-50.9%); the cumulative incidence of chronic GVHD was 34.1% (95%CI, 20.4%-48.3%) and 46.2% (95%CI, 29.8%-61.0%), respectively. The 2-year CIR was 56.8% (95%CI, 39.2%-71.0%) and 35.7% (95%CI, 17.8%-54.1%, p=0.005), respectively. The 2-year OS in sora and sora+IFN- α group was 40.4% (95%CI, 27.4%-59.6%) and 84.0% (95%CI, 71.8%-98.3%, p=0.009), respectively. The 2-year PFS was 38.4% (95%CI, 25.5%-57.6%) and 66.5% (95%CI, 50.9%-86.9%, p=0.003), respectively.

Conclusion The addition of IFN- α to sorafenib maintenance therapy is associated with improved outcomes for relapsed acute myeloid leukemia patients after allo-HSCT.

PO-2441

一例急性髓系白血病患者行异基因造血干细胞移植期间 反复出现尿道口疼痛患者的护理

赵娜、张秋会

中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 探讨移植期间患者反复出现尿道口疼痛的护理方法，减轻患者疼痛，为临床工作提供参考。

方法 患者男 53 岁，急性髓系白血病，预处理方案为 TBI+Flu+Mel+Cy+ATG,分析患者移植期间尿道口反复疼痛的临床资料，针对护理问题提出护理措施。

结果 患者+12d 出现尿频、排尿疼痛、淋漓不尽，予以留取尿常规、尿培养等化验，美罗培南+利奈唑胺联合治疗；给予持续碱化液体输入，记录 24 小时出入量，根据出入量给予利尿剂应用。查体示：尿道口近端有轻度压痛，皮肤无红肿、分泌物等问题，予以尿道口疼痛处拭子培养，碘伏浸泡尿道口；请泌尿外科主任会诊，主任考虑尿道外口非特异性炎症，医嘱服用塞来昔布；尿道口疼痛部位，经验性外涂由蒙脱石散、维生素 B12、利多卡因、复合维生素 B 片混合而成的药糊外涂疼痛部位。建立疼痛评估表，实时评估疼痛的程度，疼痛难忍时，按阶梯使用止痛药物，疼痛可耐受时，告知患者倾听音乐等转移注意力，加强与患者的沟通，帮助患者宣泄不良情绪；

结论 通过寻找疼痛的原因并予以处理，尿道口疼痛已好转，+19d 天粒细胞顺利植入，待出仓。

PO-2442

一例急性髓系白血病患者老年患者行全相合 造血干细胞移植心功能不全的护理

赵娜、张秋会、张玲

中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 探讨老年患者行造血干细胞移植期间出现心功能不全的护理方法，为临床工作提供参考

方法 分析 1 例男性 60 岁急性髓系白血病患者，行全相合造血干细胞移植期间出现心功能不全的临床资料。针对患者主要护理问题提出相应的护理措施。

结果 观察患者心功能不全的症状及进展，泵入新活素液体、间断予去乙酰毛花苷、地高辛及比索洛尔、辅酶 Q 应用，强心治疗，严格限速，测量腹围，记录出入量，维持出入量负平衡减轻心脏负荷，监测患者血氧饱和度，氧气吸入，调整预处理方案。患者重度贫血 HGB 50g/L，输血纠正贫血，监测电解质，防止利尿剂引起水、电解质紊乱，维持血钾在 4.0mmol/L 以上，绝对卧床休息，抬高床头，减少氧耗，输血时速度缓慢，以免诱发心力衰竭。积极感染治疗，补充白蛋白。加强患者心理护理，减轻患者焦虑。

结论 合并心功能不全是老年患者造血干细胞移植过程中易出现的护理问题，通过寻找引起心功能不全的诱因并处理，心功能较前明显改善，移植后+13 天，患者胸闷、憋气等不适好转，粒细胞植入，顺利出仓。

PO-2443

同基因造血干细胞移植治疗重型再生障碍性贫血一例并文献复习

汤平、张银银、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 描述同基因造血干细胞移植治疗重型再生障碍性贫血的效果。

方法 回顾分析我院收治的 1 例行同基因造血干细胞移植的重型再生障碍性贫血患者的临床特点、移植方案及效果，并结合文献复习进行探讨。

结果 1. 该患者男，30 岁，明确诊断为重型再生障碍性贫血，在本次发病前 4 年作为供者为其同卵双生哥哥（重型再生障碍性贫血）行同基因造血干细胞移植供干细胞，本次其兄作为其供者。2. 该患者移植前予“Cy+ATG”方案预处理，回输干细胞后 10 天，中性粒细胞及血小板植入成功，继续给予 G-CSF 及 TPO、TPO-RA 应用及短程环孢素+甲氨蝶呤+吗替麦考酚酯预防 GVHD；移植后 23 天骨髓组织增生程度改善，巨核细胞数量正常；移植后 44 天，血常规完全恢复正常。截至目前，随访 4 年，血常规正常。3. 文献复习发现，行同基因造血干细胞移植治疗的再生障碍性贫血中，只有部分患者未预处理后第一次移植恢复了正常的骨髓功能，而大多数患者在移植前行预处理后恢复了正常的骨髓功能。

结论 重型再生障碍性贫血患者在移植前进行预处理后行同基因造血干细胞移植可恢复正常的造血功能，结合文献结果提示免疫因素是再生障碍性贫血的主要病因。

PO-2444

双歧杆菌四联活菌片及联合凝结芽孢杆菌活菌片
对移植后患者粘膜炎的影响

韦若文、张奥、陈红如、石威、夏凌辉
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 目的:探究单用双歧杆菌四联活菌片（四联益生菌）及联合凝结芽孢杆菌活菌片（五联益生菌）对移植后患者粘膜炎发生的影响。

方法 收集 2022 年在本院行造血干细胞移植的患者，依照益生菌补充类型将患者分为四联组及五联组，依照 WHO 粘膜炎分级标准对粘膜炎评级，并对临床患者特征进行描述性统计。

结果 共纳入 111 例患者，四联组 54 例，五联组 57 例，中位年龄分别为 32 岁（范围 13-58 岁）及 41.5 岁（范围 15-66 岁， $P=0.471$ ）。32 例行自体造血干细胞移植，四联组中行自体及异基因移植的患者数分别为 14 例和 40 例，五联组为 18 例和 39 例（ $P=0.511$ ）。四联组中使用 MAC 和 RIC 预处理方案的患者数分别为 19 例和 35 例，五联组为 11 例和 46 例（ $P=0.060$ ）。四联和五联组中性粒细胞植入率为 96.3%和 98.2%（ $P=0.293$ ），植入时间分别为 12 天（范围 9-23 天）和 11.5（范围 9-18 天， $P=0.308$ ）。血小板植入率为 92.6%和 94.7%（ $P=0.642$ ），植入时间分别为 12.5（范围 9-24 天）和 11 天（范围 9-18 天， $P=0.042$ ）。四联组患者粘膜炎 0 级，I-II 级，III-IV 级的发生率为 37%；50%及 13%。五联组患者粘膜炎 0 级，I-II 级，III-IV 级的发生率为 52.6%；47.4%及 0%（ $P=0.012$ ）。使用有序多元 logistics 回归探究益生菌补充对粘膜炎发生的影响，单因素分析结果显示，相对于四联组，五联组粘膜炎显著减低（ $OR=0.43$ ，95%CI[0.2-0.9], $P=0.027$ ），多因素分析显示五联益生菌补充是移植后粘膜炎的保护因素（ $OR=0.35$ ，95%CI[0.16-0.77], $P=0.010$ ）。

结论 双歧杆菌四联活菌片联合凝结芽孢杆菌活菌片有助于降低移植后患者粘膜炎发生率及严重程度，结果需进一步采用大样本验证。

PO-2445

免疫残留与白血病相关基因检测伴单核细胞分化急性髓系白血病异基因造血干细胞移植后微小残留病的特点分析

尚亚可、常英军、秦亚溱、王昱、闫晨华、孙于谦、黄晓军、赵晓甦
北京大学人民医院

目的 多色流式细胞术（FCM）与逆转录聚合酶链反应（RT-PCR）是急性髓系白血病（AML）中检测微小残留病变（MRD）的可靠方法，但临床工作中发现急性粒单细胞和急性单核细胞白血病（伴单核分化 AML）患者移植后 FCM 用于检出患者 MRD 状态存在较其他类型 AML 更高的假阴性可能。本研究旨在观察伴单核分化 AML 患者在异基因造血干细胞移植（allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT）后 FCM 与 RT-PCR 两种 MRD 检测方法的结果差异，综合评估两者用于伴单核细胞分化 AML-MRD 监测并预警移植后复发的临床价值。

方法 该回顾性探究纳入 2017-2022 年共 218 例在北京大学人民医院诊断为伴单核分化 AML 并接受了 allo-HSCT 的 AML 患者，在移植前，移植后 1 月、2 月、3 月、4.5 月、6 月、9 月、12 月进行骨髓 FCM 与 RT-PCR 检测，基于患者治疗过程中出现的基因突变或基因过表达进行基因分组，观察患者移植后 FCM 与 RT-PCR 的动态变化，分析两种方法检测 MRD 结果与移植后复发的关系。

结果 结果 所有患者中位随访时间为 218 天(21-1541 天)，共有 26 例(12.7%)患者在移植后出现血液学复发，中位复发时间为 272 天(83-934 天)。35 例患者(15.9%)死亡，其中 15 例(6.9%)死于白血病复发，20 例（9.2%）死于移植相关死亡。WT1 过表达+once、WT1 过表达+twice、CBFB::MYH11+、MLL 相关融合基因+、FCM+once, FCM+twice 都是伴单核分化 AML 移植患者中有效预测复发的指标。移植后伴单核分化 AML 患者 FCM 与 RT-PCR 的一致性为 75.7%,WT1+once, WT1+twice, MLL 相关融合基因阳性, NPM1 基因突变阳性与 FCM 的一致性较高 (>75.7%) ,而 RUNX1::RUNX1T1 和 CBFB::MYH11 和 FCM 的一致性较低 (<75.7%) , WT1、NPM1 基因突变、CBFB::MYH11,AML1::ETO 都存在移植后持续低水平阳性但未复发的案例，而 MLL 相关融合基因，尤其是 MLL::AF6 和 MLL::AF9 在移植后阳性均提示患者复发。此外，伴单核分化 AML 患者中存在 PCR 与 FCM 结果差异较大的现象。

结论 结论不同 AML 相关基因预测复发的灵敏度和特异度存在区别。伴单核细胞分化 AML 移植后 MRD 存在 RT-PCR 与 FCM 结果差异较大的现象。FCM 检测伴单核细胞分化 AML 的 MRD 敏感度略差，基于 AML 相关基因的 MRD 检测可弥补 FCM 检测的不足。

PO-2446

异基因造血干细胞移植治疗伴 FUS::ERG 急性髓系白血病的疗效分析

赵小利、马润之、郝梦泽、张潇予、何祎、韩明哲、冯四洲、姜尔烈
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 分析 AML（伴 FUS::ERG）的临床特征，探讨异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）治疗的预后。

方法 收集我院自 2019.01 月至 2023.07 月收治并行 allo-HSCT 治疗的 8 例患者临床资料，并分析其预后。

结果 8 例患者中位年龄 32.5（21-51）岁。起病时 5 例累及髓外，包括中枢神经系统（4 例）、颌下腺（1 例）。7 例伴随除 t(16; 21)(p11; q22)之外的其他染色体异常，5 例判定为复杂核型。8 例均给予“3+7 方案”为基础的诱导治疗，治疗后 4 例获得完全缓解（CR），但是微小残留病

(MRD)均阳性。移植前中位治疗3疗程,8例均获得CR,其中2例MRD阴性。7例患者选择了BU/CY为基础的预处理方案,1例TBI/CY为基础,预处理方案中分别引入了塞替哌、马法兰、克拉曲滨、地西他滨联合治疗。移植后2月,4例患者予维奈克拉±阿扎胞苷维持治疗。MRD转阳后给以供者淋巴细胞输注±维奈克拉、阿扎胞苷治疗。1例移植后4.5月的患者未复发,其余7例均复发,中位复发时间为移植后4.5(2.5-9)月。截止到随访时间,8例患者中位生存时间为13(4.5-20)月,6例患者因复发死亡。

结论 AML(伴FUS::ERG)初始对传统化疗药物敏感,但是即使CR状态行allo-HSCT治疗预后仍极差。allo-HSCT不能阻挡该类患者的复发,急需新的治疗方案。

PO-2447

Whipple's disease meet hematopoietic stem cell transplantation

Kaige Zhang, gaunghua zhu

Beijing Children's Hospital, Capital Medical University, National Center for Children's Health

Objective Whipple's disease(WD) is a rare, chronic, systemic infectious disease. Weight loss, diarrhoea, arthralgia and abdominal pain are the predominant characteristics, lung symptoms seldom reported. Periodic acid Schiff (PAS) staining of duodenal biopsy specimens was the gold standard for diagnosis, which had a poor specificity and sensitivity. Specific polymerase chain reaction (PCR) is becoming a popular technique for diagnosing Whipple's disease. If left untreated, it may be fatal. As to hematopoietic stem cell transplantation, early diagnosis and treatment are particularly important. We want to share the diagnosis and treatment process of an atypical pulmonary mass shadow case to help everyone better recognise Whipple's disease and share the treatment experience of our center.

Methods Reviewing the tortuous process of disease development, the disease was diagnosed by the mutation of the LRBA gene in the whole exome-genome sequence. Hematopoietic stem cell transplantation is the only treatment. Before transplantation, pulmonary imaging evaluation tended to favor fungal infection, however, antifungal therapy was ineffective. PCR of bronchoalveolar lavage fluid detected *Tropheryma whipplei*, early antibiotic treatment with ceftriaxone (50mg/kg, intravenously once a day) combine tetracycline (40mg orally per day) with hydroxychloroquine (100mg orally per day) for two months achieved good results, subsequent continuation therapy with therapeutic dose of co-trimoxazole with no progression of pulmonary lesions or neurological complications observed during follow-up.

Results If multiple pulmonary masses are encountered and routine treatment is ineffective, especially in immunodeficiency patient, you should be alert to the rare Whipple infection. Early combination antibiotics can achieve good effects. To reduce disease recurrence, maintenance therapy is important, and regular follow-up is required to be vigilant against central nervous system involvement.

Conclusion When clinicians meet complex clinical features required a high degree of pondering. Specific polymerase chain reaction (PCR) is becoming a popular non-invasive technique for diagnosing Whipple's disease. Early and adequate antibiotic treatment may reduce the mortality rate. So far, there was no consensus about the type and duration of treatment especially in children, we want to share the successful treatment experience of our center to reach a consensus on the type and duration of antibiotics, however, due to an isolated case exists limitation.

PO-2448

PI3K 基因敲除结合间充质干细胞在抑制淋巴细胞增殖及缓解移植物抗宿主病中的协同效应

邢海洲、桑丽娜、梁春艳、徐新童
郑州大学第一附属医院

目的 本研究旨在深入探索磷脂酰肌醇 3-激酶 (PI3K) 基因敲除与间充质干细胞 (MSCs) 在淋巴细胞增殖抑制及移植物抗宿主病 (GVHD) 缓解中的协同作用机制。

方法 为揭示 MSCs 对淋巴细胞增殖的影响, 本研究设计了系列单向混合淋巴细胞培养实验。实验中通过引入 MSCs、PI3K 抑制剂 (LY294002) 和 PI3K 激动剂 (胰岛素样生长因子 IGF-1) 进行不同条件下的干预。采用 Cell Counting Kit-8 检测淋巴细胞增殖情况, 并利用实时聚合酶链反应 (real-time PCR) 技术分析 PI3K 基因的表达水平。利用 CRISPR/Cas9 技术成功构建 PI3K 基因敲除小鼠模型, 并设置相同遗传背景的野生型小鼠为对照。进一步实施异基因造血干细胞移植实验, 将供体小鼠的骨髓细胞注入经致死量全身照射的实验组及对照组小鼠体内。GVHD 的监测项目包括临床表现观察、流式细胞检测以及组织学检查。

结果 单向混合淋巴细胞培养实验显示, 混合淋巴细胞组 (MLC 组) 在培养五天后显著增殖, OD 值增至 2.21 ± 0.49 。相较之下, 加入 PI3K 抑制剂 (OD 值 1.24 ± 0.24) 或 MSCs (OD 值 1.31 ± 0.23) 的实验组淋巴细胞增殖显著降低。同时, PI3K 基因的表达也大幅下降, 特别是在 MSCs 和 PI3K 抑制剂干预的组中, 表达水平分别下降至 $0.11 \pm 0.04\%$ 和 $0.28 \pm 0.50\%$, 远低于 MLC 组的 $0.76 \pm 0.18\%$ 。当 PI3K 被重新激活时, 淋巴细胞增殖有所回升, OD 值分别增加至 1.49 ± 0.19 (PI3K 抑制剂+激动剂组) 和 1.61 ± 0.21 (MSCs+激动剂组)。在异基因造血干细胞移植实验中, PI3K 基因敲除小鼠较野生型小鼠 GVHD 症状显著减轻, 长期生存率明显提升。同时, MSCs 的加入也展现了类似的抗 GVHD 作用。

结论 本研究结果揭示, MSCs 可能通过下调 PI3K 基因的表达来抑制淋巴细胞增殖, 从而发挥抗 GVHD 作用。而 PI3K 基因的敲除同样能显著降低 GVHD 的发生, 并提升生存率。这些重要发现为 GVHD 的预防和治疗提供了新的潜在靶点与策略。

PO-2449

血液病患者移植后发生眼部移植物抗宿主病相关因素的系统评价和 meta 分析

王媛媛、李锋
中国人民解放军东部战区总医院

目的 移植后患者生活质量 (QOL), 已成为一个值得持续关注和优先考虑的领域。研究表明, 患有眼部移植物抗宿主病 (oGVHD) 的患者 QOL 明显更差。然而, 目前关于 oGVHD 发生的影响因素并不明确。本综述旨在系统地识别和综合已发表的学术研究, 探讨影响 oGVHD 发生的因素, 为 oGVHD 的治疗与预防提供科学依据。

方法 全面系统检索 PubMed、Embase、Web of Science、SinoMed、Cochrane Library、中国知网、方数据知识服务平台和维普网数据库中关于 oGVHD 影响因素的横断面研究、队列研究, 检索时间为建库至 2023 年 12 月。由 2 名研究者筛选文献, 并进行质量评价、数据提取, 采用 Stata15.0MP 软件进行 Meta 分析。

结果 共纳入 18 篇文献, 包括 5 篇横断面、3 篇前瞻性队列和 10 篇回顾性队列, 包括接受造血干细胞移植的血液病患者共 4480 名, 其中 1755 名患者被诊断为 oGVHD, 涉及影响因素 21 个。

Meta 分析结果显示, oGVHD 发生率为 36.7% [95%CI (0.285, 0.454)]。其中, 以 NIH 标准为诊断依据的 oGVHD 发生率为 46.6% [95%CI (0.391, 0.543)] ; 以 ICCGVHD 为依据的为 32.2% [95%CI (0.163, 0.506)] ; 而自行定义诊断标准的为 30.5% [95%CI (0.160, 0.474)]。Meta 分析结果显示, 高龄患者 [OR=1.10, 95%CI (1.00, 1.20)]、女性供者 [OR=1.48, 95%CI (1.20, 1.83)]、亲缘性供体 [OR=1.55, 95%CI (1.27, 1.89)]、外周血 [OR=1.81, 95%CI (1.38, 2.39)]、急性移植物抗宿主病 [OR=1.74, 95%CI (1.29, 2.35)]、慢性移植物抗宿主病 [OR=3.04, 95%CI (1.08, 5.82)]、口腔 [OR=6.22, 95%CI (1.29, 30.01)] 及皮肤 GVHD [OR=5.55, 95%CI (2.41, 12.79)] 是 oGVHD 发生的危险因素 ($P < 0.05$)。

结论 现有 Meta 分析结果表明, 受者年龄、供者性别、供体类型、干细胞来源、是否发生 aGVHD、是否发生 cGVHD、是否发生口腔以及皮肤 GVHD 是 oGVHD 发生的相关因素。临床需要关注相关移植后患者, 进而预防 oGVHD 的发生。

PO-2450

相位角联合生物电阻抗指标在拟行异基因造血干细胞移植的 β 重型地中海贫血儿童中评估营养状况的应用研究

张璐瑒、尹艳、罗媛、龙杰雯
深圳市儿童医院

目的 本研究旨在探讨相位角 (PA) 联合去脂体重指数 (FFMI)、骨骼肌指数 (SMI)、瘦组织量 (SLM) 及相对四肢骨骼肌指数 (RASM) 对评估围异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 的 β 重型地中海贫血 (β 地贫) 儿童营养状况的价值。

方法 本研究纳入拟行 allo-HSCT 的 β 地贫 114 例儿童, 通过生物电阻抗分析 (BIA) 法测量其相位角 (PA)、去脂体重指数 (FFMI)、骨骼肌指数 (SMI)、瘦组织量 (SLM) 及相对四肢骨骼肌指数 (RASM), 并根据 2006 -2007 世界卫生组织 (WHO) 儿童生长发育标准评估营养状况。利用 Logistic 回归分析计算各指标的结合因素, 并对各指标之间的相关性进行分析。通过受试者工作特征曲线 (ROC 曲线) 计算各指标单独及联合评估营养状况的曲线下面积 (AUC), 以评估其效能。

结果 研究结果显示, PA 与 FFMI ($r=0.291, P=0.006$)、SMI ($r=0.592, P<0.001$)、SLM ($r=0.502, P<0.001$) 及 RASM ($r=0.570, P<0.001$) 均呈显著正相关。单独指标的效能分析中, PA、FFMI、SMI、SLM 及 RASM 的 AUC 值分别为 0.723、0.755、0.748、0.728 及 0.780 (均 $P<0.001$)。Logistic 回归分析的结合因素数值分别为: PA 与 FFMI 结合 0.759、PA 与 SMI 结合 0.750、PA 与 SLM 结合 0.733、PA 与 RASM 结合 0.787 (均 $P<0.001$)。尽管结合因素的效能相较单一指标有所提升, 但提升幅度并不显著。

结论 PA 联合 FFMI、SMI、SLM 及 RASM 在评估 allo-HSCT 的 β 地贫儿童营养不良方面具有显著的价值, 尽管结合因素的效能相较单一指标有所提升但不显著。提高评估营养状况的准确性对于临床营养管理和干预措施的制定具有重要意义。

PO-2451

Thrombin receptor activating peptide-6 regulates T-cell mediated allogeneic reaction

Cong Liu, Qiu Lan, Kexin Zhang, Yiwen Liang, Kailin Xu, Bin Pan

Department of Hematology, The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical College, Xuzhou, Jiangsu Prov, China.

Objective G protein coupled receptor 15 (GPR15) exerts immune regulatory functions. We previously showed knockout of GPR15 increased acute graft-versus-host disease (aGVHD). However, GPR15L, the natural ligand of GPR15, does not significantly decrease murine aGVHD.

Methods Small molecules that targeting GPR15 may help to suppress T-cell mediated alloreactivity. In this study, by using a GPR15/ β -arrestin 2 reporter cell line, we found thrombin receptor activating peptide-6 (TRAP-6) interacted with GPR15 through screening the G protein coupled receptor small molecule reservoir. TRAP-6 significantly decreased cell viability in the in vitro mixed lymphocyte reaction (MLR).

Results We confirmed the anti-aGVHD effect of TRAP-6 in two murine allotransplant models. TRAP-6 reduced pathological scores and proportions of Th1 cells in liver and colon. Of note, the anti-aGVHD effect of TRAP-6 was not observed in recipients that transplanted with GPR15 knockout (GPR15 KO) donor T cells. Because TRAP-6 was originally identified as an agonist of coagulation factor II thrombin receptor (F2R), we also used F2R knockout (F2R KO) donor T cells to test the effect of TRAP-6. Interestingly, TRAP-6 still reduced aGVHD in the F2R KO allotransplant model. We confirmed binding of TRAP-6 and GPR15 in vitro by using pull-down assay and confocal microscope. In the in vitro MLR, TRAP-6 decreased percent of Th1 cells but increased percent of Treg cells. In a transwell culture assay, comparing with the strong chemotactic effect of GPR15L, TRAP-6 showed a weaker chemotactic effect on Treg cells. These effects all depended on expression of GPR15 but not F2R. In the in vitro cultured T cells, TRAP-6 increased protein levels of GRK5 and phosphorylated ERK1/2 which are downstream of the GPR15/ β -arrestin 2 pathway. RNA-seq analysis indicated TRAP-6 down-regulated inflammatory pathways such as leukocyte activation and cytokine reactions in wild type T cells, an effect not seen in GPR15 KO T cells. The interaction between TRAP-6 and F2R could induce coagulation disorder and might have unfavorable impact on recipients because TRAP-6 treatment decreased blood platelet count. Since F2R is extensively expressed on different types of cells, using a mutated TRAP-6, which only interacts with GPR15, might help to avoid such defects. Through using alanine scanning on TRAP-6, we found the mutant peptide (LàA) exerted anti-alloreaction effect but significantly reduced the function in inducing platelet aggregation.

Conclusion In conclusion, we found TRAP-6 decreased murine aGVHD through interacting with GPR15.

PO-2452

造血干细胞移植患者口腔黏膜炎预测模型的构建

韩娜

南方医科大学珠江医院

目的 早期识别造血干细胞移植患者口腔黏膜炎(OM)的危险因素, 构建风险预测模型, 验证其预测效果。

方法 选取 2021 年 4 月至 2023 年 7 月就诊于南方医科大学珠江医院层流病房行造血干细胞移植的患者为调查对象, 整理并分析资料, 运用 Logistic 回归分析筛选 OM 危险因素, 运用 R 4.3.0 软件绘制列线图并验证。

结果 Logistic 回归分析结果显示, 使用环磷酰胺、甲氨蝶呤、激素的使用频次 ≥ 3 次、BMI < 18.5 、细胞极期 ≥ 7 天是造血干细胞移植患者发生 OM 的危险因素 ($P < 0.05$)。

结论 本研究构建的风险预测模型有良好的区分度和准确度, 可以为临床医护人员早期识别危险因素提供参考, 采取个性化的措施预防 OM 的发生与发展。

PO-2453

Endothelial progenitor cells improve intestinal homeostasis after hematopoietic stem cell transplantation in mice

Shengyun Zhu, Chaoran Lv, Pengjie Wu, Huiqi Li, Lu Liu, Lingyu Zeng, Kailin Xu
Department of Hematology, The Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University, No.99 West Huaihai Road,
Xuzhou, 221002, Jiangsu, China.

Objective Transplant conditioning regimens disrupt the intestinal barriers, leading to delayed vascularity and impeded the regenerative process. Revascularization is essential for intestinal tissue repair.

Methods However, our understanding of the specific mechanisms underlying the use of cellular therapy to accelerate intestinal repair is currently limited. To address this knowledge gap, we conducted a study to investigate the effects and potential benefits of endothelial progenitor cells (EPCs) infusion on the recovery of intestinal homeostasis in a hematopoietic cell transplantation mice model.

Results Our results revealed that the EPCs infusion improved the structure status of the intestine, as demonstrated by a well-preserved crypt structure, longer villi, reduced infiltration of inflammatory cells, and increased expression of ZO-1 and MECA-32. Additionally, significant differences in lymphocyte proportions were observed in mesenteric lymph nodes between the BMT and EPC groups, with the EPC group showing significantly lower Tc1, Th1, and a later peak of Tc17 cells, as well as elevated expression of immune regulatory molecules IL-10, IL-17, IL-18, and NLRP6. Mechanistically, the EPCs infusion upregulated phos-ERK1/2 and downregulated phos-p38 MAPK at early transplantation. The richness of intestinal microbiota changed significantly, and Erysipelotrichaceae was identified as the main species to differentiate the BMT and EPC treatments. This species exhibited a significant negative correlation with IL-10 and IL-18 in the EPC group.

Conclusion Taken together, this study highlights the protective role of EPCs in post-transplantation intestinal damage, and identifies critical immune cells, signaling pathways, and selectively enriched intestinal microbes contributing to the beneficial effects of EPCs infusion during intestinal repair.

PO-2454

IL-33 调节 Treg 细胞内 HPGD/PGE2 通路减缓造血干细胞移植后 GVHD 进展的作用和机制

牛焯炜、杨金凤、金家民、雷尚博、刘晨、丛嘉铖
桂林医学院

目的 异基因造血干细胞移植是治疗恶性血液疾病的有效手段, 然而移植亦能导致受体组织损伤而导致移植抗宿主病 (GVHD) 的发生, 是移植患者致残、致死的主要原因。Treg 细胞回输治疗可有效防治 GVHD。

方法 组织特异性调节性 T 细胞 (tisTregST2) 是一类高表达 ST2 (生长刺激表达基因 2 蛋白, IL-33 受体) 及 KLRG1 (杀伤性细胞凝集素样受体 G1) 的组织性 Treg 细胞, 在皮肤、脂肪和肠道等组织中高度富集, 具有较传统 Treg 细胞更强的免疫抑制和促进局部组织修复的能力。本课题组前期发现: tisTregST2 细胞经双重机制减轻 GVHD: ① 产生双调蛋白促进肠道组织修复; ② 增强对效应性 T 细胞的免疫抑制作用。最新研究表明 Treg 细胞可通过调节 15-羟基前列腺素脱氢酶 (HPGD) 活性发挥免疫抑制功能。

结果 本研究中我们发现: IL-33 培养的 Treg 细胞可富集为 tisTregST2 细胞, 该细胞中 HPGD 酶的活性增强, 对前列腺素 PGE2 的分解加快, 进而抑制 M1 型、促进 M2 型巨噬细胞的极化; 在 GVHD 模型中, 过继转移 IL-33 富集的 tisTregST2 细胞可明显改善 GVHD 的症状, 降低肠道组织中效应性 T 细胞的免疫应答; 该治疗作用在体内使用 HPGD 抑制剂后被明显减弱, 且伴随 GVHD 小鼠体内 M1 型巨噬细胞比例增加, M2 型巨噬细胞比例下降。这些数据表明 IL-33 可经调节 Treg 细胞中 HPGD/PGE2 通路, 调节巨噬细胞的极化从而缓解和治疗 GVHD。

结论 本研究为 Treg 细胞回输治疗 GVHD 的应用提供了新的机制和策略。

PO-2455

造血干细胞移植患者的肛周感染预防方案构建与应用

周雪梅、卿雅丽
广西医科大学第一附属医院

目的 探讨以蓖麻油为主导的造血干细胞移植患者的肛周感染预防方案构建及应用效果。

方法 以 2023 年 9 月至 12 月进行造血干细胞移植的 79 例患者为对照组, 肛周护理方案为: 每日用 0.5% 碘伏浸湿无菌棉签蘸清洁肛周; 0.005% 碘伏溶液坐盆 2 次, 每次 15-20 分钟; 大便后用湿巾彻底清洗肛周。以 2024 年 1 月至 3 月进行造血干细胞移植的 66 例为研究组, 在对照组基础上 0.005% 碘伏溶液坐盆为每次 5-10 分钟, 清洁肛周后均用无菌棉签蘸蓖麻油均匀涂于肛周皱褶皮肤。两组患者在年龄、性别、移植类型、以及疾病诊断方面具有可比性, 观察两组患者肛周皮肤情况及肛周感染发生率。

结果 两组移植患者肛周感染发生率、肛周瘙痒和肛周色素沉着方面差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 蓖麻油具有消炎、抗菌作用, 以蓖麻油为主导的外涂造血干细胞移植肛周感染预防方案, 值得临床推广。

PO-2456

聚乙二醇化重组人 G-CSF 在异基因造血干细胞移植后造血重建的效果及安全性

李丽
郑州大学第一附属医院

目的 聚乙二醇化重组人粒细胞集落刺激因子 (PEG-rhG-CSF) 在异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 后造血重建的效果及安全性。

方法 对 2023 年 1 月至 2023 年 12 月在郑州大学第一附属医院的 401 例接受 allo-HSCT 的患者进行回顾性分析。102 例于移植后第 1 天给予 PEG-rhG-CSF 100 $\mu\text{g}/\text{kg}$ 皮下注射 1 次, 若 +8 天患者白细胞仍无生长趋势, 则加用重组人粒细胞集落刺激因子 (rhG-CSF) 5~10 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$ 皮下注射; 299 例于移植后第 1 天开始予以重组人粒细胞集落刺激因子 (rhG-CSF) 5~10 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$ 皮下注射, 至中性粒细胞绝对计数 (ANC) $> 1.5 \times 10^9/\text{L}$ 持续 3 d 停药。

结果 ①PEG-rhG-CSF 组、rhG-CSF 组中性粒细胞植入时间分别为 10.2 (9~21) d、12.3 (10~25) d ($P=0.003$)；血小板植入时间、移植后 1 个月内血小板输注量、红细胞输注量差异均无统计学意义 (P 值均 >0.05)。②PEG-rhG-CSF 组、rhG-CSF 组粒细胞缺乏伴发热的发生率分别为 89.2% (91/102)、91.97% (275/299) ($P=0.986$)，中位持续时间分别为 4 (1~10) d、5.5 (1~24) d ($P=0.005$)。③PEG-rhG-CSF 组、rhG-CSF 组感染发生率分别为 22.7% (17/75)、31.1% (23/74) ($P=0.247$)，血流感染发生率分别为 5.3% (4/75)、9.5% (7/74) ($P=0.336$)。④急性 GVHD 发生率分别为 15.3% (15/102)、16.39% (45/299) ($P=0.336$)。⑤PEG-rhG-CSF 组、rhG-CSF 组移植后 6 个月无病生存 (DFS) 率分别为 (92.4 \pm 2.5)%、(91.7 \pm 2.6)% ($P=0.638$)。

结论 allo-HSCT 后应用 PEG-rhG-CSF 在促进中性粒细胞植入、缩短粒细胞缺乏伴发热持续时间方面优于 rhG-CSF，GVHD 发生率、移植后感染发生率、移植后 6 个月 DFS 率 rhG-CSF 无显著差异。

PO-2457

Free fatty acid receptor-4 regulates T-cell activation and decreases acute graft-versus-host disease

Jingyi Shen, Qiu Lan, Ying Wang, Shuo Cao, Fei Zheng, Kailin Xu, Bin Pan
Blood Diseases Institute, Xuzhou Medical University, Xuzhou, China

Objective Acute graft-versus-host disease (aGVHD) remains a great challenge for recipients of allogeneic hematopoietic cell transplantation (allo-HCT). Background diseases such as obesity and diabetes have unfavorable impact on outcome of allotransplant recipients. Free fatty acid receptor 4 (FFAR4) was reported to regulate macrophage-induced inflammation in obesity related diabetes. The role of FFAR4 in alloreaction is unknown.

Methods In murine aGVHD models, T cell conditional (Lck-cre driven) Ffar4 Knockout (KO) mice and antigen presenting cell conditional (Cd11c-cre driven) Ffar4KO mice were used as donors and recipients, respectively. Recipients were treated by different FFAR4 agonists including CpdA, GW9508 and TUG891. The impacts of FFAR4 agonists on intra-cellular signaling pathways were analyzed by RNA-seq and protein assays. The Lepob obesity mice were used as recipients of allo-HCT, and the effect of FFAR4 agonist was also tested.

Results We found knockout of FFAR4 in T cells increased aGVHD in mice, and FFAR4 agonists CpdA, GW9508 and TUG891 reduced aGVHD in two murine allo-HCT models. Both donor-T-cell-derived FFAR4 and recipient-derived FFAR4 was indispensable for FFAR4 agonism-mediated anti-aGVHD effect. Mechanistically, CpdA suppressed donor-T-cell mediated alloreaction through activating a β -arrestin2/Ahr/IL-22 pathway. CpdA recruited β -arrestin2 to FFAR4 which resulted in nuclear translocation of Ahr and up-regulation of IL-22. CpdA-mediated anti-aGVHD effect was abolished in recipient mice receiving AhrKO or Il22KO T cells. On the other hand, CpdA decreased activation of antigen presenting cells in association with inhibition of the NF- κ B pathway. FFAR4 agonism also decreased aGVHD in mice with obesity and diabetes.

Conclusion Our study shows the immunoregulatory effect of FFAR4 in alloreaction, and has implications for using FFAR4 agonists to control aGVHD in human especially those who with obesity related diabetes.

PO-2458

Loss of NLRP6 expression increases the severity of intestinal injury after syngeneic hematopoietic cell transplantation

Shengyun Zhu, Chaoran Lv, Pengjie Wu, Huiqi Li, Lu Liu, Lingyu Zeng, Kailin Xu
Institute of Blood Diseases, Xuzhou Medical University, Jiangsu, China

Objective NLRP6 plays a crucial role in maintaining intestinal homeostasis by regulating the interaction between the intestinal mucosa and the microbiota. However, the impact of NLRP6 deficiency on intestinal damage following hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) remains poorly understood.

Methods In this study, we established a syngeneic HSCT mouse model using C57BL/6 mice as donors and NLRP6^{-/-} or C57BL/6 mice as recipients. Our findings revealed that NLRP6 deficiency had minimal influence on peripheral blood cell counts or splenic immune cell proportions in transplanted mice.

Results However, it exacerbated pathological changes in the colon and small intestine on day 14 post-transplantation, accompanied by increased proportions of macrophages, dendritic cells, and neutrophils. Furthermore, NLRP6 deficiency resulted in elevated expression of MPO and CD11b, while reducing the levels mature caspase-1 and mature IL-1 β in the intestine. Moreover, NLRP6 deficiency disturbed the expression of apoptosis-related molecules and decreased the tight junction protein occludin. Notably, recipient mice with NLRP6 deficiency exhibited lower mRNA expression levels of antimicrobial genes, such as Reg3 γ and Pla2g2d. The short-term increase in inflammatory cell infiltration caused by NLRP6 deficiency was associated with intestinal damage, increased apoptosis, reduced expression of antimicrobial peptides, and impaired intestinal repair. Taken together, our findings demonstrate that the loss of NLRP6 exacerbates post-transplantation intestinal damage in recipient mice.

Conclusion These outcomes offer additional insights into the function of NLRP6 in intestinal damage following transplantation.

PO-2459

髓系来源的抑制性细胞中血红素氧合酶-1 的表达 可降低异基因造血干细胞移植术后患者移植物抗宿主病的风险

倪明、王季石
贵州医科大学附属医院

目的 髓系来源的抑制性细胞 (Myeloid-derived suppressor cells, MDSC) 是一个高度异质性的细胞群体, 是树突状细胞、巨噬细胞及粒细胞的前体。可因炎症刺激、肿瘤诱导等产生, 也可见于异基因造血干细胞移植后免疫恢复的早期。目前认为, 这些细胞可发挥免疫抑制作用。但对 MDSC 在移植后的动态演变、与复发的关系、对 GvHD 的抑制作用等的研究尚不够深入。

方法 我们分析了 35 位在贵州医科大学附属医院血液科接受异基因造血干细胞移植术患者的新鲜全血标本, 标本在移植后+14 天、+21 天、+28 天、+42 天、+60 天及+90 天被收集。使用多色流式细胞术被用于分析患者的单核细胞来源的 MDSC (Monocytic-Myeloid-Derived Suppressor Cells, M-MDSC) 及粒细胞来源的 MDSC (Granulocytic-MDSCs, G-MDSC)。两群不同 MDSC 的百分比、中位荧光强度及绝对值计数被分别记录。并进一步进行了膜内染色, 检测其血红素氧合酶-1 (Heme Oxygenase-1, HO-1)、白细胞介素 10 (Interleukin 10) 的表达情况。同时, 由于 NK 细

胞是移植后早期重要的抗感染及预防肿瘤复发的细胞亚群，我们同时进行了 K562 杀伤实验，以监测 MDSC 是否对 NK 细胞的杀伤活性产生了影响。

结果 35 位患者中，共有 16 位患者发生了不同程度的急性移植物抗宿主病（acute Graft versus Host Disease, aGvHD），其中 10 位患者为 II°aGvHD（33%），6 位患者为 III-IV°aGvHD（17%）。我们的结果显示，在各检测时间点中，G-MDSC 均可被检测到，且在移植后 21 天时 M-MDSC 的百分比及绝对值计数较高的患者，其发生 aGvHD 的风险较高。M-MDSC 中 HO-1 的中位荧光强度、绝对值计数及百分比较高的患者，发生 aGvHD 的风险较高。提示 HO-1 在 M-MDSC 中的表达可能可以预测患者 aGvHD 的发生。对 G-MDSC 患者的检测发现，并非所有的患者均在移植后存在 G-MDSC。通过进一步的功能学试验，我们发现 M-MDSC 可抑制患者 T 细胞的激活及增殖。另一方面，我们观察到 NK 细胞的杀伤功能与 M-MDSC 并无相关关系。

结论 M-MDSC 可能预测移植后患者 aGvHD 的发生，可能是通过抑制 T 细胞的激活及增殖实现。21 天时 M-MDSC 及其中 HO-1 的百分比及绝对值计数可能成为 aGvHD 发生风险的评估指标。同时 M-MDSC 并不会影响患者 NK 细胞的抗肿瘤及抗感染功能。

PO-2460

利妥昔单抗联合硼替佐米为主的脱敏治疗对 DSA 阳性单倍体造血干细胞移植临床效果的影响

杨岩、孙越、王莹、张静静、闫金松
大连医科大学附属第二医院

目的 回顾性分析利妥昔单抗联合硼替佐米为主的脱敏方法对 DSA 阳性患者单倍体造血干细胞移植结局的影响。

方法 收集 2019 年 1 月至 2023 年 12 月于大连医科大学附属第二医院行单倍体造血干细胞移植的 14 例 DSA 阳性患者临床资料。患者中位年龄 42.5 岁（29~63 岁）；男性 2 例，女性 12 例；原发病 MDS 7 例，ALL 2 例，AML 3 例，SAA 1 例，PNH 1 例；移植前 DSA 强阳性 11 例（MFI≥10000），阳性 2 例（5000~10000），弱阳性 1 例（MFI 4608）；DSA 针对 HLA I 类抗原 10 例，II 类抗原 3 例，两者均阳性 1 例。干细胞回输前 3 周启动脱敏治疗，方案为利妥昔单抗联合硼替佐米（单用利妥昔单抗 1 例），具体用法：利妥昔单抗 375mg/m²（5 例减量为 100mg~300mg），每周一次，1-2 次；硼替佐米 2mg/d，每周 2 次，2-3 次。分析植入时间、移植物功能、GVHD、复发及生存。

结果 13 例造血重建，植入中位时间粒系 11 天（9~15 天），巨系 12 天（11~33 天）。血小板延迟植入及继发性血小板植入功能不良各 1 例（DSA 强阳性），分别于移植后 4 月、9 月恢复正常，均为完全供者嵌合。aGVHD 4 例（II 度 3 例，IV 度 1 例），cGVHD 4 例（轻度 1 例，中度 3 例，2 例前期为 aGVHD），均为 DSA 强阳性。巨细胞病毒血症 4 例（均为强阳性），出血性膀胱炎 6 例（强阳性 4 例，阳性 2 例）。复发 1 例（ALL）；死亡 6 例，死亡原因为新冠肺炎 3 例，CMV 肺炎 1 例，乳腺癌 1 例；复发 1 例。中位 OS 3.1 年，中位 DFS 3.0 年。

结论 利妥昔单抗联合硼替佐米为主的脱敏方法对 DSA 阳性患者单倍体造血干细胞移植有较好的临床效果。

PO-2461

改良的减低剂量预处理方案联合单倍型造血干细胞移植 治疗儿童原发性噬血细胞综合征的临床研究

阳兴程²、肖娟¹、吴南海¹、樊世芬¹、刘周阳¹、姜帆¹、陈姣¹、隗佳²、孙媛¹

1. 北京京都儿童医院

2. 华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 噬血细胞综合征（HLH）是一种危急的过度炎症综合征，异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）是唯一可能治愈 HLH 的方法，即使只有单倍体供者，也应积极进行。移植前的炎症和化疗会损伤血管内皮细胞，增加移植后血栓性微血管病（TMA）及肝静脉闭塞病（VOD）的风险。本研究探讨改良减低剂量预处理方案(RIC)的单倍体半相合移植对儿童原发性 HLH 患者的疗效及安全性。

方法 从 2015 年 7 月至 2023 年 4 月，共纳入 42 名原发性 HLH 儿童患者，接受改良 RIC 联合单倍体相合 allo-HSCT,预处理方案包括减低剂量 VP-16/Bu/Flu/CTX/ATG。患者随访至 2023 年 12 月 31 日。

结果 42 名患者中位年龄为 2.5 岁，从诊断到移植中位时间为 8.0 个月，移植前 22 名患者 CR，19 名 PR，1 名 NR。粒细胞及血小板植活中位时间为 12.0 及 16.0 天,40 例完全嵌合，2 例混合嵌合。总 aGVHD 累积发生率为 52.4%，III-IV 级 aGVHD 为 26.2%，cGVHD 为 57.2%。2 名患者发生 VOD。移植后中位随访 48.7 个月，32 例患者持续缓解，5 年 OS 及 FFS 率为 73.7%及 66.5%。1 例患者在移植后 100 天内因严重感染死亡。Cox 回归分析显示，移植前达到 CR 是 OS 的独立保护因素，移植后发生 III-IV 级 aGVHD 是 OS 及 FFS 的独立危险因素。

结论 改良的 RIC 方案联合单倍型 allo-HSCT 对于原发性儿童 HLH 患者的治疗显示出了良好的疗效及安全性，在进行 allo-HSCT 前通过诱导治疗达到 CR，并积极预防 aGVHD 发生对患者移植后的总体生存有积极影响。

PO-2462

TBE 预处理方案在原发中枢神经系统淋巴瘤自体 造血干细胞移植中的应用

陈俊丽、鲁云、马艺、赵世华、袁顺宗、肖秀斌、陈喜林、黄文荣

中国人民解放军总医院第五中心

目的 评估 TBE(塞替派、白消安、依托泊苷)后行 ASCT 巩固治疗的安全性和疗效。

方法 回顾性分析解放军总医院第五医学中心血液病医学部淋巴瘤-骨髓瘤专科 2022 年 2 月至 2024 年 5 月 22 例住院治疗接受 TBE 方案预处理 ASCT 的 PCNSL 患者资料。

结果 22 例患者中男 14 例，女 8 例。中位年龄 58 岁(23-72)，诊断到移植的中位时间是 6.5 个月，60 岁以上患者占 45%（10/22）。TBE 预处理方案具体为：TT 450mg/m² -7d, Bu 3.2mg/m² -6 至 -4d, VP-16 2g/m² -3d。TBE 预处理的 ASCT 治疗后患者 CR 率由移植前 63.6%提高到移植后 86.4%。其中大剂量 MTX 为基础一线治疗有效的患者在 ASCT 后，CR 率由 61.1%提高到 94.4%。22 例 ASCT 患者中 8 例患者进行了肿瘤二代测序，其中 6 例伴有 MYD88 突变。6 例伴 MYD88 突变患者在 ASCT 后，CR 率由 50%提高到 100%。中位随访时间 9（5.0-19.0）月，中位无进展生存期（progression-free survival, PFS）和总生存期（overall survival, OS）尚未达到。1 年的 PFS 为 87.7%，1 年的 OS 为 86.8%。髓系和血小板重建的平均时间均为 9 天。3 级以上不良事件（AE）主要为腹泻（7/22，31.8%）、口腔粘膜炎（8/22，36.4%）、转氨酶升高（2/22，9.1%）、白细胞减少（100%）及血小板减少（100%）。中性粒细胞减少伴发热 18 例（81.8%），其中 CRE 感

染性休克 1 例 (4.5%)，真菌感染 1 例 (4.5%)。无 3 级以上心脏、肾功能损伤事件发生。1 名移植前 PR 的患者 (4.5%) 因移植相关并发症(消化道出血、耐药菌感染)死亡。

结论 基于 TBE 预处理方案的 ASCT 是一种相对安全、高效、可行的 PCNSL 患者巩固治疗措施。

PO-2463

Post-transplant maintenance therapy with decitabine and donor lymphocyte infusion for pediatric high risk acute myelogenous leukemia and myelodysplastic syndrome

Zhuo Wang, Hao Xiong, Li Yang, Fang Tao, Zhi Chen, Ming Sun, Wenjie Lu

Department of Hematology and Oncology, Wuhan Children's Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science & Technology, Wuhan 430016, Hubei Province, China

Objective To assess the safety and efficacy of decitabine plus donor lymphocyte infusion (DLI) to prevent relapse after allo-HSCT in pediatric high-risk AML/MDS.

Methods We conducted a retrospective study in Wuhan Children's hospital between January 2018 and December 2020. a total of 46 patients with high-risk AML/MDS who underwent allo-HSCT and survived at least 100 days without relapsing were enrolled. DEC was administered intravenously at a dose of 10 mg/m²/day once a week for up to 12 cycles, beginning at 3 months following transplantation, if no grade >II acute GVHD or life-threatening infection was observed. The first DLI was started as early as 6–8 weeks following transplantation, if no Grade >I acute GVHD or no infection was observed. The second DLI was scheduled at least 6 to 8 weeks following the initial DLI if no GVHD was observed. The doses of DLI depended on the type of HSCT. In the absence of GVHD, DLI was repeated up to two or three times using escalating T-cell doses every 6–8 weeks. Probabilities of survival were estimated using the Kaplan-Meier product-limit method.

Results With a median follow-up of 34 (range, 24 to 57) months, all patients achieved hematopoietic recovery. The median times of neutrophil and platelet reconstitution were 14 days (range, 9 to 20) and 15 days (range, 9 to 33), respectively. All 46 patients achieved sustained, full donor chimerism by day +30 post-transplantation. Of the 46 patients, 45 completed all the 12 cycles of DEC maintenance therapy, and only one patient completed only five cycles of DEC and one DLI because of persistent thrombocytopenia. Thirty-five patients (76.0%) received at least one DLI treatment. Eleven patients did not receive a single infusion of DLI because of GVHD (in seven patients), thrombocytopenia (in two) and severe infection (in two). A median of two DLIs (range, 1 to 7) were administered.

At last, 43 patients were alive in complete molecular remission. Three patients died, one died of relapse on day 247 post-transplantation, and another two died of severe infection on day 297 and 329, respectively, after transplantation. The overall survival and disease-free survival at two years were 93.4% and 82.6%, respectively. The 2-year cumulative incidence of relapse was 4.3%, and the 2-year non-relapse mortality was 4.3%. Cumulative incidence rates of grade II-IV acute graft-versus-disease (GVHD) and chronic GVHD after DLI were 6.5% and 10.8%, respectively. No >3 grade adverse events, or maintenance therapy-related mortality was reported.

Conclusion the results of our study suggest that maintenance treatment with DEC combined with DLI after allo-HSCT is feasible and well tolerated in children with high-risk AML and MDS, and has an acceptable toxicity profile and impressive long-term survival.

PO-2464

Ixazomib for graft-versus-host disease: A systematic review

Yue Zhang, Yajing Xu, Qiaoling Zhou, Xu Chen, Shiyu Wang, Tingting Cheng
xiangya hospital of central south university

Objective To determine the safety and efficacy of ixazomib for the prophylaxis and treatment of graft-versus-host disease (GVHD).

Methods This review aligned with Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses guidelines. PubMed, the Cochrane Library, Embase, and Web of Science were obtained from data inception to May 28, 2024 for studies on evaluated the effect of ixazomib on GVHD. The primary outcomes include overall-survival (OS) and non-relapse mortality (NRM). Rates of relapse-free survival (RFS), progression-free survival (PFS), acute and chronic GVHD, relapse/progression, and toxicities were selected as secondary endpoints.

Results There was a total of 178 participants in four eligible studies, including three studies on the prophylactic use of ixazomib and one study on ixazomib for the treatment of GVHD. Prophylactic use of ixazomib was followed by a significantly increased OS (ixazomib 84-94.7%, control 79%-86.4%) and reduced NRM (ixazomib 0-4%, control 2-8%). The use of ixazomib relatively increased the rate of relapse/progression. For GVHD, reduced the cumulative incidence of acut GVHD and was not associated with the cumulative incidence of chronic GVHD(cGVHD). For treatment use, low treatment failure at 6 months in the setting of advanced cGVHD (ixazomib 28%, control 44%).

Conclusion Ixazomib was safe and effective for the prophylaxis and management of GVHD. More clinical evidence is warranted to validate these findings.

PO-2465

儿童造血干细胞移植后合并眼眶脑型毛霉菌 1 例临床分析

夏梓婷、粟胜男、孙舒雯、李东军、艾媛、高举、朱易萍、陆晓茜

四川大学华西第二医院妇幼出生缺陷及相关疾病教育部重点实验室，四川大学华西第二医院，儿童血液肿瘤科，成都

目的 探讨儿童造血干细胞移植(HSCT)后合并眼眶脑型毛霉菌(ROCM)的临床特征及宏基因组学二代测序(mNGS)在诊断和抗真菌治疗方面的临床价值。

方法 回顾性分析收治于四川大学华西第二医院儿童血液肿瘤科的 1 例极重型再生障碍性贫血(VSAA)合并眼眶脑型毛霉菌患者的临床资料。并检索学习相关文献，总结造血干细胞移植后合并眼眶脑型毛霉菌的临床表现、影像学特点、诊疗经过、预后。

结果 患者女，8岁，因诊断 VSAA 2 个月后进行单倍体造血干细胞移植，术后 2 个月出现右眼肿胀和疼痛，最终进展为右眼视力丧失。脑脊液 mNGS 检测到毛霉和小孢子根霉。胸部 CT 显示右下肺软组织结节，双肺散在小斑片状密度增高影，疑似侵袭性肺真菌病。头颅 MRI 显示右视神经、眶周软组织、双侧额叶脑实质肿胀。立即停用免疫抑制剂，应用脂质体两性霉素 B(L-AmB) 10mg/kg 联合艾沙康唑 200mg/d 进行全身抗真菌治疗。经鼻内镜手术进行切除、清创，同时收集分泌物和活检进行培养和组织病理学检查。鼻窦新生物病理学检查提示坏死物中查见真菌，符合真菌性鼻窦炎。使用两性霉素 B(AmB)和碳酸氢钠稀释液冲洗鼻腔。治疗 6 周后，脑脊液 mNGS 未检出真菌，胸部 CT 显示肺部感染病灶较前明显缩小，头颅 MRI 显示双侧额叶肿胀较前减轻，异常信号范围缩小。抗真菌治疗期间血清肌酐水平保持稳定，未发生不良反应。在通过全身和局部给药途径改善病变后，抗真菌治疗调整为口服泊沙康唑单药治疗。患者已康复并继续接受随访，但双眼视力丧失。

结论 鼻眶脑型毛霉病是一种罕见的侵袭性机会性真菌感染疾病，诊断难，发病率和死亡率高。造血干细胞移植后的免疫功能低下是发生 ROCM 的主要危险因素。宏基因组学二代测序可以帮助识别病原体，并为明确诊断提供依据。早期脂质体两性霉素 B 治疗和手术干预与良好的预后相关。

PO-2466

TPO 受体激动剂联合脐血输注治疗 重型再生障碍性贫血的疗效分析

任柯全、周芳、李文君、于晓林、宋晓晨、邓磊、刘希民
中国人民解放军联勤保障部队第九六〇医院

目的 评估 TPO 受体激动剂（TPO-RA）联合脐血输注对治疗重型再生障碍性贫血（SAA）患者的疗效分析。

方法 对 2018 年 1 月至 2023 年 8 月期间诊断为 SAA 的 19 例患者进行回顾性分析，这些患者接受 TPO-RA 联合脐血输注治疗。将这些患者的数据与未使用 TPO-RA 的历史队列进行比较。TPO-RA 队列中使用阿伐曲泊帕或艾曲泊帕，根据患者的病情和特征，阿伐曲泊帕的初始剂量为 20 或 40mg/d、艾曲泊帕的初始剂量为 25 或 50mg/d。历史队列未采用 TPO-RA 治疗。

结果 截止到统计时间，TPO-RA 队列 13 例患者接受 TPO-RA 联合脐血输注后血小板恢复，8 例完全缓解，5 例部分缓解。总有效率为 68.4%（13/19）。血小板计数 $>20 \times 10^9/L$ 的中位时间为 30 天（范围：6-69 天），血小板计数 $>50 \times 10^9/L$ 的中位时间为 37 天（范围 11-544 天）。8 例完全缓解患者血小板计数 $>100 \times 10^9/L$ 的中位时间为 92.5 天（范围 20-169 天）；历史队列 15 例患者接受脐血输注治疗后血小板恢复，13 例完全缓解，2 例部分缓解。总有效率为 75%（15/20）。血小板计数 $>20 \times 10^9/L$ 的中位时间为 57 天（范围：17-238 天），血小板计数 $>50 \times 10^9/L$ 的中位时间为 129 天（范围 20-665 天）。13 例完全缓解患者血小板计数 $>100 \times 10^9/L$ 的中位时间为 254 天（范围 30-893 天）。

结论 结果表明，TPO-RA 联合脐血输注能够促进 SAA 患者血小板恢复，缩短血小板恢复时间。

PO-2467

不同预处理方案对骨髓增生异常综合征 造血干细胞移植患者预后的影响

张帆、葛宋钰、王洪涛
中国医科大学附属盛京医院

目的 不同标准预处理化疗方案对骨髓增生异常综合征（MDS）患者预后的影响目前尚不清楚。

方法 我们进行了一项荟萃分析，比较骨髓增生异常综合征患者的清髓性化疗方案（MAC）与低强度化疗方案（RIC）的效果。检索 PubMed、Embase、Cochrane Library 和 MEDLINE 数据库中截至 2024 年 3 月 1 日的相关文献。纳入符合条件的患有 MDS 的成人或儿童的前瞻性或回顾性研究。

结果 确定了 11 项随机对照试验，包括 7329 名患者，其中 3295 名患者接受 RIC 方案（或非清髓性方案），4043 名患者接受 MAC 方案。RIC 组的非复发死亡率（OR=0.65，95%CI=0.49-0.75）和无复发生存率（OR=0.38，95%CI=0.22-0.67）较低，但复发率较高（OR=1.51，95%CI=1.03-2.21），无病生存率（OR=0.89，95%CI 0.68-1.17）、总生存率（OR=0.96，95%CI 0.79-1.16）、无进展生存率（OR=0.74，95%CI 0.52-1.06）和急性移植物抗宿主病（OR=0.8，95%可信区间=0.39-1.64）在两组中相似。

结论 这些结果表明，与骨髓增生异常综合征患者的 MAC 相比，RIC 可能与较低的非复发死亡率和无复发生存率有关，但具有较高的复发率和相似的无病、总体和无进展生存率以及急性移植物抗宿主病。这表明 MAC 预处理可以使这些患者的预后更好。

PO-2468

LETERMOVIR COMBINED WITH GANCICLOVIR AS A PREEMPTIVE OR TREATMENT FOR CYTOMEGALOVIRUS INFECTION FOLLOWING ALLOGENEIC HEMATOPOIETIC STEM CELL TRANSPLANTATION, A SINGLE-CENTER RETROSPECTIVE REVIEW

澹姚, Yimei Feng, Cheng Zhang, Qing Wen, Jun Rao, Ting Chen, Yuqing Liu, Lu Zhao, Jia Liu, Lidan Zhu, Lu Wang, Shichun Gao, Huanfeng Liu, Lei Gao, Peiyan Kong, Xi Zhang
Medical center of hematology, Xinqiao hospital, Army medical university

Objective Associated specific mutations were identified with in the terminase complex region of the CMV genome. Given the differed mechanism of letermovir and ganciclovir, considering the organ toxicity of ganciclovir, we chose a tapered dose of ganciclovir combined with letermovir in preemptive or salvage treatment of CMV infection. This study aims to improve the outcome of reactivation of CMV or CVM disease.

Methods Data were retrospective analyzed on patients receiving allo-HSCT at our center from October 2022 to October 2023. All patients received letermovir no later than +28 days. Patients will receive letermovir treatment for up to 12 weeks with optional additional 12 weeks of treatment for preemptive or salvage treatment if clinically indicated and ganciclovir was given 5mg/kg PO/IV. As for the preventative group, letermovir alone was given until +100 days. Clinical assessments and CMV viral load (VL) will be measured at each flow-up point. The baseline characteristic, CMV copies, disease outcome, overall survival (OS) within 1 year in each group, as well as comparison of adverse events among the groups were analyzed by R statistical software.

Results Data were retrospective analyzed at our center from October 2022 to October 2023. Patients were summarized as the preemptive group (20 cases), treatment group (15 cases) and preventive group (87 cases) according to occurrence of CMV reactivation or CMV disease. During the 1-year follow-up of the 122 cases (preventive group, preemptive group and treatment group), the 1-year OS for each group was 92.5%, 90.3%, and 88.5%, respectively ($P=0.67$), with no statistically significant difference at baseline. At the end of the first week after treatment, 95% of patients in the preemptive group reached negativity of CMV copies, compared with only 76% of patients in the treatment group. At the end of the second week after treatment, all patients in the preemptive group reached negativity of CMV copies, and none died; accordingly, 97.5% of patients in the treatment group reached negativity of CMV copies, 1 out of 15 patients died of VOD and 1 died of severe lung infection, considering associated with CMV disease. In the course of treatment, all three groups of patients developed a certain degree of adverse events. While no significant differences in the three groups in adverse events such as gastrointestinal events, cardiac events, hematologic toxicity, liver and hepatic and renal insufficiency.

Conclusion Letermovir and ganciclovir may be applied in preemptive measure against CMV reactivation or as a treatment for CMV disease in patients receiving allogeneic HSCT. Ganciclovir at an tapered dose in combination with letermovir is efficient, particularly in reducing the duration of infection and preventing the poor prognosis that followed. In terms of safety, this regimen helps

lessen the harm that conventional treatment causes to the liver, kidneys, and severe hematologic toxicity.

PO-2469

异基因造血干细胞移植治疗 27 例婴儿白血病的临床研究

粟胜男、夏梓婷、李东军、孙舒雯、艾媛、粟亚丽、陆凤、高举、朱易萍、陆晓茜

四川大学华西第二医院妇幼出生缺陷及相关疾病教育部重点实验室，四川大学华西第二医院，儿童血液肿瘤科，成都

目的 了解造血干细胞移植治疗婴儿白血病的疗效，以及影响患儿长期存活率的相关危险因素。

方法 回顾性分析我院 2019 年 5 月至 2024 年 1 月确诊婴儿白血病并接受造血干细胞移植的 27 例患儿的临床资料。ALL 移植预处理方案以 BCNU+FLU+Bu+VP16+CTX 为主，AML 预处理方案以 Bu+CTX+Me-CCNU+ATG 为主，中枢受累患儿加入塞替派，他克莫司+小剂量 MTX 预防移植后 aGVHD，美罗华预防移植后淋巴增殖性疾病。

结果 入组 27 例患者，男 18 例，女 9 例，男女比 2:1，中位诊断年龄 6 月(3, 12)月，中位移植年龄 13 月(10, 39)月，中位随访时间 23 月(4, 61)月，中位初诊白细胞数 $110(4.4, 880) \times 10^9/L$ 。诊断 AML 9 例，ALL 15 例，MPAL 3 例。其中 CR1 19 例，CR2 7 例，PR 1 例。7 例 CR2 患儿中，4 例行自体 CD19/CD22 CART 治疗，2 例行自体 CD19 CART 治疗，1 例行贝林妥单抗治疗，7 例患儿均达到分子学缓解后行造血干细胞移植。1 例 ALL PR 患儿移植前骨髓涂片原始细胞 10%，CBFA2T3-GLTS2 基因定量 11%。MLL 基因重排 20 例，MLL-AF4 5 例，MLL-ENL 3 例，MLL-AF9 6 例，MLL-AF10 4 例，MLL-USP2 1 例，MLL-AF1Q 1 例。另外，CBFA2T3-GLTS2 1 例，ETV6-PPP1R3A 1 例。入组患儿行脐血造血干细胞移植 18 例，其中全相合 6 例，部分相合 12 例；行非血缘造血干细胞移植 3 例，其中全相合 1 例，部分相合 2 例；行半相合造血干细胞移植 3 例；行同胞全相合造血干细胞移植 3 例。脐血移植患儿输注 CD34+ 细胞中位数 $2.6(1.12, 6.87) \times 10^5/kg$ ，TNC 中位数 $8.3(5, 14.6) \times 10^7/kg$ 。单倍体移植和非血缘造血干细胞移植患儿输注 CD34+ 细胞中位数 $5.96(5.63, 7.71) \times 10^6/kg$ ，MNC 中位数 $7.35(4.12, 8.88) \times 10^8/kg$ 。ANC 植活中位时间+11d(11, 34)d，PLT 植活中位时间+24d(14, 43)d。中位随访时间 23 月(4, 61)月，随访期间 OS 92.5%，EFS 88.8%。27 例患儿中，死亡 2 例，1 例移植后+6 月复发后死亡，另 1 例 AML-M5 患儿行同胞全相合造血干细胞移植后 3 个月骨髓复发，复发性经化疗缓解后再行亲缘单倍体造血干细胞移植，移植后 5 个月复发后死亡。1 例移植前 PR 患儿，移植后 2 个月骨髓分子生物学复发，目前存活行细胞免疫治疗中。移植相关并发症 II-IV 度 aGVHD 发生率 26%，脓毒血症发生率 48%，CMV 血症 33%，cGVHD 发生率 25%，均为局限性。

结论 异基因造血干细胞移植是治疗婴儿白血病安全可行的有效治疗手段。移植后复发仍是影响总生存率的重要因素，尽早开展移植后预防复发方案是未来方向。

PO-2470

来特莫韦预防异基因造血干细胞移植后巨细胞病毒感染的疗效及安全性研究

李健、季杰、陈心传、刘志刚、邝璞、董天、牛挺
四川大学华西医院

目的 探索来特莫韦预防异基因造血干细胞移植后巨细胞病毒 (CMV) 感染的疗效及安全性。

方法 回顾性研究四川大学华西医院血液科 2023 年 3 月至 2023 年 9 月异基因造血干细胞移植患者

（包含同胞供者、非血缘供者及单倍型移植）。在移植当天或不晚于移植后 28 天开始给药，持续用药至移植后 100 天。成人剂量 480mg，每日一次。如与环孢素合用，剂量减少至 240mg 每日一次。在出现具有临床意义的 CMV DNA 血症或疾病的情况下，则停止来特莫韦预防，并启用标准抢先治疗。主要观察疗效指标：患者移植后 100 天的 CMV 感染突破率。CMV 感染相关住院率及平均住院天数，观察 180 天非复发死亡率。停药后半年再激活率。安全性：包括移植后造血干细胞植入速度、骨髓抑制、肝肾毒性等。

结果 本研究中位随访时间为 9 个月，共纳入患者 20 例，预防期间发生 CMV 再激活 0 例，显著低于既往异基因造血干细胞移植患者。停用来特莫韦后再激活 1 例，占 5%。180 天内非复发死亡率 5%。安全性方面：移植后白细胞及血小板植活时间均不受影响。给药期间未见明显骨髓抑制及肝肾毒性。

结论 本研究结果提示异基因造血干细胞移植患者给予来特莫韦可有效预防 CMV 病毒感染、缩短平均住院天数、改善移植后患者的生存状态，同时未增加骨髓抑制及肝肾毒性。该结论仍需扩大样本量，并做多中心研究以进一步论证。

PO-2471

1 例极重型再生障碍性贫血重度粒缺期合并外鼻部、肺部侵袭性真菌感染患者行单倍体造血干细胞移植围术期护理

张丽雪、刘玉秋、解文君

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 总结 1 例极重型再生障碍性贫血重度粒缺期合并侵袭性真菌感染的危重患者单倍体造血干细胞移植围术期的护理策略，为临床类似病人的护理提供参考。

方法 2024 年 1 月，我科室收治了 1 例重度粒缺期合并外鼻部毛霉菌感染、肺部黄曲霉菌感染行单倍体造血干细胞移植的极重型再生障碍性贫血患者，患者女性，18 岁，与其母亲 HLA 7/12 位点相合，入院时存在活动性黄曲霉菌肺部感染合并外鼻部毛霉菌感染。入院血常规：白细胞 $0.17 \times 10^9/L$ ，嗜中性粒细胞绝对值为 0。

针对此例特殊案例，我科室成立了由移植中心主治医师 1 名、耳鼻喉主治医师 1 名、5 年以上移植护理经验的主管护师 5 名共同组成目标管理小组。团队以基于定向评价的全程管理模式为患者提供个体化的预防和治疗措施，回顾以往关于既往有侵袭性真菌感染的患者行造血干细胞移植的研究，在确定患者风险因素及其定向目标的基础上，小组共同研讨制定个体化护理策略。

针对真菌的二级预防：联合使用思福妥+氨曲南+两性霉素 B 脂质体+艾莎康唑+康替唑胺全身抗感染，外涂二性霉素 B 液体于外鼻部局部抗感染，定期监测各项感染指标，及时调整治疗方案。

针对患者整体健康状况：鼻腔护理：3/日使用生理盐水清理鼻腔黏膜，外鼻感染处使用灭菌注射用水冲洗待干后外涂二性霉素 B 液体，间隔 30 分钟后涂抹重组牛碱性成纤维细胞生长因子凝胶。2/日为病人使用氧疗法，2L/min 鼻导管氧气放置于外鼻破溃处，促进破溃恢复。

发热护理：密切观察患者生命体征变化、药物不良反应及并发症。管理小组护理人员在患者造血干细胞回输以及输注 ATG 等特殊易发热治疗时，全程陪护患者，为避免高热， $T > 37^\circ C$ 时，遵医嘱给予退热药物对症处理，密切监测血压及尿量，预防休克。

预防继发感染：除常规护理外，我科室护士通过循证选择由盐酸利多卡因 0.05g、复合维生素 B 片 2 片、蒙脱石散 6g、维生素 B12 针 2mg、地塞米松 5mg、制霉菌素片 2 片配制成的溃疡糊联合重组牛碱性成纤维细胞生长因子凝胶交替外涂减轻药物对口腔黏膜的损伤；加强肛周护理，预防性外涂马应龙痔疮膏，腹泻后使用强力安肛液体代替俯卧坐浴；加强皮肤护理，每周 2 次使用含氯消毒湿巾为患者周身擦浴。

营养支持：饮食原则为高压无菌饮食，清淡无油。使用营养筛查表 NRS2002 定期测评患者营养风险程度，评分 ≥ 3 分时及时予以患者营养治疗。

心理护理：向患者介绍关于疾病的知识、用药的注意事项，使患者对疾病树立信心，从而减轻疾病焦虑以及外貌焦虑，解除恐惧心理。

结果 患者+16 天粒细胞植入。进一步随访患者发现，患者的生活质量得到显著提高，即将回归正常生活。

结论 该例病例表明，在真菌感染活动期行 HSCT 是可行的，但需要严格控制感染，掌握适应症和时机。在治疗过程中，抗真菌药物的选择和使用至关重要，同时护理工作的细致入微也是确保治疗效果的关键。该例病例的成功治疗为类似情况的临床实践提供了有益的参考。

PO-2472

Efficacy and safety of TBI +ATG +Thiotepa based conditioning regimen for haploidentical HSCT in 5 cases of aggressive T-ALL combined CNS involvement

Ying Jiang,Zhongjin Yang,Huixia Liu,Daolin Wei,Jun Zhu,Chuxian Zhao,Shan Shao,Chun Wang
Hematology department, Shanghai General Hospital

Objective It was in our previous experiment and clinical studies that the efficacy and safety of total body irradiation (TBI) + anti-thymocyte globulin (ATG) based conditioning regimen in T cell tumors had been proven. When it comes to the treatment of R/R central nervous system (CNS)-involved T cell acute lymphoblastic leukemia (T-ALL), incorporation of thiotepa which can cross the blood-brain barrier should be considered because of no specific regimen recommended.

Methods Therefore, we retrospectively analyzed 5 patients with R/R T-ALL with CNS invasion who had undergone TBI+ATG+Thiotepa (TTA) based conditioning regimen for haploidentical hematopoietic stem cell transplantation (haplo-HSCT) from January to December 2022.

Results All cases were successfully engrafted. The median time for neutrophil engraftment was 12 (9-15) days, meanwhile platelet engraftment was observed between 10 and 21 days (median 12 days) post-transplant. The median follow-up for the cohort was 422 days (range, 95-615 days) following HSCT and OS rate was 40% at the end of follow-up. The best responses in all five cases were complete remission (CR) (100%). Both relapse rate and relapse mortality in this cohort were 20%. The most common side effect is grade 3 diarrhea induced by TBI and thiotepa which regressed after the alternative GVHD prophylaxis for reducing mucosal toxicity and supportive care.

Conclusion Thus, TTA based conditioning is a feasible and effective condition regimen for patients with R/R T-ALL with the addition of CNS infiltrates.

PO-2473

急性髓系白血病异基因造血干细胞移植患者突发室上性心动过速的个案护理管理

何洁

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 本研究旨在探讨急性髓系白血病异基因造血干细胞移植患者突发室上性心动过速的护理干预，以提高患者的生存率和生活质量。

方法 我们对一名急性髓系白血病异基因造血干细胞移植突发室上性心动过速的患者进行了造血干细胞移植后的护理干预。护理措施包括术前准备、移植过程中的监护和护理、术后并发症的防治等方面的综合护理干预。

结果 经过护理团队的精心护理，患者顺利完成了造血干细胞移植手术，并在术后恢复良好。患者在术后定期随访中显示出良好的造血功能和免疫功能恢复，生活质量得到明显改善。

结论 通过本次个案的护理干预，我们发现对于急性髓系白血病异基因造血干细胞移植突发室上性心动过速的患者进行造血干细胞移植后的护理干预，能够有效提高患者的生存率和生活质量。因此，护理团队的专业护理干预对于白血病患者进行造血干细胞移植后的康复具有重要意义。同时，我们也认识到在未来的临床实践中，需要进一步完善相关护理措施和提高护理团队的专业水平，以进一步提高患者的治疗效果和生活质量。

PO-2474

Eltrombopag promotes the engraftment of bone marrow failure syndrome patients who undergo allogeneic hematopoietic stem cell transplantation

Meng Zhou^{1,2,3}, Huizhu Kang^{1,2,3}, Qian Zhu⁴, Shiyuan Zhou^{1,2,3}, Depei Wu^{1,2,3}, Yue Han^{1,2,3}

1. The first affiliated hospital of soochow university
2. National clinical research center for hematologic diseases
3. Jiangsu Institute of Hematology
4. Hongci Hospital of Hematology, Suzhou, China

Objective Bone marrow failure syndrome (BMFS) is a kind of disease due to hematopoietic stem cell dysfunction. Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) has been the most effective treatment for BMFS so far. However, approximately 5-26% of the HSCT patients suffer from delayed platelet engraftment (DPE) and impact negatively on the prognosis of HSCT patients. DPE is more common in BMFS patients, lacking standard treatment or prevention. We aim to improve the engraftment of platelet of BMFS patients who undergo allo-HSCT and lower the incidence of DPE.

Methods We performed an open-label, randomized, multi-center phase II trial in China (NCT 05466201). Eligible BMFS patients who underwent HSCT were randomly assigned (1:1) to eltrombopag group or supportive care (SC) group. Patients in the eltrombopag group received eltrombopag at the dose of 50mg/d orally from +1 day post HSCT, and the dose will be titrated by 25mg every 7 days up to 100mg/d based on the tolerability. Patients in the SC group received the same treatment as in the eltrombopag group except thrombopoietin receptor agonists. The primary endpoint was the proportion of platelet engraftment (platelet count $>20 \times 10^9/L$ in consecutive 7 days without platelet transfusion in the prior 7 days) on +35 days post allo-HSCT.

Results From October 1st 2022 to December 31st 2023, 63 patients were enrolled (29 in the eltrombopag group and 34 in the SC group). There was no difference of gender distribution ($p=0.315$). The median age was 42 (interquartile range, IQR 33-54) in eltrombopag group and 41 (IQR 25-53) in the SC group respectively ($p=0.542$). The eltrombopag group consisted of 18 myelodysplastic syndromes (MDS) patients (62.1%), 8 severe aplastic anemia (SAA) patients (27.6%) and 3 other patients (10.3%) including paroxysmal nocturnal haemoglobinuria (PNH), PNH-SAA et al, while the other group was composed of 17 MDS patients (50.0%), 10 SAA patients (29.4%) and 7 other patients (20.6%). Sources of graft were of no difference between the two groups ($p=0.787$) containing haploidentical donor, matched sibling donor and matched unrelated donor. The median count of CD34+ cells in the graft was $4.99 \times 10^6/kg$ in the eltrombopag group and $5.87 \times 10^6/kg$ in the SC group ($p=0.239$). The incidence of platelet engraftment on +35 days was 93.1% in the eltrombopag group and 76.5% in the SC group (hazard ratio, HR, 2.49; 95% confidence interval, 95% CI, 1.44 to 4.30; $p=0.001$). Besides, all patients achieved neutrophil engraftment (absolute neutrophil count $>0.5 \times 10^9/L$ for consecutive 3 days without granulocyte colony stimulating factor). The HR of neutrophil engraftment between eltrombopag group and SC group was 1.98; 95% CI, 1.62 to 3.37; $p=0.012$. With the median follow-up time of 216 days (IQR 141-276), the overall survival (OS) of eltrombopag group

appeared to be superior to the SC group, but the difference was not significant (HR, 0.35; 95% CI, 0.07 to 1.69; $p=0.19$). All the treatment-related adverse events were of grade 1 or 2 and transient. **Conclusion** Eltrombopag promoted the neutrophil and platelet engraftment of BMFS patients after allo-HSCT, and the OS was likely to benefit from the use of eltrombopag.

PO-2475

异基因造血干细胞移植治疗 FLT3-ITD 突变的 AML 患者的疗效分析

刘正华、苏楠、蔡大利
中国医科大学附属第一医院

目的 伴有 FLT3-ITD 突变的 AML 患者具有外周血白细胞数目及骨髓白血病细胞比例高、化疗后完全缓解率低、预后不良、易复发耐药等临床特点，是国际公认的独立预后不良因素，异基因造血干细胞移植的是治疗本病的重要手段之一。

方法 本研究统计了中国医科大学附属第一医院 2013 年 7 月至 2024 年 4 月期间，行异基因造血干细胞移植的合并 FLT3-ITD 突变的 AML 患者 14 例，中位年龄 36.5 岁，其中 AML-M1 患者 1 例，M2: 3 例，M5: 10 例。14 例患者确诊时中位白细胞计数： $65.22 \times 10^9/L$ ，骨髓形态异常原始及幼稚细胞中位数：60.6%，FLT3-ITD 中位突变频率 25.17%。经诱导治疗结束后 8 例（57.1%）患者未获得 CR，10 例（71.4%）患者 MRD 阳性，所有患者在诱导治疗开始 2 个疗程内加用了索拉非尼或吉瑞替尼靶向治疗，移植前中位治疗疗程数为 3 疗程。移植前获得形态学 CR1 状态 8 例（57.1%），CR2 状态 5 例（35.7%），NR 状态 1 例（7.1%）；移植前获得 MRD 阴性 9 例（64.3%），MRD 阳性 5 例（35.7%）。14 例患者均行异基因造血干细胞移植，其中 HLA 同胞全相合 3 例，非血缘全相合 3 例，亲缘半相合 8 例。预处理方案多采用改良 BuCy 或 BFA 方案联合 ATG，回输外周血干细胞 CD3+ 细胞中位数： $3.03 \times 10^8/kg$ ，CD34+ 细胞中位数： $5.73 \times 10^6/kg$ ，回输后予预防排异及感染等治疗，所有患者血细胞均顺利植活。

结果 本研究移植后中位随访时间 19 个月（1~130 个月），移植后有 11 例患者采用索拉非尼口服维持治疗，其中 13 例患者移植后原发病均持续缓解无复发，1 例患者移植后 6 个月出现分子生物学复发，经治疗 2 周后转阴，但因严重 cGVHD 例死亡。另有 2 例患者死于严重 aGVHD，1 例死于严重感染，以上患者移植后均未用索拉非尼维持治疗。所有患者移植后总 OS: 67.1%，RI: 7.1%，NRM: 32.9%。因此异基因造血干细胞移植联合索拉非尼移植后维持治疗，可降低复发率，提高移植疗效。

结论 异基因造血干细胞移植后索拉非尼维持治疗，可降低 AML 伴 FLT3-ITD 复发率，提高移植疗效。

PO-2476

人文关怀护理联合支持性心理治疗对干细胞移植后患者的影响

袁维鑫、陶俊
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨人文关怀联合支持性心理治疗对干细胞移植后患者的影响

方法 选取我科 2023 年 1 月至 2023 年 12 月收治的进行造血干细胞移植后出仓的患者，共 50 人，分为对照组和观察组，患者在进行造血干细胞移植后还需入住层流床，长期的治疗会使大部分患者感到焦虑，观察组进行常规的人文护理，对照组进行一个月的人文关怀护理联合

支持性心理治疗，比较两组的焦虑自评量表评分结果 SAS 评分量表分界值为 50 分，其中 50-59 为轻度焦虑，60-69 为中度焦虑，70 分以上为重度焦虑，对照组患者评分较观察组评分低 ($p<0.05$)。

结论 人文关怀护理联合支持性心理治疗，可以有效缓解干细胞移植患者焦虑症状，提高治疗效果，提高满意度。

PO-2477

基于 Flow-FISH 技术和单细胞转录组测序 解析 EB 病毒感染相关移植后 PTLD 的免疫微环境

彭英楠、王柏铮、李驰、马晴晴、李梦佳、边志磊
郑州大学第一附属医院

目的 EB 病毒感染相关的移植后淋巴组织增殖性疾病 (PTLD) 可导致移植相关死亡 (TRM) 显著增加，严重影响了造血干细胞移植的成功率。本研究的目的为解析移植后 PTLD 的免疫微环境，以期为降低移植后 PTLD 的发生提供新的干预靶点。

方法 本研究纳入了 10 例移植后 PTLD 的患者，通过流式荧光原位杂交技术 (Flow-FISH) 单细胞精准识别各免疫细胞亚群 EBV 感染状态，并利用单细胞转录组及代谢组学技术，从多维度揭示移植后 PTLD 发生的免疫微环境。

结果 Flow-FISH 结果显示移植后 PTLD 患者的单核巨噬细胞感染比例明显增高，提示单核巨噬细胞可能参与了移植后 PTLD 的发生发展。通过对移植后 PTLD 患者的外周血免疫细胞进行差异基因及通路富集分析发现，EBV 感染组单核巨噬细胞存在明确的 EBV 感染相关信号通路激活。

结论 移植后 PTLD 患者的单核巨噬细胞可被 EBV 感染，同时单核巨噬细胞也参与了 EBV 感染免疫。

PO-2478

异基因造血干细胞移植患儿肛周感染用药护理的疗效观察

方锐旋
深圳市儿童医院

目的 异基因造血干细胞移植是目前治疗儿童恶性、难治性血液病、先天性遗传代谢性免疫性疾病及某些实体瘤的有效方法，但移植期间有些患儿有移植物抗宿主病 (肠道排异)或因化疗导致出现胃肠道症状，继而并发肛周感染。本研究主要通过对比分析应用氧气吹臀，湿润烧伤膏联合蒙脱石散进行创面治疗与单一使用湿润烧伤膏联合蒙脱石散外敷创面治疗异基因造血干细胞移植患儿肛周感染的疗效。

方法 选取在 2023 年 2 月~2024 年 5 月期间在本院儿童造血干细胞移植中心行移植术出现肛周感染 26 名，随机均分为观察组和对照组，其中对照组给予湿润烧伤膏联合蒙脱石散外敷肛周创面，观察组先给予氧气吹臀，再使用湿润烧伤膏联合蒙脱石散外敷创面，观察两组肛周感染的护理治疗效果。

结果 观察组和对照组在肛周感染相似状态下 ($P<0.05$)，通过治疗后，明显发现观察组比对照组疗效更显著，肛周皮肤感染恢复时间较对照组更短，预后更好。

结论 加快肛周感染愈合情况可以缓解移植患儿的痛苦，减少相关并发症的发生，促进移植成功率。氧气吹臀联合湿润烧伤膏、蒙脱石散处理肛周创面用法方便、治疗效果好、安全可靠、见效快，值得临床推广。

PO-2479

一项随机对照、单中心、III期比较 AML 患者及 MDS 患者同种异体造血干细胞移植两种减低剂量预处理方案的研究

赵苗苗、石威、夏凌辉
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 通过比较两种减低剂量预处理方案（氟达拉滨+白消安）和（氟达拉滨+美法仑）移植后的结果，探索两种减低剂量预处理方案在行异基因造血干细胞移植治疗的 HCT-CI \geq 3 或年龄 \geq 55 岁的 AML/MDS 患者中的有效性和安全性，评估其孰优孰劣。

方法 自 2023 年 1 月-2024 年 4 月，按前瞻性临床试验设计，招募入组了 23 例患者，在华中科技大学协和医院血液病研究所进行减低剂量预处理方案的造血干细胞移植。这些患者通过随机法入组减低剂量预处理方案 FM 组（氟达拉滨+美法仑）和 FB 组（氟达拉滨+白消安）。FM 组具体方案：①氟达拉滨：30 mg/m²/天，第-6 至-2 天（总剂量为 150 mg/m²）②美法仑：70 mg/m²/天，第-3 至-2 天（总剂量为 140 mg/m²）。FB 组方案：①氟达拉滨：30 mg/m²/天，第-6 至-2 天（总剂量为 150 mg/m²）②白消安：3.2 mg/kg/天，第-3 至-2 天（总剂量为 6.4 mg/kg）。GVHD 预防等其他治疗采取一致的方案。主要研究终点为无进展生存期（PFS），次要研究终点为总生存期（OS）、非复发死亡（NRM）、疾病复发、III-IV 度急性 GVHD、慢性 GVHD。

结果 23 例 MDS 和 AML 患者接受了减低剂量预处理方案 FM 方案（氟达拉滨+美法仑）或 FB 方案（氟达拉滨+白消安）的造血干细胞移植，中位年龄 50（34~64）岁，男性 9 例（39.1%），女性 14 例（60.9%），中位随访时间 7.8（4~13.9）个月。FM 组（氟达拉滨+美法仑）共入组 9 例，其中 AML 6 例（66.7%），MDS 3 例（33.3%）；存活 8 例（生存率 88.9%），死亡 1 例，死于输血依赖继发的急性脑出血。FB 组（氟达拉滨+白消安）共 14 例，AML 6 例（42.9%），MDS 8 例（57.1%）；存活 11 例（生存率 78.6%），死亡共 3 例，其中 2 例死于重度肠道 GVHD，1 例死于重症肺部真菌感染。FM 组患者未出现重度急性 GVHD，FB 组重度急性 GVHD 患者 2 例（14.3%），合并植入失败、重度感染。移植后早期并发症发生情况：FM 组轻中度腹泻 3 例（25%），FB 组轻中度腹泻 4 例（36.3%）。两组患者均预后良好，较快恢复。FM 组无严重感染相关并发症，FB 组出现 2 例（14.3%）严重肺部或肠道感染，与排异、植入失败相关。

结论 减低剂量预处理方案 FM（氟达拉滨+美法仑）和 FB（氟达拉滨+白消安）耐受性及安全性较好。从初步结果看，采用 FM 方案的异基因造血干细胞移植患者生存率高于 FB 组，且其重症感染、重度 GVHD 等并发症的发生率较 FB 组低。

PO-2480

Autoimmune disorder history as a more advanced risk factor for patients with diffuse large B cell lymphoma receiving autologous hematopoietic cell transplantation

Fei Zhao, Jiangtao Li, Hui Liu
Beijing Hospital

Objective To evaluate the association of autoimmune conditions with transplant outcomes.

Methods A total of 141 patients with diffuse large B cell lymphoma (DLBCL) who received ASCT were retrospectively enrolled and 19 patients (13.5%) experienced autoimmune disease before transplantation. The primary outcomes were overall survival (OS) and progress-free survival (PFS). Patients were divided into autoimmune and control group. The impact of autoimmune

condition on the primary outcome was assessed using inverse probability of treatment weighted (IPTW) Cox regression models with multivariate adjustment.

Results There was no significant difference between two groups for baseline characteristics. Rheumatoid arthritis (RA, n=7) and systemic lupus erythematosus (SLE, n=7) constituted the majority of autoimmune group (14/19, 73.7%). Notably, autoimmune condition was independently associated with an increased risk of all-cause mortality (Hazard Ratio [HR]: 8.38, 95% confidence interval [CI]: 1.54~45.61, $P < 0.001$) and relapse (HR:6.67, 95%CI: 1.25~3.70, $P=0.007$). Furthermore, autoimmune conditions demonstrated the strong association with delay platelet engraftment ($P=0.012$) and increased doses of platelet transfusion ($P=0.033$) after ASCT. No significant difference was found between two group for infection ($P=0.187$) and transplant-related mortality ($P=0.867$). The addition of autoimmune condition before ASCT into the prediction model including traditional risk factors improved transplant outcome prediction (net classification improvement: 0.25, $P=0.04$; likelihood ratio test, $P < 0.001$).

Conclusion Autoimmune disorder history before transplantation was strongly and independently associated with inferior OS and PFS for DLBCL.

PO-2481

G-CSF 动员的外周血干细胞移植中的中性粒细胞亚群的变化在 aGVHD 发生中的作用

吴巧苑、张海燕、戴华娟、刘馨屿、刘启发、金华
南方医科大学南方医院

目的 探索 G-CSF 动员的外周血干细胞移植中的中性粒细胞亚群对急性移植抗宿主病 (aGVHD) 发生影响。

方法 回顾性分析符合纳入条件于我院行异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 的患者及其供者临床资料。收集外周血干细胞移植, 流式细胞术检测其中性粒细胞亚群的比例, 具体包括: 中性粒祖细胞 1(proNeu1)、中性粒祖细胞 2(proNeu2)、中性粒前体细胞(preNeu)、未成熟中性粒细胞 (immatureNeu)、成熟中性粒细胞(matureNeu)。利用单因素 logistic 回归以及限制性立方样条 (RCS) 筛选与 aGVHD 发病相关变量, 再用筛选变量构建多因素 logistic 方程以筛选出独立影响因素。

结果 共 80 例患者纳入研究, 其中 23 例患者发生 II-IV 度 aGVHD。我们发现半相合供者类型及供者年龄是 II-IV 度 aGVHD 的危险因素; 移植中 matureNeu、proNeu2 比例是保护因素。基于这 4 个变量, 我们构建了多因素 logistic 方程, 根据该体系定义 II-IV 度 aGVHD 发生高危及低危人群, 在该队列中, 高、低危人群 II-IV 度 aGVHD 的 100 天累计发生率分别为 54.5% (95% CI 33.9-68.7%) 和 10.6% (95% CI 1.4-19.0%) ($P < 0.0001$)。

结论 外周血移植中 matureNeu 和 proNeu2 亚群比例、供者类型和供者年龄是 allo-HSCT 后 II-IV 度 aGVHD 的独立影响因素。外周血干细胞移植中 matureNeu、proNeu2 对移植后 aGVHD 发生可能发挥保护作用, 其存在可减少 II-IV 度 aGVHD 发生风险。

PO-2482

血清和糖皮质激素调节蛋白激酶 1 (SGK1) 在异基因造血干细胞移植后慢性移植物抗宿主病中的研究

卢润青、谢甜甜、朱科昕、张玉兰、马晓静、王凤娟、姜中兴、郭荣
郑州大学第一附属医院

目的 cGVHD-BOS 的典型特征为纤维化改变。SGK1 有致纤维化作用。本研究旨在研究异基因造血干细胞移植后慢性移植物抗宿主病患者体内 SGK1 表达水平及其在 cGVHD 发病中的作用。

方法 收集郑州大学第一附属医院异基因造血干细胞移植患者血浆标本，通过 ELISA 方法检测血浆 SGK1 蛋白水平及 Th2、Th17 相关细胞因子水平，分析其与 cGVHD 的关系。

结果 cGVHD 患者血浆 SGK1 水平显著高于无 cGVHD 患者。SGK1 高表达 cGVHD 患者较易发生 BOS；与广泛及局限性慢性 GVHD 患者相比，cGVHD-BOS 患者具有更高的 SGK1 磷酸化水平。cGVHD-BOS 患者血浆 Th17、Th2 细胞因子水平与疾病程度明显相关。

结论 cGVHD 的特征之一为纤维化改变，SGK1 是应激条件下快速诱导产生的蛋白激酶，在 Th 细胞分化失衡及纤维化形成中发挥着关键作用。本研究发现，cGVHD 尤其是 BOS 患者血浆 SGK1 水平显著升高，cGVHD-BOS 患者具有更高的 SGK1 磷酸化水平。cGVHD-BOS 患者血浆 Th17、Th2 细胞因子水平与疾病程度明显相关，提示 SGK1 可能参与了 cGVHD 的发生发展。

PO-2483

Efficacy of glucocorticoid therapy in Chinese patients with chronic graft-versus-host disease

Xiaoqian Dong, Yundi He, Xiaoqi Wang, Ruihao Huang, Xi Zhang
新桥医院

Objective To assess the prognosis and effectiveness of corticosteroids as a primary treatment option for Chinese patients diagnosed with chronic graft-versus-host disease (cGVHD), and to furnish precise data to facilitate further clinical investigations within the Chinese populace.

Methods A retrospective analysis was conducted on 132 patients who were initially prescribed corticosteroids as first-line treatment for moderate to severe cGVHD at our center between January 2015 and February 2023. Statistical analysis was performed on these patients to determine pertinent information such as clinical characteristics, response rate, overall survival, and drug safety. Subsequently, conclusions were drawn in accordance with the findings.

Results In 132 patients, the median duration of follow-up was 45.5 months. 51.5 % (68/132) of 132 patients achieved an overall response (ORR) after 6 months; partial response rate (PRR): 37.1 % (49/132); and complete response rate (CRR): 14.4 % (19/132). The 60-month overall survival (OS) and 36-month non-relapse mortality (NRM) of 132 patients is 77.05% (95%CI 66.6%~84.6%) and 13.4% (95%CI 8.4%~21.1%). In terms of OS and NRM, respondents performed considerably better than non-responders ($P = 0.008$, $P = 0.007$). The 39-month cumulative incidence of relapse of 132 patients is 15.2% (95%CI 9.8%~23.2%), and there is no statistically significant distinction between responders and non-responders ($P = 0.137$).

Conclusion Symptom relief is observed in 50% of Chinese patients with cGVHD following a 6-month course of steroid treatment. This result is comparable to corresponding international research reports.

PO-2484

ChatGPT 人工智能语言机器人在造血干细胞移植患者管理中的护理应用

赵粒吟

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 本研究旨在探讨 ChatGPT 人工智能语言机器人在造血干细胞移植 (HSCT) 患者管理中的护理应用, 评估其在提供全方位护理支持和知识资源方面的效果。

方法 我们进行了一项前瞻性的实证研究, 利用 ChatGPT 语言模型作为在线咨询工具提供护理交流。招募了 40 名接受 HSCT 的患者作为实验对象。通过与 ChatGPT 的对话记录, 我们分析了患者与 ChatGPT 之间的互动以及提供的护理支持和知识资源。

结果 患者对于 ChatGPT 的使用给予了积极的反馈。ChatGPT 能够提供有关 HSCT 治疗过程的详细解释, 包括术前准备、术中护理、术后护理和康复指导等内容。此外, 它还能回答患者关于移植反应、免疫抑制剂使用、感染预防等方面的问题, 并提供相应的护理建议。

结论 ChatGPT 人工智能语言机器人在 HSCT 患者管理中展现了广泛的护理应用潜力。它能够为患者提供全方位的护理支持和知识资源, 帮助他们更好地了解 and 应对 HSCT 治疗过程中的各个阶段和问题。同时, ChatGPT 还能够提供心理支持和情感援助, 缓解患者的焦虑和恐惧情绪。然而, 我们也意识到 ChatGPT 的局限性, 它并不能替代医务人员的专业判断和决策。因此, 在将 ChatGPT 应用于 HSCT 患者管理时, 需要确保患者和家属明确了解其作为辅助工具的角色, 并提醒他们在重大决策和紧急情况下及时寻求专业医护人员的指导。未来的研究可以重点关注 ChatGPT 在不同 HSCT 阶段、不同患者群体中的实际应用效果, 并进一步改进和优化 ChatGPT 的算法和性能, 以提高其在 HSCT 患者管理中的准确性和可靠性。

PO-2485

《积极心理干预在中青年自体造血干细胞移植术患者照顾者创伤后成长中的应用研究》

吕小春

德阳市人民医院

目的 通过对中青年造血干细胞移植患者照顾者的创伤后成长因素进行分析, 探索积极心理干预对患者照顾者创伤后成长的影响, 为进一步改善患者照顾者心理健康水平, 提升其创伤后成长, 促进其生活质量添砖加瓦。

方法 本研究分为干预方案的构建和实施两阶段。

1. 干预方案的构建阶段: 通过文献检索法对国内外关于积极心理干预研究和造血干细胞移植中青年患者照顾者干预研究现状进行分析, 整合现有的干预内容, 结合积极心理学, 构建初步干预方案。研究小组进行集体讨论、修改、调试, 确定最终干预方案。

2. 干预方案实施阶段: 通过实验性研究验证积极心理干预在中青年自体造血干细胞移植术患者照顾者创伤后成长中的应用效果。组建干预团队, 随机抽取 2022 年 1 月-2023 年 12 月在德阳市人民医院血液科进行造血干细胞移植的 110 例中青年患者家庭照顾者作为研究对象, 随机分组, 对照组和实验组各 55 例, 对照组照顾者接受 6 次科室常规的健康教育, 实验组在此基础上接受 6 次基于 PERMA 模式下的积极心理干预, 应用创伤后成长量表、简易应对方式问卷(SCSQ)、总体幸福感量表在干预前、干预后进行评估。

结果 1. 干预方案构建: 以积极心理学 PERMA 模式作为干预实施的理论框架, 构建出科学、可行

的积极心理干预方案。

2.干预实施阶段：实验组最终获得有效病例 30 例，对照组 31 例，干预前两组患者照护者在创伤后成长得分、简易应对方式得分、总体幸福感指数得分均平衡（ P 均 >0.05 ），实验组实施干预后组内及组间比较结果显示：其余各量表总分及各维度得分差异均有统计意义（ P 均 <0.05 ），对照组实施常规护理健康教育后量表得分组内及组间比较差异均无统计学意义（ P 均 >0.05 ）。

结论 通过积极的心理干预，促进照顾者创伤后成长，改善中青年外周干细胞移植患者照顾者照顾过程的负性情绪，提升照护质量及家庭幸福感。

PO-2486

造血干细胞移植患者住院费用分析

林婷、邝璞、牛挺、陈心传、季杰、董天、刘志刚
四川大学华西医院

目的 本研究对四川大学华西医院血液内科收治的医保和非医保的造血干细胞移植患者的住院费用的差异进行分析，并对影响住院费用的因素进行了探讨，以期为医疗住院费用的控制提供参考，切实做到合理用药、合理检查和合理治疗提供理论依据。同时，也让大家了解在现行医保政策下，造血干细胞移植患者的住院费用情况，希望通过各种途径，尽可能地扩大参加医疗保险的人群，以减轻造血干细胞移植患者的费用负担。

方法 我们以四川大学华西医院血液内科的 671 名异体造血干细胞移植患者和 459 名自体造血干细胞移植患者为研究对象。运用方差分析和 t 检验，探索自体造血干细胞移植和异体造血干细胞的费用构成和差异，同时，也比较了不同病种造血干细胞移植术的费用构成和差异。

结果 自体造血干细胞移植患者平均住院天数为 31 天，平均住院总费用为 115953.11 元，其中医保统筹基金支付占比 47%，患者现金支付占比 48%，医保个人账户支付占比 5%。不同病种中，急性白血病的移植费用最高，克隆性浆细胞病的移植费用最低。异体造血干细胞移植患者平均住院天数为 50 天，平均住院总费用为 219514.85 元，其中医保统筹基金支付占比 40%，患者现金支付占比 40%，医保个人账户支付占比 20%。不同病种中，骨髓衰竭性疾病的移植费用最高，霍奇金淋巴瘤的移植费用最低。不同供者来源中，半相合移植的移植费用最高，孪生全相合的移植费用最低。

结论 是否参加医疗保险对患者的费用负担影响较大。希望通过各种途径，尽可能地扩大参加医疗保险的人群，以减轻造血干细胞移植患者的费用负担。

PO-2487

复发难治急性髓系白血病异基因造血干细胞移植后 应用地西他滨的临床观察

李燕^{1,2}、卢英豪^{1,2}、李艳菊^{1,2}、赵鹏^{1,2}、张燕^{1,2}、王季石^{1,2}
1. 贵州医科大学附属医院
2. 贵州省血液病研究所

目的 探讨异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）后使用地西他滨对复发难治性 AML 患者生存的影响。

方法 回顾性分析 2010 年 06 月至 2016 年 06 月于贵州医科大学附属医院造血干细胞移植中心行 allo-HSCT 的 47 例高危复发或难治性 AML 患者的病例资料。按照移植后是否使用地西他滨，将其分为地西他滨组（ $n=15$ ）和对照组（ $n=32$ ）。所有患者均采用改良白消安/环磷酰胺（BU/CY）为预处理方案，单倍体移植组加用兔抗人胸腺细胞免疫球蛋白（ATG），移植抗宿主病（GVHD）

的预防采用短疗程甲氨蝶呤+环孢素+吗替麦考酚酯。地西他滨组 15 例 AML 患者移植后使用地西他滨，移植后 1 个月开始给予地西他滨治疗（DAC），DAC 20mg/m²，静脉滴注，维持 2 个小时，每周给药一次，中位给药次数为 11（6~24 次），给药期间每周查血常规、血生化等，移植后第 30 天、60 天、90 天、180 天、270 天、360 天进行骨髓评估，包括骨髓形态学、染色体、融合基因、白血病微小残留等，直至复发或移植后 1 年，复发后停止地西他滨治疗，改用其他方案治疗。如果出现 3 至 4 级血液病毒性暂停使用地西他滨。对照组 32 例 AML 患者移植后不使用地西他滨及其它巩固治疗。

结果 47 例患者均成功获得造血重建，经血型、染色体或 DNA 多态性检测证实均达到完全供者细胞植入，中位随访时间 32 个月（13~85 个月），地西他滨组和对照组比较，急性 GVHD 的发生率分别为 30.00%（3/15）和 40.63%（13/32）（P=0.164），慢性 GVHD 的发生率分别为 13.33%（2/15）和 46.88%（15/32）（P=0.026）；两组 1 年的总生存率分别为 86.67%（13/15）和 53.13%（17/32）（P=0.026）；两组 1 年内复发率分别为 13.33%（2/15）和 50.00%（16/32）；差异无统计学意义（P=0.016）。地西他滨用药过程中无发热、恶心、呕吐及过敏等反应发生，3 例患者发生白细胞减低，2 例患者发生血小板减少，1 例发生 4 级血液病毒性，给予粒细胞刺激因子及重组人促血小板生成素后很快恢复，3 例血小板植入不良患者给予地西他滨后血小板恢复正常，无严重感染、肝肾功能损害等严重并发症发生。

结论 allo-HSCT 是治疗高危复发或难治性 AML 有效的方法，复发和急性 GVHD 是严重影响移植疗效和预后的危险因素，需早期预防。移植后使用地西他滨是预防 AML 患者移植后疾病复发和减少慢性 GVHD 发生的有效方法。

PO-2488

41 例次贝林妥欧单抗治疗急性 B 淋巴细胞白血病患者的护理

主婷婷、张会娟、刘端、陈蓉
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 总结 41 例次贝林妥欧单抗治疗急性 B 淋巴细胞白血病患者的护理经验。

方法 以 2022 年 2 月至 2024 年 5 月科室收治 41 例次急性 B 淋巴细胞白血病接受贝林妥欧单抗治疗的患者为研究对象。总结护理要点为规范化管理不同输液装置（医用输液泵、便携泵用流量设定泵体）的药物配制及输注流程，确保药物准确输注；及时准确识别细胞因子释放综合征、神经系统毒性、脏器功能损害等不良反应，遵医嘱给予个性化护理，保障患者用药安全；加强院外输注患者便携泵用流量设定泵体使用方法及不良反应应对的健康教育及心理护理，提高治疗依从性及患者满意度。

结果 41 例次患者中 19 例次使用医用输液泵输注，22 例次使用便携泵用流量设定泵体输注。41 例次患者中 2 例次因个人意愿中途停用药物，剩余 39 例次患者中 15 例次出现细胞因子释放综合征，1 例次出现神经系统毒性症状，4 例次出现肝功能损害。经过精心治疗与护理，患者不良反应均得到控制，39 例次患者均按疗程完成治疗。

结论 贝林妥欧单抗药物配制过程复杂，输注要求严格，国内对该药物治疗过程中的护理尚缺乏统一规范，仍需探讨总结。院外使用便携泵体输注贝林妥欧单抗不仅可以提高患者的治疗依从性和生活质量，还能降低医疗成本，可以作为以后的研究方向。

PO-2489

在异基因移植后对糖皮质激素及钙调磷酸酶抑制剂治疗无效的闭塞性细支气管炎综合征患者中采用尼达尼布联合低剂量芦可替尼的挽救治疗可显著改善病情

罗雅、刘竞、朱晓璐、莫晓冬、孙于谦、王昱、许兰平、张晓辉、黄晓军、吕萌
北京大学人民医院

目的 在异基因移植（allo-HSCT）后对激素及钙调磷酸酶抑制剂（CNI）无效的闭塞性细支气管炎综合征（BOS）患者中，探索尼达尼布（nintedanib）联合低剂量芦可替尼（ruxolitinib）的挽救治疗对 BOS 患者的疗效。

方法 2018 年 1 月至 2023 年 6 月，连续纳入符合 NIH 标准（Jagasia 等，BBMT，2015）的 BOS 患者，其中对激素和 CNI 无效 ≥ 4 周的患者接受芦可替尼（5mg bid 口服）和尼达尼布（150mg bid 口服），28 天为一个周期，最多 6 个周期（RN 组）。同时期其他 BOS 患者作为对照组。主要终点是 3 个月的总体缓解率（ORR），次要终点包括 3 个月最佳缓解率（BOR）、3 年非复发死亡率（NRM）、3 年总体生存率（OS）和治疗相关的毒性反应。

结果 48 位受试者入组（RN 组 12 人；对照组 36 人）。所有患者的中位年龄为 33 岁（7-57 岁），中位随访时间为 42 个月（3-60.5 个月），随访截止日期 2023 年 12 月 1 日。RN 组基线 NIH 肺部评分为 NIH1（16.7%）、NIH2（16.7%）和 NIH3（66.7%）；中位治疗周期数为 3 个（1-6 个）；9 名受试者（ORR 75%）的 3 个月%FEV1 较基线增加 $\geq 10\%$ （15.6-58.2%）。在 RN 和对照组中，NIH 肺部特异性最佳 ORR 分别为 58.3%（16.7%CR，41.7%PR）vs.13.9%（5.6%CR，8.3%PR），3 年 NRM 分别为 26.0%和 31.7%（ $p=0.6$ ），3 年 OS 分别为 64.9%和 67.1%（ $p=0.5$ ）。主要不良反应为 2 级血胆红素增加（ $n=2$ ）和 3-4 级血小板减少（ $n=3$ ）。

结论 RN 方案采用尼达尼布和低剂量的芦可替尼，在治疗 BOS 中显示出积极的临床疗效。

PO-2490

TMLI 脏器屏蔽优势使脏器功能衰竭高风险的恶性血液病患者接受异基因造血干细胞移植成为可能

牟时代¹、冯英俊²、吴要功¹、朱瑞琪¹、仲照东¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 广西省玉林市红十字会医院

目的 减毒预处理方案（Reduced-toxicity conditioning, RTC）有助于降低老年或合并慢性器官功能不全患者行异基因造血干细胞移植（Allo-HSCT）的相关风险，但可能会影响移植疗效和患者的无病生存。全骨髓和淋巴结放疗（TMLI）为主的 RTC 方案，可在不增加器官功能衰竭风险的情况下，保证清髓效果。

方法 回顾分析 4 例合并慢性器官功能不全的恶性血液病患者在 Allo-HSCT 过程中，使用 TMLI 为主的 RTC 方案清髓预处理，观察患者的血象恢复、移植后合并症（如 GVHD、感染、出血等）和生存情况等。

结果 1. 29 岁男性，B-ALL（PR）合并慢性肾功能不全、扩张性心肌病。预处理方案为 TMLI（HP-CSI 12Gy/2F+TMI 14Gy/2F+TNI 12Gy/2F+双侧睾丸、心脏和肾脏保护）+Flu+ATG。TNCs 为 $8.95 \times 10^8/\text{kg}$ ，CD34+细胞数为 $4.53 \times 10^6/\text{kg}$ 。ANC 和 PLT 植入时间分别为 12 天和 18 天。移植后生存期为 1 个月，因 GVHD、贫血性心脏病、心力衰竭死亡。

2. 50 岁女性, B-ALL (CR) 合并慢性心功能不全、主动脉重度关闭不全 (心功能 II 级)。预处理方案为 TMLI (HP-CSI 12Gy/2F+TMI 12Gy/2F+TNI 12Gy/2F+心脏保护)+Flu+VP-16+ALG。TNCs 为 $11.93 \times 10^8/\text{kg}$, CD34+细胞数为 $11.89 \times 10^6/\text{kg}$ 。ANC 和 PLT 植入时间分别为 12 天和 14 天。移植后未发生 GVHD, 3 个月复查骨穿, 提示 CR 且供者嵌合度为 100%。

3. 41 岁男性, B-ALL (CR) 化疗后急性肾损伤, 慢性肾功能不全。预处理方案为 TMLI (HP-CSI 14Gy/2F+TMI 14Gy/2F+TNI 14Gy/2F+肾脏保护)+Flu+VP-16+ALG。TNCs 为 $7.14 \times 10^8/\text{kg}$, CD34+细胞数为 $5.25 \times 10^6/\text{kg}$ 。ANC 和 PLT 植入时间分别为 12 天和 14 天。移植后发生轻度 aGVHD (II 度皮肤排异), 5 个月复查骨穿, 提示 CR 且供者嵌合度为 100%。

4. 47 岁男性, PMF (NR) 合并肝功能不全。预处理方案为 TMLI (HP-CSI 8Gy/2F+TMI 12Gy/2F+TNI 12Gy/2F+肝脏保护)+Flu+EA+ALG。TNCs 为 $9.21 \times 10^8/\text{kg}$, CD34+细胞数为 $3.92 \times 10^6/\text{kg}$ 。ANC 和 PLT 植入时间分别为 13 天和 30 天。

结论 TMLI 联合 RTC 清髓预处理方案, 可作为合并慢性器官功能不全患者行 Allo-HSCT 的替代治疗方案, 有望在保证清髓效果的同时, 降低器官功能衰竭风险。

PO-2491

造血干细胞移植后合并口腔严重感染病因分析及护理

朱洪梅

中国人民解放军西部战区总医院

目的 造血干细胞移植是恶性血液肿瘤治疗的重要手段之一, 但其毒副作用也十分明显, 原因在于治疗伴随的化疗手段对普通细胞具有非靶向杀伤力。干细胞移植病人在接受大剂量化疗期间易并发严重感染, 口腔溃疡是主要症状之一, 严重时可危及生命。本研究旨在采用有效的护理对策, 预防及减轻病人口腔并发症, 降低感染风险, 提高移植成功率

方法 本项研究方法多样, 采用 WHO 分类标准, 对 60 例造血干细胞移植病患的术前后口腔黏膜状况进行了统计学评估, 并分为对照组、预防组与护理组, 其中对照组不做特异化处理; 预防组按照普遍预防护理方案进行病前预防; 病人若发作 OM 则使用传统护理方式给药; 护理组采用本文提出的新型护理方案

结果 统计数据显示, 干细胞移植后口腔黏膜炎通常于移植后 3~5 天内发生, 10~14 天时达到高峰。相比于对照组 (14 例), 预防组的病人 OM 发病数量为 6 例, 显示预防护理对于防止 OM 发作有重要意义; 经过护理干预后, 护理组的治愈率达到 76%, 显著高于前两组。同时病人自述疼痛程度显著下降, 经验算具有统计学意义 ($P < 0.05$)

结论 本文充分论述了早期预防和护理对于防止并发 OM 感染是至关重要的, 并提出了对于造血干细胞移植后 OM 发作的新型护理对策, 为减少感染风险、促进干细胞移植成功提供了参考依据

PO-2492

高剂量异基因移植物联合硼替佐米和利妥昔单抗的无血浆置换 (PE-free) 替代性方案在 DSA 强阳性血液病患者单倍体移植中的应用探索

牟时代¹、冯英俊²、吴要功¹、朱瑞琪¹、仲照东¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 广西省玉林市红十字会医院

目的 单倍体异基因造血干细胞移植 (Haploidentical hematopoietic stem cell transplantation,

Haplo-HSCT) 技术的推广, 供者选择范围得以扩大。然而, 供者特异性 HLA 抗体 (Donor-specific anti-HLA antibodies, DSAs) 阳性可能导致高达 75% 的移植失败风险。提前输注供者来源的血小板可能会改善植入效果, 但会显著增加出血等采集风险。血浆置换 (Plasmapheresis, PE) 可能有助于降低 DSA 滴度, 但在特定条件下 (如血制品资源紧张、患者状况不佳或存在凝血功能障碍等) 难以实施。

方法 本研究回顾性分析了在无其他替代供者的情况下, 高剂量异基因移植联合硼替佐米与利妥昔单抗 (即 PE free 方案) 在 13 例 DSA 阳性血液病患者 (5 例 DSA 强阳性, MFI 大于 10000; 3 例阳性, MFI > 5000, 5 例弱阳性, MFI > 2000) 行 Haplo-HSCT 的应用效果及预后。我们详细记录了中性粒细胞和血小板的植入时间、移植相关并发症的发生率和患者的生存情况。

结果 这 13 例患者中, 女性占 92%, 中位年龄为 38 岁 (范围: 22-57 岁), 包括 1 例 MDS、7 例 AML、4 例 B-ALL 和 1 例 SAA, 清髓预处理方案为 Flu+BuCy。

DSA 脱敏策略: 硼替佐米、利妥昔单抗联合大剂量人免疫球蛋白输注 (IVIg)。

高剂量异基因移植: 有核细胞 (TNCs) 的中位输注量为 $19.78 \times 10^8/\text{kg}$ (范围: $12.49-29.95 \times 10^8/\text{kg}$), 血小板的中位输注量为 $13.42 \times 10^9/\text{kg}$ (范围: $8.68-18.81 \times 10^9/\text{kg}$) CD34+ 干细胞的中位输注量为 $8.311 \times 10^6/\text{kg}$ (范围: $3-18.52 \times 10^6/\text{kg}$)。

植入: 中性粒细胞的中位植入时间为 12 天 (范围: 9-15 天), 血小板的中位植入时间为 15 天 (范围: 12-18 天)。移植后 30 天的骨穿复查显示, 所有患者的供者细胞嵌合度均大于 95%。

并发症: 61.5% 的患者 (8 位) 出现了 II-IV 度急性移植抗宿主病 (aGVHD), 其中 1 位患者因重度 aGVHD 不幸去世; 另有 30% 的患者 (4 位) 发生了 II-IV 度慢性移植抗宿主病 (cGVHD)。截至目前, 12 位患者 (92.3%) 仍存活, 且生活自理能力未受显著影响。

结论 在无替代供者的情况下, 高剂量异基因移植结合 IVIg (通过吸附和中和 DSA、保护干细胞植入) 与硼替佐米、利妥昔单抗 (靶向抑制 B 细胞和浆细胞以减少 DSA 合成) 的联合应用, 为 DSA 阳性患者行 Haplo-HSCT 提供了一种有效的血浆置换替代 (PE free) 方案, 显著降低了移植失败的风险。

PO-2493

阿扎胞苷联合或不联合干扰素作为高危髓系肿瘤 异基因造血干细胞移植后维持治疗的安全性及有效性研究

沈莹、张鹏宇、白菊、冯远栋、赵彼得、高帆、何爱丽、杨云
西安交通大学第二附属医院

目的 探讨阿扎胞苷 (AZA) 联合干扰素, 或 AZA 单药作为高危髓系肿瘤异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 后维持治疗的安全性及有效性。

方法 收集 2019 年 3 月至 2023 年 12 月在西安交通大学第二附属医院接受 allo-HSCT 并进行移植后维持治疗的高危髓系肿瘤患者临床特征及预后资料, 进行统计学分析。维持治疗方案: 阿扎胞苷 100 mg/d, 连用 5 天, 28 d 为 1 个周期; 联用干扰素时, IFN- α 2b 300 万 U, 隔日一次, 维持 2 周, 28 天为 1 个周期。

结果 共有 33 例接受 AZA 单药维持治疗, 15 例接受 AZA 联合 IFN- α 治疗。AZA 组及 AZA 联合 IFN- α 组患者开始维持治疗的中位时间分别为 103 天、94 天。移植前疾病状态、MRD 状态、治疗周期数, 以及移植预处理方案、供者类型、输注干细胞数量等基线资料在两组之间无显著性差异。AZA 组及 AZA 联合 IFN- α 组, 1 年无复发生存率 (RFS) 分别为 90.91%、93.33%, 1 年总生存率 (OS) 分别为 96.97%、93.33%; 3 年 RFS 为 87.88%、86.7%, 3 年 OS 为 84.85%、80%, 差异无统计学意义。两组患者中位 RFS 及 OS 均未到达。维持治疗期间, 慢性 GVHD 的发生率、分级、累及部位及数量在 AZA 组及 AZA 联合 IFN- α 组均无显著性差异。没有患者因为中性粒细胞计数减少导致维持治疗中断。

结论 对于高危髓系肿瘤，不管 AZA 单药还是 AZA 联合 IFN- α 维持治疗均可耐受，不良反应可控，且对骨髓抑制和 GVHD 无明显影响。

PO-2494

去铁胺治疗重型地中海贫血造血干细胞移植术后铁过载及肝功能异常的临床分析

石敏榆

广西医科大学第一附属医院

目的 回顾性分析重型地中海贫血患者造血干细胞移植术后使用去铁胺治疗继发性铁过载的疗效及安全性，以及肝功能异常的改善情况。

方法 收集 2019 年 1 月至 2022 年 5 月在广西医科大学第一附属医院血液内科接受造血干细胞移植的 101 例重型地中海贫血患者的临床资料进行回顾性分析。描述患者的临床特点，分析血清铁蛋白、肝脏和心脏铁负荷、肝功能指标的动态变化趋势，评估去铁胺治疗期间的安全性与不良反应、肝功能改善情况。

结果 1.单因素分析显示祛铁前血清铁蛋白、移植后合并 EB 病毒感染是影响祛铁前肝功能指标异常的危险因素，多因素分析显示祛铁前血清铁蛋白是影响祛铁前肝功能异常的独立危险因素。

2.去铁胺治疗 12 个月后，患者的血清铁蛋白显著下降，降低至 2067.41 (1102.13-4007.30) ng/ml ($P<0.01$)。肝脏铁过载严重程度的比例有显著变化，重度肝脏铁过载由 75.00%降至 10.42%，中度肝脏铁过载由 12.50%升至 16.67%，轻度肝脏铁过载由 8.33%升至 33.33%，LIC 在正常范围内的由 4.17%升至 39.58%，差异都具有统计学意义 ($P<0.01$)。

3.相关性分析显示祛铁前血清铁蛋白与天门冬氨酸氨基转移酶 ($r=0.41$, $P<0.01$)、丙氨酸氨基转移酶 ($r=0.27$, $P=0.01$)、 γ -谷氨酰转肽酶 ($r=0.39$, $P<0.01$) 呈轻度正相关。祛铁治疗 12 个月后，天门冬氨酸氨基转移酶降至 31 (26-42) U/L，丙氨酸氨基转移酶降至 23 (15-43) U/L， γ -谷氨酰转肽酶降至 15 (12-24) U/L，差异都具有统计学意义 ($P<0.01$)。

结论 1.铁过载是肝功能异常的独立危险因素。

2.去铁胺是治疗移植后铁过载的安全的螯合剂。

3.去铁胺通过减轻重型地中海贫血患者造血干细胞移植术后的铁负荷状态，从而使肝功能异常得到有效控制。

PO-2495

微移植与非清髓移植治疗中危急性髓系白血病的对照研究

蔡博、石艳萍、余长林、胡锴勋、雷阳阳、楼晓、彭菲、宁新、丰明星、赵伟伟、王一、艾辉胜、郭梅
中国人民解放军总医院第五医学中心

目的 探讨微移植 (MST) 与非清髓移植 (NST) 治疗中危急性髓系白血病首次完全缓解 (AML-CR1) 患者的疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2004 年 8 月至 2021 年 4 月本中心 161 例 AML-CR1 患者接受 NST ($n=50$) 和 MST ($n=111$) 的疗效，比较两组患者的总生存期 (OS)、无白血病生存期 (LFS)、复发率、非复发死亡率 (NRM)、中性粒细胞和血小板恢复时间、严重感染发生率、GVHD 发生率及死亡原因等。

结果 两组患者 1 年、3 年、5 年总生存率及无白血病生存率无显著差异，严重感染发生率相近 (NST 30% vs MST 23.4%, $p=0.490$)。NST 组复发率略低 (22% vs 32.4%, $p=0.309$)，非复

发死亡率较高（22% vs 11.7%， $p=0.145$ ），但均无统计学意义。两组造血恢复中位时间无显著差异（中性粒细胞恢复时间均为 10 天， $p=0.678$ ；血小板恢复时间 NST 13 天 vs MST 14 天， $p=0.419$ ）。NST 组 GVHD 总发生率为 56%，而 MST 组无 GVHD 发生。两组患者总体死亡率相当，但死亡构成比不同（ $p=0.004$ ），MST 组死于复发的比例较高，但无 GVHD 相关死亡。NST 组 88% 的患者达完全供者嵌合，对 MST 组中 25 例男供女患者行 SRY 基因检测，19 例（76%）持续检测到微嵌合体。MST 组接受高剂量 CD3+T 细胞输注的患者表现出更长的 OS（ $p=0.01$ ）。**结论** MST 与 NST 在 AML-CR1 患者中生存率相当，但 MST 显著减少 GVHD 发生，为无合适 HLA 匹配供者的患者提供一种安全有效的治疗方案。

PO-2496

一例骨髓增生异常综合征患者行单倍体周血干细胞移植期间出现休克、心功能不全的护理

蒋本佳、张秋会

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 总结骨髓增生异常综合征患者行单倍体造血干细胞移植期间出现休克、心功能不全的护理体会，为临床工作提供参考。

方法 回顾性分析 1 例患者移植期间两次出现意识丧失，呼之不应，心率血压及血氧降低的休克症状并发心功能不全的临床资料、治疗方法及护理经过，总结该类患者行造血干细胞移植期间的护理重点。

结果 回输造血干细胞当日行骨穿后，患者两次出现突发意识障碍，呼之不应，立即协助医生进行床旁抢救，遵医嘱予以患者肾上腺素 0.5mg 肌肉注射，极化液静滴，胸外按压，多巴胺升压，甘露醇脱水，持续氧气吸入 5L/min，密切监测患者生命体征，后患者意识逐渐恢复，呼之可应，考虑为心功能不全，导致脑供血不足，脑缺氧，脑水肿，予以加强利尿、强心、扩血管对症处理，严格限制输液速度及 24 小时总液量，详细记录患者 24 小时出入量，维持出量大于入量，在此期间绝对卧床休息，协助患者取端坐位，以减轻呼吸困难。最终，患者意识恢复后，未再出现休克症状，一般情况有所好转，心功能不全症状减轻，+9d 粒细胞植入，患者顺利出仓。

结论 对于该类患者进行护理时，要严密观察患者的生命体征及病情变化，出现休克症状时，立即通知医生予以抢救，遵医嘱予以强心利尿对症处理，绝对卧床休息，持续氧气吸入，减少耗氧量。严格限制输液速度，详细记录 24 小时出入量，患者周身皮肤水肿，应指导协助患者定时翻身、并使用硅酮保护受压皮肤，防止压疮的发生。

PO-2497

造血干细胞移植期间患者发生肛周感染情况及相关影响因素

蒋本佳、张秋会

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 为观察造血干细胞移植期间患者发生肛周感染的情况，并分析其相关影响因素。

方法 收集我科 2023 年 1 月至 2023 年 12 月行造血干细胞移植的患者共 212 例，将其设为研究对象。在移植过程中有 79 例（37.26%）出现肛周感染，133 例（62.73%）未发生肛周感染，按其是否发生肛周感染分为感染组和非感染组。统计期间每位住院患者的一般资料，包括性别、年龄、文化程度、婚姻状况、吸烟史等；临床资料包括便秘史、血清总蛋白、中性粒细胞计数、肛周基础疾病、住院天数、诊断、糖尿病、血小板计数等，予以单因素分析，并将感染组与非感染组患者资料

信息相对比,发现肛周感染发生情况在肛周基础疾病、血小板计数恢复时间、住院时间、腹泻或便秘、中性粒细胞计数恢复时间、白蛋白含量方面有显著性差异。

结果 发现造血干细胞移植期间患者发生肛周感染易受肛周基础疾病、伴有腹泻或便秘、血小板计数恢复时间、住院时间以及中性粒细胞计数恢复时间过长、白蛋白含量方面等因素影响。

结论 在护理造血干细胞移植患者过程中,应结合肛周感染的危险因素,采取针对性干预措施控制相关危险因素,降低肛周感染的发生率,为临床护理人员提供可参考的规范。

PO-2498

RFWD2,an E3 ubiquitin ligase induces cellular Apoptosis by mediating STAT3 ubiquitination in Acute myeloid leukemia

Ziyi Lu,Zhang Sen,Tian Yi Lu,Xing-Ru Mu,Jun Liu,Jiang Cao,Zhenyu Li,Kailin Xu,Qing-Yun Wu
Blood Diseases Institute, Xuzhou Medical University, Xuzhou, Jiangsu, China

Objective RFWD2 (Ring finger and WD domain 2) as an E3 ubiquitin ligase, is engaged in several biological activities in the progression of a variety of cancers. However, roles and mechanism of RFWD2 in the pathogenesis of AML was still unclear.

Methods Our results indicated that overexpression of RFWD2 inhibited the proliferation of AML cells in a time-dependent manner via reduced the expression of STAT3, and induced AML cell apoptosis by increasing the activation of Bax, Bad, poly ADP-ribose polymerase (PARP). Moreover, overexpression of RFWD2 caused the G1 cell cycle arrest by decreasing the expression of cell cycle-related proteins such as CyclinE1, CyclinD1, and Cyclin-dependent kinase (CDK2, CDK4). At the same time, colony formation assay indicated that overexpression of RFWD2 reduced the number and the size of the AML colonies.

Results Furthermore, in vivo experiments also suggested that the overexpression of RFWD2 significantly inhibited the growth of AML cells and prolonged the survival of mice. Meanwhile, knockdown the expression of RFWD2 promoted AML cell proliferation and colony formation, delayed apoptosis, and increased G1 cycle protein expression.

Conclusion In conclusion, this study revealed that RFWD2 reduced the progression of AML by promoting the degradation of STAT3 ubiquitination.

PO-2499

Quality-adjusted Time Without Symptoms or Toxicity Analysis of Haploidentical Related Donor versus Identical Sibling Donor Hematopoietic Stem Cell Transplantation in Acute Myeloid Leukemia

Yuewen Wang¹,Xianli Gao²,Ting Wang¹,Xiaohui Zhang¹,Lanping Xu¹,Yu Wang¹,Chenhua Yan¹,Huan Chen¹,Yuhong Chen¹,Wei Han¹,Fengrong Wang¹,Jingzhi Wang¹,Xia Yan¹,Xiaojun Huang¹,Xiaodong Mo¹
1. Peking University People's Hospital
2. Tiangong Univeristy

Objective Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) is a curative treatment for acute myeloid leukemia (AML). Haploidentical related donors (HIDs) as an important alternative donor can achieve a similar probability of relapse, non-relapse mortality (NRM), and survival compared with identical sibling donors (ISDs) in AML. Quality-adjusted time without symptoms or

toxicity (Q-TWiST) method is a comprehensive tool to estimate the duration of different health states and weigh these durations to arrive at a quality of life (QoL)-adjusted endpoint, which can be a surrogate endpoint in cancer. We aimed to compare the Q-TWiST in AML patients who received HID and ISD HSCT.

Methods This study was conducted based on the transplant database of Peking University, Institute of Hematology. The inclusion criteria were as follows: 1) patients (> 16 years old) with AML; 2) achieving complete remission before HSCT; 3) receiving ISD or HID HSCT between January 1st, 2019 and December 30th, 2020. Five clinical health states were defined: **TOX** (the period of treatment-related symptomatic toxicities with grade ≥ 3 severity), **acute graft-versus-host disease (GVHD)**, **chronic GVHD**, **TWiST** (the best QoL after transplantation), and **REL** (all-time following disease relapse until death). Each health state was denoted a coefficient, while 0 represented as bad as death and 1 represented QoL as good as TWiST. The Q-TWiST was calculated by summing up the time spent in each health state multiplied by its coefficient, i.e., $Q-TWiST = U_{TOX} \times TOX + U_{TWiST} \times TWiST + U_{REL} \times REL + U_{aGVHD} \times aGVHD + U_{cGVHD} \times cGVHD$.

Results 239 AML patients (ISD: n = 71; HID: n = 168) were enrolled. The 3-year probability of relapse, NRM, leukemia-free survival (LFS), overall survival (OS), and GVHD/relapse-free survival (GRFS) after allo-HSCT were all comparable between ISD and HID HSCT group. We established a mathematical model, i.e., $Q-TWiST_{HID\ HSCT} > Q-TWiST_{ISD\ HSCT}$, to explore the range of utility coefficients satisfying the inequality. Based on the raw data, it is equivalent to the following inequality: $10.57067U_{TOX} - 46.27733U_{REL} + 105.9374 + 3.388078U_{aGVHD} - 210.8198U_{cGVHD} > 0$. The model showed that when U_{TOX} , U_{REL} , and $U_{(aGVHD)}$ were within 0-1, as well as U_{cGVHD} was within 0-0.569, the inequality $Q-TWiST_{HID\ HSCT} > Q-TWiST_{ISD\ HSCT}$ was valid. According to the results of quality of life in the ChiCTR1800016972 study, we found the median coefficient of TOX, aGVHD, and cGVHD was 0.56 (0.41-0.76), 0.56 (0.47-0.72), and 0.54 (0.37-0.79), respectively, which were all within the parameter ranges from the mathematical model. According to the previous publications, we selected a series of special example of the coefficients, i.e. $U_{TOX}=0.5$, $U_{REL}=0.05$, $U_{aGVHD}=0.5$, $U_{cGVHD}=0.5$. The Q-TWiST of ISD and HID HSCT was 896 vs. 900 days ($P=0.470$). In the high-risk subgroup, the Q-TWiST of ISD HSCT and HID HSCT was 933 vs. 766 days ($P=0.041$), respectively. Concerning the intermediate-risk subgroup, the Q-TWiST of ISD HSCT and HID HSCT was 826 vs. 950 days ($P=0.093$), respectively. The Q-TWiST of ISD and HID HSCT in adolescent and young adult (AYA) and adult subgroups were comparable ($P=0.363$ and $P=0.339$, respectively).

Conclusion Thus, we firstly observed that the Q-TWiST was comparable between AML patients receiving HID and ISD HSCT. This results further confirmed the important role of HIDs as alternative donor in AML patients without ISDs.

PO-2500

营养干预对造血干细胞移植患者并发症及预后的影响

岳梦园、郑贵菊、郝子怡、司叶俊、杨萧天、张兵、张彦明
淮安市第二人民医院（淮安仁慈医院）

目的 探讨营养支持治疗对造血干细胞移植（HSCT）患者营养状况的影响，分析其与患者移植后并发症及预后之间的关系，为 HSCT 患者的全面营养支持治疗提供依据。

方法 收集 2020 年 11 月至 2023 年 11 月徐州医科大学附属淮安医院 76 例 HSCT 患者的临床资料，其中接受营养干预的 46 例 HSCT 患者作为干预组，未接受营养干预的 30 例 HSCT 患者作为对照组。干预组患者遵循五阶梯疗法原则，实施精细化的营养支持治疗，随访截至 2024 年 3 月。观察两组患者移植前及移植后 30 d、60 d、90 d 的营养指标，评估营养支持治疗的临床效果，对比两组患者造血系统重建时间，动态监测两组移植后 30d、60d 的淋巴细胞亚群、细胞因子、aGVHD 标志物等指标，进而评估营养支持治疗对移植后并发症及预后的影响。

结果 1. ① 移植后 30d、60d 干预组的总蛋白较移植前升高 ($P < 0.05$)；移植后 30d、60d、90d 两组的甘油三酯较移植前升高 ($P < 0.05$)；移植后 30d、90d 干预组的 HDL-C 较移植前下降 ($P < 0.05$)；② 移植后 60d 干预组的 BMI 高于对照组 ($P < 0.05$)；移植后 30d、60d、90d 干预组的白蛋白均高于对照组 ($P < 0.05$)；移植后 30d 干预组的前白蛋白高于对照组 ($P < 0.05$)；移植后 30d、60d 干预组的总蛋白均高于对照组 ($P < 0.05$)；移植后 60d 干预组的低密度脂蛋白胆固醇 (LDL-C)、甘油三酯低于对照组 ($P < 0.05$)；移植后 30d 干预组的 HDL-C 低于对照组 ($P < 0.05$)。2. 干预组的粒系重建时间早于对照组 ($P < 0.05$)，两组巨核系重建天数无明显统计学意义 ($P > 0.05$)。3. 移植后 60d 干预组的辅助 T 淋巴细胞 (CD4+细胞)、调节性 T 细胞 (Treg 细胞) 均高于对照组 ($P < 0.05$)，移植后 30d 对照组的 Treg 细胞高于移植后 60d ($P < 0.05$)。4. 移植后 30d、60d 干预组的肿瘤坏死因子- α (TNF- α) 均低于对照组 ($P < 0.05$)。5. 移植后 30d 干预组的可溶性生长刺激表达基因 2 蛋白 (sST2) 显著低于对照组 ($P < 0.05$)，移植后 60d 干预组的可溶性白细胞介素-2 受体 (sCD25) 低于移植后 30d ($P < 0.05$)，其余各指标无统计学意义 ($P > 0.05$)。

结论 实施营养支持治疗不仅能够改善造血干细胞移植患者的营养不良状况，缩短粒系重建时间，还可促进淋巴细胞亚群的重建，尤其增加 Treg 细胞的数量，降低 TNF- α 的释放，进而减少发生 aGVHD 的风险并改善患者的预后。

PO-2501

VCAM-1 阳性间充质干细胞改善 aGvHD 的动物实验研究

叶辰婧¹、陈达兵^{2,3}、孔晖^{2,3}、孙佳齐¹、朱浩杰^{2,3}、陈少桢¹、许晶晶^{2,3}、胡建达^{4,5}、杨婷^{2,3}

1. 福建医科大学

2. 国家区域医疗中心复旦大学附属华山医院福建医院

3. 福建医科大学附属第一医院滨海院区血液科

4. 福建医科大学附属第二医院

5. 福建医科大学精准医学研究院

目的 本研究意在通过人源化 aGvHD 小鼠模型，探索 VCAM-1+MSCs 与未经处理的 MSCs(NT-MSCs)在抗 aGvHD 作用上的差异，并深入研究 VCAM-1+MSCs 对供者来源 T 细胞的免疫调节作用及其可能涉及的作用机制。

方法 构建人源化 aGvHD 小鼠模型，比较 VCAM-1+MSCs 与 NT-MSCs 对于 aGvHD 的治疗效果。采用流式细胞术分析 T 淋巴细胞亚群分布，Luminex 液相芯片技术检测细胞因子水平，以及高通量 mRNA 测序分析 T 细胞基因表达谱，以揭示 VCAM-1+MSCs 发挥抗 aGvHD 作用的初步机制。

结果 VCAM-1+MSCs 治疗显著改善了人源化 aGvHD 小鼠的生存率，并减轻了 aGvHD 的临床症状，并能够通过调节供体 T 细胞亚群分布比例及炎性细胞因子的分泌发挥作用，具体表现为增加调节性 T 细胞(Treg)的比例，降低 CD8+T 细胞的比例，降低了血浆中 TNF- α 、IFN- γ 、IL-1 β 的浓度。高通量 mRNA 测序揭示，VCAM-1+MSCs 影响了供体 T 细胞与免疫功能、细胞凋亡、细胞粘附相关的信号通路。

结论 VCAM-1+MSCs 在人源化 aGvHD 小鼠模型中展现出优于 NT-MSCs 的治疗效果，包括改善生存情况、临床症状，促进靶器官损伤修复。其潜在机制可能涉及靶向供体 T 细胞，发挥免疫抑制、稳态调节的作用，特别是通过促进 T 细胞向 Treg 细胞分化，降低炎性细胞因子表达，以及改变供体 T 细胞相关信号通路的激活状态，为 aGvHD 的细胞治疗策略提供了新的视角。

PO-2502

Prognostic Role of Serum Albumin Level in Patients with Lymphoma Undergoing Autologous Stem Cell Transplantation

Chengxin Luo, Shuangnian Xu
Center of Hematology, Southwest Hospital, Third Military Medical University

Objective High-dose chemotherapy followed by autologous stem cell transplantation (HDT/ASCT) plays a crucial role in the therapy of patients with lymphoma. This retrospective study aimed to analyze prognostic factors in patients undergoing HDT/ASCT for lymphoma

Methods We included patients with lymphoma who underwent HDT/ASCT at our center. Time-to-event outcomes, including progression-free survival (PFS) and overall survival (OS), were analyzed with the Kaplan-Meier method and log-rank test. Receiver operating characteristic (ROC) curve analysis and Cox proportional hazard regression analysis were performed to explore the prognostic value of different factors.

Results A total of 113 patients with lymphoma were included. Patients with low serum albumin levels (<37 g/L) before transplantation had significantly lower PFS and OS ($P < 0.01$). Albumin levels before transplantation significantly predicted early progression (progressed within 1 year) after transplantation (AUC=0.706, $P=0.003$). Multivariate Cox analysis indicated that low albumin level (hazard ratio [HR] 3.19, 95% confidence interval [CI] 1.54-6.63; $P=0.002$) and age >60 years (HR 2.92, 95% CI 1.27-6.71; $P=0.012$) were independent risk factors for PFS. Total protein <60 g/L was an independent risk factor for OS (HR 3.57, 95% CI 1.45-8.78; $P=0.006$).

Conclusion Low albumin level before transplantation was an independent risk factor in patients with lymphoma undergoing HDT/ASCT. Intense care and effective maintenance therapy after transplantation are required for patients with low albumin levels.

PO-2503

Comparison of the efficacy of hematopoietic stem cell mobilization regimens: a systematic review and network meta-analysis of preclinical studies

Chengxin Luo, Shuangnian Xu
Center of Hematology, Southwest Hospital, Third Military Medical University

Objective Mobilization failure may occur when the conventional hematopoietic stem cells (HSCs) mobilization agent granulocyte colony-stimulating factor (G-CSF) is used alone, new regimens were developed to improve mobilization efficacy. Multiple studies have been performed to investigate the efficacy of these regimens via animal models, but the results are inconsistent. We aim to compare the efficacy of different HSC mobilization regimens and identify new promising regimens with a network meta-analysis of preclinical studies.

Methods We searched Medline and Embase databases for the eligible animal studies that compared the efficacy of different HSC mobilization regimens. Primary outcome is the number of total colony-forming cells (CFCs) in per milliliter of peripheral blood (/ml PB), and the secondary outcome is the number of Lin⁻ Sca1⁺ Kit⁺ (LSK) cells/ml PB. Bayesian network meta-analyses were performed following the guidelines of the National Institute for Health and Care Excellence Decision Support Unit (NICE DSU) with WinBUGS version 1.4.3. G-CSF-based regimens were classified into the SD (standard dose, 200–250 $\mu\text{g}/\text{kg}/\text{day}$) group and the LD (low dose, 100–150 $\mu\text{g}/\text{kg}/\text{day}$) group based on doses, and were classified into the short-term (2–3 days) group and

the long-term (4–5 days) group based on administration duration. Long-term SD G-CSF was chosen as the reference treatment. Results are presented as the mean differences (MD) with the associated 95% credibility interval (95% CrI) for each regimen.

Results We included 95 eligible studies and reviewed the efficacy of 94 mobilization agents. Then 21 studies using the poor mobilizer mice model (C57BL/6 mice) to investigate the efficacy of different mobilization regimens were included for network meta-analysis. Network meta-analyses indicated that compared with long-term SD G-CSF alone, 14 regimens including long-term SD G-CSF + Me6, long-term SD G-CSF + AMD3100 + EP80031, long-term SD G-CSF + AMD3100 + FG-4497, long-term SD G-CSF + ML141, long-term SD G-CSF + desipramine, AMD3100 + meloxicam, long-term SD G-CSF + reboxetine, AMD3100 + VPC01091, long-term SD G-CSF + FG-4497, Me6, long-term SD G-CSF + EP80031, POL5551, long-term SD G-CSF + AMD3100, AMD1300 + EP80031 and long-term LD G-CSF + meloxicam significantly increased the collections of total CFCs. G-CSF + Me6 ranked first among these regimens in consideration of the number of harvested CFCs/ml PB (MD 2168.0, 95% CrI 2062.0–2272.0). In addition, 7 regimens including long-term SD G-CSF + AMD3100, AMD3100 + EP80031, long-term SD G-CSF + EP80031, short-term SD G-CSF + AMD3100 + IL-33, long-term SD G-CSF + ML141, short-term LD G-CSF + ARL67156, and long-term LD G-CSF + meloxicam significantly increased the collections of LSK cells compared with G-CSF alone. Long-term SD G-CSF + AMD3100 ranked first among these regimens in consideration of the number of harvested LSK cells/ml PB (MD 2577.0, 95% CrI 2422.0–2733.0).

Conclusion Considering the number of CFC and LSK cells in PB as outcomes, G-CSF plus AMD3100, Me6, EP80031, ML141, FG-4497, IL-33, ARL67156, meloxicam, desipramine, and reboxetine are all promising mobilizing regimens for future investigation.

PO-2504

序贯免疫治疗提高 TCRab 清除半相合移植治疗儿童难治/复发急性淋巴细胞白血病 (R/R-ALL) 结果分析

陈德俊、刘华颖、王静、吕思萌、王交春、宁馨、何岳林、李春富
东莞市台心医院/南方春富（儿童）血液病研究院

目的 半相合的异基因造血干细胞移植是 R/R-ALL 患儿的不错治疗选择，但其伴有较高的移植物抗宿主病 (GVHD) 和移植后复发。我们采用序贯免疫治疗 (移植前 CarT+移植后 DLI 输注) 联合 TCRab 清除半相合移植的治疗，以期降低 GVHD 和复发，提高无病生存。

方法 2020 年 9 月至 2023 年 12 月共 54 例 R/R-ALL 患儿纳入统计。中位年龄为 8 (1-18) 岁，男女为 28: 26。B-ALL: T-ALL 为 48: 6。9 例移植前未行 CarT 治疗。45 例移植前行 CarT 治疗，CD19-carT: CD19/CD22-carT 序贯: CD7-carT =29: 13: 3。所有患儿均接受清髓性预处理。该方案包括 CTX (1×50mg/kg, -10 天, -3 至-2 天), FLU (1×40mg/m², -7 至-4 天), TT (2×5mg/kg, -4 天), BU (总量 90mg/m², -7 至-5 天) 和 ATG-F 或 ATG (1×15mg/kg 或总 5mg/kg, -9 至-8 天)。干细胞包括 CD34+细胞 26.5 (11.8-114.3) ×10⁶/kg, TCRαβ+T 细胞 2.0 (0.1-5.0) ×10⁵/kg, TCRδγ+T 细胞 34.0 (3.6-142.4) ×10⁶/kg。无患者接受移植后 GVHD 预防治疗。38 例定期规律输注 DLI, 从移植后第 54 (41-217) 天开始, 第一次以 1.8 (0.5-2.7) ×10⁵/kg CD3+T 细胞, 后每月递增剂量, 共计 6 (1-8) 次。

结果 中位随访时间 896 (39-1347) 天。中性粒细胞, 血小板, 血红蛋白植入的中位时间分别为 14 (10-33) 天, 9 (6-36) 天和 10 (3-42) 天。4 例患儿未植入, 其中 1 例患儿因合并败血症死亡, 另 3 例患儿经二次移植获长期无病生存。53/54 例患者最终植入。5 例患儿出现死亡, 1 例因复发死亡, 3 例因感染死亡 (2 例因细菌性败血症, 1 例因腺病毒感染), 1 例因马凡综合征引起肺动脉高压死亡。死亡率是 9.3%, 非复发死亡率 7.4%, 总生存率为 90.7%, 无病生存率 87.0%。3 例出现血液学复发, 累计复发发生率为 5.6%, 1 例死亡, 2 例目前仍予挽救治疗中。I 度

aGVHD 35.2%，II-IV 度 aGVHD 1 例，无患儿发生广泛的 cGVHD。

结论 该研究表明，序贯免疫治疗联合 TCRab 清除半相合移植是 R/R-ALL 患儿的合适治疗选择，其严重急/慢性 GVHD 发生率低，移植后复发少，具有更好的无 GVHD/无复发生存期（GRFS）。

PO-2505

米托蒽醌脂质体联合卡莫司汀、依托泊苷和阿糖胞苷 (BEA-PLM) 预处理方案用于非霍奇金淋巴瘤患者 自体造血干细胞移植的疗效与安全性

王钰琪、任娟、朱化超、王晓宁、贺鹏程
西安交通大学第一附属医院

目的 探索非霍奇金淋巴瘤（NHL）患者接受米托蒽醌脂质体（PLM）联合卡莫司汀、依托泊苷和阿糖胞苷（BEA-PLM）方案预处理后行自体造血干细胞移植（ASCT）的疗效和安全性。

方法 一项前瞻性、单臂、探索性研究，纳入使用 BEA-PLM 方案预处理后行 ASCT 的 NHL 患者。BEA-PLM 方案为 PLM 24 mg/m², d-7；卡莫司汀 300 mg/m², d-6；阿糖胞苷 200 mg/m² q12h, d-5~-2；依托泊苷 200 mg/m², d-5~-2。主要终点为 1 年内的复发率，次要终点为造血重建时间、总生存期（OS）、无进展生存期（PFS）及不良事件。用于比较分析的历史队列是本中心 2018 年 1 月~2021 年 11 月期间使用 BEAM/BEAC 方案预处理后行 ASCT 的 49 例 NHL 患者。

结果 2022 年 3 月~2023 年 12 月，共纳入本中心使用 BEA-PLM 方案预处理后行 ASCT 的 NHL 患者 38 例，均成功实现了造血重建。将该队列与历史队列进行比较，1 年内复发率（12.6% vs. 24.9%）、1 年 PFS（87.4% vs. 75.1%）和 1 年 OS（100% vs. 83.7%）均未观察到显著差异（P>0.05），但 BEA-PLM 组有复发率降低和生存期提高的趋势。中性粒细胞植入时间 BEA-PLM 组较 BEAM/BEAC 组延迟（10.5 vs. 9.0 天，P<0.05），血小板植入时间两组无显著差异（11.0 vs. 10.0 天，P>0.05）。主要不良事件包括发热性中性粒细胞减少、感染、口腔黏膜炎、恶心、呕吐、腹泻和皮疹。两种方案的不良事件无显著差异。

结论 在行 ASCT 前采用 BEA-PLM 方案治疗淋巴瘤安全有效，可作为 ASCT 治疗淋巴瘤患者的替代预处理方案。

PO-2506

Efficacy of hematopoietic stem cell mobilization regimens in patients with hematological malignancies: a systematic review and network meta-analysis

Chengxin Luo, Shuangnian Xu
Center of Hematology, Southwest Hospital, Third Military Medical University

Objective Efficient mobilization of hematopoietic stem cells (HSCs) from bone marrow niche into circulation is the key to successful collection and transplantation in patients with hematological malignancies. The efficacy of various HSCs mobilization regimens has been widely investigated, but the results are inconsistent.

Methods We performed comprehensive databases searching for eligible randomized controlled trials (RCTs) that comparing the efficacy of HSCs mobilization regimens in patients with hematological malignancies. Bayesian network meta-analyses were performed with WinBUGS.

Standard dose of granulocyte colony-stimulating factor (G-CSF SD) was chosen as the common comparator. Estimates of relative treatment effects for other regimens were reported as mean differences (MD) or odds ratio (OR) with associated 95% credibility interval (95% CrI). The surface under the cumulative ranking curve (SUCRA) were obtained to present rank probabilities of all included regimens.

Results Databases searching and study selection identified 44 eligible RCTs, of which the mobilization results are summarized. Then we compared the efficacy of mobilization regimens separately for patients with multiple myeloma (MM) and non-Hodgkin lymphoma (NHL) by including 13 eligible trials for network meta-analysis, involving 638 patients with MM and 592 patients with NHL. For patients with MM, data are pooled from 8 trials for 6 regimens, including G-CSF in standard dose (SD) or reduced dose (RD) combined with cyclophosphamide (CY), intermediatedose cytarabine (ID-AraC) or plerixafor. The results show that compared with G-CSF SD alone, 3 regimens including ID-AraC + G-CSF SD (MD 14.29, 95% CrI 9.99–18.53; SUCRA 1.00), G-CSF SD + Plerixafor SD (MD 4.15, 95% CrI 2.92–5.39; SUCRA 0.80), and CY + G-CSF RD (MD 1.18, 95% CrI 0.29–2.07; SUCRA 0.60) are associated with significantly increased total number of collected CD34+cells ($\times 106/kg$), among which ID-AraC + G-CSF SD ranked first with a probability of being best regimen of 100%. Moreover, ID-AraC + G-CSF SD and G-CSF SD + Plerixafor SD are associated with significantly higher successful rate of achieving optimal target (collecting $\geq 4-6 \times 106$ CD34+cells/kg). For patients with NHL, data are pooled from 5 trials for 4 regimens, the results show that compared with G-CSF SD alone, G-CSF SD + Plerixafor SD (MD 3.62, 95% CrI 2.86–4.38; SUCRA 0.81) and G-CSF SD plus the new CXC chemokine receptor-4 (CXCR-4) antagonist YF-H-2015005 (MD 3.43, 95% CrI 2.51–4.35; SUCRA 0.69) are associated with significantly higher number of total CD34+ cells collected. These 2 regimens are also associated with significantly higher successful rate of achieving optimal target. There are no significant differences in rate of achieving optimal target between G-CSF SD + Plerixafor SD and G-CSF + YF-H-2015005.

Conclusion In conclusion, ID-AraC plus G-CSF is associated with the highest probability of being best mobilization regimen in patients with MM. For patients with NHL, G-CSF in combination with plerixafor or YF-H-2015005 showed similar improvements in HSCs mobilization efficacy. The relative effects of other chemotherapy-based mobilization regimens still require to be determined with further investigations.

PO-2507

Myeloablative conditioning regimens in adult patients with acute myeloid leukemia undergoing allogeneic hematopoietic stem cell transplantation in complete remission: a systematic review and network meta-analysis

Chengxin Luo, Shuangnian Xu
Center of Hematology, Southwest Hospital, Third Military Medical University

Objective The optimal myeloablative conditioning (MAC) regimens in adult patients with acute myeloid leukemia (AML) undergoing allogeneic hemopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) in complete remission (CR) remain unclear. We performed a systematic review and network meta-analysis to compare the effects of different MAC regimens.

Methods Bayesian network meta-analysis was performed using WinBUGS version 1.4.3. The commonly used MAC regimen Bu/Cy (4-day busulfan for total 16 mg/kg orally or 12.8 mg/kg intravenously, plus 2-day cyclophosphamide for total 120 mg/kg intravenously) is chosen as the common comparator. Pooled hazard ratios (HRs) with the associated 95% credibility interval (95% CrI) are obtained for all comparisons.

Results We included 19 eligible studies, involving 8104 AML patients and 9 MAC regimens. Compared with Bu/Cy, 3-day busulfan plus fludarabine and thiotepea (Bu3/Flu/TT) is associated with significantly better overall survival (HR, 0.70; 95% CrI, 0.51 to 0.96) and lower risk of relapse (HR, 0.59; 95% CrI, 0.35 to 0.98). Bu3/Flu/TT is also associated with superior overall survival than Cy/TBI (cyclophosphamide plus total body irradiation), and lower risk of relapse than Bu4/Flu (4-day busulfan plus fludarabine).

Conclusion These results suggest that thiotepea-based new MAC regimen Bu3/Flu/TT is associated with improved outcomes in AML patients undergoing allo-HSCT in CR and worth further investigation.

PO-2508

Second-line therapy for patients with steroid-refractory aGVHD: systematic review and metaanalysis of randomized controlled trials

Chengxin Luo, Shuangnian Xu
Center of Hematology, Southwest Hospital, Third Military Medical University

Objective Steroids-refractory (SR) acute graft-versus-host disease (aGVHD) is a life-threatening condition in patients undergoing allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT), but the optimal second-line therapy still has not been established. We aimed to perform a systematic review and meta-analysis of randomized controlled trials (RCTs) to compare the efficacy and safety of different second-line therapy regimens.

Methods Literature search in MEDLINE, Embase, Cochrane Library and China Biology Medicine databases were performed to retrieve RCTs comparing the efficacy and safety of different therapy regimens for patients with SR aGVHD. Meta-analysis was conducted with Review Manager version 5.3. The primary outcome is the overall response rate (ORR) at day 28. Pooled relative risk (RR) and 95% confidence interval (CI) were calculated with the Mantel-Haenszel method.

Results Eight eligible RCTs were included, involving 1127 patients with SR aGVHD and a broad range of second-line therapy regimens. Meta-analysis of 3 trials investigating the effects of adding mesenchymal stroma cells (MSCs) to other second-line therapy regimens suggested that the addition of MSCs is associated with significantly improvement in ORR at day 28 (RR = 1.15, 95% CI = 1.01–1.32, P = 0.04), especially in patients with severe (grade III–IV or grade C–D) aGVHD (RR = 1.26, 95% CI = 1.04–1.52, P = 0.02) and patients with multiorgan involved (RR = 1.27, 95% CI = 1.05–1.55, P = 0.01). No significant difference was observed between the MSCs group and control group in consideration of overall survival and serious adverse events. Treatment outcomes of the other trials were

comprehensively reviewed, ruxolitinib showed significantly higher ORR and complete response rate at day 28, higher durable overall response at day 56 and longer failure-free survival in comparison with other regimens; inolimomab shows similar 1-year therapy success rate but superior long-term overall survival in comparison with anti-thymocyte globulin, other comparisons did not show significant differences in efficacy.

Conclusion Adding MSCs to other second-line therapy regimens is associated with significantly improved ORR, ruxolitinib showed significantly better efficacy outcomes in comparison with other regimens in patients with SR aGVHD. Further well-designed RCTs and integrated studies are required to determine the optimal treatment.

PO-2509

多发性骨髓瘤自体造血干细胞动员方案效率对比

张娜、刘欣蔚、高广勋
中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 探讨多发性骨髓瘤自体造血干细胞动员方案之间的效率差异

方法 回顾性分析 2020 年 2 月至 2024 年 2 月于空军军医大学第一附属医院血液科行自体造血干细胞动员的 90 例多发性骨髓瘤 (MM) 患者的临床资料, 包括年龄、性别、动员方案、采集天数、单个核细胞计数、CD34+细胞计数、移植后中性粒细胞及血小板植入天数等。

结果 90 例 MM 患者采用 4 种动员方案, 其中 G-CSF 方案组 3 例 (3.3%), G-CSF+普乐沙福组 30 例 (33.3%), 环磷酰胺 (CTX)+G-CSF 组 43 例 (47.7%), CTX+G-CSF+普乐沙福组 14 例 (15.5%)。G-CSF 组患者的中位年龄 51 岁, 平均采集天数为 2 天, 采集 CD34+细胞计数为 $(2.34\pm 1.00)\times 10^6/\text{kg}$, 66.7%患者干细胞动员达标 (CD34+细胞计数 $\geq 2\times 10^6/\text{kg}$), 无患者达到优质动员 (CD34+细胞计数 $\geq 5\times 10^6/\text{kg}$)。G-CSF+普乐沙福组与 CTX+G-CSF 组患者的中位年龄分别是 55.5 岁和 54 岁, 平均采集天数分别为 1.97 天和 2.09 天。首次采集, G-CSF+普乐沙福组与 CTX+G-CSF 组的 CD34+细胞计数无显著差异 ($P=0.168$), 但动员达标率 (76.7%vs.51.1%, $P=0.027$) 及优质动员率 (26.7%vs.9.3%, $P=0.049$) 更佳。总体采集情况, 与 CTX+G-CSF 组相比, G-CSF+普乐沙福组的单个核细胞计数更高 ($P<0.001$), CD34+细胞计数无显著差异 ($P=0.889$), 值得注意的是其动员达标率为 76.7%及优质动员率为 66.7%, 均显著优于 CTX+G-CSF 组的达标率 51.1%及优质动员率 39.5%, 其中优质动员率具有统计学差异 ($P=0.023$)。CTX+G-CSF+普乐沙福组患者的中位年龄 56 岁, 平均采集天数为 2.14 天。根据外周血 CD34 细胞计数及干细胞采集情况决定普乐沙福使用时机, 首次采集获得 CD34+细胞计数为 $(3.86\pm 1.33)\times 10^6/\text{kg}$, 达标率为 35.7%, 使用普乐沙福后再次采集, 达标率为 85%, 优质动员率为 50%, 共采集 CD34+细胞计数为 $(9.48\pm 2.73)\times 10^6/\text{kg}$ 。对比分析 4 组动员方案自体干细胞移植后粒细胞植入时间 ($P=0.423$) 和血小板植入时间 ($P=0.687$), 其差异无统计学意义。

结论 分析比较 G-CSF、G-CSF+普乐沙福、CTX+G-CSF、CTX+G-CSF+普乐沙福 4 种干细胞动员方案的动员效率, 虽然 4 组之间 CD34+细胞计数无显著差异, 但 G-CSF+普乐沙福组采集天数最短, 获得的单个核细胞计数最高, 无论是首次采集还是总体动员的达标率和优质动员率均最优。此外, 对于 CTX+G-CSF 动员效果不佳的患者, 加入普乐沙福可有效提高动员效率。不同动员方案的患者干细胞移植后粒细胞植入时间及血小板植入时间差异无统计学意义。

PO-2510

构建重型 β 地中海贫血患者异基因造血干细胞移植后
合并 EBV 感染风险的预测模型

韦馨涓
广西医科大学第一附属医院

目的 建立重型 β 地中海贫血患者移植后合并 EBV 感染的临床预测模型, 帮助临床早期识别地贫移植后 EBV 感染高危患者。

方法 回顾性分析 2019 年 12 月至 2022 年 11 月在广西医科大学第一附属医院行异基因造血干细胞移植的重型 β 地中海贫血患者的临床资料, 随访至移植后 1 年, 结局指标为移植后 EBV 感染。比较感染组与非感染组临床资料, 通过单因素分析、Lasso 回归分析及二元多因素 Logistics 回归分析, 最终筛选出纳入列线图模型的预测指标。通过受试者工作特征曲线、校准曲线、C 指数和临床

决策曲线分析评估模型的价值，并通过 Bootstrap 方法进行内部验证。

结果 在 214 例重型 β 地中海贫血移植患者中 EBV 感染的发生率为 25.7% (55/214)，发生中位时间为 63 (37.5-116) 天。达结局事件或随访终点时使用吗替麦考酚酯、糖皮质激素以及移植后出现 cGVHD、肺炎是构建列线图模型的预测指标。列线图模型的 C 指数为 0.850 (95%CI=0.786-0.914)，AUC 为 0.850(95%CI:0.785-0.915)，校准曲线与理想曲线贴近，提示模型具有良好的校准度。DCA 曲线结果显示，模型在风险阈值为 0.05-0.90 时能为患者带来临床净获益。

结论 本文首次建立了以吗替麦考酚酯、激素、cGVHD、肺炎为评分依据的临床预测模型，具有良好的临床效度和信度。

PO-2511

Study on the Association between NF κ B1 Gene Polymorphism in Donors and Recipients and the Prognostic Impact of Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation

Xue Yan

The Affiliated Jiangning Hospital with Nanjing Medical University, Nanjing, China.

Objective This study aimed to analyze the impact of genetic variations in the NF κ B1 gene at rs3774937T>C, rs3774959A>G, and rs3774963C>G on allogeneic hematopoietic stem cell transplantation outcomes.

Methods Blood samples from 89 patients who underwent allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) were collected along with donor samples. Genotypes at the specified NF κ B1 gene loci were determined through DNA sequencing. Statistical methods such as chi-square tests and regression analysis were used to assess the relationships between genetic variations and transplant outcomes.

Results The prevalence or timing of EBV infections exhibits significant variances among distinct genotypes at the rs3774937 locus, the TT genotype is linked to an earlier onset of Epstein-Barr virus (EBV) infection (P=0.038). The multivariate analysis results indicate that the agreement of the rs3774937 genotype between donors and recipients (HR=8.60, 95% CI=1.07-69.04, P=0.04287) was an independent risk factor for non-relapse mortality. According to Univariate Cox regression analysis, recipients with the TT genotype at the rs3774937 locus (HR=4.29, 95% CI=1.00-18.48, P=0.050), GG genotype at the rs3774959 locus (HR=4.77, 95% CI=1.10-20.61, P=0.0361), and GG genotype at the rs3774963 locus (HR=4.77, 95% CI =1.10-20.61, P=0.0361) were identified as risk factors for post-transplantation thrombocytopenia (PT). Compared to the rs3774937-CC/rs3774959-AA/rs3774963-CC genotype combination in non-HID (haploidentical related donor) recipients, the rs3774937-TT/rs3774959-GG/rs3774963-GG combination was a protective factor for the occurrence of aGVHD (HR=0.36, 95%CI=0.12-0.91, P=0.0321).

Conclusion The results of this study suggest that the rs3774937, rs3774959, and rs3774963 loci may serve as effective genetic susceptibility markers for predicting post-Allo-HSCT complications and survival prognosis.

PO-2512

地西他滨-Bu/Flu 预处理方案用于 40 岁以上高危 AML/MDS 患者异基因造血干细胞移植的疗效及安全性分析

张然、廖妮、谢雪琪、李丽、边志磊、姜中兴、曹伟杰
郑州大学第一附属医院

目的 探讨地西他滨-Bu/Flu 预处理方案用于 40 岁以上高危 AML/MDS 患者异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 的疗效及安全性分析。

方法 对于 2022 年 7 月至 2024 年 4 月于郑州大学第一附属医院血液科行 allo-HSCT 的 14 例高危 AML/MDS 患者进行回顾性分析, 男 6 例, 女 8 例, 中位年龄 47 岁 (40~58 岁), 中位随访时间为 13 月 (2 月~22 月)。其中 MRD 阳性患者 11 例 (78.6%)。亲缘移植 12 例 (其中单倍体移植 7 例), 非亲缘移植 2 例。所有患者均在 40 岁以上, 且均采用地西他滨-Bu/Flu 预处理方案, 统计其粒系及巨核系植入时间, 观察患者造血重建、复发、急慢性 GVHD、感染及生存情况。

结果 所有患者中, 14 例患者粒细胞顺利植入, 中性粒细胞恢复中位时间为 12 天 (9~15 天), 13 例患者粒细胞顺利植入, 血小板恢复中位时间为 14 天 (11~17 天)。2 例 (14.3%) 患者于移植后 2 月出现 MRD 阳性, 其中 1 例使用小剂量地西他滨 10mg×5d 后转阴, 另 1 例于移植后 3 月全面复发。1 例因移植后 GVHD 合并 TMA 死亡。1 例患者非复发死亡 (多发脑梗)。2 例 (14.3%) 患者出现 3-4 度急性 GVHD, 3 例 (21.4%) 患者出现局限性慢性 GVHD, 无广泛性慢性 GVHD 发生。现 11 例 (78.6%) 患者移植后长期生存, MRD 阴性, 均为完全嵌合状态, 数字 PCR 监测相关突变基因均为阴性。

结论 对于年龄大于 40 岁高危 AML/MDS 患者而言, 地西他滨-Bu/Flu 预处理异基因造血干细胞移植是一种安全有效的治疗手段, 患者移植后复发率低, 预处理安全性好, 患者耐受性可, 总体生存率及无病生存率较好。

PO-2513

合适非亲缘脐血移植治疗高体重成人恶性血液病的临床研究

姜开爽、刘会兰、耿良权、强萍、范倩
安徽省立医院 (中国科学技术大学附属第一医院)

目的 由于脐血来源丰富、采集方便, 寻找配型相合的脐血所需时间更短, 尤其是对于没有合适配型的骨髓移植或外周血移植的患者, 非亲缘脐带血干细胞移植 (UCBT) 被更多需要进行移植的病人所选择。但是, 目前接受 UCBT 的主要人群是儿童, 这与每份合适配型的脐血容量少及单位体积内有核细胞数少有关, 故脐血被用于高体重 ($\geq 70\text{kg}$) 患者移植的可能受限。

方法 本文我们回顾性分析了 2018-2023 年中国科学技术大学附属第一医院血液内科 155 例接受了 UCBT 的高体重患者的相关资料, 从而比较高体重 UCBT 受者与其他 UCBT 受者的生存差异。

结果 高体重 UCBT 受者的 2-4 度急性移植物抗宿主病 (aGVHD) 的发生率较高, 而广泛慢性 GVHD (cGVHD) 的发生率相对较低。高体重 UCBT 受者与其他 UCBT 受者的 1 年总生存率 (OS)、1 年非复发死亡率 (NRM)、1 年复发率、1 年无病生存率 (DFS) 相当。在植入方面, 与其他 UCBT 受者相比, 高体重 UCBT 受者的植入前综合征 (PES) 发生率、中性粒细胞植入中位时间与之相当, 但血小板植入中位时间较长。

结论 我们的研究表明, 在治疗高体重成人恶性血液病时采取 UCBT 可以得到同样较为满意的结果, 从而让更多高体重血液病患者从中受益。

PO-2514

基于 SMOTE 算法儿童白血病脐带血移植 发生原发性植入失败预测模型的构建

张志奇、熊若兰、李泊涵、吉奇、王庆伟、卢俊、李捷、肖佩芳、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 分析儿童白血病行脐带血移植后发生原发性植入失败（primary graft failure, PGF）的危险因素，并基于 SMOTE 算法构建预测模型，为优化脐带血移植方案奠定基础。

方法 回顾性分析 2017 年 1 月至 2022 年 12 月于苏州大学附属儿童医院接受脐带血移植白血病患者的病历资料，根据是否发生 PGF 分为植入失败组与植入成功组，基于 SMOTE 算法扩充阳性组数据进行多因素 Logistic 回归分析，从而获得 PGF 预测模型，并通过 ROC 曲线及校准曲线验证模型的预测效能。

结果 共纳入 92 例白血病患者，其中急性淋巴细胞白血病 36 例、急性髓系白血病 43 例、幼年型粒单核细胞白血病 13 例。10 例患者发生 PGF，发生率为 10.9%。多因素分析结果显示幼年粒单核细胞白血病、HAL 匹配度 $<9/10$ 、RIC、未发生围植入综合征以及 42 天内感染 EBV 是 PGF 发生的独立危险因素。基于这些变量构建列线图，ROC 曲线和校准曲线显示模型具有很好的预测能力。

结论 多种因素可引起白血病患者脐带血移植后 PGF 的发生。基于 SOMTE 算法构建的列线图具有良好的预测能力，能够帮助医生早期识别 PGF 发生的高危患者，提供个性化的治疗，改善患儿预后。

PO-2515

异基因造血干细胞移植治疗儿童免疫出生错误疗效及并发症分析

张晖、吉奇、卢俊、肖佩芳、李捷、凌婧、高莉、郑德菲、程生钦、周敏、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 分析儿童免疫出生错误（inborn errors of immunity, IEI）疾病接受异基因造血干细胞移植（allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT）后的疗效及并发症，为 allo-HSCT 治疗 IEI 类疾病提供经验。

方法 收集了 2015 年 2 月至 2022 年 8 月于苏州大学附属儿童医院 allo-HSCT 的 75 例 IEI 患者的临床资料。回顾性分析患者移植前、移植中、移植后与移植治疗直接相关的重要参数的发生率、影响因素以及对预后的影响。末次随访为 2023 年 12 月 31 日。

结果 本研究共纳入 75 例患者，5 例入组患者中，共 9 例死亡，1 年、3 年及 5 年总体生存率（overall survival, OS）均为 $88.0\% \pm 3.8\%$ ，通过 Log-rank 单因素分析及 COX 多因素分析发现，供受体血型匹配程度为主要不合（ $P=0.006$ ）、植入失败（ $P<0.001$ ）是影响 OS 的独立危险因素。

结论 1. 异基因造血干细胞移植是治疗儿童免疫出生错误疾病的有效方法，可使患者获得造血及免疫重建，改善患者预后。2. 供受体血型匹配程度为主要不合、植入失败是影响 OS 的独立危险因素。

PO-2516

异基因造血干细胞移植中 BK 病毒与出血性膀胱炎的相关性分析

廖妮、张然、谢雪琪、李丽、边志磊、姜中兴、曹伟杰、宋永平
郑州大学第一附属医院

目的 研究异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 过程中血液及尿液 BK 病毒的激活与出血性膀胱炎 (HC) 的相关性以及 HC 治疗过程中血液及尿液 BK 病毒载量变化。

方法 对于行 allo-HSCT 患者, 于预处理开始前、回输当天、+7 天、+14 天、+21 天、+28 天、HC 发生时, 监测患者血、尿 BK 病毒 DNA 定量, 如患者出现 HC 症状, 给予水化、碱化、间充质干细胞等治疗措施后, 监测患者治疗前后血、尿 BK 病毒定量变化。如患者血 BK 病毒 DNA 阳性, 而无明显 HC 临床症状, 为排除检验误差, 复查血 BK 病毒 DNA 定量。患者 HC 症状改善及彻底治愈后, 患者血、尿 BK 病毒载量变化。

结果 患者在预处理前及回输当天血 BK 病毒载量均为阴性 ($<5 \times 10^2$), 尿 BK 病毒阳性 ($>5 \times 10^2$) 率分别为 4 例 (30.77%)、5 例 (38.48%), 在+7 天后, 患者尿 BK 病毒阳性率明显升高, 为 8 例 (61.53%), 且阳性率继续上升, 但血 BK 病毒均为阴性。移植后共有 12 例 (92%) 患者尿 BK 病毒为阳性, 仅有 2 例 (15.38%) 患者出现血 BK 病毒阳性, 2 例患者均有明显 HC 相关临床症状, 且反复发作。尿 BK 病毒载量下降明显延迟于 HC 的症状好转, 而血 BK 病毒转阴通常早于症状治愈。

结论 对于 allo-HSCT 患者, HC 基本均为迟发性。尿 BK 病毒 DNA 阳性时, 并非患者均出现 HC 相关临床表现。当患者出现 HC 临床表现时, 通常尿 BK 病毒阳性, 而并非患者血 BK 病毒亦阳性。患者出现血 BK 病毒 DNA 阳性, 同时出现 HC 相关临床症状, 通常难治且容易反复发作, 且均在 2 级以上。仍需大样本临床试验进一步验证。

PO-2517

脐血/脐带间充质干细胞辅助单倍体造血干细胞移植
治疗儿童重型再生障碍性贫血的临床观察

刘一丹、胡绍燕、肖佩芳、卢俊、何海龙、李捷
苏州大学附属儿童医院

目的 探讨脐血 (UCB) 或脐带间充质干细胞 (MSC) 辅助单倍体造血干细胞移植 (HID-HSCT) 治疗儿童重型再生障碍性贫血 (SAA) 的疗效。

方法 回顾性分析从 2020 年 1 月至 2023 年 6 月于苏州大学附属儿童医院接受 HID-HSCT 的 80 例 SAA 患儿的临床资料, 根据移植时有无加用 UCB/MSC, 将病例分为三组: HID+MSC 组 (22 例)、HID+UCB 组 (29 例)、单纯 HID 组 (29 例), 比较移植后造血重建、各种并发症发生、免疫重建、移植后 3 年生存情况有无差异。

结果 HID+MSC 组、HID+UCB 组、单纯 HID 组三组患儿移植后粒细胞和血小板中位植入时间差异无统计学意义 ($P > 0.05$)。HID+UCB 组 III-IV 度 aGVHD 累积发生率显著低于 HID+MSC 组和单纯 HID 组 ($P = 0.033$)。与 HID+UCB 组和单纯 HID 组相比, 移植后 3 个月内 HID+MSC 组 EB 病毒血症发生率显著增高 ($P = 0.007$)。与单纯 HID 组和 HID+MSC 组相比, HID+UCB 组巨细胞病毒拷贝数峰值高 ($H = 8.85$, $P = 0.012$)。HID+MSC 组移植后 1 月 CD4+T 细胞免疫重建快于 HID+UCB 组 ($P = 0.003$)。三组 3 年总体生存 (OS)、无失败生存 (FFS)、无 GVHD 无失败生存 (GFFS) 和 3 年移植相关死亡 (TRM) 差异均无统计学意义 ($P > 0.05$)。

结论 在接受单倍体移植的儿童再生障碍性贫血中使用 UCB 辅助移植与 MSC 辅助移植、单纯单倍

体移植相比，能减轻 aGVHD 严重程度，但在造血重建、生存等方面无差异。

PO-2518

METTL3 介导的 m6A 修饰巨噬细胞极化在急性移植物抗宿主病中的作用

苏艳
郑州大学第一附属医院

目的 探索 m6A 修饰相关蛋白 METTL3 表达及自噬水平在 aGVHD 中的作用

方法 采用流式、免疫荧光、免疫组化法检测 aGVHD 患者巨噬细胞表型；m6A 比色法分析 aGVHD 患者巨噬细胞 m6A 水平；采用人巨噬细胞系 THP-1 及小鼠原代细胞 BMDM，体外诱导成 M1/M2 型巨噬细胞，RT-PCR、Western-blot 的方法比较巨噬细胞中 METTL3、LC3、p62、Arg1、iNOS、METTL3、TFEB、p-TFEB 的表达；构建 Mettl3 质粒及 siRNA，体外干预 Mettl3 的表达，检测巨噬细胞的表型、自噬水平变化，及 TFEB 的表达及活性；构建 aGVHD 小鼠模型，HE 病理切片、临床评分、生存分析评估 METTL3 小分子抑制剂对 aGVHD 的治疗作用。

结果 初步揭示 aGVHD 中 M1 型巨噬细胞比例占优势；与对照组相比，aGVHD 患者 m6A 水平增加；M1 型巨噬细胞中 METTL3 表达明显升高，p-TFEB 表达下降，LC3II 表达增加、p62 表达下降；降低 METTL3 后，p-TFEB 表达上调，自噬水平升高，M2 的表面标志物表达增加；小鼠模型中，与接受 PBS 的 aGVHD 组相比，应用 METTL3 小分子抑制剂 STM2457 治疗明显减轻了小鼠脱毛、腹泻、弓背、体重下降、活动度减低等相关临床症状，降低靶组织病理及临床评分，延长小鼠生存期。

结论 METTL3/TFEB 轴通过调控自噬水平改变 M1/M2 极化进而影响 aGVHD 严重性

PO-2519

复发/难治性 Ph 阴性急性 B 淋巴细胞白血病短程免疫治疗桥接异基因造血干细胞移植治疗模式探索

张娜、夏效升、刘欣蔚、白庆成、高广勋
中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 针对复发/难治性 Ph 阴性急性 B 淋巴细胞白血病缺乏特异性靶向药、严重感染无法耐受强化疗等困境，探索短程免疫治疗桥接异基因造血干细胞移植 (Allo-HSCT) 的治疗模式。

方法 2021 年 6 月-2023 年 11 月就诊于空军军医大学第一附属医院血液科的 10 例复发/难治性 Ph 阴性 B-ALL 患者，包括：常规化疗后复发及未缓解、骨髓抑制期出现严重感染且无法耐受再次化疗的患者，给予短程倍利妥单抗桥接 Allo-HSCT，急性移植物抗宿主病 (GVHD) 预防基于环磷酰胺 (PTCy)。分析患者临床特征、粒细胞植入时间、血小板植入时间、病毒感染、aGVHD、生存状况等。

结果 10 例 Ph 阴性 B-ALL 患者，男性 3 人，女性 7 人，中位年龄 34 岁 (20-56 岁)，8 患者化疗后骨髓抑制期出现严重感染，无法耐受再次化疗，其中 4 例形态学未缓解；其余 2 例为复发患者。倍利妥单抗治疗 14 天后所有患者均达完全缓解 (CR) 和流式细胞术检测的微小残留病变 (MRD) 阴性。1 例 MSD-HSCT，9 例 Haplo-HSCT，中性粒细胞植入中位时间为 17 天 (10-18 天)，血小板植入中位时间为 21 天 (13-30 天)，无患者发生严重感染或原有感染加重以及 EB 病毒感染，1 例患者出现 CMV 血症，2 例患者出现 1 级皮肤 aGVHD，未观察到 II-IV 级 aGVHD、重度 cGVHD，

截止 2024 年 5 月末次随访，中位随访 8 月（5-31 个月），所有患者均存活，原发病持续缓解。

结论 对于常规化疗不获益或无法耐受常规化疗的复发/难治性 Ph 阴性 B-ALL 患者，短程倍利妥清除 MRD 后桥接异基因造血干细胞移植能够有效控制疾病并实现生存获益。

PO-2520

ATLG 与 rATG 对重度再生障碍性贫血患儿 单倍体造血干细胞移植的疗效对比

张森林、肖佩芳、李捷、卢俊、凌婧、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 兔抗胸腺细胞球蛋白兔（rATG）与抗人 T 淋巴细胞兔免疫球蛋白（ATLG）被广泛用于行单倍体造血干细胞移植（haplo-HSCT）患者移植物抗宿主反应（GVHD）的预防。然而，两者在行 haplo-HSCT 的重型再生障碍性贫血（SAA）患儿中的疗效尚不明确。本研究旨在比较 ATLG 与 rATG 在行 haplo-HSCT 获得性 SAA 患儿中的疗效，以期为临床提供依据。

方法 研究纳入自 2016 年 10 月至 2022 年 12 月于苏州大学儿童医院行 haplo-HSCT 的 SAA 患儿。主要结局指标为总生存率（OS）、II-IV 度 aGVHD，cGVHD，次要结局指标为中性粒植入时间、血小板植入是时间、出血性膀胱炎、CMV 血症、EBV 血症。

结果 共纳入 48 例行 haplo-HSCT 的 SAA 患儿，其中 ATLG 组 14 例，rATG 组 34 例，中位移植年龄为 99.50 月。中位中性粒植入时间为 11（10-18）天，血小板植入时间为 11（7-24）天。随访截止时间为 2024 年 2 月，中位随访时间为 25.5（1-48）月。ATLG 与 rATG 组患儿的 3 年总生存率无差别（92.3% ± 7.4 % vs 94 % ± 4.1%，P=0.85）。II-IV 度 GVHD 及 3 年 cGVHD 发生率无明显差异（p=0.981，P=0.759），中性粒细胞植入时间与血小板植入时间无差别（P=0.9 与 P=0.334），3 年出血膀胱炎发生率无差别（P=0.298），ATLG 组较 rATG 组患儿 1 年内的 CMV 血症、EBV 血症发生率低（P=0.04 与 P=0.095）。

结论 对于行 haplo-HSCT 的 SAA 患儿，ATLG 与 rATG 在预后及 GVHD 预防方面作用相当，ATLG 在预防病毒感染方面可能效果更佳。

PO-2521

异基因造血干细胞移植治疗儿童 T 系急性淋巴细胞白血病 疗效及预后分析：单中心经验

张森林、肖佩芳、凌婧、李捷、卢俊、李泊涵、高莉、胡映歆、程生钦、何海龙、王易、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 急性 T 系淋巴细胞白血病（T-ALL）是一种常见的恶性肿瘤，约占儿童急性淋巴细胞白血病的 15%，较 B 系淋巴细胞白血病预后更差。异基因造血干细胞移植(Allo-HSCT)是一种可治愈此类疾病的选择。然而，Allo-HSCT 对于此类患儿的预后很少有研究报道，本研究旨在分析本中心 Allo-HSCT 对于 T-ALL 患儿的疗效及预后分析，以期为临床提供依据。

方法 研究纳入自 2014 年 8 月至 2022 年 12 月于苏州大学儿童医院行初次 Allo-HSCT 的 T-ALL 患儿。主要结局指标为 3 年总生存率（OS）、无移植物抗宿主病无复发生存率（GRFS）及累积复发率（CIR）。次要结局指标为 II-IV 度急性 GVHD（aGVHD）及 3 年慢性 GVHD（cGVHD）。无竞争事件的结局指标采用 Kaplan-Meier 法，有竞争事件的结局指标采用 Fine-Gray 检验，两组之间是否有差异采用 log-rank 检验计算 P 值。

结果 共纳入 87 例 T-ALL 患儿，其中男性 63 例，女性 24 例，中位移植年龄为 105 月。中位中性粒植入时间为 12 (9-24) 天，血小板植入时间为 12 (7-45) 天。随访截止时间为 2023 年 6 月，20 例患儿复发，22 例死亡，最常见的死亡原因为感染所致的多器官脏器衰竭。87 例患儿的 3 年 OS 为 70.5%±5.4%，GRFS 为 53.3%±5.9%，累积复发率为 25.0%±5.1%。100 天内 aGVHD 发生率为 31.0%，3 年 cGVHD 发生率为 24.1%。单因素及多因素 COX 回归及竞争风险模型分析示移植前非 CR1 为 3 年 OS、GRFS、CIR 的独立危险因素，而轻度 cGVHD 为 3 年 OS 的独立保护因素，伴有中枢神经系统白血病是患儿发生 aGVHD 的独立危险因素。

结论 Allo-HSCT 是 T-ALL 患儿可选择的一种治疗手段，移植前疾病状态对预后影响大。

PO-2522

不同益生菌补充治疗对于干细胞移植患者感染的影响

黄梦婷、石威

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 评估接受造血干细胞移植期间服用联合双歧杆菌四联活菌片及凝结芽孢杆菌活菌片（五联）相对于单独服用双歧杆菌四联活菌片（四联）的患者的临床特征，为预防移植患者感染提供初步研究依据。

方法 回顾性分析 2023 年 4 月至 2023 年 8 月在华中科技大学同济医学院附属协和医院接受造血干细胞移植治疗的同时服用了四联或五联益生菌患者的临床资料。根据他们服用的益生菌方案分为四联组（20）和五联组（32）。对于连续变量和等级资料比较采用 Mann-Whitney U 检验，对于无序分类变量比较采用卡方检验或 Fisher 精确概率法。采用二元 logistic 回归进行单因素及多因素分析，以验证预测 NGS 阳性的变量。

结果 相对于五联组，四联组患者 NGS 阳性率显著增加（60% vs. 3.1%， $p < 0.001$ ），发热性中性粒细胞减少率增加（65% vs. 28.1%， $p = 0.009$ ），发热 $\geq 38^{\circ}\text{C}$ 的中位时间更长（1.50 天 vs. 0 天， $p = 0.009$ ），且中性粒细胞植入的中位时间延长（10 天 vs. 11.5 天， $p = 0.037$ ）。多因素分析显示，五联益生菌的使用（OR = 0.017，95% CI 0.001-0.185， $p < 0.001$ ）是发生 NGS 阳性的保护因素，口腔粘膜炎（OR = 10.794，95% CI 1.503-77.502， $p < 0.018$ ）与发生 NGS 阳性的风险增加独立相关。

结论 五联益生菌方案可能有助于预防接受造血干细胞移植的患者发生感染，并且不影响患者造血重建及移植结局。

PO-2523

HLA 进化分歧在造血干细胞移植预后中的应用

贺煜棋

中国人民解放军总医院

目的 HLA 进化分歧（HED）已经被证实在肝癌肝移植后的应用，发现供者的高 HLA I 类多样性与较差的结果相关，有助于移植选择。造血干细胞移植是治愈血液系统恶性疾病的一种有效方法，而移植物抗宿主病（GVHD）是 HCT 后非复发死亡率（NRM）的主要原因。目前基于临床严重程度急性移植物抗宿主病分级系统可用于评估 NRM 的风险。然而，它缺乏治疗策略的预测价值。HED 由于与肿瘤免疫反应密切相关，且是一种容易获得的预后标志物，考虑用于评估单体型相合造血细胞移植后的患者，HED 能否被用于预测 HCT 后治疗效果，准确和及时地评估 NRM 风险，衡量 GVHD 的严重程度至关重要。

方法 选取 474 例患者，统计患者年龄、疾病、移植时疾病状态、HLA 配型情况等，进行单因素或多因素分析，研究 HED 与 GVHD、OS、死亡等关系

结果 在全相合患者中，患者 HED(HLA-class I)影响 OS，HED 越高，OS 越好；在半相合患者中，患者 HED(HLA-class I)影响 OS，HED 越高，OS 越差

结论 HED 可以作为一种造血干细胞移植后的预测标志物，且在不同类型的造血干细胞移植中有不同的意义

PO-2524

单倍体+脐带血序贯移植中干细胞植入类型的影响因素分析

陈以乔、李晓帆、陈显凌、元小红、李乃农
福建医科大学附属协和医院

目的 探讨单倍体+脐带血序贯移植中干细胞植入类型的影响因素

方法 对 2016 年 11 月至 2024 年 3 月在福建医科大学附属协和医院造血干细胞移植中心进行单倍体+脐带血序贯移植的 181 例恶性血液病患者进行回顾性分析，收集临床资料、移植物特征、移植后嵌合度等，分析不同类型干细胞植入的影响因素。

结果 181 例进行单倍体+脐带血序贯移植的患者中，单倍体干细胞植入 110 例（60.8%），脐带血干细胞植入 71 例（39.2%）。受者 DSA 阴性 112 例（61.9%）、阳性 69 例（38.1%），供者中位年龄 31 岁（8-61 岁），单倍体 CD34⁺细胞中位含量 6.29（0.79~78.1） $\times 10^6$ /kg，脐带血 CD34⁺细胞中位含量 2.00（0.1~25.7） $\times 10^5$ /kg。单倍体与脐带血干细胞 HLA 匹配位点 $\geq 5/10$ 85 例（47.2%）、HLA 匹配位点 $< 5/10$ 95 例（52.8%）。单因素分析显示，单倍体与脐带血干细胞 HLA 匹配位点数在单倍体或脐带血干细胞植入两组的差异有统计学意义（ $P=0.009$ ），而供者年龄、受者 DSA、单倍体 CD34⁺细胞量、脐带血 CD34⁺细胞量、单倍体 CD4/CD8 比值、脐带血 CD4/CD8 比值在两组的差异没有统计学意义（ $P>0.05$ ）。多因素分析显示，单倍体与脐带血干细胞 HLA 匹配位点 $< 5/10$ （HR=6.327，95%CI 0.208~0.823， $P=0.012$ ）、脐带血 CD34⁺细胞数量 $\geq 3 \times 10^5$ /kg（HR=4.138，95%CI 1.028~4.402， $P=0.042$ ）是脐带血干细胞植入的影响因素。

结论 单倍体与脐带血干细胞 HLA 匹配位点数是脐带血干细胞植入的独立影响因素。

PO-2525

内皮活化与应激指数在异基因造血干细胞移植后急性移植物抗宿主病中的预测作用

陈伟、陆丰艺、韩倩楠、胡瑾、赵欢欢、高雯暇
徐州医科大学附属第一医院

目的 探讨内皮活化与应激指数（EASIX）与异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）后急性植物抗宿主病（aGVHD）的发生严重程度及预后的相关性。

方法 回顾性分析 2016 年 1 月至 2021 年 12 月在徐州医科大学附属第一医院进行 allo-HSCT 的 87 例急性髓系白血病（AML）患者的临床资料。分析预处理前的内皮活化与应激指数（EASIX-pre）与 aGVHD 严重程度的关系，研究其对患者总生存期（OS）和无复发生存期（RFS）的影响。

结果 ROC 分析示 EASIX-pre 对 aGVHD 严重程度有较好的预测价值，并据其截断值（6.19）将其分为两组。与 EASIX-pre ≤ 6.19 组相比，EASIX-pre > 6.19 组发生 2-4 级 aGVHD 时间更短（中位时间，54.5 天 VS ? 天， $P < 0.001$ ）、OS（中位时间，54 个月 vs 未达到， $P=0.013$ ）和 RFS 更差

(中位时间, 47 个月 vs 未达到, $P=0.010$), 差异有统计学意义 ($P<0.05$)。多因素 COX 回归分析中, EASIX-pre >6.19 是影响 AML 患者 allo-HSCT 后 OS 的独立危险因素。

结论 EASIX-pre 有助于识别 AML 患者 aGVHD 的严重程度及发生时间, EASIX-pre >6.19 是 AML 患者 allo-HSCT 后 OS 的独立预后不良因素。

PO-2526

ph+急性淋巴细胞白血病应用氟马替尼 进行造血干细胞移植后维持治疗的临床疗效分析

梁晨、杨栋林、何祎、庞爱明、张荣莉、冯四洲、韩明哲、姜尔烈
中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

目的 总结 ph+急性淋巴细胞白血病应用氟马替尼进行造血干细胞移植 (HSCT) 后维持治疗的临床疗效及预后分析。

方法 回顾性分析 2019 年 6 月至 2023 年 1 月于我院行 HSCT 的 23 例 ph+急性淋巴细胞白血病 (ALL) 患者临床资料, 均采用氟马替尼进行移植后维持治疗, 对移植疗效及预后因素进行统计学分析。

结果 ①共纳入 23 例患者, 中位年龄 32 (19~56) 岁, 初诊 WBC 中位数 35.3 (5.5~139.6) $\times 10^9/L$, 接受异基因造血干细胞移植患者 17 例, 自体造血干细胞移植患者 6 例。②患者均采用清髓性预处理方案: TBI/Cy/Flu (Cla)/Ara-c 或 TBI/VP-16 (Mel)/Cy。所有患者接受外周血造血干细胞移植, 异基因移植组回输供者造血干细胞 MNC 中位数 10.48 (6.5-20.8) $\times 10^8/L$, CD34+细胞中位数 3.2 (2.5-8.8) $\times 10^6/L$ 。自体造血干细胞移植患者回输自体冻存干细胞 MNC 中位数 4.0 (2.1-12.3) $\times 10^8/L$, CD34+细胞中位数 2.1 (1.5-7.7) $\times 10^6/L$ 。所有患者均实现造血重建。移植后 3 月开始口服氟马替尼维持治疗, 至移植后 1-2 年。③异基因造血干细胞移植患者, 男 14 例, 女 3 例, BCR/ABL p190 阳性 14 例, p210 阳性 3 例。移植前疾病状态: CR1 16 例, CR2 1 例, MRD 阳性 6 例, 阴性 11 例。至随访结束, 16 例患者存活, 2 年累积总生存 (OS) 率为 94.1% (95%CI 82.9%-100.0%), 无病生存 (DFS) 率为 75.5% (95%CI 54.5%-96.5%)。复发 4 例 (23.5%), 其中血液学复发 3 例, 髓外复发 1 例 (中枢神经系统白血病)。④自体造血干细胞移植患者, 男 2 例, 女 4 例, BCR/ABL p190 阳性 4 例, p210 阳性 2 例。患者均于化疗 3 个疗程内达分子生物学完全缓解, 并持续完全缓解。至随访结束, 5 例患者存活, 2 年累积 OS 率为 83.3% (95%CI 53.5%-100.0%), DFS 率为 62.5% (95%CI 40.8%-97.6%)。复发 2 例 (33.3%), 其中血液学复发 1 例, 髓外复发 1 例 (中枢神经系统白血病)。⑤氟马替尼维持治疗耐受性好, 未观察到 III-IV 级非血液学不良反应。

结论 氟马替尼用于 ph+ALL 患者移植后维持治疗, 明显改善患者预后, 疗效肯定, 并且治疗安全性及耐受性良好。

PO-2527

急性髓系白血病患者进行自体造血干细胞移植预处理期间并发急性胰腺炎的护理干预

金子钰
中国医学科学院血液病医院

目的 本研究旨在探讨急性髓系白血病患者进行自体造血干细胞移植预处理期间并发急性胰腺炎的

护理干预，以提高患者的生存率和生活质量。

方法 我们对一名急性髓系白血病患者进行了自体造血干细胞移植预处理期间并发急性胰腺炎的护理干预。护理措施包括对急性胰腺炎的诊断和治疗、与造血干细胞移植方案的调整、并发症的预防和处理等方面的综合护理干预。

结果 经过护理团队的精心护理，患者在预处理期间并发急性胰腺炎后得到了及时有效的治疗，症状得到了缓解，并且成功完成了造血干细胞移植手术。患者在术后恢复良好，生活质量得到明显改善。

结论 通过本次个案的护理干预，我们发现对于急性髓系白血病患者进行自体造血干细胞移植预处理期间并发急性胰腺炎的护理干预，能够有效提高患者的生存率和生活质量。护理团队的专业护理干预对于此类并发症的治疗具有重要意义。同时，我们也认识到在未来的临床实践中，需要进一步完善相关护理措施和提高护理团队的专业水平，以进一步提高患者的治疗效果和生活质量。对于并发急性胰腺炎的患者，护理团队应及时处理并发症，提供全面的护理，以确保患者顺利完成移植手术并获得良好的康复效果。以提高患者的生存率和生活质量。

PO-2528

异基因移植患者移植前下呼吸道病原体定植调查

张航¹、刘徽²、牛挺¹、刘霆¹、刘志刚¹、季杰¹

1. 四川大学华西医院
2. 广安市人民医院

目的 异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）患者因为移植前长期反复住院和化疗及生物制剂的使用导致免疫力下降，容易发生机会菌的定植，并增加移植后的感染风险。使用宏基因组的二代测序（mNGS）方法，可以在支气管肺泡灌洗液（BALF）样本中快速、准确的检测出病原体。本研究的目的是通过采集BALF行mNGS，对allo-HSCT患者移植前下呼吸道病原菌定植进行调查。

方法 患者移植前行全麻下纤支镜支气管肺泡灌洗（BAL），采集BALF行mNGS检测。mNGS的结果依据2023年版《宏基因组二代测序技术在血液病患者感染病原诊断中的应用中国专家共识》进行判断。

结果 目前已纳入23例患者（男/女：11/12），年龄17-61岁，其中有18名患者诊断为急性白血病，3名为骨髓增生异常综合征，2名为T淋巴瘤母细胞性淋巴瘤。患者在行BAL时均无呼吸道感染表现，也没有发生全麻或BAL相关不良反应。mNGS的结果显示，16名（69.6%）患者检测出致病病原序列。其中9名患者检出细菌，细菌中检出率最高的是铜绿假单胞菌（3/25，13.0%），8名检出真菌，检出率最高的是耶氏肺孢子菌（7/25，30.4%），3名患者检出病毒。

结论 超过半数allo-HSCT患者在移植前存在下呼吸道病原体定植，发生率最高的为耶氏肺孢子菌，约占30.4%。

PO-2529

儿童异基因造血干细胞移植后女性生殖功能及其相关影响因素的探讨

杨丽、李捷、卢俊、胡绍燕、高莉、李泊涵、郑德菲、肖佩芳
苏州大学附属儿童医院

目的 近年来，随着造血干细胞移植在儿科疾病中的广泛应用，患儿移植后生活质量越来越受到重视。本文对移植后女性患儿生殖功能进行评估，探讨移植后其生殖功能状态及相关影响因素，为移

植前生殖保护干预提供参考。

方法 收集 2014 年 2 月至 2020 年 12 月于我院行异基因造血干细胞移植治疗后存活女性患儿的临床资料，采用 SPSS26.0 软件分析。

结果

1.136 例患儿生殖激素监测，其中 58 例卵巢早衰，7 例卵巢储备功能减退，71 例正常；110 例患儿进行子宫 B 超检查，47 例子宫体积缩小，63 例正常；分析 100 例同时监测生殖激素与子宫体积的患儿，发现卵巢功能与子宫体积改变有显著相关。

2.根据卵巢功能分组并纳入多因素 Logistic 回归分析，移植时年龄、预处理时白消安（BU）、环磷酰胺（CY）的化疗剂量是患儿 POI 的独立危险因素。

3.根据子宫体积分组，移植时年龄与子宫体积改变相关，有统计学意义。4.在移植后 1 年、2 年、3 年对患儿生殖激素水平进行动态监测，组间差异无统计学意义。

结论 BU+CY 组与 TBI+CY 组相比，在卵巢功能上有显著差异，在子宫体积无差异。子宫体积缩小能够提示卵巢早衰。移植时年龄、预处理时白消安、环磷酰胺的化疗剂量是 POI 的独立危险因素。

4.移植后 1 年、2 年、3 年患儿的生殖激素水平无明显变化。

PO-2530

评价来特莫韦在地中海贫血造血干细胞移植中 预防巨细胞病毒再激活作用

黄翠凤、刘容容、杨高晖、施玲玲、刘练金、章忠明、韦振斌、赖永榕
广西医科大学第一附属医院

目的 以基线资料相似患者为对照，探讨在移植后使用来特莫韦能否减少在重型地中海贫血（TM）亲缘单倍体移植（HID-HSCT）和非亲缘异基因造血干细胞移植（MUD-HSCT）后巨细胞病毒再激活率。

方法 回顾性分析 118 例接受异基因造血干细胞移植治疗 TM 患者的临床资料。所有病例均于 2021 年 4 月至 2024 年 1 月在广西医科大学第一附属医院血液内科接受 HID-HSCT 或 MUD-HSCT。来特莫韦组患者在移植后接受来特莫韦 240mg/天预防 CMV 再激活，与基线资料相似的患者（对照组）比较。主要研究终点为第+100 天 CMV 再激活发生率。

结果 完整收集 118 例患者移植资料，中位年龄 9（2~18）岁，中位随访 17（3~34）个月。59 例接受来特莫韦，59 例为对照组，来特莫韦中位启动时间为+14（1~48）天。CMV 再激活累计发生率为 30.5%，其中来特莫韦组为 13.6%，对照组为 47.5%， $P<0.001$ 。两组 CMV 再激活出现的时间及最大病毒载量相似，其中中位出现时间为 27.5（17~92）天。来特莫韦组 CMV 持续高载量（CMV DNA $>10^3$ 拷贝/ml）时间为 5.5（1~12）天，对照组为 12（7~102）天， $P=0.008$ 。来特莫韦组和对照组中位粒系植入时间分别为+13 天、+12 天，中位血小板植入时间分别为+16 天、+13 天。本文 118 例患者中 2-4 度 aGVHD 28 例（23.7%），3-4 度 aGVHD 8 例（6.8%），EB 病毒再激活 7 例（5.9%），真菌感染 10 例（8.5%）和败血症 17 例（14.4%），两组患者并发症相似。其中 1 例来特莫韦组患者死于严重肺部感染，1 例对照组患者死于肝衰竭。

结论 本研究证实，对于接受亲缘单倍体和非亲缘异基因造血干细胞移植的重型地中海贫血患者，在移植后使用来特莫韦，具有明显的临床获益，其中包括明显降低了 CMV 再激活的发生率，同时无合并严重移植相关并发症。对于接受亲缘单倍体和非亲缘供者造血干细胞移植治疗的重型地中海贫血患者，应使用来特莫韦预防 CMV 再激活。

PO-2531

脐血辅助亲缘单倍体造血干细胞移植 在儿童难治/复发急性白血病中的临床观察

杨晓晨、吴晓晨、解姣、王易、何海龙、肖佩芳、胡绍燕、卢俊
苏州大学附属儿童医院

目的 观察脐血（umbilical cord blood，UCB）输注辅助亲缘单倍体造血干细胞移植（haploidentical hematopoietic stem cell transplantation，haplo-HSCT）治疗儿童难治/复发急性白血病的临床疗效，并探讨该移植方式对预后的影响。

方法 收集 2020 年 1 月至 2023 年 6 月在苏州大学附属儿童医院行亲缘单倍体造血干细胞移植的难治/复发急性白血病患儿的临床资料，根据移植物中是否加用脐血辅助，将研究对象分为 UCB+haplo-HSCT 组和 haplo-HSCT 组，比较两组造血重建时间、生存预后等方面是否存在差异。

结果 共有 156 例患儿纳入研究，UCB+haplo-HSCT 组 76 例，haplo-HSCT 组 80 例。UCB+haplo-HSCT 组围植入综合征（engraftment syndrome，ES）的发生率高于 haplo-HSCT 组（68.4%vs43.8%， $P=0.002$ ）；UCB+haplo-HSCT 组 I-II 度肠道 aGVHD 的发生率明显低于 haplo-HSCT 组（3.9%vs20.0%， $P=0.002$ ）。156 例患儿中，UCB+haplo-HSCT 组与 haplo-HSCT 组 2 年 OS、LFS、CIR、TRM 无统计学差异。移植前 MRD 阳性的 37 例患儿中，UCB+haplo-HSCT 组（22 例）2 年 CIR 率明显低于 haplo-HSCT 组（15 例），具有统计学差异（19.4%vs62.9%， $P=0.012$ ）。

结论 与 haplo-HSCT 组相比，UCB+haplo-HSCT 组：1、移植后 ES 的发生率高。2、I-II 度肠道 aGVHD 的发生率更低。3、在移植前 MRD 阳性的患儿中，能改善移植后 CIR。

PO-2532

移植前患者骨髓单个核细胞端粒长度对急性髓系 白血病异基因造血干细胞移植术后预后的影响

薛明芳
贵州医科大学附属医院

目的 异基因造血干细胞移植是目前急性髓系白血病最重要的治疗手段。但移植后复发始终是影响患者生存的主要不良事件。端粒是真核细胞染色体末端维持染色体基因组的稳定及延缓 DNA 序列丢失的结构。前期发现移植前患者骨髓单个核细胞端粒长度过长是移植后短期内复发的危险因素，为进一步探究患者移植前端粒长度对移植预后的影响，我们采集近 3 年来在贵州医科大学附属医院血液移植病房接受异基因造血干细胞移植治疗的 AML 患者移植前骨髓单个核细胞，检测其平均端粒长度，并对这部分患者进行随访，借此探究端粒长度与移植后预后之间的相关性。

方法 本研究收集自 2020 年 6 月至 2023 年 6 月在贵州医科大学附属医院血液科接受异基因造血干细胞移植的 AML 患者共 246 例。其中同胞全相合移植 54 例，同胞半相合移植 192 例，供者年龄 <40 岁 163 例，≥40 岁 83 例。检测样本为患者移植前完全缓解状态下的骨髓单个核细胞。使用 Ficoll-Hypaque 密度离心分离提取骨髓单个核细胞。采用目前端粒长度检测的金标准（TRF 法）检测端粒长度。使用线性回归分析患者年龄与端粒长度之间的相关性，分别使用四分位法及前期小样本研究中 ROC 曲线所得最佳界值点作为端粒长度的分组依据，使用 K-M 曲线计算生存率，单因素分析使用 log-rank 检验，多因素分析使用 COX 回归。

结果 将供者端粒长度根据四分位法分组，供者短端粒对患者的 OS、RFS 无显著影响（ $p=0.06$ 、 $P=0.06$ ）；将年龄纳入考虑后发现非中老年供者（≤40 岁）中供者长端粒组拥有更长的 OS 及

RFS ($p=0.047$)；COX 多因素回归分析发现供者长端粒是移植后 OS 的独立保护因素 (HR=0.349, 95%CI 为 0.123-0.991, $p=0.048$)。将供者端粒长度根据 ROC 曲线进行分组, 供者短端粒 (TL<6.15kb) 组具有更差的 OS 及 RFS ($p=0.015$, $p=0.005$)，将年龄纳入考虑后发现非中老年供者 (≤ 40 岁) 中供者长端粒 (TL ≥ 6.15 Kb) 组拥有更好的 OS 及 RFS ($p<0.001$, $p<0.001$)；COX 多因素回归分析发现, 供者长端粒 (TL ≥ 6.15 Kb) 不是移植后 OS 的独立保护因素 (HR=0.59, 95%CI 为 0.32-1.08, $p=0.086$)，但却是移植后 RFS 的独立保护因素 (HR=0.43, 95%CI 为 0.21-0.9, $p=0.025$)。

结论 我们发现更长的供者端粒均一定程度上预示着更好的移植后 OS 和 RFS，但在中老年供者 (>40 岁) 中这一影响因素则不显著，可能意味着年龄因素覆盖端粒长度影响。多因素分析中发现在四分位法分组条件下更长的供者端粒是移植后 OS 的独立保护因素，在 ROC 曲线分组条件下则是 RFS 的独立保护因素，这提示虽然供者长端粒相较于短端粒对移植后预后更有利，但目前对于界值点的选择仍存在较大局限性，需要更精确的分组方法以得出对预后有利端粒长度的最佳界值点。

PO-2533

来特莫韦可降低再障患者移植后活化 T 细胞的比例

周睿卿、莫文健、陈寅春、陈小卫、周铭、张玉玲、王彩霞、黎宇苗、
许世林、何晓晴、赵金荣、吴亮亮、刘雨丰、王顺清
广州市第一人民医院

目的 人巨细胞病毒 (HCMV) 仍然是造血干细胞移植 (HSCT) 后受者感染的主要病原体之一。近年来研究认为来特莫韦 (LTV) 可安全有效地降低巨细胞病毒感染的风险。然而, LTV 对免疫重建的影响需要进一步探索。本研究的目的是检测异基因造血干细胞移植后 LTV 预防期间免疫表型为 CD8⁺CD38⁺HLA-DR⁺的活化 T 细胞比例。

方法 为减少混杂因素, 纳入原发病为再障且预处理方案一致的患者 40 例。在移植后+1w、+2w、+3w、+4w、+5w、+6w、+7w 及+8w 用流式细胞术检测 CD8⁺CD38⁺HLA-DR⁺的活化 T 细胞比例, 排除发生 II-IV 度 GVHD 和/或有明确感染的患者 15 例。将 25 例患者按照是否予来特莫韦预防分为来特莫韦预防组 ($n=15$) 及对照组 ($n=10$) 两组。统计分析两组 CD8⁺CD38⁺HLA-DR⁺的活化 T 细胞比例差异, 并比较移植后 6M 内感染及+9w 起 GVHD 发生率。来特莫韦预防组在移植后+7d 至+100d 给药。

结果 来特莫韦预防组 CD8⁺CD38⁺HLA-DR⁺的活化 T 细胞比例低于对照组 ($P=0.0081$)。来特莫韦预防组仅 1 例发生 CMV 血症并在更昔洛韦治疗后 1 周转阴；对照组 6 例发生 CMV 血症, 予更昔洛韦和/或膦甲酸钠治疗后 5 例转阴 (转阴中位时间 13.6 天), 1 例发生 CMV 肠炎, 抗 CMV 治疗 2 月后好转。来特莫韦预防组上呼吸道感染及肺炎发生率高于对照组。+9w 起 GVHD 发生率无统计学差异。

结论 来特莫韦可有效降低再障患者异基因造血干细胞移植后 CMV 血症及 CMV 病风险。来特莫韦可降低再障患者移植后免疫表型为 CD8⁺CD38⁺HLA-DR⁺的活化 T 细胞的比例；下降后对其他病原体感染及 GVHD 的影响有待进一步研究。

PO-2534

造血干细胞移植患者心理护理干预的范围综述

王佳雪、靳彩云、刘玉秋

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 对造血干细胞移植患者治疗期间产生的心理问题及心理护理对策的相关研究进行范围综述，梳理心理问题类型及原因、心理护理对策及干预效果等，为促进造血干细胞移植患者心理健康提供参考依据。

方法 按照澳大利亚乔安娜布里格斯研究所发布的范围综述指南，计算机检索 PubMed、Embase、CINAHL、Web of Science、Cochrane Library、中国知网、万方数据库、维普中文科技期刊数据库、中国生物医学文献数据库中有造血干细胞移植患者心理护理干预的研究，检索时限为建库至2024年5月27日。研究者根据纳入排除标准筛选文献、提取相关资料、进行文献质量评价，并对纳入文献进行汇总和分析。

结果 纳入8篇文献，造血干细胞移植期间患者产生负面心理的发生率较高，对其的心理护理干预形式主要为线上或线下；干预要素包括患者家属支持、护患关系建立、心理安慰、建立治疗信心等；结局指标主要为患者的心理压力程度、患者依从性等。

结论 心理护理干预对造血干细胞移植患者改善心理问题具有积极影响。但未来研究仍需进一步延伸心理护理干预的应用、丰富干预内容及形式、制订规范的评价标准，纳入领域专业人员以探求造血干细胞移植患者心理护理的最佳赋能护理干预方案。

PO-2535

异基因造血干细胞移植治疗恶性血液病 中枢神经系统受累 83 例疗效分析

汪文静、费新红、顾江英、杨帆、李婷婷、刘文雅、宋佳殷、王静波

航天中心医院

目的 中枢神经系统是恶性血液病最易累及的髓外部位，该部分患者治疗困难、预后差。本研究旨在探讨异基因造血干细胞移植治疗恶性血液病中枢神经系统受累的疗效。

方法 本研究对本中心2012年7月至2022年12月收治的83例恶性血液病中枢神经系统受累患者进行回顾性分析。

结果 全部83例患者中，男58例，女25例；儿童27名，成人56名，中位年龄25岁（3-64岁）；急性髓系白血病40例，急性淋巴细胞白血病30例，慢性粒细胞白血病7例，T淋巴母细胞白血病/淋巴瘤4例，淋巴瘤2例；移植前骨髓完全缓解33例，未缓解50例。成人均采用以全身照射为主预处理方案，其中17例患者联合全脑全脊髓放疗；21例儿童患者采用以全身照射为主预处理方案，其中6例患者联合全脑全脊髓放疗，其余6例儿童患者采用改良伊达比星联合白消安+环磷酰胺方案。粒系累计植入率为100%，中位时间13（9-28）天；血小板累计植入率为86.75±0.15%，中位时间16（6-70）天。中位随访时间为559（26-4053）天；整体生存率为46.20±0.06%，无病生存率为43.10±0.06%，累计复发率为28.25±0.26%，非复发死亡率为33.22±0.30%。

结论 异基因造血干细胞移植是治疗恶性血液病中枢神经系统受累的安全、有效方法。

PO-2536

1 例骨髓增生异常综合征(伴骨髓纤维化) 中老年患者持续 60 天粒缺期行二次单倍体造血干细胞移植联合脐血以及供者血小板治疗初次移植后 DSA 抗体强阳性致原发性植入失败的护理

刘玉秋、张丽雪、解文君

中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 总结 1 例骨髓增生异常综合征(伴骨髓纤维化) 中老年患者初次移植后 DSA 抗体强阳性致原发性植入失败, 在长达 60 天的极重度粒缺期挽救性行二次单倍体造血干细胞移植联合脐血以及供者血小板输注治疗后造血成功植入的护理经验, 为临床类似病人的护理提供参考。

方法 2024 年 1 月, 我科室收治一例骨髓增生异常综合征(伴骨髓纤维化) 中老年患者, 与其次女 HLA 半相合, DSA 强阳性, 为行造血干细胞移植入院。首次移植+28d, 粒细胞仍未植入, STR 示: 原发性植入失败, 患者随时可能因长期严重粒缺, 免疫力丧失而出现休克、呼吸衰竭、多器官衰竭而危及生命。针对此例特殊案例, 我科室成立了由移植中心主任 1 名、主治医生 1 名、5 年以上移植护理经验的主管护师 4 名共同组成目标管理小组。团队通过回顾文献, 总结增加干细胞植入成功的因素, 经评估患者整体健康状况以及实际情况在患者持续 60 天粒缺期后选择其长女进行挽救性二次移植; 通过优化治疗方案, 加强使用利妥昔单抗、大剂量免疫球蛋白清除封闭 DSA 抗体, 联合使用脐血以及供者血小板促进粒细胞植入; 同时对科室护士进行不同种类细胞的输注培训, 加强回输管理; 加强心理护理, 减轻患者焦虑情绪。因患者持续 60 天处于严重粒缺期, 该患者二次移植围术期感染控制也是护理上的另一难点。加强机体血细胞动态变化的监测; 通过强化药品和器械管理、加强生活护理、严格监控住院环境、严格医护人员手卫生预防患者继发感染; 加强发热护理, 密切观察患者生命体征变化、为避免高热, $T > 37^{\circ}\text{C}$ 时, 遵医嘱给予退热药物对症处理, 密切监测血压及尿量, 预防休克。

结果 通过精心治疗与护理, 二次移植后+19d, 粒系顺利植活。+21d 患者转至普通病房, 随访至移植后+43d, 患者情况良好。

结论 该例病例表明, 原发性植入失败且长期处于粒缺期患者行二次单倍体移植联合脐血、供者血小板输入促进细胞植入是可行的, 但需要掌握适应症和时机。在治疗过程中, 清除 DAS 抗体、促进植入的细胞以及药物的使用至关重要, 同时护理工作的细致入微也是确保治疗效果的关键。该例病例的成功治疗为类似情况的临床实践提供了有益的参考。

PO-2537

重组人血小板生成素对异基因造血干细胞移植后造血重建的安全性及有效性的回顾性队列研究

宫蕾、秦大兵、徐双年、陈洁平

中国人民解放军陆军军医大学第一附属医院

目的 观察重组人血小板生成素 (rhTPO) 对异基因造血干细胞移植后造血重建的安全性及有效性。

方法 回顾性分析我中心自 2008 年 1 月至 2023 年 3 月 245 例接受异基因造血干细胞移植患者, 根据在移植后是否使用重组人血小板生成素 (rhTPO) 分为两组, rhTPO 组 182 例, 对照组 63 例。比较两组患者血小板、粒系植入时间及血小板植入率, 血小板植入延迟发生率, 输注血小板数量及出血 4 级发生率, 2 年 OS。同时观察用药期间是否出现药物相关不良反应。

结果 所有纳入研究患者中, 男性 147 例, 女性 98 例; 中位年龄 31 岁, 年龄范围 6~59 岁。

rhTPO 组相比对照组：血小板植入时间缩短 6.3 天 ($P<0.001$)；血小板恢复到 $50\times 10^9/L$ 的时间缩短 7.8 天 ($P<0.001$)；粒细胞植入时间缩短 3.5 天 ($P=0.001$)。两组的小血小板输注数量 (5.4 治疗量 vs.5.9 治疗量, $P=0.587$)、血小板植入率 (98.4% vs.95.2%, $P=0.178$)、血小板植入延迟发生率 (1.1% vs.4.8%, $P=0.109$)、出血 4 级发生率 (1.6% vs.3.2%, $P=0.605$)、2 年 OS (65.0% vs.61.9%, $P=0.685$) 均无显著性差异。rhTPO 组患者用药期间未发现药物相关不良反应。
结论 异基因造血干细胞移植后使用重组人血小板生成素 (rhTPO) 可以显著缩短血小板及粒细胞植入时间, 安全有效。

PO-2538

大剂量美法仑预处理方案的潜在中枢神经系统危害： 两例 case 分享

葛佳颖、丁胜男、刘依、尹雪娇、姚秋妹、朱莉、赵淑琪、陈瑜、佟红艳、孟海涛、尤良顺
浙江大学医学院附属第一医院

目的 探讨大剂量美法仑预处理方案在自体造血干细胞移植中潜在的神经系统危害。

方法 对 2 例自体造血干细胞移植患者使用大剂量美法仑后产生神经系统不良反应的原因进行分析与讨论, 为临床医生提供治疗建议。

结果 患者 1 和患者 2 分别明确诊断“多发性骨髓瘤”和“系统性淀粉样变性”1 年余, 拟行自体造血干细胞移植 (Auto-HSCT) 治疗。2 例患者分别于静脉注射大剂量美法仑 ($200\text{mg}/\text{m}^2$) 6 小时和 8 小时后发生癫痫和肌肉震颤, 予丙戊酸钠和左乙希拉坦片对症治疗, 降低第二剂美法仑用量 ($150\text{mg}/\text{m}^2$), 同时左乙希拉坦片 (500mg , po, bid) 维持治疗 3 个月。2 例患者行 Auto-HSCT 前无神经系统损害症状, 既往无癫痫、肌肉震颤史, 且起病时头颅 MRI 和电解质水平均正常, 考虑排除原发疾病和电解质紊乱引起的神经症状, 大剂量美法仑是其主要诱因。

结论 临床医生应重视大剂量美法仑的神经系统不良反应, 及时评估, 调整治疗方案, 保证药物治疗的安全性和有效性。

PO-2539

Four-drug combination therapy for VOD prophylaxis after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation

Qiang Gong, Dabin Qin, Shuangnian Xu, Jieping Chen
Department of Hematology, Southwest Hospital, Third Military Medical University

Objective Hepatic sinusoidal occlusion syndrome (SOS) or venous occlusive disease (VOD) is a common complication of allogeneic Hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). The mortality of patients with severe VOD is extremely high. It is of great significance to explore prophylaxis protocol to reduce the incidence of VOD.

Methods We conducted a single-center retrospective cohort study of 225 patients who received allo-HSCT for hematological disorders between 2008 and 2022, all of whom received four medications for VOD prophylaxis. The efficacy and safety of a combined prostaglandin E1 (PGE1), Dalteparin, low molecular weight glucan dextran (LMWD), and ursodeoxycholic acid (UDCA) prophylaxis strategy were evaluated.

Results Among 225 patients, we included patients ranging in age from 6 to 58 years, whose donors were classified as related donors (75.5%) and unrelated donors (24.5%). All patients underwent a myeloablative conditioning regimen before transplantation. Each patient had at least

one VOD risk factor, and 74.2% were at high risk for VOD (N = 167), but ultimately only two patients developed VOD, with an incidence of only 0.89%, of whom one was late-onset VOD. The bleeding rate was 32.9%, and the bleeding degree was mainly grade 1-2 (93.2%). The incidence of bleeding is the same as reported in other literature. The mortality of bleeding during transplantation was only 1.8%, which was significantly lower than the average.

Conclusion In conclusion, the results showed that four PGE1-based drugs were effective and safe in preventing VOD after allo-HSCT.

PO-2540

脾体积对异基因造血干细胞移植治疗 急性髓系白血病预后的影响研究

刘冰洁、马子薇、王颖
河北医科大学第二医院

目的 探究移植前脾体积对急性髓系白血病（AML）患者行异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）治疗预后的影响。

方法 收集 2017 年 1 月 1 日至 2022 年 1 月 1 日就诊于河北医科大学第二医院血液内科诊断为急性髓系白血病且首次行异基因造血干细胞移植治疗的 60 例患者。随访时间为 2 年。根据随机选取的 15 个正常人获得的脾体积范围（162.4~235.8cm³），将患者分为不超过正常脾体积范围的小脾体积（SSV）组和超过正常脾体积范围的大脾体积（LSV）组。回顾性分析脾体积是否对患者移植后的感染、急性移植物抗宿主病（GVHD）、疾病的复发、总生存期（OS）、非复发死亡率（NRM）存在影响。并构建多变量 Cox 回归模型来评估脾脏体积作为预后因素对 OS 的重要性。

结果 LSV 组的 OS 低于 SSV 组（2 年时为 60.5%比 86.4%;P=0.032），并且存在更高的 NRM 累积发生率（27.2%比 5%;P=0.047）。LSV 组与 SSV 组的累计复发发生率分别为 20.6%vs9.1%，可能存在临床意义，但 P=0.216，并无显著的统计学差异。移植后感染以及 GVHD 的发生在两组之间无显著差异。

结论 HSCT 时脾体积的增大与不良预后独立相关，比如会导致较差的 OS 以及较高的 NRM。疾病的复发、GVHD 的发生以及移植后的感染与脾体积无关。

PO-2541

造血干细胞移植共患病指数预测单倍体移植 治疗重型再生障碍性贫血患者的临床结局

林铭浩、徐郑丽
北京大学人民医院

目的 验证造血干细胞移植共患病指数（HCT-CI）对接受单倍体造血干细胞移植（haplo-HSCT）的重型再生障碍性贫血（SAA）患者临床结局的预测能力。

方法 回顾性分析 2006 年 1 月至 2022 年 12 月于北京大学血液病研究所接受 haplo-HSCT 治疗 530 例 SAA 患者的临床资料。根据患者的 HCT-CI 评分对患者进行分组：低危组（HCT-CI=0, n=343），中危组（HCT-CI=1, n=126），高危组（HCT-CI≥2, n=61）。

结果 移植后中位随访时间 2077（179-6640）天。低危组患者在移植后 100d 的血小板植入率明显优于中危组和高危组（92.1% vs. 86.5% vs.83.6%, P=0.014）。同时，相较于中危、高危组，低危组患者能获得更优的 5 年总生存期（OS, 91.8% vs. 83.3% vs. 70.1%, P<0.001）。多因素分析

显示, HCT-CI=1 (HR=2.09, 95% CI 1.19--3.68, P=0.011), HCT-CI \geq 2 (HR=3.60, 95%CI 1.98-6.54, P<0.001) 及既往接受 ATG 治疗 (HR=1.86, 95CI 1.11-3.13, P=0.020) 是 OS 的独立危险因素。三组组间比较中, 移植后 28d 的粒细胞植入率、急性移植物抗宿主病、巨细胞病毒血症、EB 病毒血症没有观察到统计学差异。

结论 HCT-CI 与 SAA 患者移植后的临床结局相关, 应探索 HCT-CI 高危人群的预处理方案提高疗效和安全性。

PO-2542

自体脐带血移植治疗儿童获得性再生障碍性贫血 25 例

陈姣¹、刘周阳¹、孙媛¹、竺晓凡²、刘芳²、陈霞²、詹丽萍³、黄科³、徐宏贵³、秦茂权⁴、朱光华⁴、刘嵘⁵、张朝霞⁵、钟笛箫⁵、王红美⁶、李洪娟⁶、周铭⁷

1. 北京京都儿童医院
2. 中国医学科学院血液病医院
3. 中山大学孙逸仙纪念医院
4. 首都医科大学附属北京儿童医院
5. 首都儿科研究所附属儿童医院
6. 山东省千佛山医院
7. 广州市第一人民医院

目的 分析自体脐带血干细胞移植治疗儿童获得性再生障碍性贫血 (aplastic anemia, AA) 的安全性及有效性。

方法 回顾性分析 7 家医院从 2011 年 9 月至 2024 年 3 月行自体脐带血干细胞移植治疗的 25 例获得性 AA 患儿临床资料。

结果 25 例患儿中, 中国医学科学院血液病医院 9 例, 北京京都儿童医院 5 例, 中山大学孙逸仙纪念医院 3 例, 首都医科大学附属北京儿童医院、首都儿科研究所附属儿童医院、山东省千佛山医院及广州市第一人民医院各 2 例。男 13 例 (52%), 女 12 例 (48%)。极重型 AA 20 例 (80%), 重型 AA 3 例 (12%), 输血依赖的非重型 AA 2 例 (8%)。从发病到移植的中位时间 2 (1~14) 月, 移植时中位年龄 5.5 (1.2~14.0) 岁, 中位体重 19 (9.3~59.5) kg。9 例 (36%) 移植前合并感染, 肺部感染 6 例, 皮肤粘膜感染 3 例, 肠道感染 2 例, 腹腔感染 2 例, 血流感染 1 例。1 例移植过程中感染加重 (大腿软组织疝肿), 治疗后好转。25 人均给予回输前预处理化疗, 方案 1 (9 人, 占 36%): ATG 7.5mg/kg+Flu 90~120mg/m²+CTX 30~40mg/kg; 方案 2 (9 人, 占 36%): ATG 12.5mg/kg+CTX 80mg/kg; 方案 3 (7 人, 占 28%): ATG 10~12.5mg/kg+Flu 120~150mg/m²+CTX 100~200mg/kg。回输脐带血 TNC 中位数 3.54 (0.5~23.0) $\times 10^7$ /kg, CD34+细胞中位数 0.71 (0.08~16.5) $\times 10^5$ /kg。23 人回输后使用环孢素 \pm MMF, 2 人未使用免疫抑制剂。移植后中位随访时间 52 (2~148) 月。25 例均植入成功, 白细胞植入中位时间为 19 (6~37) 天, 血小板植入中位时间为 32 (13~87) 天。移植后 2 例 (8%) CMV 血症, 2 例 (8%) EBV 血症, 均采用方案 3 预处理, 无脏器受累; 7 例 (28%) 细菌感染; 2 例 (8%) 真菌感染。上述感染治疗后均好转。1 例重型 AA 复发, 该患儿预处理使用方案 2, 回输脐带血 TNC 3.9×10^7 /kg, CD34+细胞 0.42×10^5 /kg, 复发后保守治疗无效, 行单倍体移植后血象恢复。25 例患者全部存活, 均脱离输血, 24 例血象恢复正常。

结论 自体脐带血干细胞移植能够安全有效地治疗获得性 AA。

PO-2543

造血干细胞移植治疗儿童肝炎相关再生障碍性贫血疗效分析

李洪娟、王红美、丁国玉、张潇月、顾艳、赵羽琦、冯惠迪、韩燕、李雪、穆锴、林子云
山东第一医科大学第一附属医院（山东省千佛山医院）

目的 探讨造血干细胞移植治疗儿童肝炎相关再生障碍性贫血(HAAA)的疗效。

方法 回顾性分析 2019 年 1 月至 2023 年 12 月在山东第一医科大学第一附属医院儿童血液科住院诊治的 12 例以急性肝功能异常后出现三系减少入院，经骨髓等检查确诊 HAAA 患儿的临床特点、供者选择及匹配情况、造血重建、移植效果等情况。

方法 入组 12 例患儿，男 7 例，女 5 例，发病中位年龄 7.75（4-17）岁，12 例患儿肝炎均为急性起病均有皮肤黄染症状，肝炎至诊断再生障碍性贫血的间隔时间为 25.37（12-60）天，12 例患儿病原学检测均阴性，患儿均存在淋巴细胞亚群（CD3 + CD4+）比例降低，（CD3 + CD8 +）比例升高，2 例患儿给予丙种球蛋白、糖皮质激素等治疗后血常规明显好转，10 例患儿予丙种球蛋白、糖皮质激素等治疗后均无明显好转接受造血干细胞移植治疗。供者来源为同胞全合 2 例、非血缘全相合 1 例、亲缘单倍体 7 例，干细胞来源为骨髓和/或外周血干细胞，回输细胞 TNC 中位数 $10.62(5.86-17.82) \times 10^8/\text{受者 kg}$ ；回输 MNC 中位数 $9.45(4.72-14.53) \times 10^8/\text{受者 kg}$ ；回输 CD34+ 中位数 $9.92(4.32-16.59) \times 10^6/\text{受者 kg}$ 。

结果 所有病例均完全植入，移植后 10 例患儿粒细胞植入中位时间 11（10-13）天，血小板植入中位时间 13（10-17）天。IV°急性 GVHD（aGVHD）患儿 1 例（亲缘单倍体，母供子），II°aGVHD 患儿 3 例，无慢性 GVHD。巨细胞病毒（CMV）和 EB 病毒血症分别为 40%（4/10）和 60%（6/10），1 例发生移植后淋巴组织增殖性疾病（PTLD）。移植后 CD4+T 细胞恢复时间 5.6（3-12）月，CD8+T 细胞恢复时间 2（1-3）月，B 细胞恢复时间 4（1-11）月，NK 细胞恢复时间 5（1-12）月。随访时间 22.16（3-42.16）月，1 例 IV°aGVHD 患儿移植后 11 月肝功能衰竭放弃治疗；其余 7 例患儿均无排异无病生存。

结论 造血干细胞移植治疗儿童肝炎相关再生障碍性贫血总体预后良好，移植后肝功能异常是影响生存的重要因素。

PO-2544

临床护理路径干预对多发性骨髓瘤患者
自体干细胞移植营养状况及并发症的影响

宾娟
广西医科大学第一附属医院

目的 探讨临床护理路径干预对多发性骨髓瘤患者自体造血干细胞移植营养状况及并发症的影响。

方法 选取 2022 年 1 月至 2024 年 5 月在我院行自体造血干细胞移植的 60 例患者，随机分为两组各 30 例。对照组采用常规护理干预，观察组采用临床护理路径干预，均持续干预 1 个月。比较两组的营养状况及并发症发生率。

结果 干预后，观察组的血清白蛋白（ALB）、前白蛋白（PA）、转铁蛋白（SF）、血红蛋白（Hb）水平高于对照组（ $P < 0.05$ ）。研究组治疗有效率 88.6% 高于对照组 71.4%（ $P < 0.05$ ）。观察组的并发症发生率为 15.08%，低于对照组的 46.33%（ $P < 0.05$ ）。

结论 多发性骨髓瘤患者进行自体造血干细胞移植过程中，实施临床护理路径的效果理想，不仅能够改善患者的营养状况，提高治疗的效果，还能够降低治疗过程中不良反应的发生，为患者术后的恢复奠定良好的基础，值得临床进一步推广应用。

PO-2545

Novel conditioning regimen in upfront auto-HSCT improves survival of peripheral T cell lymphoma

Xinyu Zuo, Wensi Qian, Min Wu, Yanhui Xie, Jiexian Ma
Huadong Hospital Affiliated to Fudan University

Objective Peripheral T-Cell Lymphomas (PTCL) often exhibit resistance to the first-line CHOP regimen, leading to a high rate of relapse or refractory disease, with a median overall survival (OS) of only 28.5 months. Upfront autologous hematopoietic stem cell transplantation (auto-HSCT) with conditioning regimens such as BEAM is recommended, yet the 5-year OS rate remains below 35%, highlighting a critical need to improve survival outcomes in PTCL patients.

In this clinical study, we compared the efficacy of a high-dose mitoxantrone-based conditioning regimen with the BEAM regimen in auto-HSCT for treating patients with newly diagnosed PTCL.

Methods A total of 64 patients, who achieved complete or partial remission after induction chemotherapy, were enrolled. Twenty-five patients received the mitoxantrone (60mg/m² on day -1), cyclophosphamide (CTX, 60mg/kg on day -1), and etoposide (30mg/kg on day -1) (MCE) regimen, while thirty-five patients were treated with the BEAM regimen, comprising melphalan (140mg/m² on day -1), cytarabine (Ara-C, 400mg/m² from day -5 to -2), etoposide (200mg/m² from day -5 to -2), and carmustine (300mg/m² on day -6). We assessed treatment response, progression-free survival (PFS), overall survival (OS), hematologic engraftment time, safety, and adverse events.

Results No significant differences were observed in the clinical characteristics or the incidence of adverse events between the two treatment groups. However, the median OS significantly favored the MCE group at 163.9 months (95% CI, 122.3-205.6 months) compared to 62.6 months (95% CI, 50.8-74.5 months) in the BEAM group (P=0.024). Similarly, the median PFS was longer in the MCE group at 87.8 months (95% CI, 65.8-109.8 months) versus 42.5 months (95% CI, 30.0-55.0 months) in the BEAM group (P=0.038). The median engraftment time was 15.5 days for the MCE group and 13 days for the BEAM group.

Conclusion Auto-HSCT with the MCE conditioning regimen is safe, tolerable, and appears to significantly improve the prognosis of PTCL patients, offering a promising alternative to the current standard of care.

PO-2546

脐带间充质干细胞用于治疗急性移植物抗宿主病的疗效及安全性研究

张凌凤、杨秀秀、韩奇洋、张晓颖、陈尚钧、方玥琨、黄巧林、王娜、张义成
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 探讨脐带间充质干细胞 (MSCs) 治疗异基因造血干细胞移植后急性移植物抗宿主病 (aGVHD) 的疗效与安全性。

方法 回顾性分析我院 2021 年 1 月至 2023 年 12 月接受免疫抑制剂联合脐带 MSCs 治疗的 III 度以上 aGVHD 患者 30 例, 描述患者一般情况及预后、MSCs 治疗效果及安全性, 比较回输时间点对疗效的影响及回输前后患者血象变化情况。

结果 30 例患者总体客观缓解率 (ORR) 为 70%, 其中 17 例 (56.67%) CR, 4 例 (13.33%) PR, 9 例 (30%) NR。患者使用 MSCs 期间均未出现输注相关不良反应。中位随访时间为 165 (27, 1398) 天, 3 年 OS 为 53.08%。发病 2 周内回输 MSCs 的疗效优于 2 周后回输 (P<0.05)。回

输 MSCs 30 天后白细胞、中性粒细胞及血小板计数减少 ($P < 0.05$)。

结论 脐带 MSCs 治疗移植后重度 aGVHD 是有效和安全的。

PO-2547

基于三维质量结构理论模型构建单人无菌室开展自体造血干细胞移植病房管理质量评价指标体系

吴芳芳、王丽、杜欣

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 建立一套客观、科学、实用的单人无菌室开展自体造血干细胞移植病房管理质量评价指标体系。

方法 通过文献检索和质性访谈，基于“三维质量结构理论”基础上，进行问卷指标初步拟定。采用德尔菲专家咨询法对初拟指标进行初筛，通过层次分析法确定各项指标的权重，构建自体造血干细胞移植病房管理质量评价指标体系。

结果 本研究最终拟定单人无菌室开展自体造血干细胞移植病房管理质量评价指标体系，共包含 3 个一级指标，7 个二级指标和 59 个三级指标，各级指标专家选择意见逐步趋同。

结论 该指标体系的构建为单人无菌室开展自体造血干细胞移植病房管理标准化，降低感染风险，提高患者预后，促进造血干细胞移植专科护理质量的提高。

PO-2548

长效粒细胞集落刺激因子联合重组人促血小板生成素在自体造血干细胞移植动员中的应用

肖月、邓明扬

中南大学湘雅二医院

目的 探讨长效粒细胞集落刺激因子 (PEG-rhG-CSF) 联合重组人促血小板生成素 (rhTPO) 在淋巴瘤及多发性骨髓瘤患者自体造血干细胞动员中的有效性及安全性。

方法 选取 2021 年 8 月至 2022 年 12 月在中南大学湘雅二医院层流病房行自体造血干细胞移植的 42 例淋巴瘤和多发性骨髓瘤患者，比较化疗联合粒细胞集落刺激因子 (G-CSF) 组与依托泊苷联合阿糖胞苷 (EA 方案)、PEG-rhG-CSF、rhTPO 组的动员效果以及自体移植疗效。

结果 42 例患者均顺利完成自体造血干细胞采集及后续的预处理，自体干细胞回输和造血重建，无一例出现移植相关死亡。EA 方案联合 PEG-rhG-CSF+rhTPO 的新动员方案组 21 例均一次采集成功，同时达到了优质动员的标准，且采集量 $\geq 10.0 \times 10^6/\text{kg}$ 有 17 例，采集的 CD34+ 细胞和单个核细胞 (MNC) 计数中位值分别为 $23.71(8.48-98.04) \times 10^6/\text{kg}$ 和 $2.94(0.86-5.71) \times 10^8/\text{kg}$ ；常规化疗联合 G-CSF 组采集的 CD34+ 细胞和 MNC 计数中位值分别为 $4.65(2.00-13.09) \times 10^6/\text{kg}$ 和 $3.76(1.25-10.1) \times 10^8/\text{kg}$ 。新动员方案组在所采集的 CD34+ 细胞数和首日采集的优良率上均显著高于常规方案组 (100% 和 23.81%， $P < 0.05$)，在采集成功率 (100% 和 80.95%， $p > 0.05$) 上差异无统计学意义，新方案组的血小板的植入时间短于常规动员方案组。

结论 在淋巴瘤和多发性骨髓瘤患者中，采用 EA 方案联合 PEG-rhG-CSF 及 rhTPO 进行自体造血干细胞动员具备了采集优良率高，采集次数少，采集量大，不良反应少，经济负担小等优点。

PO-2549

宏基因组二代测序在异基因造血干细胞移植后 耶氏肺孢子菌肺炎诊断中的意义

李岩
郑大一附院

目的 评估宏基因组二代测序（mNGS）对异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）患者耶氏肺孢子菌肺炎（PJP）的诊断价值。

方法 纳入 2019 年 6 月至 2023 年 8 月南方医科大学南方医院血液科 allo-HSCT 后疑似肺感染并接受肺泡灌洗液病原学检测的 98 例患者，比较 mNGS 与常规方法，实时定量 PCR（RQ-PCR）对 PJP 的诊断效能。

结果 12 例患者最终诊断为 PJP（确诊 11 例/临床诊断 1 例）。确诊患者 1 例为常规方法和 RQ-PCR 检测均为阳性，10 例仅 RQ-PCR 阳性。12 例患者 mNGS 均检出耶氏肺孢子菌。mNGS 诊断 PJP 的敏感性为 100%，高于常规方法（8.3%， $P=0.001$ ），与 RQ-PCR（91.6%）相当（ $P=1.000$ ）。75% 的 PJP 患者为肺混合感染，合并 EB 病毒和巨细胞病毒最为常见。mNGS 检出混合感染 8 例，RQ-PCR 检出 5 例，常规方法未检出（ $P=0.008$ ）。

结论 mNGS 在 allo-HSCT 患者 PJP 诊断中具有良好的敏感性，在混合感染病原检测方面具有优势，可作为常规检测方法及 RQ-PCR 的有效补充。

PO-2550

去甲基化药物在预防儿童高危急性髓系白血病 异基因造血干细胞移植后复发的研究

王庆伟、吉奇、程生钦、肖佩芳、卢俊、李捷、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 去甲基化药物（HMAs）在儿童高危 AML 异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）后预防性维持治疗的有效性及其可行性。

方法 回顾性分析苏大附儿院因高危、难治/复发 AML 行 allo-HSCT 患儿的病例资料（首次 allo-HSCT）。共 173 例患儿纳入研究，其中 53 例行 HMAs 预防性维持治疗为试验组，120 例未给予 HMAs 为对照组。比较两组患者的 OS、RFS 和 EFS，并观察试验组的毒副作用。

结果 两组患儿一般临床资料无统计学差异（ $P>0.05$ ），中位随访时间为移植后 21 月（1 月-49 月）。HMAs 治疗的中位起始时间为移植后 123 天（36-354 天），中位治疗时间为 4 个疗程（1-12 疗程）。HMAs 治疗期间未发生致死性不良事件（AE），常见的 3-4 级 AE 有中性粒细胞减少（60.4%）、肝功能异常（13.2%）、感染性疾病（9.4%）、血小板减少（5.7%）、贫血（3.8%），经观察、对症治疗、中止治疗等可好转。对照组和试验组的 OS 分别为 78.3%、92.5%（ $P=0.013$ ），RFS 分别为 66.7%、90.6%（ $P=0.001$ ），EFS 分别为 61.7% vs 88.7%（ $P<0.001$ ）。对照组和试验组 aGVHD 发生率 50.8% vs 60.4%，cGVHD 发生率 48.4% vs 43.4%，两组不同分度 GVHD 间均无统计学差异。Cox 多因素分析示移植后 HMAs 预防性治疗（HR 0.231，95% CI 0.053-0.996， $P=0.049$ ）、移植前流式 MRD 阳性（HR 3.769，95% CI 1.651-8.606， $P=0.002$ ）、移植后局限性 cGVHD（HR 0.122，95% CI 0.031-0.482， $P=0.003$ ）是 OS 的独立预后因素；移植后 HMAs 预防性治疗（HR 0.143，95% CI 0.042-0.485， $P=0.002$ ）、年龄（HR 4.011，95% CI 1.795-8.963， $P=0.001$ ）、移植前 PCR 检测的 MRD 阳性（HR 3.616，95% CI 1.483-8.817， $P=0.005$ ）是 RFS 的独立预后因素。

结论 HMAs 在儿童高危 AML 移植后预防性维持治疗的安全性良好，可降低移植后复发风险，延长生存时间，在发挥 GVL 效应同时不增加 GVHD 风险。降低移植前 MRD 及移植后 HMAs 维持治疗可改善移植后 OS 及 RFS。

PO-2551

间充质干细胞辅助治疗异基因造血干细胞移植后 CMV 肺炎

刘相辉、夏欣、卞凌云、沈再红、周琨、万理萍、宋献民、童茵
上海市第一人民医院

目的 通过一项前瞻性临床研究，评估间充质干细胞用于辅助治疗异基因造血干细胞移植后 CMV 肺炎患者的疗效。

方法 自 2016 年 6 月至 2022 年 6 月，本中心共有 43 例患者在异基因造血干细胞移植后罹患 CMV 肺炎，所有患者均接受抗病毒药物治疗。其中有 24 例患者接受间充质造血干细胞输注。研究的主要终点是肺炎治愈率和治愈所用时间，研究的次要终点是罹患肺炎后的总生存期。

结果 接受间充质干细胞输注的 CMV 肺炎患者的治愈率高于单用抗病毒药物的患者（79% vs. 63%， $p=0.245$ ），治愈所用时间（天数）也优于单用抗病毒药物的患者（39[14-142] vs. 54[6-157]， $p=0.765$ ），但主要终点的统计学意义并不显著。两组患者罹患肺炎后的总生存期存在显著差异，间充质干细胞的输注提高了患者的总生存期，2 年总生存率为 74% vs. 50%， $p=0.034$ 。

结论 异基因造血干细胞移植后 CMV 肺炎的高致死率导致患者预后较差，而输注间充质干细胞可以提高患者的总生存期。这种辅助疗法也可以提高肺炎治愈率、缩短治愈所用时间，但效果并不显著。间充质干细胞在移植后肺炎患者中的治疗意义仍待进一步探究。

PO-2552

供者特征对异基因造血干细胞移植疗效的影响研究

付璐瑶、尼玛央金、王钰琪、王晓宁、贺鹏程
西安交通大学第一附属医院

目的 探索供者年龄、性别、相合程度不同对异基因造血干细胞移植疗效的影响。

方法 选取 2010 年 1 月-2023 年 12 月于西安交通大学第一附属医院血液内科行异基因造血干细胞移植的血液病患者及供者 605 对纳入队列研究，随访移植后急慢性移植物抗宿主病（GVHD）、复发及生存情况。分析供者相关危险因素对移植结局的影响。绘制 K-M 曲线，探索年龄对移植后的生存、复发的影响，并分析供者均为非最佳时如何选择。

结果 年长供者的移植后生存率更低（OR=0.688； $P=0.045$ ），复发率更高（OR=1.757； $P=0.025$ ），急性 GVHD 发生的风险高（OR=1.366； $P=0.060$ ），倾向于发生重度急性 GVHD（OR=1.477； $P=0.080$ ）。女性供者男性受者的组合移植后慢性 GVHD 发生率更高（OR=1.757； $P=0.088$ ）。半相合供者移植后更易发生急性 GVHD（OR=1.683； $P=0.016$ ），但重度急性 GVHD 发生的风险低（OR=0.650； $P=0.073$ ），慢性 GVHD 发生率低（OR=0.520； $P=0.003$ ）。生存分析中，年长供者对移植后总生存期（ $P=0.021$ ）及无进展生存期（ $P=0.002$ ）有负面影响。年轻半相合比年长全相合供者移植后发生慢性 GVHD 的风险更低（ $P=0.037$ OR=0.521）；男性半相合比女性全相合供者移植后慢性 GVHD 发生率低（ $P=0.020$ OR=0.509）而急性 GVHD 的发生率高（ $P=0.042$ OR=1.810）。血缘相关半相合比非血缘全相合供者移植后生存率更高（ $P=0.013$ OR=2.388）。

结论 34 岁以上、女性供者男性受者的性别组合、半相合移植是移植后不良结局的独立危险因素；高龄供者负向影响移植后的总生存期和无进展生存期。异基因造血干细胞移植的最佳供者为 HLA

全相合的年轻男性。供者均为非最佳时优先考虑 34 岁及以下、血缘相关，而非 HLA 相合程度。

PO-2553

异基因造血干细胞移植后 CMV 血症抢先治疗时机的探索

李瑞旭

西安交通大学第二附属医院/西北医院

目的 回顾性分析抢先治疗异基因造血干细胞移植后巨细胞病毒 (CMV) 感染的临床意义。

方法 在本中心接受异基因造血干细胞治疗的 139 例患者，采用荧光定量 PCR 监测 CMV-DNA，并根据其结果抢先治疗，分析抢先治疗对于阻止 CMV 血症发展成为 CMV 相关疾病的意义，并分析 CMV 血症的相关影响因素以及 CMV 血症对血液病患者 OS、PFS、累积复发率 (CIR) 和 aGVHD、cGVHD 累积发生率的影响。

结果 (1) 本中心将 1 次外周血清中 CMV-DNA > 500 copies/ml 定义为 CMV 血症阳性，并开始抢先治疗，139 例患者中 84 例 (60.40%) CMV 血症阳性，CMV-DNA 初次阳性的中位时间为移植后 31 (21~41) d，经抢先治疗后 7 例发生 CMV 相关疾病，发生率为 5.0%，无 CMV 相关疾病死亡。

(2) 多因素分析显示 aGVHD、cGVHD、EBV 感染是发生 CMV 的危险因素。(3) CMV (+) 与 CMV (-) 患者比较，CMV (-) 患者的 aGVHD 发生率低于 CMV (+) 患者 ($P=0.024$)，cGVHD 发生率低于 CMV (+) 患者 ($P=0.029$)；两者的 5 年 OS 率、DFS 率、复发率差异均无统计学意义 ($P=0.991$, $P=0.427$, $P=0.286$)。

结论 与既往文献相比，异基因造血干细胞移植后采用外周血清中 500copies/ml 为阈值抢先治疗 CMV 血症，CMV 病的发病率降低。

PO-2554

Cytology or multiparameter flow cytometry positivity in the cerebrospinal fluid before transplantation is predictive of poor outcomes after allotransplantation in acute myeloid leukemia patients

Guomei FU, Li-juan Hu, Yuan-yuan Zhang, Ya-zhe Wang, Ya-zhen Qin, Yue-yun Lai, Hong-xia Shi, Hao Jiang, Xiao-hui Zhang, Lan-ping Xu, Yu Wang, Qian Jiang, Xiao-jun Huang, Ying-jun Chang
People's Hospital of Peking University

Objective To explore whether using more sensitive tools, such as multiparameter flow cytometry (MFC), to detect blasts in the cerebrospinal fluid (CSF) would have an impact on outcome.

Methods We retrospectively analysed the clinical outcomes of 1472 AML patients with or without cytology or MFC positivity in the cerebrospinal fluid before transplantation. Abnormal cerebrospinal fluid (CSF+) was detected via conventional cytology (CC) and MFC in 44 patients at any time after diagnosis. A control group of 175 CSF-normal (CSF-) patients was generated via propensity score matching (PSM) analyses according to sex, age at transplant, and white blood cell count at diagnosis.

Results Compared to those in the CSF-negative group, the CC+ and MFC+ groups had comparable 8-year non-relapse mortality (NRM) (4%, 4% and 6%, $P = .82$), higher cumulative incidence of relapse (CIR) (14%, 31% and 32%, $P = .007$), lower leukemia-free survival (LFS) (79%, 63% and 64%, $P = .024$) and overall survival (OS) (83%, 63% and 68%, $P = .021$), with no significant differences between the CC+ and MFC+ groups. Furthermore, multivariate analysis

confirmed that CSF involvement was an independent factor affecting OS and LFS.

Conclusion Our results indicate that pretransplant CSF abnormalities is an adverse factor independently affecting OS and LFS after allotransplantation in AML patients.

PO-2555

儿童 allo-HSCT 后肠道 GVHD 合并 TA-TMA 的临床分析

焦余庆、熊昊

华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院

目的 探讨儿童造血干细胞移植后肠道 GVHD 合并 TA-TMA 的临床特征。

方法 回顾性分析 2019 年 1 月-2023 年 12 月 31 日武汉儿童医院血液科接受电子消化内镜的 allo-HSCT 患儿的连续临床资料，35 例患者因移植后出现胃肠道症状而完善电子消化内镜检查和粘膜组织病理学活检，总结及分析其肠道 GVHD 合并 TMA 的临床特点、肠镜镜下表现及病理学特征、治疗方案及预后。

结果 在此期间，消化内镜病理活检发现肠道 GVHD 合并 TMA 有 15 名患儿，总发生率为 5.86% (15/256)，检出率为 42.85% (15/35)，其中 13 名患儿 sC5b-9 值 >252，9 例患儿乳酸脱氢酶 (LDH) 水平明显升高，9 例患儿血小板及血红蛋白进行性下降，6 例患儿血压高于同龄高血压患儿的血压正常值，8 名患儿影像学可见异常改变，胃肠道彩超和/或腹盆 CT 可见肠管管壁、肠系膜增厚水肿等表现，其中 1 名患儿可见胃肠道穿孔以及肠梗阻，3 名患者静脉内可见血栓形成。35 名患儿中有 7 名患儿未完善组织病理学检查，无法判断该 7 名患儿病理诊断，消化内镜下主要表现为粘膜充血水肿、粘膜糜烂溃疡、活动性出血、粘膜剥脱以及陈旧性出血等，病理检查均可见粘膜血管可见微血栓沉积、腺体隐窝上皮细胞凋亡、隐窝炎或隐窝脓肿、隐窝破坏或隐窝丢失等表现。4 例患儿同时伴有 CMV 病毒感染，1 例患儿同时伴有 EB 病毒感染。单纯肠道 GVHD 有 6 名，TMA 合并 CMV 有 1 例，肠道 GVHD 合并 CMV 有 1 例，3 例肠镜病理未见明显器质性损害，1 名患儿第 1 次肠镜组织活检可见肠道 GVHD 表现，第 2 次肠镜组织活检可见 TMA 表现，且两次肠镜时间间隔 83 天。1 名患儿第 1 次肠镜组织活检可见 TMA 表现，第 2 次肠镜组织活检可见肠道 GVHD 表现，且两次肠镜时间间隔 142 天。15 名肠道 GVHD 合并 TMA 患者中有 10 名患者存活 1 年以上，单纯肠道 GVHD 均存活，死亡率明显高于单纯肠道 GVHD。

结论 肠道 GVHD 和肠道 TMA 可同时为儿童 allo-HSCT 后并发症，可与巨细胞病毒感染、EB 病毒感染伴随存在，对于 allo-HSCT 后出现严重难治性腹泻患儿应尽早通过消化道内镜及活检病理检查进行肠道 TMA 和 GVHD 及病毒性肠炎的鉴别诊断，以助临床及时修正治疗策略。

PO-2556

海曲泊帕治疗异基因造血干细胞移植后血小板植入延迟的真实世界疗效和安全性

朱骏、楼芸、蒋瑛、魏道林、刘慧霞、邵珊、赵初娴、李肃、王椿

上海闸新中西医结合医院

目的 异基因造血干细胞移植 (Allo-HSCT) 患者有 5%~37% 的概率发生血小板植入延迟 (DPE)，增加移植相关死亡风险。目前，临床上通常采用血小板输注，加重患者经济负担，引起并发症。替代方案是使用血小板生成素受体激动剂 (TPO-RAs) 促进血小板植入。海曲泊帕是一种新型 TPO-RA，本研究旨在探索真实世界海曲泊帕治疗 Allo-HSCT 后血小板植入延迟的有效性和安全性。

方法 此回顾性研究评估了 2022.3~2023.4 期间在本中心 Allo-HSCT 后出现 DPE 的成人患者。

DPE 为移植后 28 天内 PLT $<20 \times 10^9/L$ 或者 PLT 呈现一个明显快速下降的趋势。海曲泊帕的起始剂量是 2.5、5 或者 7.5 mg/d。完全缓解, PLT $>50 \times 10^9/L$, 无需血小板输注; 部分缓解, PLT $20 \sim 50 \times 10^9/L$, 无需输注血小板。没有缓解, 即 PLT $<20 \times 10^9/L$ 。

结果 研究共纳入 20 例患者, 中位年龄 52 岁, 男性占 60%。海曲泊帕中位起始时间为移植后+58 天, 中位剂量是 5 mg/d, 中位治疗时间 44 天。患者的基线 PLT 为 $24.5 \times 10^9/L$, SF 为 3351.1 ng/mL。从疗效分析来看, 海曲泊帕治疗后 PLT 升高到 $67.5 \times 10^9/L$, SF 降至 2726.0 ng/mL。20 例患者中, 13 例达到 CR (65%); 6 例患者达到了 PR (30%), 只有 1 例 NR, 占 5%。安全性方面, 海曲泊帕耐受性良好, 5 例患者出现 1 或 2 级 AST/ALT 或 TBIL 升高, 不确定是否与海曲泊帕有关。

结论 研究表明, 对于 Allo-HSCT 后发生 DPE 的患者, 经海曲泊帕升板治疗之后, 缓解率高, 耐受性好, 是潜在的新型治疗选择。

PO-2557

Modified Post-transplantation Cyclophosphamide in Alternative Donor Transplantation for Pediatric Patients with Aplastic Anemia

Lingfeng Zhang¹, Yun Li¹, Na Wang¹, Yang Cao¹, Xiaoying Zhang¹, Li Lin¹, Fankai Meng¹, Donghua Zhang¹, Aiguo Liu¹, Yicheng Zhang^{1,2}

1. Tongji Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology
2. Key Laboratory of Organ Transplantation, Ministry of Education; NHC Key Laboratory of Organ Transplantation; Key Laboratory of Organ Transplantation, Chinese Academy of Medical Sciences

Objective To explore the efficacy and safety of the modified post-transplantation cyclophosphamide(mPTCY) in alternative donor hematopoietic stem cell transplantation(AD-HSCT) for pediatric patients with AA.

Methods We conducted a retrospective study to analyze 30 patients who had undergone AD-HSCT from January 2019 to April 2022. All the patients received HSCT by using an mPTCY protocol.

Results A total of 30 pediatric patients had a median follow-up time of 861 (393-1499) days. Successful engraftment was observed in 29 of 30 patients with a cumulative engraftment rate of 96.77%. The median time of neutrophil and platelet engraftment was 13 (10-19) days and 13 (10-17) days, respectively. The cumulative incidence of II-IV and III-IV aGVHD was 13.79% and 10.00%. The cumulative incidence of cGVHD and extensive cGVHD were 27.88% and 10.40%, respectively. All patients were alive with a 3-year failure-free survival of 96.67% and 3-year GVHD-free relapse-free survival of 79.13%.

Conclusion AD-HSCT could be considered a frontline treatment option for pediatric patients who lack an MSD, and the mPTCY regimen is a feasible and safe transplantation protocol for AD-HSCT.

PO-2558

异基因造血干细胞移植后中枢神经系统 并发症原因分析及护理策略

王亚妮

中国人民解放军空军军医大学第二附属医院

目的 分析对造血干细胞移植移植后中枢神经系统并发症的原因及护理干预的临床应用价值。

方法 以本科室 2022 年 11 月至 2023 年 11 月行异基因造血干细胞移植的 200 例患者中，其中 15 例出现中枢神经系统并发症，对其进行原因分析，并积极给予相应的护理干预措施。

结果 结果显示，出现中枢神经系统并发症及时给予相应的干预措施后，明显改善。

结论 通过对异基因造血干细胞移植移植后患者出现中枢神经系统并发症护理干预，不仅改善患者中枢神经系统并发症有重要意义，还能够有效提高患者对护理工作的满意程度。

PO-2559

Differential Efficacy of TPO Receptor Agonist Combined with rhTPO Versus Either Alone in Platelet Reconstitution Following Autologous Hematopoietic Stem Cell Transplantation in Lymphoma Patients

Jing Wu

The Affiliated Cancer Hospital of Chongqing University

Objective To evaluate the effectiveness and safety of Herombopag in hematopoietic reconstitution post-autologous hematopoietic stem cell transplantation.

Methods Patients aged ≥ 16 years scheduled for autologous hematopoietic stem cell transplantation were randomly assigned in a 1:1:1 ratio to three groups: the Herombopag group (H group), rhTPO group, and Herombopag combined with rhTPO group (H+rhTPO group). Medication was initiated after autologous stem cell infusion and when platelet count was $\leq 100 \times 10^9 /L$: the rhTPO group received rhTPO treatment (daily injection of rhTPO solution, 15000U per dose); the H+rhTPO group received combined rhTPO and Herombopag treatment (daily injection of rhTPO solution, 15000U per dose, and daily oral Herombopag, dosage based on baseline platelet count). The primary endpoint was platelet reconstitution time (defined as the first of three consecutive days with platelet count $\geq 20 \times 10^9/L$ without platelet transfusion), and secondary endpoints included total amount of platelet transfused during transplantation, time to neutrophil engraftment (defined as the first of three consecutive days with absolute neutrophil count $\geq 0.5 \times 10^9/L$), and safety.

Results From January 2022 to January 2024, a total of 100 patients were enrolled, with 46 in the H+rhTPO group, 28 in the rhTPO group, and 26 in the H group. The median age of all patients was 52 years (range: 16-71 years), with 68 males. The median dose of Herombopag in the two groups was 5mg/d (range: 2.5-7.5mg/d). All patients achieved platelet and neutrophil engraftment. The median time to platelet engraftment was 12 days (range: 6-18 days) in the H+rhTPO group, 14 days (range: 8-39 days) in the rhTPO group, and 13 days (range: 6-34 days) in the H group. The median time to neutrophil engraftment was 10.5 days (range: 8-21 days) in the H+rhTPO group, 11 days (range: 5-16 days) in the rhTPO group, and 11 days (range: 9-18 days) in the H group. All patients received platelet transfusions, with median units of 4U (range: 1-9U) in the H+rhTPO group, 3U (range: 0-16U) in the rhTPO group, and 4U (range: 2-14U) in the H group. At 30 days post-AHSCT, the median platelet counts were $151 (4-398) \times 10^9/L$, $148 (33-277) \times 10^9/L$,

and 159 (16-284)×10⁹/L in the H+rhTPO, rhTPO, and H groups, respectively, with 42 (91.3%), 20 (71.4%), and 18 (88.5%) patients having platelet counts ≥50×10⁹/L. One patient experienced secondary platelet engraftment failure. Among all enrolled patients, 13 patients in the H+rhTPO group experienced nausea and vomiting, 3 experienced constipation, and 4 experienced alopecia; in the rhTPO group, 4 patients experienced nausea and vomiting, and 1 had diarrhea; in the H group, 5 patients experienced nausea and vomiting, 1 had diarrhea, and 1 had fever with tremor and cognitive impairment. All adverse events were grades 1-2.

Conclusion The Herombopag monotherapy group showed no significant difference compared to the rhTPO monotherapy group in terms of platelet and neutrophil reconstitution time post-transplantation. Herombopag combined with rhTPO effectively promotes platelet engraftment post-autologous hematopoietic stem cell transplantation, and ensures good hematopoietic reconstitution at +30 days post-transplantation. Further validation in clinical trials and applications is warranted.

PO-2560

基于 i-PARIHS 模式的造血干细胞移植术后皮肤排异患者 外观护理干预方案的构建及实证研究

闫琼、吴吉敏
襄阳市中心医院

目的 构建基于 i-PARIHS 模式的脑卒中病人早期活动临床实践方案。

方法 以 i-PARIHS 模式为指导,从证据革新、组织内外部环境、实施人员 3 个层面考虑,通过识别临床循证实践问题、筛选现有证据、组建变革团队、实施德尔菲专家函询法制定临床审查指标,通过临床审查法及循证实践准备度调查分析阻碍因素与促进因素,结合临床实际环境和利益相关者实际需求制定行动策略,通过专家会议法构建造血干细胞移植术后皮肤排异患者外观护理干预方案。

结果 结果共纳入 17 篇文献,其中临床决策 2 篇、指南 7 篇、专家共识 5 篇、系统评价 3 篇。从多学科合作、皮肤评估、护理措施、健康教育 4 个方面汇总 19 条最佳证据。建立基于证据的审核指标,构建包括造血干细胞移植术后皮肤排异患者皮肤护理策略、实施规范、风险预案、防护工具选择及使用说明、护士手册、患者健康教育手册及视频等的皮肤排异患者外观护理实践方案。

结论 造血干细胞移植术后皮肤排异患者外观护理干预方案基于临床指南,并结合患者等相关利益者需求,其充分考虑了临床环境和实施者特点,可指导实施者为患者提供基于最佳证据的皮肤外观护理措施,促进方案顺利转化。

PO-2561

艾曲波帕治疗异基因造血干细胞移植后血小板减少的单中心研究

王翔
安徽医科大学第一附属医院

目的 观察艾曲波帕治疗异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 后难治性血小板减少的用药时机、剂量、疗效以及安全性。

方法 对 2019 年 1 月 1 日至 2021 年 9 月 1 日,安徽医科大学第一附属医院血液科 11 例 allo-HSCT 后难治性血小板减少患者应用艾曲波帕 (25-75mg/d) 治疗。11 例患者在 allo-HSCT 后至接受艾曲波帕治疗的中位时间为 26 (20-59) 天。艾曲波帕剂量为 25-75 mg/d。

结果 9 例 (81.8%) 患者获得完全有效 (PLT≥50×10⁹/L 且脱离血小板输注), 治疗后血小板达到

完全缓解的中位时间为 57 (8-96) 天。2 例患者无效。11 例患者中 1 例患者出现肝功能不全, 1 例患者出现与血栓事件相关的微血管病性溶血性贫血。1 例患者出现精神障碍, 1 例患者出现周围神经炎, 对症处理后好转。

结论 艾曲波帕对于部分 allo-HSCT 后难治性血小板减少患者有一定疗效, 且耐受性良好, 值得进一步研究。

PO-2562

新生儿期造血干细胞移植治疗重症联合免疫缺陷病一例报告

丁国玉、王红美、李洪娟、张潇月、冯惠迪
山东第一医科大学第一附属医院 (山东省千佛山医院)

目的 报告 1 例生后确诊重症联合免疫缺陷病 (SCID) 患儿于新生儿期行造血干细胞移植 (HSCT) 病例, 探讨新生儿期 HSCT 治疗重症联合免疫缺陷病的可行性, 为 SCID 患儿最佳 HSCT 治疗时机提供依据。

方法 回顾分析 1 例重症联合免疫缺陷病患儿于新生儿期行造血干细胞移植的临床资料及随访结果。

结果 患儿通过新生儿筛查、免疫功能检查及相关家族史确诊重症联合免疫缺陷, 未接种卡介苗, 于生后 3 天入血液层流病房保护隔离, 选择其同胞姐姐为供者, HLA9/10 相合, 予 FLU+BU+ATG 方案预处理, 于日龄 22 天回输供者外周血干细胞, 回输单个核细胞计数为 $11.64 \times 10^8/\text{kg}$, CD34+细胞计数为 $18.28 \times 10^6/\text{kg}$, 粒细胞植入时间为+10 天, 血小板植入时间为+12 天, +28 天外周血嵌合率 94.83%, +75 天外周血嵌合率 100%, +158 天评估体液免疫功能、细胞免疫功能恢复正常。患儿移植过程中未合并重症感染, 评估生长发育同正常同龄儿。

结论 SCID 患儿于新生儿期行造血干细胞移植是可行的, 且 HSCT 未影响患儿生长发育。对于未合并感染的 SCID 患儿越早行造血干细胞移植效果越好。

PO-2563

造血干细胞移植后患者 picc 撕膜方法对比研究

郭娇、白雪丹
河北燕达陆道培医院有限公司

目的 比较 2 种 picc 撕膜方法在造血干细胞移植后患者中舒适度、及导管相关皮损发生率。

方法 选取 56 例在我科行造血干细胞移植后的血液病患者, 均携带双侧 picc 导管, 其左侧手臂 picc 纳入 A 组, 右侧右臂 picc 纳入 B 组; A 组给予 0 角度撕除 picc 贴膜; B 组给予 180 度撕除贴膜, 并在撕膜时使用黏胶去除剂, 两组操作前均提前告知患者, 重视患者主诉, 对于操作中出现不适、疼痛患者采用数字疼痛量表进行评分, 并观察患者有无导管相关皮肤损伤情况, 以上操作均征得患者同意, 并上报伦理委员会通过

结果 A 组 56 例有 50 例患者主诉撕膜疼痛, 疼痛评分最高 5 分, 最低 2 分; 后未再进行操作改为 B 组方法进行撕膜; 其中 5 例患者发生导管相关皮损。皮肤损伤发生率为 8.9%。B 组 56 例患者中有 5 例患者主诉疼痛, 患者舒适度 B 组明显高于 A 组, ($p < 0.05$)。2 例发生皮肤损伤, 发生率为 0.35%。

结论 异基因造血干细胞移植后患者由于长期使用免疫抑制剂及激素导致皮肤变薄, 5 例皮损患者均为 55 岁以上老年患者, 合并肠道及皮肤 GVHD, 营养缺乏, 皮肤松弛是发生导管相关性皮肤损伤的风险因素; 撕膜时使用黏胶去除剂及 180 度缓慢撕膜手法可以大大降低患者不适感, 降低导管相关皮肤损伤的发生率。

PO-2564

运动疗法联合营养支持护理方法对造血干细胞移植术后患者康复的影响

王宗慧

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 分析运动疗法联合营养支持对同种异体造血干细胞移植术后患者肌肉质量和身体功能的影响。

方法 选取 2022 年 2 月至 2023 年 2 月在联勤保障部队第 940 医院血液科接受同种异体造血干细胞移植的 20 例患者，在同种异体移植前 2 周和同种异体移植后 6 周对身体成分组成、6 分钟步行测试(6MWT)评分和握力进行评估，运动治疗时长为每周 5d，每天 40min。

结果 同种异体造血干细胞移植后患者 6MWT 和握力显著降低(P 均 <0.05)。同种异体造血干细胞移植后，虽然上肢肌肉质量和躯干肌肉质量显著降低(P 均 <0.05)，但下肢肌肉质量保持不变，血清白蛋白(Alb)水平、总蛋白(TP)水平显著增高(P 均 <0.05)。

结论 结论：在本研究中，运动疗法联合营养支持可能是维持下肢肌肉质量及身体功能的有效方法。

PO-2565

异基因造血干细胞移植后宏基因组二代测序临床诊断耶氏肺孢子菌肺炎的单中心临床分析

周洋、袁海龙

新疆医科大学第一附属医院

目的 探讨异基因造血干细胞移植 (allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT) 后经宏基因组二代测序 (metagenomic next-generation sequencing, mNGS) 协助诊断的耶氏肺孢子菌肺炎 (Pneumocystis jirovecii pneumonia, PJP) 患者的临床主要特征。

方法 2020 年 10 月—2023 年 3 月 allo-HSCT 后的 19 例发热患者，完善常规微生物学检测及影像学检查无法明确诊断，经验性抗感染治疗无效时，通过 mNGS 检测临床诊断为 PJP。分析患者的主要临床表现，mNGS 结果、细胞免疫功能、炎症因子、血气分析、G-实验等，肺部高分辨 CT、支气管镜结果以及治疗及转归等临床特征。

结果 Allo-HSCT 后 PJP 发生中位时间为 6 个月，发热和呼吸困难是 PJP 的主要临床症状。19 例患者均出现发热，以持续中度发热为主，安静状态下呼吸困难患者 10 例，3 例患者为活动后出现呼吸困难；CD4+T 淋巴细胞计数中位值为 148 (34~394) 个/ μ L，其中 12 例 CD4+T 淋巴细胞计数 <200 个/ μ L，10 例患者血气分析提示 I 型呼吸衰竭，氧分压中位值为 59.5 (36.8~74.0) mmHg(1 mmHg=0.133 kPa)，双变量相关分析显示 CD4+ 数与患者氧分压呈正相关 ($r=0.468$, $P=0.043$)。9 例 PJP 患者 (47.36%) G 试验阳性；肺部 CT 主要以多发磨玻璃样密度增高影为主；17 例 PJP 患者行支气管镜并肺泡灌洗液 (BALF) 检测 mNGS，耶氏肺孢子菌核酸序列数中位数为 487 (178-131 444) 条，中位相对丰度为 56.9 (26.0%~99.5%)，双变量相关分析显示患者氧分压与 PJP 序列数负相关，且相关性显著 ($r=-0.498$, $P=0.042$)。2 例患者行外周血耶氏肺孢子菌核酸序列数分别为 2 条和 4 条；19 例患者中 12 例发生 PJP 时存在慢性移植物抗宿主病，13 例患者发生 PJP 前接受剂量不等的糖皮质激素治疗。诊断 PJP 后，患者主要接受复方磺胺甲噁唑 (SMZ) /甲氧苄啶 (TMP) 联合卡泊芬净或米卡芬净治疗，1 例患者因呼吸功能衰竭死亡，余患者均治愈。

结论 Allo-HSCT 后发生 PJP 的患者主要以发热和呼吸困难为主要临床表现，CT 影像学特征主要为双肺磨玻璃影，通过 BALF 和全血的 mNGS 有助于早期临床诊断。

PO-2566

异基因造血干细胞移植治疗 160 例儿童重型再生障碍性贫血的单中心临床疗效分析

夏梓婷、陆晓茜、李东军、孙舒雯、艾媛、杨雪、粟亚丽、陆凤、高举、朱易萍
四川大学华西第二医院

目的 了解异基因造血干细胞移植治疗儿童重型再生障碍性贫血的疗效和安全性。

方法 本研究回顾性分析四川大学华西第二医院儿童血液科 2009 年 1 月-2024 年 4 月确诊重型再生障碍性贫血并接受异基因造血干细胞移植患儿的临床资料，统计分析总生存率（OS）、植入成功率、移植物抗宿主病（GVHD）发生率等指标。

结果 共纳入 160 例患者，男性 95 例，女性 65 例，男女比 1.46:1，中位年龄 8 岁（1-14 岁），诊断重型再生障碍性贫血（SAA）36 例，极重型再生障碍性贫血（VSAA）124 例。亲缘异基因造血干细胞移植 134 例，其中 HLA 全相合移植 54 例，单倍型移植 80 例；非血缘造血干细胞移植 26 例，其中 HLA 全相合移植 15 例，部分相合移植 11 例。骨髓联合外周造血干细胞移植 90 例，外周造血干细胞移植 70 例，单倍体移植组加入第三方脐血辅助造血重建。输注 CD34⁺细胞中位数 5.7（1.39-11.3） $\times 10^6/\text{kg}$ ，输注单个核细胞中位数 8.1（2.87-13.9） $\times 10^8/\text{kg}$ 。157 例（98.1%）获造血重建，中性粒细胞植活中位时间+11（9-18）天，血小板植活时间+13（8-24）天。中位随访时间 33（1-163）月。随访期间死亡总共 11 例，OS 93.1%，其中同胞全合和非血缘全合的患者 OS 为 100%，单倍体造血干细胞移植 OS 为 87.5%，两组无统计学差异。总共发生 7 例植入失败，其中原发植入失败 3 例，继发植入失败 4 例，其中 3 例继发植入失败做二次移植均植入成功。aGVHD 总发生率 22.5%，II-IV 度 aGVHD 发生率 10.6%，cGVHD 总发生率 3.75%，均为局限性。植入失败和感染仍然是死亡的主要原因。

结论 异基因造血干细胞移植是治疗儿童重型再生障碍性贫血的方法，但仍需提高感染控制和预防 aGVHD 的有效措施。

PO-2567

基因造血干细胞移植术后感染多型疱疹病毒并发病毒性脑炎 1 例报告

周颖
四川大学华西医院

目的 造血干细胞移植术后患者因处于免疫抑制状态,可发生病毒性脑炎(VE),但与常见 VE 病原体不同(常见病原体为单纯疱疹病毒),移植术后的免疫抑制患者中,由人类 HHV-7, EBV、HHV-6 所致的脑炎并不罕见,但脑脊液中同时查出多型疱疹病毒感染则相对少见,三者都可作为病原体引起病毒性脑炎,现将我院 2023 年收治的 1 例异基因造血干细胞移植术后同时合并感染多型疱疹病毒并发 VE 一例病例进行报道。

方法 通过病员的住院时间,早期症状表现,发病时间,入住 ICU 时间,以及运用脑脊液新一代测序技术,头部 MRI 等检查,及时发现及确诊,采取更昔洛韦及磷甲酸钠等联合用药抗病毒治疗及后期康复治疗,该患者好转出院。

结果 对于移植术后免疫抑制患者,应及早抗病毒,及时观察出患者的症状,及早进行干预,提高移植后治疗效果。

结论 对于移植术后免疫抑制患者,应及早抗病毒,及时观察出患者的症状,及早进行干预,提高移植后治疗效果。

PO-2568

受者供者来源 CD19 CAR-T 细胞治疗异基因造血干细胞移植后复发 B-ALL 患者疗效的回顾性研究

刘丽超、黄瑞昊、张诚、王筱淇、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 为了探讨异基因造血干细胞移植后复发的 B-ALL 患者在接受受者来源 CD19 CAR-T 与供者来源 CD19 CAR-T 治疗中的疗效和不良反应的差异。

方法 这是一项多中心、回顾性队列研究。临床信息收集自 2018 年 1 月至 2024 年 2 月，异基因造血干细胞移植后复发的 B-ALL 患者，他们接受了受者来源的 CD19 CAR-T 或供者来源的 CD19 CAR-T 治疗，主要观察指标是治疗的有效性；次要观察指标是安全性。

结果 我们对 36 名患者进行了回顾性分析：12 名接受受者 CD19 CAR-T 细胞治疗的患者（受者组）和 24 名接受供者 CAR-T 细胞治疗的患者（供者组）。受者组和供者组在 4 周时 CR/CRi 为 83.33% 和 91.7% ($P=0.478$)，2 年 EFS 率为 55.6% 和 64.9% ($P=0.681$)，2 年 OS 为 57.8% 和 76.8% ($P=0.092$)。供者组的移植物抗宿主病 (GVHD) 发生率显著低于受者组，为 8.3% (95%CI 0%-26.7%) 和 41.7% (95%CI 20.4%-62.9%, $P=0.043$)。两组之间 CRS 的发生率为 41.7% 对 45.8% ($P=1.000$)。除了供者组有一例 3 级 CRS 外，所有病例均为轻度。受者组和供者组各有 1 例 CRES 病例。

结论 受者来源和供者来源的 CD19 CAR-T 疗法均为异基因造血干细胞移植后复发的 B-ALL 的有效治疗选择。供者来源的 CAR-T 疗法在 2 年 OS 方面显示出更高的趋势，但发生 GVHD 的概率显著高于受者来源 CAR-T 疗法。

PO-2569

小剂量阿扎胞苷联合维奈克拉和供者淋巴细胞输注预防儿童 AML 患儿造血干细胞移植后复发的单中心回顾性研究

陆晓茜、景晓宇、李东军、孙舒雯、艾媛、杨雪、粟亚丽、陆凤、高举、朱易萍
四川大学华西第二医院

目的 儿童急性髓系白血病 (AML) 患者接受异基因造血干细胞移植 (HSCT) 后仍有很高的复发率。AML 患者使用 HSCT 后维持治疗，以降低 HSCT 后的复发率。

方法 本研究回顾性分析四川大学华西第二医院血液科 2013 年 1 月-2024 年 4 月确诊儿童高危 AML 并接受异基因造血干细胞移植的 132 例患儿临床资料，总结移植后患者接受维持治疗，该治疗包括阿扎胞苷、维奈克拉和预防性供体淋巴细胞输注。(AZA 32.5mg/m² X 5-7d, VEN 50mg/m², 14d, 从+90 天开始 6 个周期) 和预防性供体淋巴细胞输注 (DLI; 从+120 天开始共 3 次增加剂量)。比较接受 HSCT 后预防复发维持治疗的儿童 AML 患者与未接受维持治疗的历史对照患者于 HSCT 后两年长期生存期 (OS)，复发率等。

结果 共对 132 例患者进行了评估。男性 92 例，女性 68 例，男女比 1.35:1，中位年龄 8 (1-14 岁)，移植前 CR1 115 例 (87.1%)，CR2 15 例 (11.3%)，NR 2 例 (1.5%)。亲缘异基因造血干细胞移植 94 例，其中单倍型移植 72 例，HLA 全相合 22 例；非血缘造血干细胞 38 例，其中 HLA 全相合 29 例，部分相合 9 例。骨髓联合外周造血干细胞移植 69 例，外周造血干细胞移植 58 例，脐血移植 5 例，单倍体移植组加入第三方脐血辅助造血重建。未行维持治疗组 72 例，维持治疗组 60 例。维持治疗组的 2 年 OS 为 85%，而历史对照组为 61% ($p<0.01$)，维持治疗组的 2 年复发率为 8.3%，而历史对照组复发率为 23.6% ($p<0.01$)。

结论 在这项有限的回顾性研究中，对儿童高危 AML 移植后患儿使用 AZA、维奈克拉和预防性 DLI 的维持治疗耐受性良好，与未行维持治疗组相比，复发率明显降低，长期生存率提高，但需要扩大样本长期随访观察。

PO-2570

GITR+CD4-CD8-T 细胞在唾液腺慢性移植物 抗宿主病 发病机制中的作用研究

胡紫祎^{1,2}、许玉溪^{1,2}、贺钰轩^{1,2}、徐晴^{1,2}、周亚^{1,2}、王棋^{1,2}、王瑞^{1,2}、王筱淇¹、杨世杰¹、宋清晓^{1,2}、张曦^{1,2}

1. 陆军军医大学第二附属医院血液病医学中心，全军临床重点专科，创伤与化学中毒国家重点实验室，重庆市医学重点学科，血液病与微环境重庆市重点实验室，重庆 400037

2. 金凤实验室，重庆 401329

目的 慢性移植物抗宿主病（cGVHD）是异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）的主要并发症，严重影响患者长期生存及生活质量。唾液腺是 cGVHD 的主要靶器官之一，但其病理生理机制尚不明确。本研究旨在讨论唾液腺 cGVHD 的病理及发病机制，为制定更有效的治疗方案提供指导。

方法 通过 9.5Gy 的全身照射制备 CB6F1 受体小鼠进行移植实验。受体分别输注供者的 5×10^6 骨髓细胞和 5×10^6 脾细胞。设同基因 HSCT 组（CB6F1→CB6F1）、allo-HSCT 组（C57BL/6→CB6F1）。移植后密切监测小鼠的体重变化、cGVHD 的症状和总生存率。通过唾液腺分泌量评估唾液腺功能，使用 HE 染色和 Masson 染色对组织病理和胶原纤维含量进行评估。移植后第 30 天和第 50 天收集淋巴细胞，进行流式细胞术分析。

结果 同基因 HSCT 组在移植后 60 天全部存活，无唾液腺 cGVHD 症状，体重恢复。而 allo-HSCT 组在移植后第 60 天存活率 < 50%，GVHD 临床评分显著增高，体重显著降低，唾液腺分泌量显著减少。HE 染色显示唾液腺腺泡组织受损，免疫细胞浸润增加。Masson 染色显示纤维化程度增加。流式细胞术分析显示，allo-HSCT 组中胸腺严重受损，唾液腺中 CD69+GITR+CD4-CD8-T 细胞明显增多，伴有 IL-17 表达增高。CD8+T 细胞增多，并且 CXCR6、GITR 及 CX3CR1 表达增高。Tim-3+PD-1+CD8+ T 细胞及 CD103+ CD8+ T 细胞比例降低。此外，allo-HSCT 组 F4/80+巨噬细胞和 CD11b+Ly6G+中性粒细胞增多。

结论 研究表明，唾液腺 cGVHD 的主要机制包括：胸腺损伤释放 CD4-CD8-T 细胞迁移到唾液腺，高表达 GITR 的 CD4-CD8-T 细胞具有分化和增殖能力，进一步分化为 CD69+GITR+CX3CR1+组织驻留记忆性 CD8+T (Trm)细胞,造成组织损伤。此外，GITR+CD4-CD8-T 细胞分泌 IL-17 促进 F4/80+巨噬细胞和 CD11b+Ly6G+中性粒细胞向唾液腺趋化及聚集，巨噬细胞进一步分泌 TGF- β ，促进成纤维细胞产生胶原蛋白，导致唾液腺组织纤维化。GITR+CD4-CD8-T, CD8+Trm 与组织驻留巨噬细胞相互作用进一步加剧唾液腺 cGVHD。本研究为唾液腺 cGVHD 的治疗提供了潜在的新方向。

PO-2571

非血缘脐带血二次移植治疗复发性急性白血病的疗效与安全性

刘菲婷

南京明基医院有限公司

目的 为了更好地评价非血缘脐带血移植（UCBT）治疗复发性急性白血病的有效性和安全性，我们进行了这项回顾性研究，并报道了 UCBT 治疗的效果。

方法 2022 年 10 月至 2024 年 5 月，在南京明基医院血液科纳入了 3 例复发性急性白血病患者。所

有患者在 UCBT 前均采用改良 BuCy 方案预处理，回输 1 份脐带血，并予环孢素联合吗替麦考酚酯预防移植物抗宿主病（GVHD）。患者的数据通过访问电子病历信息来收集。

结果 第 1 例为女性，31 岁，急性髓系白血病，移植后 11 个月疾病复发，移植前予阿扎胞苷联合维奈克拉化疗，+30 天粒系重建，+48 天巨核系重建，移植后出现轻度 aGVHD（皮肤），予对症处理后缓解。目前疾病缓解。

第 2 例为女性，31 岁，急性淋巴细胞白血病，疾病多次复发，多次予 CAR-T 细胞治疗，移植后 5 个月复发。移植前 MRD 阳性，+32 天粒系重建，+38 天巨核系重建，移植后出现出血性膀胱炎，予对症处理后缓解。目前疾病缓解。

第 3 例为男性，45 岁，成人 Ph 急性淋巴细胞白血病，移植后 3 年多疾病复发，外院予 CAR-T 细胞、贝林妥单抗等治疗后疾病缓解。移植后合并肺部感染，予抗感染治疗后仍控制不佳，最终呼吸衰竭导致死亡。

结论 与骨髓或外周血造血干细胞移植相比，UCBT 的优势在于脐带血干细胞容易获取，且免疫原性低，GVHD 的发生率和严重程度较低。有许多研究表明，UCBT 可产生显著的抗白血病效应（GVL），尤其是对于复发风险高和 MRD 阳性的患者，可获得更好的无复发生存率和无病生存率。脐带血富含 CD4⁺/CD25⁺/Foxp3⁺调节性 T 细胞 (Treg)，这些细胞具有免疫耐受性，免疫记忆水平较低。有研究表明，脐带血来源的 Treg 细胞在异种移植模型中具有预防 GVHD 并保留 GVL 的潜力。因此，在白血病复发风险高的情况下，UCBT 可考虑作为首选方案。

PO-2572

西达本胺+缬更昔洛韦成功治疗 EB 相关 PTLD

吴要功¹、牟时代¹、冯英俊²、谢荣¹、廖丹颖¹、仲照东¹、梅恒¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院
2. 广西壮族自治区玉林市红十字会医院

目的 尝试西达本胺联合缬更昔洛韦新方案治疗移植后淋巴增殖性疾病的疗效及安全性。

方法 患者男，46 岁。诊断为 AML-M5b，Flt3-ITD (+) NPM1(+). 规律化疗后疾病缓解，于 2023.10.10-10.11 输注造血干细胞，预处理为 TMI+VP-16+Cy，供者为其女儿，HLA 5/10 相合，预防 GVHD 方案为 CsA+MTX+MMF+CD25 单抗+ALG。2023-12-15 因“咳嗽咳痰 1 周”入院，肺部 CT：右肺上叶后段（Im172）见大小约 8mm×5mm 实性结节。血浆 EBV-DNA 未检出，细胞内 EBV-DNA 2.03E+03 copies/ml。行头孢哌酮舒巴坦静滴、泊沙康唑肠溶片口服抗感染后，1.11 肺部 CT：右肺上叶后段见实性结节，大小约 27mm×25mm。2024.1.8 完善纤维支气管镜检查，肺泡灌洗液：NGS 提示人类 γ 疱疹病毒 4 型（EBV）序列数较高（114）。1.15 转介入科行经皮针吸肺组织活检术，病理：移植后 EBV 阳性多形性淋巴组织增殖性疾病伴广泛坏死，NGS：人类 γ 疱疹病毒 4 型（EBV）序列数 3304；人免疫球蛋白（10g qd）静滴，1.30 开始西达本胺（5mg qd）口服，缬更昔洛韦（450mg bid）口服，同时环孢素口服液逐渐减量；2.2、2.9 和 2.16 分别给予 100mg 利妥昔单抗静滴。

结果 1.25 肺部 CT 右肺上叶实性结节约 26×25mm，3.4 肺部 CT：右肺上叶后段结节影大小约 24×20mm。3.4 肺部 CT：右肺上叶后段结节影大小约 24×20mm；4.28 肺部 CT：右肺上叶后段结节影大小约 17×15mm。外周血 EB 病毒转阴。

结论 西达本胺联合缬更昔洛韦治疗有望为 EB 相关 PTLD 提供了新型的治疗选择，疗效和安全性令人鼓舞，值得进一步研究。

PO-2573

高通量药敏指导硼替佐米+维奈克拉精准治疗移植后复发急淋

吴要功¹、冯英俊²、牟时代¹、谢荣¹、廖丹颖¹、仲照东¹、梅恒¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 广西壮族自治区玉林市红十字会医院

目的 尝试基于骨髓高通量药敏精准治疗异基因移植后复发急淋的疗效及安全性

方法 患者女、22岁。8月前诊断为急性B淋巴细胞白血病；行化疗后达CR；2023年8月24日-26日行亲缘造血干细胞移植术，氟达拉滨+阿糖胞苷+BUCY方案预处理；FK506+MTX+MMF+CD25单抗+ALG预防GVHD，供者为其父亲，HLA配型6/10；2024.3.26患者复查骨穿，提示原始幼稚淋巴细胞占92%，CD20、CD19、CD22均阴性，嵌合率12.6%；减停他克莫司、来那度胺免疫调节、地塞米松静滴等治疗；3月28日骨髓穿刺送检骨髓HDS精准用药检测；4月7日骨穿细胞学原始幼稚淋巴细胞占33.5%，细胞嵌合率65.9%；骨髓HDS提示来那度胺不敏感，维奈克拉、硼替佐米中度敏感，停用来那度胺口服，加用维奈克拉100mg口服qd、硼替佐米1.3mg/m²皮下biw。4月17日骨髓穿刺细胞学未见原始幼稚淋巴细胞，骨髓微小残留阴性，供者细胞嵌合率98%。骨髓HDS提示表柔比星高度敏感，阿糖胞苷中度敏感。给与盐酸表柔比星50mg静滴qd D1-2+阿糖胞苷2g静滴q12h D3-5化疗，2024年5月2-3日输注供者外周血干细胞采集物310ml。

结果 随访至今，血象恢复正常，骨穿提示完全缓解，流式MRD持续阴性。

结论 硼替佐米联合维奈克拉应用于移植后复发急性淋巴细胞白血病的治疗值得进一步探索；高通量药敏检测为异基因移植后复发急性白血病的精准治疗提供了依据。

PO-2574

Superior Survival with Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation versus Chemotherapy for High-Risk Adult Acute Lymphoblastic Leukemia in PDT-ALL-2016 Pediatric-Inspired Cohort

junjie chen, Hongsheng Zhou

Department of Hematology, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, China

Objective The role of allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) for adult high-risk acute lymphoblastic leukemia (HR-ALL) remained elusive in the pediatric-inspired regimen era.

Methods We conducted a cohort study on the outcome of allo-HSCT post-consolidation versus chemotherapy for HR-ALL in the first complete remission in PDT-ALL-2016 pediatric-inspired cohort. A total of 253 patients with HR-ALL were enrolled, according to donor availability and patients' preferences, among which 161 received allo-HSCT after consolidation therapy, and 92 received post-remission chemotherapy.

Results With a median follow-up of 43.6 months, the 3-year overall survival (OS) in allo-HSCT cohort was 75.9% (69.2-83.3%), and 49.7% (40.2-61.3%) in chemotherapy cohort, respectively ($p < .001$). In multivariate analysis, allo-HSCT cohort showed superior OS (HR=0.33, 0.21-0.54, $p < .001$), event-free-survival (EFS, HR=0.36, 0.23-0.56, $p < .001$), cumulative incidence of relapse (CIR, HR=0.13, 0.07-0.22, $p < .001$), and increased non-relapse mortality (NRM, HR=4.06, 1.23-13.4, $p = .021$), compared to chemotherapy cohort. Notably, allo-HSCT improved the outcome of minimal residue disease (MRD)-positive subset (OS, HR=0.42, 0.20-0.90, $p = .025$), as

well as MRD-negative subset (OS, HR=0.21, 0.10-0.43, $p<.001$).

Conclusion Our study demonstrates that allo-HSCT post-consolidation, compared to chemotherapy, could further improve survival of HR-ALL in pediatric-inspired cohort, regardless of MRD status.

PO-2575

抗人 T 细胞猪免疫球蛋白联合环磷酰胺后置预防 AML/MDS 造血干细胞移植后 GVHD 的临床研究

肖云硕、尹晓林

中国人民解放军联勤保障部队第 923 医院

目的 评估使用移植后环磷酰胺(PTCy)和抗人 T 细胞猪免疫球蛋白的急性移植物抗宿主病 (GVHD) 预防方案在急性髓系白血病 (AML)/骨髓增生异常综合征 (MDS) 造血干细胞移植 (haplo-HSCT) 中的临床疗效和安全性。

方法 收集 2020 年 11 月至 2023 年 12 月在联勤保障部队第九二三医院接受了 FBM 方案清髓治疗方案后, 使用移植过程中+3、+4 天使用环磷酰胺(PTCy)和+5 天使用抗人 T 细胞猪免疫球蛋白的新方法进行 GVHD 预防的 61 例 AML/MDS 患者, 对其临床资料进行分析。

结果 ①61 例患者中男 43 例, 女 18 例。中位年龄 40 (11-65) 岁; 其中 AML48 例, MDS 转 AML4 例, 治疗相关 AML5 例, MDS3 例, 慢性粒单核细胞白血病(CMML) 1 例。②61 例 (100%) 患者均获得粒细胞植入和血小板植入, 中位植入时间分别为 13 (10-20) 天、12 (9-121) 天。③移植后并发症: 巨细胞病毒 (CMV) 血症 19 (31.1%) 例, EBV 感染 6 (9.8%) 例, 水痘一带状疱疹病毒 (VZV) 感染 12 (19.7%) 例, 出血性膀胱炎 8 (13.1%) 例, 肺部感染 15 (24.6%) 例。④急性移植物抗宿主病 (aGVHD) 中位发生时间为 38 (10-182) 天, 移植后 100d 急性 GVHD 累积发生率为 11.8% (95%CI 5.8%-3.2%), III/IV 级急性 GVHD 累积发生率为 6.8% (95%CI 2.6%-17.1%), 轻、中度慢性 GVHD 累积发生率为 63.1% (95%CI 48.3%-77.9%), 未发生重度慢性 GVHD。⑤移植后复发 8 例, 非复发死亡 1 例, 移植后 1 年累积复发率为 11.0% (95%CI 4.7%-24.6%), 移植后 1 年总生存率 92.7% (95%CI 81.4%-97.2%), 无病生存率为 92.7% (95%CI 81.4%-97.2%)。

结论 使用移植后环磷酰胺(PTCy)和抗人 T 细胞猪免疫球蛋白的新方法具有较好的安全性且对急性 GVHD 有较好的预防效果。

PO-2576

Prediction model for CMV infection following hematopoietic stem cell transplantation in patients with β -thalassemia major

Lin Pan, Hongwen Xiao, Yanni Xie, Zhaoping Gan, Yumei Huang, Gaohui Yang, Yongrong Lai, Rongrong Liu
The First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

Objective Cytomegalovirus (CMV) infection is one of the common complications after hematopoietic stem cell transplantation (HSCT). In this study, a novel prediction model was developed and validated to predict the risk probability of CMV infection in patients with β -thalassemia major (β -TM) after HSCT.

Methods Clinical data of 291 patients with β -TM who underwent HSCT were included and divided into two groups according to CMV infection. Statistical analysis was carried out by R

software, and independent risk factors were screened by univariate analysis and multivariate analysis, and the selected parameters were used to construct a prediction model. C-index, receiver operating characteristic (ROC) curve, calibration curve and decision curve analysis (DCA) were used to evaluate and verify the model.

Results Multivariate analysis was used to identify three predictors: ALB (serum albumin), donor type, grade III-IV aGVHD. Based on these predictors, a nomogram was constructed to predict the probability of CMV infection after HSCT in patients with β -TM. The C-index of the nomogram was 0.745 (95% CI:68.4% ~ 80.7%), and the C-value calculated by internal verification is 0.746. The area under the curve (AUC) of the prediction model is 0.745.

Conclusion We developed a model to predict the risk of CMV infection after HSCT in patients with β -TM. The results showed that the scoring system had good discrimination ability, specificity and clinical practicability.

PO-2577

康复新的冷冻疗法对盐酸美法仑治疗的骨髓瘤患者自体造血干细胞移植口腔黏膜炎防治的应用：一项前瞻性随机对照临床研究

王丽

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 对于没有严重器官功能障碍的年轻多发性骨髓瘤 (MM) 患者，通常使用高剂量美法仑作为自体造血干细胞移植预处理方案，盐酸美法仑引起的口腔黏膜炎 (OM) 发病率较高。这传统预防计划的效果有限，我们启动了一项前瞻性随机对照临床研究 (ChiCTR2300077686)，以研究美洲大蠊 (康复新液-一种中成药) 冻疗法在接受 ASCT 治疗的骨髓瘤患者中预防口腔黏膜炎的应用。

方法 将重庆新桥医院 44 例 ASCT 患者按照随机数字表法分为两组。对照组 21 例接受冰盐水冷冻治疗，实验组 23 例接受康复新液冷冻治疗。实验组:0.9%生理盐水 100ml+康复新 100ml，冷冻成 2-3cm 的冰块，并在化疗调理开始前 30 分钟至化疗结束后 30 分钟在口腔中冰敷。对照组采用常规冷盐水漱口。以下用作观察指标:口腔溃疡的发生率、口腔溃疡的发生率 (III 至 IV 级)、口腔不适的强度、黏膜炎的恢复时间和不良反应。

结果 实验组口腔黏膜炎发生率 (48%) 低于对照组 (81%) ($p = 0.023$)。实验组 3-4 级口腔黏膜炎的发生率也显著低于对照组 (8%比 33%, $p=0.043$)。实验组的平均疼痛评分为 1.78 ± 0.088 ，对照组为 3.1 ± 0.112 ($p = 0.000$)。实验组口腔黏膜炎持续时间为 3.56 ± 0.116 天，对照组为 8.14 ± 0.218 天 ($p=0.000$)。实验组的平均体重减轻了 2.1 ± 0.069 千克，而对照组减少了 3.6 ± 0.131 千克 ($p=0.000$)。两组间造血重建时间无显著差异 ($P>0.05$)。在两组中的任何一组中，这种冷疗法都没有副作用。

结论 以康复新为基础的冷冻疗法是一种有效和廉价的支持措施，可预防以高密度脂蛋白为基础的方案在 ASCT 中引起的 OM。

PO-2578

基于 E-Coach 管理模式在造血干细胞移植后患者的应用

刘念、陈小丽

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨基于 E-Coach 管理模式在造血干细胞移植后患者的应用。

方法 选取 100 例造血干细胞移植后患者分为对照组和观察组，对照组进行常规护理指导，观察组实施 E-Coach 管理模式。

结果 E-Coach 管理模式干预后汉密尔顿焦虑量表（HAMA）、汉密尔顿抑郁量表（HAMD）评分明显低于对照组，自我护理能力量表（ESCA）、生活质量核心问卷量表（EORTCQLQ-C30）评分明显高于对照组（ $P < 0.05$ ）。

结论 E-Coach 管理模式可有效改善造血干细胞移植后患者心理状态、自护能力，有利于提高患者的生活质量。

PO-2579

来特莫韦针剂、片剂序贯预防异基因造血干细胞移植后 CMV 感染的临床观察

庞爱明、郑亚伟、陈书连、申昱妍、赵小利、倪晓菲、张利宁、王佳丽、曹文彬、陈欣、曹易耕、姜尔烈
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 评估异基因造血干细胞移植（allo-HSCT）患者应用针剂、片剂序贯预防移植后 CMV 感染的有效性和安全性。

方法 研究纳入自 2023 年 12 月至 2024 年 3 月在中国医学科学院血液病医院完成 allo-HSCT 的 18 名患者，移植后第 0 天开始应用来特莫韦针剂，14 天后改为来特莫韦片剂序贯预防至 90 天。研究终点是移植后 90 天的 CMV 感染突破率，同时观察 EBV 等病毒感染发生率及造血重建情况。

结果 移植后 90 天，应用来特莫韦针剂、片剂序贯预防 CMV 感染的 18 例 allo-HSCT 患者，所有患者均未见 CMV 感染，CMV 感染突破率为 0%。4 例患者出现 EB 病毒（EBV）血症（占 22.22%），其中 1 例患者发展为 PTLD（5.6%），中性粒细胞植入中位时间为 15（11-18）天；用药过程中未见相关肝肾功能损害。

结论 初步研究结果显示，来特莫韦针剂、片剂序贯预防异基因造血干细胞移植后 CMV 感染安全有效。

PO-2580

造血干细胞移植护理的现代挑战与未来方向

周娜
空军军医大学唐都医院

目的 1、探讨 HSCT 护理中的主要问题及前沿解决方案；

2、分析并发症对患者的影响；

3、研究护理干预提升康复和生活质量的方法。

方法 1、分析护理挑战和并发症管理策略；

2、评估护理措施的有效性；

3、探讨个性化护理方案的应用；

4、研究精准护理的发展方向。

结果 1、多学科协作降低并发症发生率；

2、无菌操作和药物管理减少感染风险；

3、心理护理减轻患者心理压力；

4、个性化护理计划应对长期健康问题；

5、远程监控和数据驱动的护理方案改善护理效率和体验。

- 结论** 1、早期监测和协作是减少并发症的关键；
2、心理护理和情感支持提升生活质量；
3、长期监控和个性化护理计划有助于应对慢性问题；
4、技术进步推动精准护理的发展，改善治疗效果。

PO-2581

两种肛周坐浴方法对造血干细胞移植患者 化疗后发生败血症的影响

孙彦峰

中山大学附属第七医院

目的 探究两种不同肛周坐浴方法对造血干细胞移植患者化疗后发生败血症的影响

方法 选择 2023 年 1 月—2024 年 6 月深圳市某三甲医院收治的 61 例造血干细胞移植患者作为研究对象，采用回顾性分析法分为为对照组和试验组，对照组 28 例，实验 33 例。对照组采用 1:5000 的高锰酸钾水，试验组采用 1:2000 的碘伏水，比较两组患者败血症发生率。

结果 败血症发生率相比，试验组低于对照组，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。试验组败血症发生率低于对照组，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。试验组患者住院天数低于对照组，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。两组患者性别、年龄比较，差异无统计学意义 ($P>0.05$)，有可比性。

结论 对比 1:5000 的高锰酸钾水肛周坐浴方法，使用 1:2000 碘伏水肛周坐浴对减少造血干细胞移植患者败血症发生率具有积极作用，而且还能减少患者的平均住院时间，值得临床应用。

PO-2582

High salt diet aggravated graft-versus-host disease via mucus-degrading Akkermansia

chaoyang li,Suwen Li,Jun Peng
Qilu Hospital of Shandong University

Objective Microbiotas from intestine have been reported as modulators for graft-versus-host disease (GVHD), which usually complicates allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). high salt diet is clearly defined as an unhealthy lifestyle, due to its strong correlation with higher risks of chronic inflammation, cardiovascular disease and autoimmune diseases. Recent research work found high salt diet could modulate intestinal microbiotas, but the correlation between high salt diets and GVHD remains unclear.

Methods A mouse model of allo-HSCT was constructed in this study. Lethally irradiated BALB/C mice were intravenously injected with bone marrow cells and splenocytes from major histocompatibility complex (MHC)-mismatched C57BL/6 donors. Mice were started to feed high salt diet or normal salt diet, one week before allo-HSCT. Bacterial genera composition of fecal samples were collected for 16S rRNA sequencing on day 14 after allo-HSCT. We also conducted histological analysis, immunohistochemistry analysis, microbiome data analysis, flow cytometric analysis, culturing of bacteria, etc.

Results In this research, we found that high salt diet significantly aggravates acute GVHD incidences in mice following allo-HSCT via the expansion of Akkermansia. Akkermansia exert a powerful ability to degrade host mucin glycans. High salt diet promoted Akkermansia growth and upregulated expression of enzymes involved in mucin glycans degradation. Akkermansia gavage in antibiotics cocktail pre-treated mice demonstrated thinning of the colonic mucus layer and

worsening intestinal GVHD. Interestingly, oral vancomycin supplementation reversed the thinning of mucus layer in Akkermansia-treated mice.

Conclusion In summary, we demonstrated that high salt diet aggravates acute GVHD in allogeneic mice via the expansion of Akkermansia. Our findings indicate that high salt diet has an unexpected potential modulation for intestinal microbiotas that may have further implications for GVHD therapy.

PO-2583

CAR-T 细胞和贝林妥欧单抗免疫疗法作为急性 B 淋巴细胞白血病移植前治疗的疗效和安全性比较

曹文悦、李柠汶、王娜、曹阳
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 回顾性分析并对比复发/难治急性 B 淋巴细胞白血病 (B cell acute lymphocytic leukemia, B-ALL) 患者行造血干细胞移植 (hematopoietic stem cell transplantation, HSCT) 前, 使用嵌合抗原受体 T 细胞 (chimeric antigen receptor T-cell, CAR-T) 或双特异性抗体贝林妥欧单抗 (Blinatumomab) 免疫治疗对移植疗效及安全性的影响。

方法 收集 2017—2023 年在华中科技大学同济医学院附属同济医院行 HSCT 的复发/难治 B-ALL 患者共 36 例, 其中移植前接受 CAR-T 治疗的 27 例, 接受 Blinatumomab 治疗的 9 例。计算并比较两组的总生存率 (OS)、无进展生存率 (PFS)、无移植抗宿主病及无复发生存率 (GRFS)、非复发死亡率 (NRM), 观察造血重建、移植并发症情况。

结果 中位随访时间为 28.07 (2.29-92.21) 个月。整个队列的 2 年 OS、PFS、GRFS、NRM 分别为 76.54%, 54.97%, 40.12% 和 9.93%。移植前使用 CAR-T 治疗组和移植前使用 Blinatumomab 治疗组之间, 两年 OS、PFS、GRFS、NRM 分别为 73.89% 和 88.89% ($P=0.862$), 59.03% 和 44.44% ($P=0.501$), 47.86% 和 13.89% ($P=0.083$), 8.52% 和 11.11% ($P=0.713$)。CAR-T 组与 Blinatumomab 组相比有改善患者 GRFS 的趋势。在安全性方面, CAR-T 组和 Blinatumomab 组的造血重建时间、感染发生率、II~IV 度急性移植抗宿主病、慢性移植抗宿主病发生率差异均无统计学意义。

结论 在复发/难治急性 B 淋巴细胞白血病患者中, 移植前使用 CAR-T 细胞治疗或贝林妥欧单抗安全有效, 对改善生存有益。

PO-2584

自体造血干细胞移植治疗不同类型淋巴瘤的疗效及安全性分析

付玉、徐静、刘晓亮、谭业辉、杜雅哲、苏克举、丁筱、刘宇、聂媛媛、高素君
吉林大学第一医院

目的 探讨自体造血干细胞移植治疗不同类型淋巴瘤的疗效、安全性及影响因素。

方法 回顾性分析 2012 年 5 月至 2023 年 8 月于我科行自体造血干细胞移植的淋巴瘤患者, 收集其临床资料并进行随访。

结果 共 103 例患者, 男女比例 51: 52, 中位年龄 44 (17~63) 岁, 其中, HL 14 例, NHL 89 例。NHL 中, 70 例为 B 细胞型, 19 例为 T 细胞型; 包括 DLBCL 42 例、MCL 12 例、PCNS DLBCL 10 例、T-LBL 9 例、PTCL7 例及其他类型 9 例。预处理方案包括 91 例 BEAM、7 例 BeEAM、4 例 BT 和 1 例 BEAC。平均回输 CD34+ 细胞数为 $4.469 \pm 3.049 \times 10^6/\text{kg}$ 、单个核细胞数

为 $5.697 \pm 2.871 \times 10^8/\text{kg}$ 。1 例因重症感染巨核系未植入，余患均顺利植入。粒系植入中位时间为 10（8~23）天，巨核系植入中位时间为 12.5（8~44）天，无移植相关死亡。中位随访时间 38.7（0.5~138.7）个月。移植后 1 年、2 年、3 年、5 年的 OS 分别为 92.3%、83.2%、81.5%、76.6%；PFS 分别为 75.2%、69.8%、66.3%、56.8%。HL 较 NHL 似乎更有生存优势，但差异无统计学意义，2 年、5 年的 OS 为 100% vs. 80.6%、88.9% vs. 75.0%，PFS 为 90.0% vs. 67.1%、67.5% vs. 55.3%。NHL 中 B 细胞型和 T 细胞型淋巴瘤 2 年、5 年 OS 分别为 86.4%、83.2% 和 59.0%、44.3%（ $P=0.022$ ）；PFS 分别为 71.1%、59.5% 和 51.0%、38.2%（ $P=0.102$ ）。其中，DLBCL 2 年、5 年的 PFS 和 OS 分别为 65.0%、60.3% 和 83.8%、83.8%，且 GCB 和 non-GCB 亚型无区别，提示自体移植可以克服 non-GCB 亚型的不良预后。回输 CD34+ 细胞数 $< 2.9 \times 10^6/\text{kg}$ 是 PFS 的不良预后因素。年龄 ≥ 55 岁是 DLBCL 患者 OS 的独立危险因素。

结论 随着新药的不断问世，自体移植的地位受到挑战，需严格把握移植适应症。本中心数据提示自体移植仍然是淋巴瘤安全且有效的重要手段，可克服部分不良因素，改善患者整体疗效。

PO-2585

造血干细胞移植患者自我管理需求的质性研究

靳彩云、刘玉秋、解文君

中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 通过了解造血干细胞移植患者在移植过程中的自我管理体验与需求，为协助造血干细胞移植患者制订自我管理决策提供依据。

方法 选取 14 例造血干细胞移植患者进行半结构式深入访谈，采用 Colaizzi 7 步分析法分析资料并提炼主题。

结果 共提炼出 9 个亚主题，归纳为 4 个主题，包括：信息/知识支持需求、自我管理规范化需求、生理需求、物质性支持需求、社会性支持需求、排异及不良反应应对疲乏、自我管理决策困难、入住层流室后的外部环境失衡、孤独感与述情障碍。

结论 造血干细胞移植患者的干细胞移植体验及需求具有多样化特点，医护人员应根据患者的不同需求，为患者提供个性化的护理支持，通过满足患者自我管理需求，进而提高患者自我管理质量。

PO-2586

A cross-sectional study on the status of chronic graft-versus-host disease patient-reported outcome (PRO)

Shiqin Huang, Zhang Xi

Medical Center of Hematology, Xinqiao Hospital of Army Medical University

Objective To assess and intervene in health outcomes reported by patients with cGVHD to describe symptom burden, quality of life, and health status in patients with active cGVHD.

Methods Data on eligible patients from August 1, 2021 to March 31, 2024 were collected and analyzed through a cross-sectional study; PROM data were collected and collated, including LSS, SF36, EQ-5D-5L and NIH grading evaluation results.

1. Inclusion criteria

- ① Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation was performed to treat hematological diseases and follow-up conditions were available after transplantation;
- ② During the follow-up period, cGVHD was diagnosed by the outpatient physician;
- ③ Self-reported active cGVHD symptoms;

④ Follow-up age ≥ 16 years, with basic reading, writing and understanding skills;

⑤ Cooperate with follow-up personnel to voluntarily participate in this study;

2. Exclusion criteria

① Lack of transplant-related information records or inability to obtain transplant medical records from other hospitals;

② History of mental illness, serious life events or insomnia before and after transplantation;

③ Non-rejection related complications such as severe infection, poor implantation and secondary tumor occurred after transplantation;

④ Hematological malignancies recurred and could not achieve complete remission after induction therapy;

⑤ There are major organ dysfunction unrelated to cGVHD;

⑥ Accompanied by chronic diseases such as hypertension, diabetes, and AIDS that are not effectively controlled and cause long-term distress.

Results 1. cGVHD characteristic

A total of 201 patients were included, including 59 patients with mild cGVHD (29.4%), 105 patients with moderate cGVHD (52.2%), and 36 patients with severe cGVHD (17.9%). Disease classification: 173 cases (86.1%) were classic cGVHD and 28 cases (13.9%) were overlapping cGVHD. Common organ involvement: skin involvement in 108 cases (53.7%), eye involvement in 78 cases (38.8%), liver involvement in 72 cases (35.8%).

2. Status of PRO

Eye (21.42 ± 20.35), psychological (16.22 ± 18.12) and oral (14.63 ± 21.35) scores were the highest on LSS scale. Physiological function (35.02 ± 10.23), social function (34.1 ± 9.57), emotional function (39.42 ± 10.78) were the lowest scores on SF-36 scale, and physical health (40.55 ± 7.26) and mental health (38.23 ± 10.12) were all lower than the norm (50 ± 10). The value of EQ-5D utility index is 0.748.

Conclusion The burden of eye, mental and oral symptoms is particularly heavy in cGVHD patients, and the quality of life, especially the mental health, is worse than that of normal people. The quality of life assessment scale of Chinese people needs to be improved urgently, and it needs to attract the attention and management of clinicians and follow-up personnel.

PO-2587

肺泡灌洗液宏基因组二代测序在血液病异基因造血干细胞移植后肺部感染患者中的应用

丁筱、刘晓亮、付玉、杜雅哲、苏克举、刘宇、聂媛媛、谭业辉、高素君
吉林大学第一医院

目的 探讨肺泡灌洗液宏基因组二代测序 (mNGS) 在血液病异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 后出现肺部感染患者中的应用价值。

方法 回顾性分析 2021 年 3 月至 2023 年 6 月于吉林大学第一医院血液科进行 allo-HSCT 后出现肺部感染的 28 例血液病患者, 行支气管镜肺泡灌洗, 共 34 次送检样本, 评估肺泡灌洗液 mNGS 与常规检测 (EB 及巨细胞病毒 PCR、细菌及真菌培养、GM 试验、Xpert) 与最终临床诊断的一致性、对临床治疗获益的影响。

结果 28 例患者中, 男性 18 例, 女性 10 例; 中位年龄 34 (10-65) 岁; 其中 AML 10 例, ALL 9 例, MDS 7 例, AA 2 例; Haplo 23 例, MSD 2 例, MUD 2 例, UCD 1 例。送检 34 例样本, 移植后 100 天内 15 例, 100 天以上 19 例; 中性粒细胞绝对值 $< 0.5 \times 10^9/L$ 2 例, $> 0.5 \times 10^9/L$ 32 例。mNGS 整体阳性检出率 85.3% (29/34)。mNGS 细菌、真菌、病毒、支原体/衣原体、非结核/结核分枝杆菌、寄生虫阳性检出率分别为: 38.2% (13/34)、35.3% (12/34)、61.8% (21/34)、2.9% (1/34)、2.9% (1/34)、2.9% (1/34)。与最终临床诊断一致性评估, 17.6% (6/34) 共

同符合，23.5% (8/34) mNGS 唯一符合，11.8% (4/34) 常规检测唯一符合，29.4% (10/34) 组合符合，17.6% (6/34) 完全不符合。依据 mNGS 检出的病原学结果对临床抗感染治疗进行指导，其中 70.6% (24/34) 的 mNGS 结果使临床抗感染治疗获益。

结论 伴肺部感染的 allo-HSCT 患者，肺泡灌洗液 mNGS 在确定感染病原体上有显著优势，有利于指导更精准的抗感染治疗。

PO-2588

Viral enteritis after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation: pathogens, clinical characteristics, and outcomes

Hailu Sun¹, Xiao-Su Zhao¹, Xiang-Yu Zhao¹, Fang-Fang Wei¹, Meng Lv¹, Yu-Qian Sun¹, Xiao-Dong Mo¹, Lan-Ping Xu¹, Yu Wang¹, Xiao-Hui Zhang¹, Xiao-Jun Huang^{1,2,3}, Xu-Ying Pei¹

1. Peking University People's Hospital, Peking University Institute of Hematology, National Clinical Research Center for Hematologic Disease, Beijing Key Laboratory of Hematopoietic Stem Cell Transplantation, Beijing, China

2. Peking-Tsinghua Center for Life Sciences, Beijing, China

3. State Key Laboratory of Natural and Biomimetic Drugs, Beijing, China

Objective Viral enteritis is a frequent complication after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). However, data on this disease are limited, and the frequent enteric pathogen, clinical characteristics, and outcomes of post-HSCT viral enteritis remain unknown.

Methods To better characterize the commonly encountered pathogen, clinical manifestations, risk factors and progression of post-HSCT viral enteritis, we conducted a retrospective analysis of 59 patients who underwent allo-HSCT and were diagnosed with viral enteritis through intestinal biopsy specimens.

Results The most frequently detected pathogens were cytomegalovirus (CMV) (37.3%), human herpesvirus 6 (HHV-6) (37.3%), Epstein-Barr virus (EBV) (33.9%), parvovirus B19 (6.8%), parainfluenza virus (PIV) (5.1%), BK virus (BKV) (5.1%), adenovirus (ADV) (3.4%), and herpes simplex virus (HSV) (3.4%). The median time to diagnosis of viral enteritis was 56 days post-allo-HSCT. More than 50% of CMV, EBV, and HHV-6 enteritis cases were diagnosed within the first 60 days post-transplant, while other viral enteritis cases were identified later. The most common symptoms were diarrhea and abdominal pain. Thirty-five patients experienced diarrhea lasting 14 days or more, with a median duration of 16 days (range: 3-57 days). Endoscopic findings revealed that 45 patients had concurrent graft-versus-host disease (GVHD). Among the 59 patients, 10 had positive plasma tests and 14 had positive feces tests for viral DNA. The overall survival rates for patients with viral enteritis at 1-year and 3-year intervals were 58.6% and 55.3%, respectively. Patients with CMV enteritis had significantly poorer overall survival compared to those with other types of viral enteritis ($P = 0.035$).

Conclusion Viral enteritis is a significant complication post-allo-HSCT, with CMV, HHV-6, and EBV being the most common pathogens. Early identification and management are crucial, as CMV enteritis is associated with poorer outcomes. Further studies are needed to develop effective preventive and therapeutic strategies for this patient population.

PO-2589

预后营养指数与异体造血干细胞移植后 GVHD 发生的相关性分析

唐杰、陈小丽、冉凤、蒋丽全、王雅丽、冯一梅
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 本研究旨在探讨移植前 PNI 与造血干细胞移植 (HSCT) 患者发生 GVHD 的关系。

方法 我们回顾性分析了 187 例年龄 ≥ 18 岁的 AML 接受同种异体造血干细胞移植的患者。使用患者数据对总生存期进行 X-tile 分析, 以确定 PNI 的最佳临界值。采用 Cox 比例风险回归分析评估 PNI 与 GVHD 的相关性。

结果 PNI 的最佳临界值为 45, 将患者分为低 PNI 组(PNI < 45)和高 PNI 组 (PNI ≥ 45)。PNI 分值较低的患者 GVHD 发生率明显低于评分较高的患者。多因素分析显示, 高 PNI [OR 和 95%CI = 0.2071 (0.0618-0.6935), P = 0.0106]与移植后皮肤 GVHD 发生相关显著相关。

结论 研究表明, 在接受异基因造血干细胞移植患者中, 移植前低 PNI 与术后 GVHD 发生率较高显著相关。移植前 PNI 作为营养状况评价指标, 可作为移植前可干预的临床生化指标, 降低移植术后 GVHD 的发生率。

PO-2590

含 9Gy 全身照射的预处理方案在异基因 造血干细胞移植患者中的放射相关毒性及疗效

刘相辉、姚升宇、万理萍、蔡宇、宋献民、童茵
上海市第一人民医院

目的 通过单中心的回顾性临床研究, 探究含 9Gy 全身照射的预处理方案的放射毒性, 以及其在异基因造血干细胞移植过程中的治疗效果。

方法 2019 至 2022 年间在本中心进行异基因造血干细胞移植的患者中, 有 75 名患者接受了含 9Gy 全身照射的预处理方案。通过回顾性收集临床资料以及随访, 参考“Bearman 预处理相关毒性量表”记录患者的短期毒性事件, 并记录远期毒性事件、计算患者 OS 和 EFS, 以此分析含 9Gy 放射剂量的预处理方案的效果。

结果 主要的短期毒性事件是肝功能不全和口腔粘膜炎 (81%), 此外还有心脏、肾脏和胃肠道毒性事件, 其评级均为轻中度, 评级最高的毒性事件为 1 例癫痫发作; 中位随访时间为 189 天, 远期毒性事件少见, 1 名患者出现 2 级慢性肾功能不全, 3 名患者出现显性甲减。2 年 OS 和 EFS 分别为 76.2% (95% CI, 61%-86%) 和 61% (95% CI, 45%-74%)。

结论 含 9Gy 全身照射的预处理方案在接受异基因造血干细胞移植的患者中耐受性好, 近期及远期毒性事件均可接受; 患者的 OS 和 EFS 亦属良好。

PO-2591

T 细胞耗竭诱导造血干细胞移植后白血病复发

陈尚钧、张凌风、张晓颖、方玥琨、黄巧林、韩奇洋、张义成
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 造血干细胞移植（HSCT）是治疗白血病的重要手段，但移植后白血病复发仍然是一个重大挑战。近年来，T 细胞耗竭在移植后复发中的作用逐渐受到关注。本研究旨在探讨 T 细胞耗竭在 HSCT 后白血病复发中的作用机制，评估其作为潜在治疗靶点的可能性。

方法 本研究纳入了 2020 年至 2022 年期间在我院接受 HSCT 治疗的 20 例白血病患者。采集患者复发前后外周血样本，通过流式细胞术检测 T 细胞亚群、耗竭标志物（如 PD-1、TIM-3）的表达水平、细胞因子（如 IL-2，TNF- α ）分泌能力及 T 细胞杀伤功能。选取 2 名患者复发前后样本进行单细胞测序检测，分析相关基因及通路表达差异。利用 qPCR 验证其余样本中 T 细胞耗竭相关基因的表达

结果 研究结果显示，复发组患者外周血中耗竭性 T 细胞（PD-1+、LAG-3+、TIM-3+）比例显著高于未复发时。复发组患者 T 细胞炎性细胞因子（TNF- α ，IFN- γ ，IL-2）分泌显著下降，细胞杀伤功能减弱。单细胞测序结果显示，复发患者较未复发者 T 细胞耗竭相关基因（EZH2，TOX，pdcd1，HAVCR2）表达显著提升。qPCR 可验证其他样本中复发组患者 T 细胞耗竭相关基因表达较未复发组患者显著提升。

结论 本研究表明，T 细胞耗竭在 HSCT 后白血病复发中起重要作用。复发患者的耗竭 T 细胞比例和相关基因（EZH2，TOX）表达显著升高，细胞因子分泌能力与杀伤功能显著减低。提示 T 细胞耗竭是导致白血病复发的关键机制之一，具有作为治疗靶点的潜力。早期识别并靶向逆转 T 细胞耗竭可能成为提高 HSCT 疗效、减少白血病复发的重要策略。

PO-2592

口服海曲泊帕与皮下注射重组人血小板生成素用于单倍体造血干细胞移植促进血小板植入的疗效观察及护理体会

伍桂洁、陈小丽
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 对比分析口服海曲泊帕与皮下注射重组人血小板生成素促进恶性血液病患者单倍体造血干细胞移植后血小板植入的疗效观察和护理体会

方法 回顾性分析我院层流病区 2020 年 1 月至 2022 年 10 月进行单倍体造血干细胞移植的 163 例恶性血液病患者的临床资料。+2 d 开始皮下注射重组人血小板生成素的患者共 72 例，归为重组人血小板生成素组；+2 d 开始口服海曲泊帕的患者共 27 例，归为海曲泊帕组；未应用海曲泊帕及重组人血小板生成素的 64 例患者归为空白对照组。对 3 组植入情况、100 d 内 II-I 度急性移植物抗宿主病发生率、1 年生存率、1 年复发率及安全性进行分析。

结果 ①中位随访时间 52（12-87）个月，空白对照组、重组人血小板生成素组、海曲泊帕组患者中性粒细胞植入时间分别为（12.95 \pm 3.88）d，（14.04 \pm 3.71）d，（13.89 \pm 2.74）d，差异无显著性意义（ $P=0.352$ ）；血小板植入时间分别为（15.16 \pm 6.27）d，（17.67 \pm 6.52）d，（17.00 \pm 4.75）d，差异无显著性意义（ $P=0.287$ ）；②空白对照组、重组人血小板生成素组、海曲泊帕组第 60 天血小板完全植入率分别 64.06%，90.28%，92.59%，差异有显著性意义（ $P<0.001$ ）；亚组分析显示，空白对照组与重组人血小板生成素组比差异有显著性意义（ $P<0.001$ ），空白对照组与海曲泊帕组比差异有显著性意义（ $P=0.004$ ），重组人血小板生成素组与

海曲泊帕组比差异无显著性意义 ($P=0.535$)；③空白对照组、重组人血小板生成素组、海曲泊帕组 100 dII-N 度急性移植物抗宿主病发生率分别为 25.00%，30.56%，25.93%，差异无显著性意义 ($P=0.752$)；④巨细胞病毒血症、巨细胞病毒肺炎、肝功能损伤发生率在 3 组间无显著性差异 ($P>0.05$)；⑤随访期内，3 组患者均未发生血栓事件；

结论 重组人血小板生成素、海曲泊帕均可提高恶性血液病患者单倍体造血干细胞移植后血小板的植入率，疗效相当且安全性良好，给予护理干预则能进一步提高疗效并加快患者康复速度，具有积极的临床意义。

PO-2593

蜂蜜联合蒙脱石散口腔外敷在造血干细胞移植患者 口腔黏膜炎护理中的应用效果

孙旭

山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 分析研究蜂蜜联合蒙脱石散口腔外敷在造血干细胞移植患者口腔黏膜炎护理中的应用效果。

方法 将 2023 年 1 月至 2024 年 1 月我院血液内科收治的造血干细胞移植并发口腔黏膜炎患者 43 例编号，奇数组 22 例作为研究组，偶数组 21 例作为对照组，两组患者分组护理前数据差异无统计学意义 ($P>0.05$)。两组患者均给予常规口腔黏膜炎护理并用人体粒细胞集落刺激因子漱口水漱口，研究组患者漱口后加用蜂蜜联合蒙脱石散（2:1 调成粘稠状）含服，每天 3 次，每次含 5 分钟后吐出防止便秘发生，观察两组患者口腔黏膜炎护理效果。

结果 研究组患者口腔黏膜炎痊愈 14 例、好转 6 例，无效 2 例，总有效率 90.91%，对照组患者口腔黏膜炎痊愈 9 例、好转 8 例，无效 4 例，总有效率 80.95%，研究组护理总有效率显著高于对照组，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 蜂蜜联合蒙脱石散具有抗炎、抗氧化、吸附、促进创面愈合等作用，二者联合应用可显著提高造血干细胞移植患者口腔黏膜炎的护理效果，并且这种方法口感良好，患者接受程度好，适合在临床上开展应用。

PO-2594

中性粒细胞/淋巴细胞比值、全身免疫炎症指数、预后 营养指数在异基因造血干细胞移植预后的相关性分析

陈小丽、唐杰、冉凤、蒋丽全、任勤、杜欣、孔佩艳、高蕾、冯一梅、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨造血干细胞移植患者移植前外周血中性粒细胞/淋巴细胞比值（NLR）、全身免疫炎症指数（SII）、预后营养指数（PNI）与异基因造血干细胞移植患者预后的相关性。

方法 选择 2015 年 1 月~2022 年 12 月，在重庆市某三甲医院行异基因造血干细胞移植的 878 例患者为研究对象，分析患者临床资料，根据 ROC 曲线确定 NLR、SII、PNI 截断值并分别分为高、低组。分析总结不同组患者的预后生存情况。Kapla-Meier 法、Log-rank 检验进行生存分析，Cox 比例风险回归模型进行危险因素分析。

结果 根据 ROC 曲线确定 NLR 的截断值为 3.03，SII 的截断值为 121，PNI 的截断值为 44，根据截断值分为高 NLR 组 295 例，中 NLR 组 288 例，低 NLR 组 295 例，高 SII 组 381 例，低 SII 组 497 例，高 PNI 组 490 例，低 PNI 组 388 例。Cox 回归模型单因素分析显示，移植疾病危险分层、

WBC>4×10⁹/L、中性粒细胞绝对值>1.5×10⁹/L、PLT>100×10⁹/L、NLR>3.03、SII>121、PNI>44均为影响患者5年OS的危险因素(P<0.05)。多因素分析提示，NLR>3.03、SII>121、PNI>44是影响患者预后的独立危险因素(P<0.05)。生存分析提示，高NLR组和低NLR组的中位无进展生存(PFS)、中位总体生存(OS)时间比中NLR组患者的短，高SII组的中位PFS、中位OS时间比低SII组患者的长，差异均有统计学意义(P<0.05)。高PNI组的中位PFS、中位OS时间比低SII组患者的长，差异均有统计学意义(P<0.05)。

结论 移植前NLR、SII、PNI是异基因造血干细胞移植患者的独立预后危险因素，SII、PNI越高，其预后越好，NLR过高或过低预后越差。

PO-2595

全身免疫炎症指数与异基因造血干细胞移植造血重建的相关性分析

陈小丽、唐杰、冉凤、蒋丽全、杜欣、孔佩艳、高蕾、冯一梅、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 本研究旨在探讨全身免疫炎症指数(Systemic Immuno-Inflammatory Index,SII)与造血重建(Hematopoietic Reconstitution,HR)的相关性，并评估其对患者生存期(Overall Survival,OS)的预测价值。

方法 回顾性分析重庆市某三甲医院2015年1月~2022年12月行异基因造血干细胞移植的1002例患者的临床资料，通过单因素和多因素分析方法，研究SII与造血重建时间及OS的关系。同时，对SII的预测价值进行评估，考虑了年龄、性别、诊断、化疗、HLA匹配、HSCT类型等多个协变量。

结果 研究发现SII与OS时间显著相关，SII较低的患者具有较长的OS时间，调整后的风险比(Adjusted Hazard Ratio,adj.HR)为0.47,95%置信区间(CI)为0.40至0.54，P值小于0.001。此外，SII也是影响造血重建时间的重要因素，SII值较低的患者显示出更快的造血重建速度。在多因素分析中，即使在调整了多个协变量后，SII与OS时间的相关性仍然显著。

结论 SII是一个独立的预后因素，与造血重建时间及患者OS时间密切相关。本研究结果提示SII可能作为评估患者造血重建能力和预后的一个有前景的生物标志物。然而，由于本研究的局限性，包括回顾性设计和单一中心的数据来源，未来需要在更大的样本量和多中心设计中进一步验证SII的相关性。

PO-2596

提高重组人血小板生成素剂量可以促进异基因造血干细胞移植后血小板植入：一项剂量探索性、对照研究

冯丹、刘庆珍、陈欣、张荣莉、翟卫华、魏嘉璘、庞爱明、杨栋林、何祎、冯四州、韩明哲、马巧玲、姜尔烈
中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 评估提高重组人血小板生成素(rhTPO)剂量对促进异基因造血干细胞移植后血小板植入的有效性和安全性。

方法 共纳入57例患者(试验组:对照组=27:30)，患者分别在移植后+1d开始接受22500U/d、15000U/d的rhTPO连续治疗直到血小板植入。

结果 接受22500U/d rhTPO治疗的试验组患者较对照组有显著更早的中位血小板植入时间(12天

vs 13 天, $P=0.042$, $z=4.142$)。并观测到试验组患者血小板稳定更早的达到 $30 \times 10^9/L$ 水平 (13 天 vs 16 天, $z=3.936$, $P=0.047$) , 有更早达到 $50 \times 10^9/L$ 、 $75 \times 10^9/L$ 、 $100 \times 10^9/L$ 水平的趋势 (15 天 vs 20 天、18 天 vs 22 天、22.5 天 vs 28 天)。两组患者均未发生血小板延迟植入, 第 21 天试验组患者的血小板累积植入率为 96.3%, 对照组为 83.33%; 第 60 天植入率均为 100.00%。试验组患者有更早的中位粒细胞植入时间 (11 天 vs 12.5 天, $z=4.534$, $P=0.033$)。两组患者在移植后 1 年均存活, 1 年无复发生存分别为 40.74%和 30.00%, 无显著差异。两组患者急、慢性移植物抗宿主病的发生率无显著差异。对照组有 1 例患者发生左上肢肌间静脉血栓, 试验组有 1 例患者发生右上肢 PICC 血栓, 两组患者不存在发生血栓风险的差异。两组患者在包括出血事件在内的不良事件、临床症状异常等方面无显著差异。

结论 使用较高剂量的重组人血小板生成素注射剂可以安全且稳定的促进异基因造血干细胞移植后患者的血小板植入。

PO-2597

BeEAM/C 方案用于淋巴瘤患者自体造血干细胞移植 预处理疗效及安全性的多中心、回顾性研究

胡人之、刘耀
重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨 BeEAM/C (苯达莫司汀+阿糖胞苷+依托泊苷+美法仑/环磷酰胺) 方案在淋巴瘤患者自体造血干细胞移植预处理疗效及安全性的多中心、回顾性研究。

方法 回顾性分析重庆大学附属肿瘤医院等 5 家三级甲等教学医院 2021 年 1 月至 2024 年 2 月采用 BeEAM/C 方案预处理后行自体造血干细胞移植的 168 例淋巴瘤患者的临床资料, 评估移植相关不良反应、造血重建情况及近期效果。

结果 168 例患者预处理过程中, 69 例发生恶心、呕吐及腹泻等胃肠道不良反应, 16 例发生肾功能异常, 均为 1~2 级, 无 3~4 级不良反应。8 例患者血小板植入不良, 余患者均获得造血重建。患者移植后外周血中性粒细胞和血小板植入良好的中位时间分别为 10.42d (6~30 d) 和 11.88d (5~34d)。患者达到 1 年随访期后, 3 例患者死亡。

结论 BeEAM 方案用于淋巴瘤患者自体造血干细胞移植预处理效果较好, 不良反应可耐受。

PO-2598

硒代甲基半胱氨酸通过肠道菌群改善小鼠 aGVHD 的机制研究

杜悦、冯慧、刘依、杨润雨、牛凡、贺鹏程、杨冰玉
西安交通大学第一附属医院

目的 硒-甲基硒代半胱氨酸 (Se-methylselenocysteine, MSC) 是一种天然有机硒, 容易被机体吸收。已被证实对机体免疫系统有广泛而深远的影响, 但其在急性移植物抗宿主病 (acute graft-versus-host disease, aGVHD) 中的作用及机制尚不明确。本研究旨在探索 MSC 对 aGVHD 的改善作用及其影响机制, 为 aGVHD 的治疗与干预提供新的策略。

方法 通过对清髓性辐照后的 BALB/c 小鼠回输 C57BL/6 小鼠骨髓及脾脏细胞, 建立小鼠 aGVHD 模型。对受体小鼠在回输前 4 周起灌服 MSC 构建 MSC 干预的 aGVHD 模型, 在此基础上进行清菌及粪菌移植构建 MSC 干预下清菌及粪菌移植的 aGVHD 模型。采用 16SRNA 技术比较肠道菌群结构、收集回输后+10 天各组小鼠新鲜脾脏细胞检测免疫细胞及相关细胞因子的变化。

结果 MSC 灌服显著改善小鼠 aGVHD, 表现为受体小鼠的生存时间明显延长, aGVHD 的临床症状

以及靶组织损伤显著改善, MSC 能够上调 CD4+CD25+Treg 细胞比例。通过构建清菌及粪菌移植的 MSC-aGVHD 模型, 我们明确了肠道菌群在其中发挥了重要作用, MSC 小鼠的粪菌也可以上调 CD4+CD25+Treg 细胞比例。16S rRNA 测序结果显示 MSC 增加肠道菌群多样性, 肠道中拟普雷沃氏菌(*Alloprevotella*)等肠道有益菌数量明显增加。*Alloprevotella.rava(A.rava)*是 *Alloprevotella* 的标准菌株。进一步体外实验证实, MSC 在体外能够直接促进 *A.rava* 的增殖, 促进 Treg 细胞的分化。

结论 MSC 通过影响 *Alloprevotella*, 上调 Treg 细胞比例, 进而发挥改善 aGVHD 的作用。

PO-2599

泊马度胺联合阿扎胞苷用于移植后 MRD 阳性急性白血病抢先治疗安全性和疗效分析

王路、孔佩艳、张曦、高蕾
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 分析泊马度胺联合阿扎胞苷在移植后 MRD 阳性急性白血病抢先治疗中的安全性和有效性。

方法 移植后 MRD 阳性的急性白血病患者接受阿扎胞苷 75mg/m²,d1-5; 泊马度胺 1mg/日, 连续口服 21-28 天, 根据血象调整, 28 天为 1 周期。

结果 8 例急性髓系白血病 (AML)、1 例急性混合细胞白血病 (MPAL)、2 例 Ph+急性淋巴细胞白血病 (Ph+ALL)、2 例 Ph-急性淋巴细胞白血病 (Ph-ALL) 和 1 例急性 T 淋巴细胞白血病 (T-ALL) 接受治疗。中位随访 352 天 (范围: 42-1044 天), 8 例出现 3-4 级中性粒细胞减少, 无粒细胞缺乏伴发热发生; 1 例出现 4 级血小板减少; 3 例出现 3-4 级氨基酸转移酶升高; 1 例出现严重不良事件, 表现为酮症酸中毒, 但与泊马度胺无关, 酮症酸中毒纠正后继续泊马度胺治疗未再发生; 所有患者随访过程中未出现急性移植物抗宿主病, 1 例在治疗过程中新发慢性皮肤移植物抗宿主病, NIH 评分为 1 分, 该患者在治疗启动时同时停用了免疫抑制剂; 6 例在治疗启动前已存在慢性移植物抗宿主病的患者中仅 1 例出现移植物抗宿主病加重。截止末次随访, 诊断为 AML 和 MPAL 的所有患者均未出现疾病复发; 其中 1 例在随访 42 天后失访时仍处于 MRD 阳性状态; 其余患者随访 196-1044 天, 2 例间断出现 MRD 阳性, 但无复发, 6 例持续处于 MRD 阴性缓解状态。2 例 Ph+ALL 中, 1 例 BCR/ABL 融合基因间断阳性, 并在随访 462 天后出现疾病复发; 另 1 例长期处于 BCR/ABL 阴性缓解状态。2 例 Ph-ALL 患者随访 290-301 天时仍处于 MRD 阴性缓解状态。诊断为 T-ALL 的患者在随访 70 天后复发并接受其他治疗。

结论 我们的数据初步显示: 泊马度胺联合阿扎胞苷用于移植后急性白血病的抢先治疗具有良好的安全性, 其中 AML 患者显示出较好的疗效。我们已经注册了一项使用该方案治疗异基因造血干细胞移植后 MRD 阳性 AML 的临床研究 (ChiCTR2300075432)。

PO-2600

STAT3 敲除供者 T 细胞通过 IL-22 调节肠道微生态 减低 GVHD 效应及机制研究

王筱淇、许玉溪、王瑞、吉锐、黄瑞昊、程先静、杨世杰、宋清晓、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 异基因造血干细胞移植 (Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation, allo-HSCT) 是治愈血液肿瘤的最佳手段之一, 而移植物抗宿主病 (Graft-versus-host disease, GVHD) 仍然是

影响 allo-HSCT 后患者生存和生活质量的重要并发症，发病率高达 40-60%。肠道 GVHD，尤其是重度肠道 GVHD 发病率高、病情危重，治疗困难，是制约移植成功率的关键因素之一。供者的 T 细胞是导致 GVHD 的主要效应细胞。肠道上皮损伤和肠道微生物群的紊乱都可以刺激供者 T 细胞的活化，进一步加重组织损伤，导致移植后预后不良和死亡率增加。如何快速控制损伤修复肠粘膜，通过机制解析寻找精准干预靶点是亟待解决的关键科学问题。

方法 构建 STAT3^{-/-}以及 STAT3^{-/-}STAT1^{-/-}双敲除小鼠为供鼠，BALB/c 为受鼠建立急性 GVHD 模型。观察生存，体重及肠道的受累程度，通过病理活检明确 GVHD 靶器官淋巴细胞浸润情况及受累程度；检测 WT，STAT3 敲除以及 STAT3^{-/-}STAT1^{-/-}双敲除 T 细胞中 IL-22 的 mRNA 和蛋白的表达差异；通过 Chip-seq 实验验证 STAT1 蛋白对于 IL-22 的转录调控作用；急性 GVHD 模型小鼠给予 anti-IL-22 干预，检测受鼠 GVHD 发病情况和肠道受累程度；分离肠道上皮细胞进行单细胞测序，检测肠道各类型细胞的数量及其转录特征；分析 WT 和 STAT3 敲除组肠道菌群丰度以及代谢物的差异，进一步明确肠道代谢物调控肠道 GVHD 的机制。

结果 STAT3 敲除 T 细胞反馈性上调 STAT1-IL-22 信号轴，增加了肠道微生态中罗伊氏乳杆菌丰度及其代谢物吲哚-3-醛 (IAld)，通过代谢物吲哚-3-醛 (IAld) 激活肠道粘膜的芳香羟受体 (AhR) 减轻淋巴细胞浸润，同时调节肠道微生态稳定，减轻炎症损伤、促进肠道粘膜修复，从而减轻肠道 GVHD。

结论 IL-22 可以通过 STAT1-IL-22 信号轴改善肠道微生态促进肠粘膜修复，GVHD 小鼠中补充 IAld 可以有效促进肠道微生态修复减轻 GVHD，为开发 GVHD 肠道损伤的靶向治疗奠定新的基础。

PO-2601

造血干细胞移植患者血清 tsRNA 表达变化 与急性移植物抗宿主病及预后的关系研究

曾轲璟、夏琳、杨程、陈婷、王瑞、饶军、李琼、董松、刘红云、周沙、高力、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 比较造血干细胞移植后发生与不发生急性 GVHD 患者的血清 tsRNA 的表达变化，明确血清小 RNA 及其修饰是否可作为早期预测造血干细胞移植后急性 GVHD 发生及预后判断的生物学分子标记。

方法 将本院 2020 年 7 月至 2022 年 7 月期间在本院接受造血干细胞移植治疗的血液病患者 19 例纳入研究，收集患者移植前后外周血样本及临床相关数据。本研究经陆军军医大学第二附属医院伦理委员会审核批准通过。采集患者移植前后不同时间点的外周血标本并分离血清，分离抽提外周血清总 RNA，将分离纯化的血清总 RNA 送往武汉华大基因进行小 RNA 测序前质量检测，将质检合格的小 RNA 进行微量建库，并通过 Illumina Hiseq 测序平台进行测序检测。通过小 RNA 高通量测序生物分析软件 SPORTS 1 进行注释和后续的数据分析。

结果 异基因造血干细胞移植患者 19 例，外周血样本共计 34 份。其中男性 10 例，女性 9 例；中位年龄 33 岁 (18~50 岁)；HLA 全相合移植 9 例，HLA 不全相合移植 10 例；其中发生急性 GVHD 的患者 13 例，未发生急性 GVHD 的患者 6 例。两组在性别、年龄、疾病类型、移植类型的分布差异无统计学意义。比较预处理后急性 GVHD 组和非急性 GVHD 组血清 tsRNA，发现 6 个 tsRNA 的表达量有显著性差异：mature-tRNA-Leu-CAA_5_end (p=0.017)、mature-tRNA-Phe-GAA_5_end (p=0.017)、mature-tRNA-Ser-AGA (p=0.033)、mature-tRNA-Ser-AGA_5_end (p=0.033)、mature-tRNA-Ser-TGA (p=0.033)、mature-tRNA-Ser-TGA_5_end (p=0.033) 在 GVHD 组血清中的表达均较非 GVHD 组更低。比较发生急性 GVHD 的患者与相同移植时间段 (±7 天以内) 非急性 GVHD 患者血清 tsRNA 表达的差异，发现 mature-tRNA-Asp-GTC (p=0.045) 在 GVHD 组表达高于非 GVHD 组。

结论 异基因造血干细胞移植后发生急性 GVHD 和未发生急性 GVHD 患者在预处理后、急性 GVHD

发生时的外周血 tsRNA 表达均存在差异，提示外周血 tsRNA 组合可能成为预测和诊断急性 GVHD 发生的生物标志物。

PO-2602

呼吸松弛训练联合三线放松法干预对造血干细胞移植极期患者心理状态及血压水平的影响

任利娟

西安交通大学第一附属医院

目的 探究呼吸松弛训练联合三线放松法干预对造血干细胞移植（HSCT）极期患者心理状态及血压水平的影响。

方法 采用随机数字表法将本院自 2023 年 1 月至 2023 年 12 月收治的 118 例 HSCT 极期患者分为观察组和对照组，各 59 例。对照组接受 HSCT 极期患者常规护理，在此基础上，观察组接受呼吸松弛训练联合三线放松法干预，两组均干预 2 周；比较两组心理状态、血压、睡眠质量及护理满意度。

结果 干预后，观察组情绪自评量表/抑郁—焦虑—压力量表中文简版（DASS-21）评分、匹茨堡睡眠质量指数（PSQI）评分显著低于对照组（ $P < 0.05$ ），护理满意度总分显著高于对照组（ $P < 0.05$ ）；与干预前相比，干预后观察组收缩压（SBP）、舒张压（DBP）比较无显著性差异（ $P > 0.05$ ），对照组 SBP、DBP 显著降低（ $P < 0.05$ ）；干预后，观察组 SBP、DBP 显著高于对照组（ $P < 0.05$ ）。

结论 呼吸松弛训练联合三线放松法干预 HSCT 极期患者能有效减轻患者焦虑、抑郁、压力，维持患者血压稳定，提高睡眠质量和护理满意度。

PO-2603

PHS/GPR120 促进糖酵解调控 T 细胞分化维持 MSCs 治疗急性 GVHD 稳定性的作用机制研究

王瑞^{1,2}、许玉溪^{1,2}、王筱淇^{1,2}、杨世杰^{1,2}、张曦^{1,2}

1. 中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

2. 金凤实验室

目的 急性移植物抗宿主病（acute graft versus host disease, aGVHD）是导致移植失败和死亡的主要并发症之一，免疫抑制剂治疗仅有 50-60% 的效果且常伴感染、复发和脏器功能损伤，是亟待解决的临床难题。间充质干细胞（MSCs）治疗急性 GVHD 有效且毒副作用轻微，但疗效不稳定的问题一直没能解决，限制了临床推广。

方法 课题组通过对 MSCs 治疗有效率不同组别小鼠肠道微生物和代谢物差异性分析，发现了肠道菌群代谢物植物鞘氨醇（PHS）有助于急性 GVHD 治疗的稳定性。

结果 体外采用 PHS 处理小鼠和人来源 CD4+T 细胞，结果显示 PHS 可显著抑制 CD4+T 细胞的增殖，抑制 CD4+naïve T 细胞向 Th1 的分化，促进向 Treg 的分化。体内实验也证实 PHS 处理后小鼠肝脏和小肠组织中 CD4+T 细胞的增殖受到抑制，CD4+T 细胞的浸润减少，凋亡增加，Th1 细胞比例降低、Treg 细胞比例增加以及外周血中 IFN- γ ，TNF- α 和 ST2 的表达降低。进一步的验证实验表明 PHS 可能通过 GPR120 促进糖代谢，调控 T 细胞分化，改变 T 细胞亚群比率维持了 MSCs 治疗急性 GVHD 的稳定性。

结论 本课题从肠道微生态和代谢物这一新的视角, 阐明 PHS 在维持 MSCs 治疗急性 GVHD 疗效稳定方面的作用及机制, 为急性 GVHD 临床治疗新思路的探索提供实验依据。

PO-2604

tRNA methyltransferase Dnmt2 modulates GVHD process via tRNA m5C modification

Shijie Yang, Huanping Guo, Chao Ma, Rui Wang, Ting Chen, Yunjing Zeng, Shengwang Wu, Yunfang Zhang, Xi Zhang

Xinqiao Hospital, State Key Laboratory of Trauma, Burn and Combined Injury, Third Military Medical University (Army Medical University), Chongqing, China

Objective Acute graft versus host disease (aGVHD) is one of the major complications that lead to failure even death after allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). The immunosuppressive therapy for GVHD treatment is only 50-60% effective and often accompanied by infection, recurrence and organ function damage, makes it a tough clinic problem need to be solved urgently. As an emerging epigenetic regulator, RNA modification plays an important role in the regulation of protein translation, ribosome biosynthesis, cellular process and the occurrence of diseases, however there is little known about the role of RNA modification in the occurrence and development of aGVHD.

To investigate the role of RNA modification in aGVHD development especially in allogenic-T cells and provide a new potential strategies for prevention or treatment of aGVHD from the aspect of RNA modification fields.

Methods Firstly, a mouse aGVHD model was constructed with C57BL/6 (45.1BM and 45.2 T cells) as the donor and Balb/C as the recipient. Secondly, infiltrating T cells in liver and spleen target organs were isolated on day 7 after transplantation and the tRNA modification levels were detected by LC-MS/MS. Finally, the mechanism of RNA modification regulating the occurrence of aGVHD was deeply analyzed by the rescue experiment of RNA modified-related gene knockout mouse with the help of bioinformatics and molecular biology experiments.

Results In this study, based on murine aGVHD model, we found that the tRNA modification profiles of T-cells isolated from aGVHD target organs spleen and liver (7 days post-transplantation) was altered, especially in m6A, m3C, and m5C, were significantly up-regulated. Further analysis showed that the up-regulated level of tRNA m3C and m5C were exist in injected-T (45.2) cells but not the de novo T (45.1) cells isolated from aGVHD group. Western bolt result confirmed that tRNA methyltransferase DNMT2 which responsible for m5C modification, was highly expressed in injected-T (45.2) cells isolated from spleen and liver in aGVHD group. Genetic deletion of Dnmt2 decreased the tRNA m5C modification level in T-cell from spleen. With the rescue experiment, Dnmt2 knockout mice as donor, we found that lack of Dnmt2 in T cell could alleviate the development of aGVHD and the pro-inflammatory cytokines level of IFN γ , TNF α and others were also significantly reduced in serum. In conclusion, our data indicated that Dnmt2-mediated tRNA m5C modification in injected T (45.2) cells was involved in the development of aGVHD. However, the molecular mechanism under Dnmt2-mediated tRNA m5C regulates aGVHD and its impact on immune response need to be further elucidated.

Conclusion In our study we found that the tRNA modification profiles of T cell isolated from the aGVHD target organs liver and spleen were changed especially in m5C level and the donor T cell lack of functionally DNMT2 could alleviated the aGVHD development, providing a new potential strategies for prevention or treatment of aGVHD from the aspect of RNA modification fields.

PO-2605

医护患共同决策方案在造血干细胞移植患者中 预防导管相关血行感染的应用效果

张天文、陶俊

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探究医护患共同决策方案在造血干细胞移植患者中预防导管相关血行感染（CRBSI）的应用效果。

方法 通过文献回顾、专家论证，构建医护患共同决策方案。采用随机抽样法，选取 2022 年 6 月—2024 年 1 月我科进行造血干细胞移植术的 82 例患者为研究对象，将患者分为试验组和对照组，每组各 41 例。试验组采用医护患共同决策方案，对照组采用常规方案。分别对两组临床决策参与程度、医疗决策参与满意度、决策冲突程度以及血细菌培养阳性率进行比较分析。

结果 过干预后，试验组临床决策参与程度得分为（40.24±5.48）分，对照组为（23.41±6.21）分，两组比较，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。试验组医疗决策参与满意度得分为（78.64±12.53）分，对照组为（48.88±16.26）分，两组比较，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。试验组决策冲突程度得分为（21.51±5.95）分，对照组为（42.28±7.22）分，两组比较，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。试验组血细菌培养阳性率为 11.25%，对照组为 34.29%，两组比较，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 造血干细胞移植患者使用医护患共同决策方案预防导管相关血行感染（CRBSI），对提高其临床决策参与程度、医疗决策参与满意度、血细菌培养阳性率以及降低患者决策冲突程度，均有显著的临床意义。

PO-2606

基于预后营养指数的分级营养护理 在造血干细胞移植患者中的应用

唐杰、冯一梅、冉凤、蒋丽全、王雅丽、陈小丽

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 基于预后营养指数的分级营养护理在造血干细胞移植患者中的应用

方法 回顾性分析 2019 年 1 月至 2021 年 12 月期间接受 HSCT 的 120 例患者，根据 PNI 评分将患者分为两组：PNI≤45 分为低 PNI 组，PNI>45 分为高 PNI 组。两组患者均接受了个性化的营养护理方案。对照组根据 NRS2002 营养评分给予常规营养护理，研究组根据 NRS2002 评分结果结合移植前 PNI 进行分级营养护理。比较两组患者 BMI 变化、HB 水平、粒系造血恢复时间和层流病房住院时长。

结果 研究组 60 例，对照组 58 例，两例患者中途退出。移植后第 14 天，研究组的 PNI 明显优于对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。移植后第 14 天及出院时，两组患者的 BMI、血红蛋白（Hb）水平均显著降低。低 PNI 组患者的平均 BMI 从护理前的 18.5 增加至护理后的 19.2（ $P < 0.05$ ），而高 PNI 组的 BMI 从 22.1 变化至 22.3，差异不显著（ $P > 0.05$ ）。低 PNI 组患者的平均粒系造血重建时间从 21 天缩短至 16 天（ $P < 0.01$ ），高 PNI 组的平均时间从 14 天减少至 13.5 天，差异不显著（ $P > 0.05$ ）。低 PNI 组患者的平均住院时长从 35 天减少至 28 天（ $P < 0.01$ ），而高 PNI 组的住院时长从 21 天减少至 20 天，差异不显著（ $P > 0.05$ ）。

结论 基于 PNI 的分级营养护理显著改善了低 PNI 组 HSCT 患者的营养状况，促进了粒系造血的重

建,并缩短了住院时间。这些结果表明,个性化的营养护理方案对于 HSCT 患者的康复过程具有重要意义。

PO-2607

循证护理路径干预对异基因造血干细胞移植患者的效果观察

封孝梅、陈小丽

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨循证护理路径干预对异基因造血干细胞移植患者癌症恐惧、自我感受负担及毒副反应的影响。

方法 选取 2023 年 1 月—2023 年 12 月医院收治的行异基因造血干细胞移植患者 100 例为研究对象,按照组间基本特征具有可比性的原则,采用随机数字表法分为对照组与观察组各 50 例。对照组给予常规护理干预,观察组给予循证护理路径干预,比较两组患者造血干细胞移植前和移植后中文版恐惧疾病进展简化量表(FoP-Q-SF)、自我感受负担量表(SPBCP)、癌因性疲乏量表(PFS)评分及预处理后毒副反应情况。

结果 移植前,两组生理健康、社会家庭及 FoP-Q-SF 总评分比较差异无统计学意义($P>0.05$),移植后,观察组生理健康、社会家庭及 FoP-Q-SF 评分低于对照组,差异有统计学意义($P<0.05$);移植前,两组患者治疗负担、心理负担、照护负担、家庭负担评分以及 SPBCP 总分比较差异无统计学意义($P>0.05$),移植后,观察组治疗负担、心理负担、照护负担、家庭负担评分以及自我感受负担量表(SPBCP)总分均低于对照组,差异有统计学意义($P<0.05$);移植前,两组 PFS 评分比较差异无统计学意义($P>0.05$),移植后,两组 PFS 评分均降低,且观察组低于对照组,差异有统计学意义($P<0.05$)。移植后,观察组毒副反应总发生率低于对照组,差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 针对行异基因造血干细胞移植患者,采用循证护理路径干预可缓解其癌症恐惧心理,减轻自我感受负担与癌因性疲乏,降低毒副反应发生率。

PO-2608

在单细胞分辨率下探索间充质干细胞的基因组不稳定性和异质性

王峥

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 间充质干细胞(MSCs)具有免疫抑制和再生特性,已被临床广泛应用于治疗多种免疫性疾病和组织修复。然而,由于不同批次之间存在变异性和多样的制造过程,获得的治疗效果经常存在差异。MSC 产品的质量控制仍然存在模糊不清的问题。最近出现的单细胞 RNA 测序(scRNA-seq)方法允许我们在细胞传代过程中以单细胞分辨率研究细胞的异质性,预测基因组不稳定性,并揭示疾病和组织发育中的未知机制。

方法 在这里,我们研究了细胞培养过程中不同传代的 MSCs,并利用计算生物学及单细胞的方法进行研究。

结果 我们发现了两种不同的动态模型,即强动态模型和弱动态模型。强动态模型表现为传代过程中亚群组成的高度变异,而弱动态模型则表示亚群组成变化较弱。我们的数据表明,与强动态模型相比,来自弱动态模型的 MSCs 具有更好的免疫抑制效果。此外,我们发现在传代过程中, MSCs 的基因组不稳定性在强动态模型中显著增加。此外,强动态模型中的 MSCs 对 DNA 损伤剂更为敏感。然而,这并不影响细胞衰老和 ROS 信号通路。

结论 我们的研究首次探索了 MSC 外源扩展过程中的细胞异质性,并解释了治疗效果变异的潜在原因。这项研究可能有助于建立质量控制措施,并改进 MSC 产品的质量。

PO-2609

靶向 PI3K δ 功能治疗慢性移植物抗宿主病

许玉溪^{1,2}、胡紫祎^{1,2}、杨官翠¹、贺钰轩^{1,2}、徐晴^{1,2}、周亚^{1,2}、王棋^{1,2}、
王瑞^{1,2}、王筱淇¹、杨世杰¹、张曦^{1,2}、宋清晓^{1,2}

1. 陆军军医大学第二附属医院血液病医学中心
2. 金凤实验室

目的 探究 PI3K δ 抑制剂对慢性移植物抗宿主病(cGVHD)的疗效。

方法 收集 cGVHD 患者及小鼠皮肤组织，进行多重荧光免疫组化染色(mIHC)及空间转录组测序。构建小鼠 cGVHD 模型及 Xeno-GVHD 模型，给予 PI3K δ 抑制剂或安慰剂治疗，观察小鼠体重变化、cGVHD 的症状及总生存。通过 HE 及 Masson 染色评估 cGVHD 靶器官(皮肤、肺、肝)的病理变化。分离皮肤单个核细胞进行单细胞测序及流式细胞术分析。

结果 小鼠及病人皮肤组织空间转录组测序提示 cGVHD 皮肤中 T_{rm} 细胞、B 细胞和单核巨噬细胞紧密相邻，CCL5/CCR5、LTB/LTBR 信号通路上调促进下游 PI3K δ 磷酸化增强，形成异位三级淋巴结构(TLSs)。PI3K δ 抑制剂显著减轻 cGVHD，机制是下调 CCL5/CCR5 及 LTB/LTBR 信号通路，抑制 TLSs 形成。减少 Tem/T_{rm} 细胞在皮肤浸润，尤其明显抑制具有 T_{fh} 特征(高表达 CD40L、ICOS、IL-21、CD69、Bh1he40、PD-1、Runx3、IL-21)的组织驻留记忆性 CD4⁺ T 细胞(T_{fh}-like-CD4⁺T_{rm})。同时促进单核巨噬细胞和成纤维细胞表型转换。

结论 异基因造血干细胞移植后 T、B 细胞 PI3K δ 磷酸化增强，促进 CCL5/CCR5 及 LTB/LTBR 信号通路依赖的 TLSs 形成及 T_{rm} 细胞、B 细胞和单核巨噬细胞相互作用，是维持皮肤 cGVHD 病理生理的重要机制。PI3K δ 抑制剂通过显著减少 T_{fh}-like-CD4⁺T_{rm} 细胞、促进单核巨噬细胞及成纤维细胞的类别转换，抑制 TLSs 形成减轻 cGVHD。这些发现为 PI3K δ 作为治疗 cGVHD 患者的潜在靶点奠定了理论基础，并为临床治疗策略提供了重要依据。

PO-2610

Exploring genomic instability and heterogeneity of mesenchymal stem cells at single-cell resolution

Zheng Wang, xi zhang

Medical center of hematology, Xinqiao hospital, Army medical university

Objective The immunosuppressive and regenerative properties of mesenchymal stem cells (MSCs) have been clinically used for the treatment of many immune diseases and tissue repair. Due to batch-to-batch variability and diverse manufacturing processing, the obtained results were frequently variable. The quality control of MSC products is still ambiguous. The recent emergence of single-cell RNA sequencing (scRNA-seq) methods allows us to investigate cellular heterogeneity and predict genomic instability at single-cell resolution during cell passaging and uncovers unknown mechanisms underlying diseases and tissue development.

Methods Here, we investigated MSCs at different passages during cell culture. We found two different dynamic models during cell passaging, including vigorous and weak models. The vigorous model represents the highly variable composition of subpopulations during cell passaging, while the weak model represents the weak change in subpopulation composition.

Results Our data suggested that MSCs from the weak model have better immunosuppressive effects, compared to those from the vigorous model. Furthermore, we found that the genomic instability of MSCs was significantly increased in the vigorous model during cell passaging. Furthermore, MSCs in vigorous model are more sensitive to DNA damage agents. However, it has no effect on cellular senescence and ROS signaling pathways. Our research first explores

the cellular heterogeneity during MSC exogenous expansion and explains the potential reasons for therapeutic variability.

Conclusion This research may facilitate the establishment of quality control and the improvement of MSC products.

PO-2611

采用不同策略的抗胸腺细胞球蛋白方案 在同胞全合移植中的疗效分析

颜灵妍、成倩、李昕
中南大学湘雅三医院

目的 移植物抗宿主病 (graft versus host disease, GVHD) 是同种异基因造血干细胞移植 (allogeneic haematopoietic stem cell transplantation, allo-HCT) 后的一个重大临床问题, 与移植后 NRM 相关, 限制了移植的潜在效用。在同胞全合移植 (matched sibling donor transplantation, MSDT) 预处理体系中加入 ATG 虽然可以减少 GVHD 相关不良结局发生, 但也给血液系统恶性肿瘤患者带来了更高的复发风险。本研究重点关注 MSDT 移植后 GVHD 预防策略改良, 旨在探讨不同 ATG 的使用对于 MSDT 移植疗效的有效性及其安全性。

方法 回顾性分析 2020 年 1 月至 2024 年 1 月在本中心接受 MSDT 的 48 例血液系统恶性肿瘤患者。其中 p-ALG (45mg/kg) 组 22 例, r-ATG (3.5-4.5mg/kg) 组 26 例。

结果 我们的结果表明, 从造血重建恢复来看, p-ATG 较 r-ATG 组的巨核系以及粒系恢复更快。从 GVHD 的发生来看, p-ALG 组较 r-ATG 组有着更高 3 年 cGVHD 发生率 ($64.4 \pm 12.6\%$ vs $35.7 \pm 10.7\%$, $p=0.063$), 但总 aGVHD ($40.9 \pm 10.5\%$ vs $25.3 \pm 9\%$, $p=0.209$) 和 3 年广泛 cGVHD ($25.5 \pm 11.4\%$ and $9.3 \pm 6.4\%$, $p=0.188$) 无显著差异。从患者的预后来看, p-ALG 组 3 年总 OS 率 (100% vs $75.5 \pm 8.8\%$, $p=0.039$) 更高。虽然两组间 3 年累计复发率 (CIR) 无统计学意义, 但 p-ALG 组的疾病持续缓解时间更长, 且 p-ALG 组的移植后 3 年 MRD+ 发生率低于 r-ATG 组 ($4.5 \pm 4.4\%$ and $40.5 \pm 11\%$, $p=0.022$)。

结论 中剂量 p-ALG 可以降低广泛 cGVHD 的发生率, 不会增加严重 GVHD 的发生及复发风险, 对于高危 HM 患者可能是 MSDT 移植后 GVHD 预防策略的更优选择。

PO-2612

Pioneer study of thiotepa-based conditioning for allo-HSCT in adult T-ALL

xi Zhang, Lu Zhao, Yuqing Liu, Lu Zhao
Medical Center of Hematology, Xinqiao Hospital, State Key Laboratory of Trauma, Burn and Combined Injury,
Army Medical University

Objective T-cell acute lymphoblastic leukemia (T-ALL) is a highly aggressive hematological neoplasm with a poor prognosis. Unlike children, adult T-ALL patients have a high relapse rate. Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) has been a well-recognized method to improve outcomes. However, the standard conditioning regimen for T-ALL adults has not been established yet, and the relapse rate after HSCT is not satisfying. Thiotepa is an alkylating agent that can cross the blood-brain barrier (BBB) efficiently, which makes it ideal for patients with high CNS leukemia risk. Aiming at improving the clinical outcome of adult T-ALL patients, we developed a modified thiotepa-based condition regimen for HSCT in adult T-ALL

patients.

Methods A prospective single-arm study was conducted in T-ALL patients, 14 T-ALL adult patients were recruited and conditioned with Me-CCNU, thiotepa, busulfan, and CTX (MeCCNU+TT+BU+CTX) before allo-HSCT, 6 patients received PBSC from HLA-matched related or unrelated donors, and 8 patients received PBSC plus BM from haploidentical related donors. All patients received standard CNS leukemia prophylaxis with intrathecal chemotherapy after HSCT.

Results With a median follow-up time of 10 months (28 months longest). One patient experienced extramedullary relapse 2 months after HSCT and achieved remission after DLI. Another patient died of relapse 5 months after HSCT. The 10-month OS and LFS were 92.3% and 85.1%, respectively, which is better than our historical data. No patient developed CNS leukemia after HSCT in this study, including one patient with diagnosed CNS leukemia before HSCT. The day 100 cumulative incidence of grade II-IV aGVHD was 35.7%. A total of 8 patients (57.14%) developed cGVHD, among them one had grade IV liver cGVHD and is still under treatment. 2 (14.28%) had severe infection during myelosuppression, no TRM was observed.

Conclusion In adult patients with T-ALL, most relapses take place within the first two years after allo-HSCT, and many start from the central nervous system or other extramedullary relapse. The reported 3-year overall survival of adult T-ALL varied from 30 to 40%. Though with a relatively short follow-up time and limited patient number, our thiotepa-based conditioning regimen for adult patients with T-ALL has already shown a promising OS and LFS better than our historical data and literature reports, and this regimen was well tolerated. Notably, this conditioning regimen contains two blood-brain barrier crossing drugs MeCCNU and thiotepa, which could contribute to its great potential to prevent CNS leukemia in T-ALL patients after allo-HSCT.

PO-2613

低剂量 ATG 联合巴利昔单抗可有效控制单倍体造血干细胞移植后 GVHD 和减少 CMV 感染

黄珍莉¹、夏凌辉²

1. 郑州大学第一附属医院

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 当前移植物抗宿主病(GVHD)仍然是单倍体造血干细胞移植后主要的并发症,限制了其广泛的临床应用。在单倍体造血干细胞移植中,我们在基于 ATG 的 GVHD 预防方案中增加巴利昔单抗试图探索更优的 GVHD 预防方案。

方法 我们回顾性分析了 239 例患有中危或高危恶性血液病接受单倍体造血干细胞移植的患者的临床数据。所有患者均接受相同的 GVHD 预防措施,包括甲氨蝶呤、环孢素或他克莫司、吗替麦考酚酯、巴利昔单抗以及联合不同剂量的 ATG (5-9mg/kg)。

结果 239 例患者的中性粒细胞中位植入时间为 11(7-40)天,中性粒细胞植入率为 96.65%; II-IV 级和 III-IV 级 aGVHD 的 100 天累积发病率分别为 15.8±2.5%和 5.0±1.5%; 2 年总 cGVHD 和广泛性 cGVHD 的累积发病率分别为 9.8±2.2%和 4.1±1.5%; 移植相关死亡率、复发率、总生存率、无病生存率的 3 年累积发病率分别为 14.6±2.6%、28.1±3.4%、60.9±3.4%、57.3±3.4%。我们进一步分析了不同 ATG 剂量(≤6mg/kg 或>6mg/kg)与巴利昔单抗联合使用对患者移植预后的影响。与高剂量 ATG(>6mg/kg)相比,低剂量 ATG(≤6mg/kg)显著降低 CMV 病毒血症的发生率(52.38% vs 79.35%, P<0.001)。两种 ATG 剂量的 aGVHD 和 cGVHD 的发生率相似,在复发率、移植相关死亡率和总体生存率没有发现明显的差异。

结论 低剂量的 ATG(≤6mg/kg)联合巴利昔单抗可有效预防单倍体造血干细胞移植后 GVHD 的发生以及减少 CMV 血症的感染。

PO-2614

含塞替派预处理方案在异基因造血干细胞移植中的应用

李燕、董天、陈心传
四川大学华西医院

目的 探讨含塞替派预处理方案在异基因造血干细胞移植(HSCT)中的疗效及安全性。

方法 回顾性分析在四川大学华西医院接受含塞替派预处理异基因 HSCT 患者的临床资料。

结果 2021-7 至 2023-12 共有 51 例患者接受了塞替派、白消安、氟达拉滨 (TBF)和/或抗胸腺细胞球蛋白 (ATG) 为预处理方案的异基因 HSCT, 其中 27 例为 ALL, 8 例为 AML, 12 例为 MDS 或 PMF, 3 例为 CML/CMML。31 例接受亲源供者单倍型 HSCT, 16 例接受同胞全相合 HSCT。1 例患者中性粒细胞未植入 (输入的 CD34+干细胞过少), 3 例血小板未植入, 中位植入时间分别为 12 和 13 天。中位随访 23 个月 (范围 5-35 个月), 共有 5 例 (9.8%) 患者发生 III-IV 度急性移植物抗宿主病, 10 例 (19.6%) 患者发生移植相关死亡, 5 例 (9.8%) 患者出现疾病复发。2 年 OS 率和 PFS 率分别为 77.5%和 65.9%。在不良反应方面, 几乎所有患者都发生了恶心、呕吐, 共 26 例 (50.9%) 患者预处理期间出现腹泻; 24 例 (47.1%) 患者出现口腔粘膜炎; 没有患者出现皮肤、神经系统等相关的不良事件。

结论 含塞替派预处理方案植入成功率高, 移植后患者生存情况良好, 不良反应可控。

PO-2615

Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation promotes aGVHD via IL-33/IL-5/Foxp3 axis

Huachao Zhu
The first affiliated hospital of Xi'an jiaotong university

Objective The development of acute graft-versus-host disease (aGVHD) is a complex process that unfolds following allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT), fundamentally rooted in the immune crosstalk between donor and recipient, with a particular emphasis on T cell activation and differentiation. This study aimed to delve into the contributions of the IL-33/IL-5/Foxp3 axis to aGVHD pathogenesis, focusing on its effects on the differentiation of CD4+T cells.

Methods First, statistical analysis of clinical data showed that IL-5 levels were different in aGVHD patients and non-aGVHD patients, and then cell and animal experiments were designed to confirm the mechanism of IL-33/IL-5/Foxp3 axis in acute graft-versus-host disease at different levels.

Results Through a series of meticulously designed in vitro and in vivo experiments, we have identified that IL-33 is capable of upregulating IL-5 expression, which in turn, influences the differentiation trajectory of CD4+T cells, notably the balance between Th2 and Treg cells. Moreover, the overexpression of IL-33 or IL-5 was found to intensify pathological damage in a mouse model of aGVHD, implying that the IL-33/IL-5 axis might alter T cell differentiation via the modulation of Foxp3 expression, thus exacerbating aGVHD severity.

Conclusion These revelations shed light on the underlying mechanisms of the IL-33/IL-5/Foxp3 axis in aGVHD and present a compelling target for the formulation of innovative therapeutic approaches. Nonetheless, further research is essential to validate these findings in human clinical settings and to explore their therapeutic potential in the treating of aGVHD.

PO-2616

单中心 Allo-HSCT 治疗 45 例儿童重型地贫生存的经验总结

孔佩艳、赵璐、陈婷、冯一梅、刘雨青、姚洽
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 地中海贫血是全世界最常见的严重危害人类健康的单基因遗传病，特别是重型地中海贫血。目前研究表明，根治重型地中海贫血的手段是异基因移植和基因治疗，但基因治疗目前仍处于临床研究阶段，临床实际应用尚待时日。因此，异基因移植是根治疾病的唯一方法。目前，我国造血干细胞移植治疗地贫的无地贫生存率已经高达 90%以上，但随着技术的进步，进一步改善生存率也是大家期待的

方法 在重型地中海贫血的患儿中进行了一项前瞻性单臂研究，入组 44 例重型地中海贫血患儿，并在 allo-HSCT 之前用白消安，环磷酰胺、氟达拉滨和抗胸腺细胞球蛋白处理化疗，30 名患者回输了来自 HLA 匹配的相关或无关供体的外周干细胞，14 名患者回输了来自单倍体相合相关供体的外周干细胞加骨髓细胞。

结果 我们中心自 2019 年 12 月—2023 年 7 月共收治 44 例重型地贫患者，中位年龄 5 岁，男 24 例，女 20 例；其中单倍体供者 26 例（父供 15 例，母供 1 例，同胞单倍体 1 例），非血缘供者 26 例，全相合 7 例；预处理方案参照广西方案（广西医科大学赖永榕等），

我们中心自 2019 年 12 月—2023 年 7 月共收治 44 例重型地贫患者，中位年龄 5 岁，男 24 例，女 20 例；其中单倍体供者 26 例（父供 15 例，母供 1 例，同胞单倍体 1 例），非血缘供者 26 例，全相合 7 例；预处理方案参照广西方案（广西医科大学赖永榕等），在此基础上在输注前及输注后加用了间充质干细胞促进干细胞植入和预防 GVHD。总生存 100%和无地贫生存 100%，急性 GVHD 发生率 62.63%，其中皮肤排异 27 例，激素治疗有效；严重肠排 3 例，其中 1 例伴有严重肝脏和皮肤排异，治疗较为复杂且涉及多线治疗。移植后嵌合度下降患者 3 例，经抗排异、抗感染、DLI 等治疗后，目前嵌合度均稳定在 80%以上。总生存 100%和无地贫生存 100%，急性 GVHD 发生率 62.63%，其中皮肤排异 27 例，激素治疗有效；严重肠排 3 例，其中 1 例伴有严重肝脏和皮肤排异，治疗较为复杂且涉及多线治疗。移植后嵌合度下降患者 3 例，经抗排异、抗感染、DLI 等治疗后，目前嵌合度均稳定在 80%以上。

结论 通过对本组病例的分析，我们认为：1. 重型地贫的移植治疗还是一个复杂的系统工作，需要在有丰富经验的移植团队中进行，而且需要一个完善的多学科会诊平台，包括儿科、呼吸科、消化科、药师、免疫科和检验等多学科专家的加入；2. 我们提前了他克莫司使用的时间，以及移植过程中使用了间充质干细胞，这些改良可能与我们本组患者生存率更好可能相关。由于我们本组患者样本量较少，还需要扩大样本量的多中心研究进行验证，这也是我们下一步需要完成的工作

PO-2617

改良后置环磷酰胺和粒细胞集落刺激因子/抗胸腺细胞球蛋白方案在儿童再生障碍性贫血患者单倍体造血干细胞移植中的比较

林漓¹、李赞¹、陈智²、张晓颖¹、李佐峰²、张凌风¹、王娜¹、张义成¹

1. 华中科技大学同济医学院附属同济医院
2. 华中科技大学同济医学院附属武汉市儿童医院

目的 单倍体造血干细胞移植（HSCT）对于缺乏全相合同胞供者并且对免疫抑制疗法反应不佳的重型再生障碍性贫血患儿来说，是一种推荐的替代治疗方法。近年来，后置环磷酰胺（PTCy）和粒细胞集落刺激因子（G-CSF）/抗胸腺细胞球蛋白（ATG）治疗方案已成为世界范围内最常用的治疗方案。

方法 我们回顾性分析了 2 个移植中心 60 例在 2019 年 3 月至 2022 年 6 月期间接受单倍体 HSCT 并接受改良 PTCy (mPTCy) 方案 (n = 25) 或 G-CSF/ATG 方案 (n = 35) 的临床病例资料。

结果 G-CSF/ATG 组所有患者在 30 天内中性粒细胞植入成功, mPTCy 组的累积中性粒细胞植入率为 96%。在 mPTCy 组中, 血小板植入的中位时间为 13 天, 比 G-CSF/ATG 组更快 (P < .05)。两组间 II-IV 级急性移植物抗宿主病 (GVHD) 的发生率差异无统计学意义。mPTCy 组 II-IV 级急性 GVHD 的累积发生率为 12%, G-CSF/ATG 组为 26.7%, 而 mPTCy 组 III-IV 级急性 GVHD 的累积发生率为 12%, G-CSF/ATG 组为 6.67%。在总生存期 (OS) 方面, 组间也无显著差异, G-CSF/ATG 组和 mPTCy 组的 2 年 OS 率分别为 88.57% 和 100%。在多变量分析中, III-IV 级急性 GVHD 与较差的生存结果相关。

结论 mPTCy 和 G-CSF/ATG 方案在接受单倍体造血干细胞移植的儿童再生障碍性贫血患者中导致了相似的结果, 但 mPTCy 组方案的血小板移植速度较快, EBV 病毒活化发生率较低, 而 G-CSF/ATG 方案的 III-IV 级急性 GVHD 发生率较低。

PO-2618

互联网+信息化护理平台在白血病患者造血干细胞移植术后随访中的应用效果

张天文、陶俊

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨“互联网”信息化护理平台在白血病患者造血干细胞移植术后随访工作中的应用优势。

方法 收集我中心 2022 年 1 月-2024 年 1 月收治的 220 例白血病患者作为研究对象, 依据随机数字表法分为对照组与观察组, 各 110 例, 对照组术后进行电话随访, 观察组术后采用“互联网+”信息化护理平台随访。比较两组生活质量、自我护理能力及疾病认知情况。

结果 观察组 SF-36 量表中精神健康、社会功能、生理职能、生理机能评分均高于对照组 (P < 0.05); 观察组自我护理评分、疾病认知评分高于对照组 (P < 0.05)

结论 “互联网+”信息化护理平台非常适用于白血病患者造血干细胞移植术后的随访, 可有效改善患者生活质量, 提高其疾病认知水平和自我护理能力。

PO-2619

异基因造血干细胞移植后巨细胞病毒特异性 T 细胞的重建特征

王璐祥¹、李肃²、黄佳瑜¹、张子璐¹、潘增凯¹、江传和¹、胡晓霞¹

1. 上海交通大学医学院附属瑞金医院

2. 上海市力泉医院

目的 研究探讨异基因造血干细胞移植 (allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT) 后, 来特莫韦预防策略下巨细胞病毒 (cytomegalovirus, CMV) 特异性 T 细胞的重建特点。

方法 分选移植后不同阶段来特莫韦预防组 (letermovir, LTV) 及抢先治疗组 (preemptive therapy, PET) 患者外周血单个核细胞, 予 CMV 特异性肽段 (包括 IE-1、IE-2、pp65) 刺激, 流式细胞术细胞内因子染色技术检测分泌不同细胞因子 (IFN- γ , TNF- α , IL2, MIP-1 β) 的 CMV 特异性 T 细胞亚群计数, 分析 CMV 特异性 T 细胞重建与迟发性 CMV 激活的关系。

结果 来特莫韦预防组患者更易出现迟发性 CMV 激活 (26.0% 对 5.5%, P < 0.01)。来特莫韦预防组患者 CMV 特异性 IFN- γ +, TNF- α + 及 IL2+ CD8+ T 细胞在移植后 60 天内均出现重建延迟 (LTV

对 PET, IFN- γ +: 0.21 对 11.55 个/ μ L, $P = 0.04$; TNF- α +: 0.27 对 10.31 个/ μ L, $P = 0.04$; IL2+: 0.03 对 0.56 个/ μ L, $P = 0.04$)。多功能 CMV 特异性 T 细胞的恢复有助于降低迟发性 CMV 激活发生率。多克隆 CMV 特异性 CD4+ T 细胞计数 <2.01 个/ μ L ($AUC = 0.78, P = 0.003$) 或者多克隆 CMV 特异性 CD8+ T 细胞计数 <0.90 个/ μ L ($AUC = 0.89, P < 0.001$)时, 来特莫韦预防组患者更倾向于发生迟发性 CMV 感染。

结论 来特莫韦预防移植后 CMV 再激活可致 CMV 特异性 T 细胞重建延迟, 多克隆 CMV 特异性 T 细胞的重建不足可致迟发性 CMV 感染。

PO-2620

应用血细胞分离机行 DSA 抗体吸附的临床实践

林欢、郭彩利
西安交通大学第一附属医院

目的 应用血细胞分离机连接蛋白 A 免疫吸附柱及单泵血液灌流机行 DSA 抗体吸附治疗, 观察其在临床应用中的可行性及安全性

方法 选择 2022 年 11 月至 2023 年 3 月期间我科收治的拟行单倍体造血干细胞移植 DSA 抗体阳性患者 3 例, 于移植前应用血细胞分离机连接蛋白 A 免疫吸附柱行抗体吸附治疗, 观察在临床实际实践过程中离心式血细胞分离机、蛋白 A 免疫吸附柱、单泵血液灌流机之间通过操作能否实现吸附—洗脱—平衡 3 个步骤组成的吸附循环, 以及吸附过程中不良反应发生情况和对患者的影响。

结果 对 3 例患者, 共成功实施 11 次吸附治疗, 治疗过程中 3 例患者均无不良反应发生。2 例患者通过 3 次吸附治疗抗体完全转阴, 1 例患者通过 5 次吸附治疗 A 类抗体转阴, B 类抗体显著下降, 均达到移植标准。

结论 利用三通接头和一次性无菌血液回路, 可完成离心式血细胞分离机 (COBE spectra)、蛋白 A 免疫吸附柱和单泵血液灌流机之间的连接, 临床实践中操作者通过对血浆置换比率调整、三通接头转换、自体血浆回输可实现吸附—洗脱—平衡 3 个步骤组成的吸附循环, 达到吸附效果, 维持血浆出入平衡和血管通路畅通。临床实践操作简单, 安全可靠, 且吸附效果显著, 具有良好的临床可行性和安全性, 可在临床推广应用。

PO-2621

弹力带抗阻训练在异基因造血干细胞移植术后患者 上肢肌力恢复中的应用价值

周小琴、吴芳芳、王丽、郑晓茂、肖丹丹
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨弹力带抗阻训练在异基因造血干细胞移植术后患者上肢肌力恢复中的应用价值。

方法 选择 2023 年 6 月—2024 年 6 月陆军军医大学第二附属医院收治的 120 例造血干细胞移植术后患者作为研究对象, 按随机数字表法分为对照组和观察组, 每组各 60 例。对照组给予常规康复治疗, 观察组采取弹力带抗阻训练干预。基于握力作为简易肌力指标, 比较两组的造血重建出仓时和出院时的上肢简易肌力指标。

结果 根据亚洲肌少症工作组 2019 专家共识, 男性握力 <28 kg, 女性握力 <18 kg 定义为握力下降。分别测量双手握力数值, 通常情况下, 右手大于左手, 差距一般为 1-2 公斤的区间。对照组的上肢握力恢复不佳, 而观察组握力均呈显著正相关, 这一结果在总体、男性、女性受试者中保持一致 ($P < 0.05$)。

结论 异基因造血干细胞移植术后患者弹力带抗阻运动动作适宜负荷与简易肌力指标水平相关性良好，上肢抗阻运动动作适宜负荷与握力相关性较高。弹力带抗阻训练可显著改善异基因造血干细胞移植术后患者上肢肌力，提高异基因造血干细胞移植患者生活质量，并提高其早期康复效果。

PO-2622

Mega-Dose Decitabine Conditioning for Patients with Relapsed/Refractory AML with Active Disease at the Time of Allogeneic Hematopoietic Cell Transplantation: A Multicenter Prospective Phase II Study

Tong Su, MENG LV, Chenhua Yan, Xiao-Dong Mo, Yuqian Sun, Wang Yu, Xu Lanping, Xiaohui Zhang, Xiaojun Huang
血液科

Objective Patients with relapsed/refractory acute myeloid leukemia (R/R AML), especially those who failed in novel target agents are related to dismal survival. We developed a multi-institutional, single-arm, prospective phase II trial, to investigate intensified conditioning with “Mega-Dose” decitabine (MegaDAC) following allogeneic hematopoietic cell transplantation (allo-HCT) for R/R AML.

Methods R/R AML patients in active disease were consecutively enrolled. All patients underwent intravenous decitabine (400mg/m²) along with busulfan and cyclophosphamide.

Results From 2019 to 2023, 70 heavily treated R/R AML patients (43 refractory, 27 relapsed) in active disease were enrolled consecutively. Significantly, every patient (n=18) harboring specific mutations exhibited no response to their best available target agents (BATs), including third-generation tyrosine kinase inhibitors and selective FLT3 inhibitors. Moreover, 74.3% of the enrolled patients did not reach remission following venetoclax-based regimens. All patients underwent non-irradiation conditioning, receiving intravenous decitabine (400mg/m²) along with busulfan and cyclophosphamide. Median follow-up was 26 months (8-65) after HCT. The cumulative neutrophil and platelet engraftment was 98.6% and 97.1%; All engrafted patients achieved MRD negativity post-HCT, with a median 3.3-log reduction in recurrent genetic abnormalities. The regimen was well tolerated, with no irreversible grade III-IV toxicity peri-engraftment. The 2-year CIR was 29.6% (18.4-41.7%) and the 2-year NRM was 15.5% (7.8-25.5%). 100-day Grade II-IV aGvHD was 32.9% (22.1-44.0%), 2-year NIH moderate-severe cGvHD was 37.7% (24.8-50.5%). The 2-year LFS, OS, and GRFS were 55.0% (43.5-69.4%), 58.6% (47.0-73.0%), and 42.9% (31.9-57.6%), respectively. Multivariate analysis showed that pre-HCT drug exposures had no significant impact on primary outcomes.

Conclusion MegaDAC is highlighted as an effective and safe option for R/R AML in the new era of targeted therapies.

PO-2623

造血干细胞移植后腺病毒感染的治疗和预后

申昱妍、陈书连、陈欣、曹文彬、庞爱明、杨栋林、何祎、姜尔烈、冯四洲
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 腺病毒感染严重影响接受造血干细胞移植的患者的预后，如何早期诊断和治疗对预后起着重要作用。本研究将分析我中心血液病患者造血干细胞移植后腺病毒感染患者的临床特征、治疗及预后。

方法 研究回顾性纳入我中心至 2021 年 1 月至 2024 年 6 月在我中心诊治的经 Taqman-PCR 方法验证的血腺病毒核酸阳性的患者

结果 符合入组条件的患者共计 14 例，其中男性 11 例（78.6%），中位年龄 35.5 岁（范围 19-53 岁）。原发病为再生障碍性贫血（n=1），急性白血病（n=10），骨髓增生异常综合征（n=1），骨髓纤维化（n=1），多发性骨髓瘤（n=1），其中仅 1 例患者接受同胞全相合供者造血干细胞移植，其余 13 例患者接受单倍体造血干细胞移植，其中 11 例患者接受 Cidofovir 治疗，3 例患者未接受抗病毒治疗，未接受 Cidofovir 治疗的 3 患者中，均接受了丙种球蛋白治疗，其中 1 例在病程中使用过更昔洛韦。14 例患者中 4 例患者死亡，1 年总生存（OS）为 72.5%（±14.1%），3 年总生存 54.4%（±18.9%）。应用 Cidofovir 治疗的 11 患者中有 2 例患者死亡，未应用西德福韦治疗的 3 例患者中有 1 例患者存活，该例患者无器官受累，咽拭子阳性且仅表现为上感症状，阳性时间为移植后 5 月。应用 Cidofovir 治疗的患者 1 年 OS 90（±9.5%），3 年 OS 67.5（±20.7%），未应用 Cidofovir 者 1 年 OS 为（0%±0%）。两者具有显著统计学差异（P=0.049%）。14 例患者中单纯腺病毒血症无器官受累者为 4 例，3 例存活，1 例因合并毛霉等其他严重感染死亡。

结论 结论，在造血干细胞移植后的患者中，积极抗病毒治疗能够改善患者的预后，如何早期识别高危患者并采取相应的干预措施十分重要。

PO-2624

单倍体+脐带血序贯移植治疗恶性血液病的疗效分析

陈以乔、李晓帆、陈显凌、元小红、李乃农
福建医科大学附属协和医院

目的 单倍体+脐带血序贯移植治疗恶性血液病的疗效分析

方法 纳入 2016 年 11 月至 2023 年 12 月在福建医科大学附属协和医院造血干细胞移植中心进行单倍体+脐带血序贯移植的 179 例患者为研究对象，进行疗效分析，随访时间截止 2024 年 5 月 31 日。

结果 179 例患者，ALL 88 例（49.1%），AML 67 例（37.4%），MDS 16 例（8.9%），其他类型恶性血液病 8 例（4.4%）。移植前疾病状态 CR1 组 100 例（55.9%），≥CR2 组 16 例（8.9%），难治/复发组（NR）63 例（35.2%）。男性 102 例（57%），女性 77 例（43%），中位年龄 34 岁（2-63 岁），中位随访时间 11 月（1-89 月）。单倍体植入 103 例（59.9%），脐血植入 69 例（40.1%），混合植入 7 例。2 年总体生存率（OS）55.0%±4.0%，2 年无事件体生存率（EFS）51.0%±4.0%，2 年非复发死亡率（NRM）32.5%±3.8%，2 年累积复发率（CIR）22.9%±4.0%。

移植前 CR1 组的 2 年 OS、EFS 均优于≥CR2 组和 NR 组（OS 71.1%±4.9% vs 54.7%±12.9% vs 40.8%±6.9%，P=0.001；EFS 70.4%±5.0% vs 49.2%±12.7% vs 34.0%±6.4%，P=0.000）。移植前 CR1 组的 NRM 和 CIR 均低于≥CR2 组和 NR 组（NRM 24.6%±4.6% vs 41.7%±13.2% vs 43.0%±7.2%，P=0.023；CIR 7.1%±3.1% vs 20.0%±12.6% vs 50.7%±8.3%，P=0.000）。

脐带血植入组 2 年 OS、EFS 优于单倍体植入组（OS 69.5%±6.4% vs 55.2%±5.2%，P=0.043；EFS 69.5%±6.1% vs 49.8%±5.2%，P=0.012），两组 NRM 无统计学差异（P>0.05），脐带血植入组 CIR 低于单倍体植入组（13.4%±5.3% vs 30.0%±5.6%，P=0.026）。

结论 基于单倍体+脐带血序贯移植治疗恶性血液病，脐带血植入可改善患者的生存情况。

PO-2625

关于植入式静脉输液港输液不畅的原因分析及对策

范素君

郑州大学第一附属医院

目的 分析无损伤针在静脉输液港中应用引起输液不畅的处理方法，为临床提供参考。

方法 对 25 例植入静脉输液港患者护理工作中遇到输液不畅的问题及处理方法进行分析。

结果 无损伤针使用过程中输液不畅常见的问题是回抽无回血、静脉推注有阻力、输液速度慢。我科通过调整针头深度、位置及使用肝素生理盐水封管液溶解槽内血液或药物等方法，使患者输液港通畅，回抽有血，共处理 28 例次。

结论 输液港输液不畅是静脉输液港常见的问题之一。通过培训护理人员、规范操作流程、总结护理经验等措施，掌握无损伤针穿刺的技巧、维护方法使静脉输液港长期使用。

PO-2626

新冠病毒流行期 CLL 患者感染和生存的影响因素及结局分析

王静、许芳、王书、胡宏、刘宜平、梁效功、冯贵平、陈斌

绵阳市中心医院

目的 探讨新冠病毒流行期间慢性淋巴细胞白血病（CLL）患者发生新冠病毒感染、住院治疗以及生存结局，并分析该群患者 COVID-19 感染、住院及死亡可能的危险因素。

方法 回顾性分析 2020 年 1 月至 2023 年 5 月期间在绵阳市中心医院血液内科门诊就诊及住院的所有 119 例 CLL 患者的临床资料。

结果 1) 新冠病毒流行期间，与观察组相比，正在接受治疗组中，男性、二线及以上治疗阶段、初始和治疗中、11q-阳性比例更高，乳酸脱氢酶更高、红细胞计数更低，头痛、咳嗽比例更高，乏力、咳嗽咳痰持续时间更长，使用抗新冠病毒药物、接受血氧饱和度监测、1 个月内患者体重下降、因感染新冠影响 CLL 治疗、发生二次感染的比例更高，新冠病毒流行后期血红蛋白值更低。

2) 与未接受 BTKi 治疗相比，接受 BTKi 治疗的组中，患者在治疗过程中、染色体核型分析异常、高危细胞遗传学比例更高，近 3 个月细胞毒性药物暴露、近 6 个月利妥昔单抗暴露比例更低，新冠病毒流行前期淋巴细胞计数、肌酐更高，肾小球滤过率、发热时最高体温更低。

3) 多因素 Logistic 回归分析显示：男性（OR=2.631, 95% CI 1.134-6.105, P=0.024）、近 6 个月使用利妥昔单抗（OR=6.219, 95% CI 1.131-34.194, P=0.036）是发生感染的独立危险因素，疾病处于一线治疗阶段（OR=13, 95% CI 1.604-105.329, P=0.016）是患者死亡的独立危险因素。

结论 男性、近 6 个月内利妥昔单抗的暴露是 CLL 患者新冠病毒感染的危险因素，接受一线治疗是导致新冠病毒感染死亡的危险因素，BTKi 制剂的治疗未增加新冠病毒感染及死亡风险。

PO-2627

Aggressive clinical features and poor outcome may associate with decreased immune function in HIV positive HL in the cART era: A multicenter study from China

Chaoyu Wang, Xiping Liang, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital, Chongqing Key Laboratory of Translational Research for Cancer Metastasis and Individualized Treatment, Chongqing, 400030, China

Objective The incidence of HL has increased among HIV positive patients. It is demonstrated to have more aggressive characteristics but similar outcome.

Methods We conducted a retrospective analysis of clinical data of newly diagnosed HL patients from 2013 to 2023 at four medical centers in China.

Results HIV positive HL had more aggressive clinical features. HIV positive HL had decreased CD4 cell count, CD4/CD8, WBC, lymphocyte and neutrophils. The cohort with CD4 below 200, featured more decreased lymphocytes, decreased neutrophils, bulky disease and B symptoms. We showed the survival was similar in patients with and without HIV. However, decreased WBC, lymphocyte and neutrophils were closely associated with poor OS and PFS. Which were also the predictive of worse outcomes.

Conclusion The characteristics of HIV positive HL presented with more aggressive clinical features. Lower CD4 count in HIV-setting was associated with decreased immune cell. Moreover, decreased immune cell were closely associated with poor outcomes.

PO-2628

血液肿瘤患者感染 Omicron 后发生肺炎的危险因素： 一项多中心、前瞻性临床研究

李军¹、刘怡¹、魏霞²、刘占术³、杨在亮⁴、丁瑶¹、雷海科¹、李杰平¹、张勇²、吴永忠¹、刘耀¹

1. 重庆大学附属肿瘤医院

2. 重庆医科大学附属第三医院

3. 重庆医科大学附属永川医院

4. 重庆大学附属涪陵医院

目的 血液肿瘤患者 Omicron 肺炎发生率明显高于普通人群，也是重要死因，但其危险因素尚未明确。本研究探讨血液肿瘤发生 Omicron 肺炎的危险因素

方法 本研究为一项注册的多中心、前瞻性研究（ChiCTR2300071830）。于 2022 年 11 月至 2023 年 1 月 Omicron 大流行期间，纳入确诊感染 1 周内的血液肿瘤患者，每周随访 1 次（共 6 周），随访期内出现以下任一情况进行胸部 CT 扫描：①持续高热>3 天；② R≥30 次/分；③静息氧饱和度≤93%；④PaO₂/FiO₂≤ 300mmHg。所有患者入组时进行免疫功能状况检测（包括中性粒细胞、总淋巴细胞及 T/B/NK 细胞计数），并与患者的一般资料、临床诊疗资料一起作为变量，采用 Logistics 单因素/多因素回归模型进行危险因素分析

结果 共纳入 475 例血液肿瘤患者，感染的毒株参照 CDC 测序数据主要为 Omicron BA.5.2.48。6 周随访期内，共有 75 例（15.8%）发生了肺炎。肺炎组患者特征：中位年龄 58（IQR 48-69）岁，男性 46（61.3%）例；56（74.7%）例为淋巴瘤，10（13.3%）例为骨髓瘤，8（10.7%）例为髓系肿瘤，1（1.3%）例为慢淋；41（54.7%）例为疾病活跃；33（44.0%）例未接种新冠疫苗；65（86.7%）例接受过化疗；49（65.3%）例，66（88.0%）例、47（62.7%）例分别出现 B、CD4（+）T、NK 细胞减少。多因素 logistic 分析得到 Omicron 肺炎的危险因素为：血液肿瘤病情活跃（OR=3.42，95% CI:

1.59-7.37, $P=0.002$), 接种 1-2 剂疫苗 ($OR=2.55$, 95% CI: 1.28-5.10, $P=0.008$), 未接种疫苗 ($OR=4.81$, 95% CI: 2.45-9.43, $P<0.001$), 感染前化疗 <6 月 ($OR=2.58$, 95% CI: 1.12-5.96, $P=0.027$), 感染前化疗 ≥ 6 月 ($OR=2.93$, 95% CI: 1.31-6.53, $P=0.009$), NK 细胞减少 ($<150/\mu L$) ($OR=2.19$, 95% CI: 1.27-3.79, $P=0.005$)

结论 本研究首次探讨了血液肿瘤发生 Omicron (BA.5.2.48) 肺炎的危险因素, 有助于临床中早期识别高危患者并进行干预

PO-2629

恶性血液病患者合并血流感染的病原学分析及 30 天内死亡率的预后研究

葛睿、黄炎青、葛峥

东南大学附属中大医院血液科, 东南大学医学院, 东南大学血液病研究所

目的 研究恶性血液病患者合并血流感染的病原学和预后。

方法 回顾性分析 2016 年 1 月至 2023 年 12 月入院东南大学附属中大医院血液科的恶性血液病合并血流感染的患者。

结果 共收集 190 例, 分离出 255 株病原菌。革兰阴性菌 168 株, 主要为肺炎克雷伯菌、大肠埃希菌、铜绿假单胞菌。药敏结果显示: 肺炎克雷伯菌对阿米卡星、妥布霉素的敏感率较高, 大肠埃希菌对青霉素类、头孢类、碳青霉烯类、氨基糖苷类药物的敏感率较高, 所有铜绿假单胞菌均对阿米卡星和妥布霉素敏感, CRKP 对氨基糖苷类药物的敏感率较高, 所有产 ESBL (+) 的大肠埃希菌均对青霉素类、二代头孢、碳青霉烯类和哌喹妥因敏感, 所有 MDR-AB 均对多粘菌素和替加环素敏感。革兰阳性菌 66 株, 主要为金黄色葡萄球菌。真菌 21 株, 主要为白色念珠菌。多因素 Logistic 回归分析: 复发/难治、合并耐药菌、合并感染性休克、白蛋白 $<30g/L$ 、总胆红素 $>17\mu mol/L$ 是恶性血液病患者合并血流感染 30 天内死亡的独立危险因素。

结论 恶性血液病患者血流感染的病原菌以革兰阴性菌为主, 复发/难治、合并耐药菌、合并感染性休克、白蛋白 $<30g/L$ 、总胆红素 $>17\mu mol/L$ 的患者生存率下降。

PO-2630

热毒宁注射液治疗老年急性肺炎的临床疗效及其对血清炎症因子的影响

郑宏、周怡彤、叶宁、叶飞翔、何林锋

桂林医学院附属医院

目的 本研究旨在探讨热毒宁注射液治疗老年急性肺炎的临床疗效及其对血清炎症因子的影响效果。

方法 选取 2022 年 5 月至 2022 年 10 月因老年急性肺炎来我院急诊科住院治疗的 64 名患者为研究对象, 随机分为对照组和治疗组, 对照组使用常规抗感染方案进行治疗, 治疗组在常规治疗方案基础上加用热毒宁注射液强化治疗, 对两组患者治疗前后白细胞计数、C 反应蛋白、降钙素原、白细胞介素-6、血清淀粉样蛋白 A 等血清炎症因子的变化情况及胸部 CT 改善时间、住院时长等指标进行比较。

结果 经过治疗后, 治疗组的血清炎症因子指标以及 CT 改善时间、住院时长普遍低于对照组, 差异有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 热毒宁注射液在治疗老年急性肺炎方面有着较好的临床治疗效果，对患者血清炎症因子改善效果显著，值得在临床进行推广使用。

PO-2631

维生素 D 水平在脓毒症患者中与营养状况和炎症反应之间的关系

郑宏¹、郑樱²、周怡彤¹、叶宁¹、庞城锴¹

1. 桂林医学院附属医院

2. 广东省人民医院

目的 脓毒症(Sepsis)存在营养不良、炎症反应和维生素 D (VD) 缺乏的情况，而这些症状之间的关系尚不明确。VD 是免疫系统的调节剂，与 Sepsis 的发病有关。本研究旨在评估 VD 与营养状况、炎症反应之间的关系，并确定更准确的 VD 阈值。

方法 本研究纳入了 2021 年 10 月至 2022 年 10 月期间确诊的 97 名 Sepsis 患者和 95 名健康志愿者。进行了血清 25 (OH) D 水平、营养指标、炎症指标以及其他生化评估。

结果 Sepsis 患者和健康参与者在 25 (OH) D 水平以及营养和炎症指标水平上存在显著差异。

Sepsis 发展的最佳 VD 临界值为 22.55 nmol/L。25 (OH) D 水平与营养状况和炎症均相关。

结论 VD 水平很可能是评估 Sepsis 患者病情进展的一个有用的额外工具。VD 水平可能与 Sepsis 患者患者的营养状况、炎症水平以及疾病进展有关。

PO-2632

血清 25-羟基维生素 D 与成人脓毒症患者死亡风险的荟萃分析

郑宏¹、郑天鹏²、周怡彤¹、富学林¹、叶宁¹

1. 桂林医学院附属医院

2. 广西糖尿病系统医学重点实验室

目的 维生素 D 在人体健康中具有重要作用，而其缺乏与脓毒症 (Sepsis) 的风险增加有关。然而，关于血清 25-羟基维生素 D (25 (OH) D) 与 Sepsis 患者死亡风险之间关联的前瞻性研究结果存在不一致。本研究旨在通过系统评价和荟萃分析评估血清 25 (OH) D 水平与 Sepsis 患者死亡风险的关系。

方法 本研究为系统评价和荟萃分析，通过 PubMed、Cochrane Library、EMBASE、中国知网、万方、维普数据库检索关于 Sepsis 患者血清 25 (OH) D 与死亡风险关系的随访研究。使用随机效应模型合并分析结果。

结果 共有 10 项研究纳入荟萃分析，共有 2239 例患者。总体荟萃分析结果显示，血清 25 (OH) D 水平较低的患者死亡风险增加 (RR: 1.68, P<0.001; I²=2%)。进一步的分析显示，维生素 D 不足和缺乏与死亡风险显著相关 (RR 分别为 1.56 和 2.11, P<0.001)。低血清 25 (OH) D 与高死亡风险之间的关联在不同 Sepsis 诊断标准、不同国家以及在前瞻性和回顾性研究中均保持一致。

结论 本研究表明维生素 D 不足和缺乏可能与 Sepsis 患者的死亡风险增加独立相关。为了进一步验证我们的发现，需要大规模前瞻性研究进行验证。

PO-2633

耐甲氧西林金黄色葡萄球菌致 5 例 PICC 导管相关性血流感染的血液肿瘤患者的护理分析

赵娜

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 总结耐甲氧西林金黄色葡萄球菌（methicillin-resistant staphylococcus aureus, MRSA）致 5 例 PICC 导管相关性血流感染的血液肿瘤患者护理经验。

方法 回顾性分析耐甲氧西林金黄色葡萄球菌所致的 5 例 PICC 导管相关性血流感染的血液肿瘤患者诊治和护理的全过程。建立 MDT 团队，临床药师运用临床药理学理论知识，结合血管内导管相关感染的预防与治疗指南原则，对 5 例 PICC 导管感染患者进行全程药学监护，制订个体化给药方案；护理重点包括选择注射用盐酸万古霉素药物和准确配制抗生素锁溶液，严格控制抗生素锁治疗药物留置时间；精确封管；关注潜在风险；观察抗生素锁治疗终止时机；进行导管补救后的监测。

结果 结果 5 例 PICC 置管感染的血液肿瘤患者，PICC 导管感染得到控制，导管留置时间延长以及功能良好，未发生并发症。

结论 肿瘤患者 PICC 置管感染的药学监护模式保障了患者用药的安全性和有效性，结合抗生素封锁治疗提高了肿瘤患者 PICC 导管感染的治愈率，值得推广。

PO-2634

CD3+CD4-CD8- T（DNT）细胞铁死亡、功能紊乱与 HIV 感染者免疫重建不良相关

全茜、肖晴、刘耀

重庆大学附属肿瘤医院

目的 我们的研究首先关注 HIV 免疫无应答者的 DNT 细胞表达水平，接下来，我们检测 INRs 的 DNT 细胞典型的铁死亡标志物、细胞活化、增殖、杀伤以及炎症状态，以探索 INRs 的 DNT 细胞功能变化以及铁死亡是否起作用。

方法 研究纳入 88 名接受 4 年以上抗逆转录病毒治疗且病毒检测阴性的 HIV 感染者，这些患者被分为两组，28 名免疫无应答者 (INRs, CD4 细胞 $< 350/\mu\text{l}$)，60 名免疫应答者 (IRs, CD4 细胞 $\geq 350/\mu\text{l}$)，进一步纳入了 25 名性别和年龄匹配的健康对照者 (HCs)。用流式细胞术检测了铁死亡标志物 JC-1、Lipid ROS、lipid peroxidation 以及细胞增殖、活化等指标。并在透射电镜下对线粒体形态进行观察。最后，对检测结果进行统计学分析，分析三组之间上述指标的差异及其与免疫重建的相关性。

结果 我们发现，长期抗逆转录病毒治疗后，INRs 的 DNT 细胞数量较低。增殖活化功能方面，我们的结果显示，INRs 的 DNT 细胞 CD38/HLA-DR 共表达及 Ki67 表达比 IRs 更高，表明 INRs 中 DNT 细胞呈过度活化状态。且 DNT 细胞 CD38 / HLA-DR 共表达和 Ki-67 表达与 CD4 细胞计数负相关。杀伤功能方面，INRs 组 DNT 细胞的穿孔素水平低于 IRs 组、HCs 组，且 INRs 组的颗粒酶 B 水平低于 IRs 组，说明 INRs 的 DNT 细胞杀伤功能受到损伤。DNT 细胞穿孔素表达与 CD4 细胞计数成正相关。铁死亡方面，我们检测到 INRs 的线粒体膜电位 (MMP) 降低的 DNT 细胞比例高于 IRs、HCs，且出现 MMP 下降的 DNT 数目与 CD4 细胞计数成正相关。INRs 组的 DNT 细胞脂质活性氧 (ROS)、脂质过氧化水平高于 IRs、HCs，且与 CD4 细胞计数成负相关。透射电镜提示 INRs 的 DNT 细胞线粒体皱缩、膜密度变大、嵴消失，呈现典型的铁死亡表现。另外 INRs 的 DNT 细胞炎症程度更高。

结论 我们的研究关注 INRs 的 DNT 细胞增殖活化功能、铁死亡, 以及杀伤功能、炎症状态等。我们发现, INRs 中 DNT 细胞增殖活化更活跃、杀伤功能减弱、线粒体功能呈现典型铁死亡改变、且炎症因子 TNF- α 增加。相关性分析显示, DNT 细胞的过度活化 (Ki-67+, CD38+HLA-DR+)、MMP 下降比例、TNF- α 的表达与 HIV 感染者的免疫重建成负相关, 而 DNT 细胞的杀伤 (perforin+) 功能与 HIV 感染者的免疫重建成正相关。本研究结果提示: DNT 细胞的功能损伤影响了 HIV 感染者的免疫重建, 恢复 DNT 细胞功能可能为 HIV 免疫重建提供新的治疗思路。

PO-2635

CD4/CD8 比值对长期抗病毒治疗的 HIV 患者 T 淋巴细胞功能的预测作用

肖晴、刘耀

重庆大学附属肿瘤医院

目的 目前对 HIV 患者长期管理, 主要通过监测 CD4+ T 细胞计数以评估其免疫恢复, 但单一指标提供的信息较少。而 CD4/CD8 比值逐渐被视为免疫功能障碍的潜在标志, 与较高的死亡率和非艾滋病定义疾病风险相关。但是 CD4/CD8 比值与 T 淋巴细胞功能的关系尚不十分清楚, 所以亟需进一步探索。本研究旨在长期接受抗逆转录病毒治疗 (ART) 的 HIV 患者中, 分析 CD4/CD8 比值与 T 淋巴细胞功能的关系, 探讨其预测细胞免疫学特征的价值。

方法 由北京地坛医院门诊纳入 HIV 患者 125 人、HIV 阴性健康对照 31 人。按 CD4/CD8 比值由低到高分成 4 组 (CD4:CD8<0.4, 0.4 \leq CD4:CD8<0.7, 0.7 \leq CD4:CD8<1, CD4:CD8 \geq 1), 分别检测 CD4+ T 细胞和 CD8+ T 细胞的活化增殖表型、线粒体功能以及炎症指标, 并分析 CD4/CD8 比值与 T 细胞功能的相关性。

结果 与健康对照组相比, HIV 患者中 CD4:CD8<0.4 组的 T 细胞活化 (CD38+HLA-DR+)、增殖 (Ki-67+) 表型明显增加。随着 CD4:CD8 比值增加, CD4+ T 和 CD8+ T 细胞的活化增殖程度逐渐降低。同时, CD4:CD8<0.4 组的线粒体脂质 ROS、脂质过氧化程度、线粒体膜电位 (MMP) 下降细胞的比例明显高于其余四组; 随着 CD4:CD8 比值的增加, 线粒体脂质氧化损伤逐渐减轻、线粒体膜电位逐渐恢复。同时, CD4+ T 细胞内的 TNF- α 在 CD4:CD8<0.4 组也明显高于其余各组。相关性分析结果显示, CD4:CD8 比值与 CD4+ T ($r=-0.3778$) 和 CD8+ T ($r=-0.2840$) 细胞活化成负相关; 与 CD8+ T 细胞分泌的穿孔素成正相关 ($r=0.2653$); 与 CD4+ T 细胞线粒体脂质 ROS 含量、MMP 下降比例、脂质过氧化物含量均成负相关 ($r=-0.35$; $r=-0.33$; $r=-0.5$), 与 CD8+ T 细胞线粒体 ROS、MMP、脂质过氧化水平也成负相关 ($r=-0.34$; $r=-0.32$; $r=-0.5$); 还与 CD4+ T 细胞内 TNF- α 的表达成负相关 ($r=-0.3677$)。

结论 CD4/CD8 比值与 T 淋巴细胞多种功能密切相关。而 CD4/CD8 比值在预测 T 细胞线粒体脂质过氧化程度以及线粒体功能上明显优于 CD4+ T 细胞计数。

PO-2636

Polatuzumab vedotin/bendamustine/rituximab (pola-BR) in R/R diffuse large B cell lymphoma with hemophagocytic lymphohistiocytosis

Chaoyu Wang, 刘耀

Department of Hematology, Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital, National Clinical Research Center for Cancer, Key Laboratory of Cancer Prevention and Therapy, Tianjin, Tianjin's Clinical Research Center for Cancer; 300060, China

Objective We have treated a rare case of elderly relapsed/refractory (R/R) diffuse large B cell lymphoma (DLBCL) with hemophagocytic lymphohistiocytosis (HLH) and COVID-19, which achieved complete response (CR) without lymphoma-related symptoms after polatuzumab vedotin/bendamustine/rituximab (pola-BR) treatment. To the best of our knowledge, this is the first report of R/R DLBCL with HLH and COVID-19 treated with pola-BR, and the patient is still alive at the time of report. We found that polatuzumab vedotin may have a potential therapeutic effect on HLH and COVID-19.

Methods The patient was a 76-year-old man diagnosed with DLBCL in March 2020. After 8 cycles of R-CHOP (rituximab plus cyclophosphamide, doxorubicin, vincristine, and prednisone) regimen, his disease was controlled well in the 2 following years.

Results In July 2022, the patient presented with a 1-month history of bilateral rib pain without enlarged lymph nodes and fever. 18F-fluorodeoxyglucose (FDG) positron emission tomography (PET)/computed tomography (CT) scan showed increased FDG avidity involving the right mandibular ramus, multiple vertebral bodies and attachments in the spine, bilateral 2nd ribs, left 4th rib, bilateral iliac bones, and right acetabulum, with a Deauville score of 5, indicating progressive disease (PD). A CT-guided biopsy of left cervical lymph nodes showed DLBCL. Lymphoma cells were positive for PAX-5, CD20, CD19, MUM-1, and negative for CD10, CD5, CD3, CD30, Bcl-6, C-myc, TdT, Epstein-Barr virus encoded RNA (EBER). Ki67 expression was detected in more than 80% of lymphoma cells. Bone marrow aspiration showed no infiltration. R/R stage IVB DLBCL was diagnosed, and the patient received another 4 cycles of R-CHOP, after which PET/CT scan in October 2022 showed new enlarged lymph nodes in the retroperitoneum with a Deauville score of 5, indicating progressive disease (PD) again. The patient received oral lenalidomide (10mg daily) treatment at home.

In February 2023, the patient visited our hospital again due to persistent fever, with body temperature > 38.5°C and COVID-19 antigen positive. Laboratory tests showed serum lactate dehydrogenase increased (500 U/L), granulocytopenia (600/μl), thrombocytopenia (35000/μl), ferritin increased (2326.8 ng/ml), and sCD25 increased (37337 pg/ml), while other laboratory data, including liver and kidney functions, were normal. Hemophagocytosis was observed in bone marrow tissues. R/R stage IVB DLBCL with hemophagocytic lymphohistiocytosis (HLH) was diagnosed, and the patient received one cycle of DEP (liposomal doxorubicin + etoposide + dexamethasone) regimen, but his fever persisted with low blood oxygen saturation, requiring non-invasive mechanical ventilation.

After multidisciplinary discussions (MDT), the patient received 4 cycles of polatuzumab vedotin/bendamustine/rituximab (pola-BR) chemotherapy. After one cycle of pola-BR, the patient's body temperature no longer increased, non-invasive mechanical ventilation was no longer needed, and he was tested negative for COVID-19. After 4 cycles of pola-BR, the patient got out of bed, and the post-treatment PET/CT demonstrated resolution of previous abnormal uptake and nodal size consistent with CR and absence of grade 3/4 toxicity. Besides, his serum ferritin returned to normal.

Conclusion Up to now, the patient has been followed-up for 4 years, and he is still alive with no lymphoma-related symptoms. He has received a total of 5 cycles of pola-BR by the time of this report.

PO-2637

Increased Epstein-Barr virus reactivation but comparable post-transplant lymphoproliferative disorders incidence following allogeneic hematopoietic cell transplantation in letermovir era for cytomegalovirus prophylaxis

Sisi Zhen, Li Liu, Xiaoyu Zhang, Jieru Wang, Chen Liang, Wenbin Cao, Jialin Wei, Weihua Zhai, Xin Chen, Qiaoling Ma, Rongli Zhang, Donglin Yang, Yi He, Aiming Pang, Mingzhe Han, Erlie Jiang, Sizhou Feng
Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

Objective The prophylactic use of letermovir (LTV) has significantly reduced the incidence of cytomegalovirus (CMV) infection. Although LTV itself does not have intrinsic activity against Epstein-Barr virus (EBV), it may impact the in vivo immune reconstitution due to the reduction in CMV antigenic stimulation. The impact on EBV reactivation and the incidence of post-transplantation lymphoproliferative disorders (PTLD) is yet to be determined.

Methods This retrospective cohort study was conducted and included patients aged 14 and older who underwent allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) from January 2022 to May 2023. The primary outcomes were EBV related complications. The secondary outcomes included CMV related complications and overall survival. We compared the cumulative incidence of EBV and CMV related complications among patients between LTV and non-LTV group, treating death and subsequent HSCT as competing risks. To account for baseline differences between LTV and non-LTV group, adjusted cox competing models were constructed for each outcome.

Results A total of 359 patients, 187 in the non-LTV group and 172 in the LTV group were enrolled. Among these cases, 249 (69.4%) were diagnosed with acute leukemia. With identical EBV surveillance protocols in both groups, the cumulative incidences of EBV viremia (35/172, 20.3% vs 22/187, 11.8%, $P=0.028$) and csEBV infection (32/172, 18.6% vs 14/187, 7.5%, $P=0.003$) were significantly higher in patients belonging to the LTV group. However, the incidence of probably and proven PTLD was not significantly different between the two groups of patients (20/172, 11.6% vs 12/187, 6.4%, $P=0.100$). The lack of significance may be attributed to the fact that clinicians applied rituximab (CD20 monoclonal antibody) preemptive therapy timely (11/172, 6.4% vs 2/187, 1.1%, $P=0.018$). The cumulative incidences of CMV viremia (40/172, 23.3% vs 136/187, 72.7%, $P < 0.001$), CMV disease (1/172, 0.6% vs 10/187, 5.4%, $P=0.033$), and csCMV infection (40/172, 23.3% vs 135/187, 72.2%, $P < 0.001$) were significantly reduced among patients in the LTV group. Upon controlling for baseline differences, notable disparities in csEBV infection persisted ($P=0.041$; HR, 2.014; 95%CI, 1.028~3.947). Multivariable cox competing analysis revealed LTV usage was associated with an elevated risk of csEBV infection. Sensitivity and subgroup analyses yielded results consistent with the principle analyses.

Conclusion While LTV prophylaxis reduced CMV reactivation, there was a simultaneous increase in EBV reactivation. Whether it led to an uptick in PTLD incidence remains to be ascertained through further exploration.

PO-2638

血液病患者 PICC 导管相关血流感染和血栓形成风险

李冬

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探究血液病患者 PICC 导管相关血流感染和血栓形成风险。

方法 收集 2022 年 5 月至 2023 年 5 月在本院住院的 PICC 置管的血液病患者，以 PICC 留置过程中首次发生导管感染的血液病患者作为感染组，随机选取性别、置管时间以及年龄相近的没有血流感染的患者以 1:2 的比例进行配对，将其作为对照组。收集两组相关临床资料，对血液病患者 PICC 导管相关血流感染和血栓的危险因素进行回顾性分析。采取 1:2 配对的条件 logistics 回归模型进行多因素分析。

结果 感染组与对照组肺部感染发生例数分别为 2 例和 4 例，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。感染组与对照组肛周感染发生例数分别为 2 例和 0 例，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。感染组与对照组泌尿道感染发生例数分别为 1 例和 0 例，差异无统计学意义 ($P>0.05$)。感染组与对照组发生心功能不全的例数分别为 11 例和 2 例，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。感染组与对照组发生呼吸衰竭的例数分别为 3 例和 3 例，差异无统计学意义 ($P>0.05$)。感染组与对照组发生肝功能不全的例数分别为 4 例和 4 例，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。多因素分析表明，急性白血病 $P=0.021$ ，OR 值为 2.021，OR 值 95%的可信区间为 (1.245, 3.639)；置管次数 $P<0.01$ ，OR 值为 1.886，OR 值 95%的可信区间为 (1.557, 2.276)；粒缺持续时间 $P=0.001$ ，OR 值为 1.025，OR 值 95%的可信区间的 (1.011, 1.038)；最低白蛋白值 $P<0.01$ ，OR 值为 0.937，OR 值 95%的可信区间为 (0.917, 0.959)。血液病患者菌种分析 PICC 导管相关性局部感染主要为 G+菌。PICC 导管相关性血流感染主要为 G-菌。

结论 粒缺持续时间、置管次数、治疗过程中白蛋白最低值是出现 PICC 导管血流感染和血栓形成的危险因素。血液病患者发生 PICC 导管相关血流感染和血栓形成时必须采用覆盖 G-菌和真菌的抗生素进行治疗。

PO-2639

全血细胞减少伴颅内曲霉菌感染一例

刘芳洁、黄玉玲、许晓军、卢博
中山大学附属第七医院

目的 增强对血液病合并颅内曲霉菌感染的诊断和治疗的认知。

方法 冯某某，男，59岁，2006年因乏力至当地医院就诊，血常规提示全血细胞减少，贫血为主，完善骨髓检查考虑 MDS 与 AA 相鉴别，予环孢素等促进造血治疗，未再就诊；2021年因乏力症状频繁，再次就诊，诊断 MDS，予阿扎胞苷治疗 7 疗程，因肌酐升高未再就诊。2023年1月因乏力加重至我科就诊，考虑慢性 AA 合并嗜血细胞综合征，予糖皮质激素、促进造血、升板等治疗，患者输血间隔延长。2023-4-11 患者出现发热，轻微畏寒，血常规示粒缺，甲流核酸阳性，CRP、PCT 升高，予美罗培南+奥司他韦抗感染治疗后，患者体温正常 3 天后出院，出院当天患者再次出现发热，体温波动 37.2-38.4 摄氏度，伴有头痛、流泪，予特治星抗感染治疗，完善血培养、结核、特殊病原学、肺部 CT、头颅 CT、呼吸道病毒等检查均阴性，完善脑脊液 NGS 检查检出黄曲霉菌，头颅 MR 平扫+增强见右侧侧脑室脉络丛增大、不均匀强化并右侧侧脑室增大。2023-5-19 予伏立康唑抗感染治疗，患者未再出现发热，头痛明显好转。

结果 患者门诊随诊，自行停用伏立康唑，2023-6-21 再次出现发热、头痛，予加用伏立康唑抗感染治疗，患者发热、头痛好转后出院。2023-7-7 患者出现呕吐、意识障碍，完善头颅 CT 检查考虑右侧颞顶枕叶大片水肿并大脑镰下疝可能，患者家属签字自动出院。

结论 血液病患者总体免疫功能低，容易合并感染，颅内曲霉菌感染病情凶险，病情变化迅速，治疗难度大，预后差。

PO-2640

血液肿瘤粒缺患者呼吸道感染预防和管理最佳证据总结

吕小春
德阳市人民医院

目的 检索、评价和整合血液肿瘤粒缺患者呼吸道感染相关预防及管理的相关证据，形成具体的、可实施的统一标准，为临床实践提供参考。

方法 采用主题词与关键词相结合的方式进行文献检索，使用计算机检索 BMJ Best Practice、UpToDate、JBI 数据库、英国国家临床医学研究所指南库、加拿大安大略护理协会网、美国感染病协会指南网、PubMed、Science Direct、国际指南网、Cochrane 数据库、美国国立综合癌症网、美国临床肿瘤学会网、梅斯医学网、中国指南网、万方、中国知网等中英文数据库中关于血液肿瘤粒缺患者呼吸道感染预防及管理的证据，包括指南、证据总结、最佳实践信息册、系统评价、推荐实践、专家共识及原始研究，考虑较久远的文献借鉴意义较小，故检索时限设为 2010 年 1 月 1 日至 2023 年 11 月 1 日。

结果 共纳入 10 篇文献，包括指南 4 篇、系统评价 3 篇、证据总结 1 篇、专家共识 2 篇，从风险评估、呼吸道感染筛查与诊断、预防、管理与治疗、健康教育 5 个方面，共总结 20 条最佳证据。

结论 该研究总结了血液肿瘤粒缺患者预防及管理的最佳证据。护士及护理管理者可结合临床情景及患者意愿选择并应用证据，以制订科学的血液肿瘤粒缺患者呼吸道感染预防及管理方案，提升护理质量，提高满意度。

PO-2641

东垣二方治血液病发热

徐文江、乔子剑
廊坊市中医医院

目的 血液病约半数以上的患者以发热起病，且发热可出现在血液病的任何阶段，患者多为低热或中度发热，少有寒战，出汗较多。若合并其他病邪侵袭，则可出现高热伴畏寒多汗。

方法 血液病低热一般多为内伤发热，治疗内伤发热应根据不同的证候、病机而采用有针对性的治法。属实者，宜以解郁、活血、除湿为主，适当配以清热。属虚者，则应益气、养血、滋阴、温阳，除阴虚发热可适当配伍清退虚热的药物外，其余均应以补为主。切不可一见发热，便用发散解表及苦寒泻火之剂。内伤发热，若用发散剂则易于耗气伤阴，用苦寒剂则易伤败脾胃以及化燥伤阴，而使病情缠绵或加重。

结果 由内伤所致的虚热，李东垣称之为“阴火”，《脾胃论》云“脾胃气衰，元气不足，而阴火独盛”，治疗此类发热李东垣提出“惟当以甘温之剂补其中，升其阳，甘寒以泻其火则愈”，其创立的补中益气汤与升阳散火汤为东垣治内伤发热经典方剂，运用于临床治疗非感染性不明原因发热，取得了良好的效果。

结论 从组方所体现的治法来看，补中益气汤与升阳散火汤主要区别在于补中益气汤是以补中为主，升阳、泻阴火为佐；升阳散火汤是以升阳为主，补中、泻阴火为佐。从病机分析，补中益气汤方证主要矛盾在于脾胃气虚而不得升浮，升阳散火汤证的主要矛盾在于阳气郁滞而不得升浮外达。从病症表现看，补中益气汤方证症状表现于周身表里，中气下陷，以小腹坠胀、周身发热为辨证要点；而升阳散火汤证症状主要表现在四肢和肌表，脾胃气虚程度较轻，胃阳被寒抑遏，而成火郁，以四肢发烫（自觉发烫，扪之未必烫）为辨证要点。

PO-2642

老年 AML 患者使用维奈克拉联合去甲基化药物进行诱导治疗期间的感染因素分析：感染率及严重程度较标准化疗组及低剂量化疗组明显下降

朱文杉、童娟

中国科学技术大学附属第一医院（安徽省立医院）南区

目的 回顾性分析老年 AML 患者使用维奈克拉联合去甲基化药物进行诱导治疗期间的感染情况，并与标准化疗组及低剂量化疗组进行对比分析。

方法 收集 2019 年 6 月至 2022 年 6 月在中国科学技术大学附属第一医院经 MICM 确诊的 185 例老年 AML 患者（≥60 岁）的病例资料。将纳入的 185 例患者分为维奈克拉联合去甲基化药物组（靶向治疗组）、标准化疗组和低剂量化疗组，分析各组间在细菌感染率、真菌感染情况、感染部位、感染严重程度等方面的差异。

结果 靶向治疗组、标准化疗组和低剂量化疗组患者的发病时的中位年龄分别为：74 岁、71 岁、68 岁，有统计学差异（ $p < 0.05$ ）；靶向治疗组与标准化疗组和低剂量化疗组相较，合并基础疾病的患者更多，差异有统计学意义（ $p < 0.05$ ）；三组的原发病完全缓解率分别为 82.6%、57.6%、44.4%，有统计学差异（ $p < 0.05$ ）；粒细胞缺乏的时间分别为（ 7.78 ± 8.33 ）天、（ 15.02 ± 9.38 ）天、（ 9.31 ± 9.03 ）天，有统计学差异（ $p < 0.05$ ）；细菌感染发生率分别是 84.8%、95.3%、94.4%，有统计学差异（ $p < 0.05$ ），最常见的感染部位为肺部、血流、上呼吸道和不明部位的感染；发热持续时间分别为（ 1.83 ± 3.12 ）天、（ 4.55 ± 4.37 ）天、（ 3.46 ± 4.74 ）天，有统计学差异（ $p < 0.05$ ）；预防真菌的患者比例分别为 45.7%、36.5%、40.7%，无统计学差异（ $P > 0.05$ ），预防药物主要为伏立康唑和泊沙康唑；发生临床诊断/确诊真菌感染的比例分别为 4.3%、9.4%、9.3%，无统计学差异（ $p > 0.05$ ）；需要启动抗真菌治疗的的患者分别为 30.4%、50.6%、46.3%，有统计学差异（ $p < 0.05$ ）；在 185 例老年 AML 患者中，发生感染性休克、达到感染诱发的多器官功能障碍综合症（infection-induced multiple organ dysfunction syndrome in the elderly, i-MODSE）功能衰竭期的的患者共有 3 例，发生率为 1.6%，均来自于标准化疗组。

结论 靶向治疗组相较于另外两组，患者的年龄更大、合并症更多，但细菌感染发生率更低、诱导治疗缓解率更高，粒细胞缺乏和发热的持续时间更短。在同样预防真菌的情况下，靶向治疗组中启动抗真菌治疗的患者最少。另外，靶向治疗组发生临床诊断/确诊真菌感染的比例也低于标准化疗组和低剂量化疗组，但未显示出统计学差异。多因素 Logistic 回归分析显示发热持续天数和处于粒细胞缺乏期的老年 AML 患者是初次诱导化疗期间发生细菌感染的独立危险因素，未接受靶向治疗、粒缺持续天数和发热持续天数为发生真菌感染和突破的独立危险因素。

PO-2643

异基因造血干细胞移植术后 EB 病毒感染的临床研究

刘兰香、汪晶、王利、刘林、王欣、张红宾、唐晓琼、熊艺颖

重庆医科大学附属第一医院

目的 回顾性分析异基因造血干细胞移植后 EB 病毒感染发生的危险因素及对生存的影响。

方法 回顾性分析 2014 年 1 月~2021 年 6 月于我院进行首次 allo-ASCT (allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT) 的患者资料。本研究共纳入 348 例接受 allo-ASCT 的患者。根据是否感染 EB 病毒(EBV)分为 EBV 组 (n=114) 和 Non-EBV 组 (n=233)。分析患者 allo-ASCT 术后，EBV 感染情况及 EBV 感染的危险因素。

结果 有 114 例 (32.8%) 患者发生 EBV 感染 (外周血 EBV-DNA 均阳性), 其中 5 例 (1.44%) 确诊为 PTLD (post-transplant lymphoproliferative disorder), 中位发病时间为移植后 57 (7~486) 天, 88 例 (77.2%) 发生在移植后 100 天内。多因素分析结果显示: ATG/ATG-F 的使用、CMV 血和 III~IV 度 aGVHD 的发生是 EBV 感染的危险因素; 此外, 相对于 BUCY, 应用包含 FA/CA 的强化预处理方案者, EBV 感染的风险显著增高。

结论 EBV 感染是 allo-HSCT 术后常见并发症, 强化预处理方案、ATG/ATG-F 的使用、CMV 血症和 III~IV 度 aGVHD 的发生会增加 allo-HSCT 后 EBV 感染的风险。

PO-2644

成人噬血细胞综合征临床特点及死亡影响因素分析: 单中心回顾性研究

高梦、李倩、梁佩淇、谢妍、刘子溢、王栋、付建红
苏州大学附属第一医院

目的 本研究旨在总结噬血细胞综合征 (HLH) 的临床特点及其死亡影响因素, 以优化该病的临床管理。

方法 回顾性分析我院近 4 年诊治的 92 例 HLH 患者的临床特点, 根据出院时情况将患者分为死亡组和存活组, 进一步聚焦于入住重症监护病房 (ICU) 的 57 例患者, 探讨影响其预后的因素。

结果 92 例噬血细胞综合征患者中, 男性 51 例, 女性 41 例, 中位年龄为 51 岁, 主要病因包括 EB 病毒感染 (28.26%)、淋巴瘤 (27.17%)、风湿免疫性疾病 (20.65%), 有 32 例 (34.78%) 患者死亡; 死亡组与存活组比较发现: 血小板计数 (PLT)、凝血酶原时间 (PT)、血清肌酐 (SCR)、总胆红素 (TBIL)、B 型钠尿肽 (BNP)、消化道出血、合并真菌感染在两组间具有统计学差异 ($p < 0.05$); 多因素二元 Logistic 回归分析发现: PLT 和 PT 是患者死亡的独立影响因素 ($p < 0.05$)。57 例入住 ICU 的患者中, 27 例死亡 (47.37%), 死亡组出院 DIC 评分更高、中位住院时间更短, 且更可能接受有创机械通气、血管活性药物治疗 ($p < 0.05$)。

结论 本研究强调了提高对 HLH 认识的重要性, 并指出早期诊断和综合治疗防止疾病进展至呼吸循环衰竭对于改善患者预后至关重要。

PO-2645

ddPCR 检测 CMV cfDNA 在造血干细胞移植后患儿中的应用研究

朱永冰、顾佳、张义成、刘爱国、陈丽婷
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 造血干细胞移植后患儿是巨细胞病毒再激活的高危人群, 症状因感染部位不同而不同, 并且与移植物抗宿主疾病较难区分。两者症状非常相似, 但需要相反的治疗方法。明确诊断 CMV 疾病和移植物抗宿主疾病通常需要进行侵入性手术, 这可能会导致严重的副作用。目前检测外周血样本中的 CMV DNA 在诊断 CMV 疾病方面的作用有限, 因此我们寻找一种方法, 从其他体液中检测 CMV 早期筛查 CMV 疾病。

方法 我们采用一种新方法, 即从非血样本 (粪便、呕吐物、尿液和支气管肺泡灌洗液) 中提取游离细胞 DNA, 然后进行液滴数字 PCR 检测 CMV, 分析在异基因造血干细胞移植后患者的各种非血浆样本中检测 CMV cfDNA 的优势。

结果 我们分析了 28 名异基因造血干细胞移植患儿，获取了 46 份配对外周血和非血样本。行造血干细胞移植的患儿中最常见的原发病是急性髓系白血病（9 名），其次是再生障碍性贫血（5 名）。外周血中 CMV DNA 和配对的非外周血样本中 CMV cfDNA 的检测方法一致，一致率为 59.1%。对 5 份配对的粪便样本和肠道组织样本进行分析，粪便样本的检出阳性率明显高于组织活检，差异有统计学意义。对 7 名患儿的呕吐物进行 CMV 检测，其中 2 人 CMV cfDNA 呈阳性，但同期血 CMV 为阴性。我们对五名患者的粪便 CMV cfDNA 载量进行了动态监测，发现粪便 CMV 阳性可帮助我们做出 CMV 胃肠炎的初步诊断。

结论 通过 ddPCR 在非血浆样本中检测 CMV cfDNA 是一种鉴别 CMV 疾病的有效方法，呕吐物也可作为一种有效的检测标本。

PO-2646

莱特莫韦预防治疗时代下，EBV 感染发生率增加

孔欣、徐梓益、吴艳珺、赵晔、陈峰、吴德沛
苏州大学附属第一医院

目的 分析莱特莫韦预防治疗单倍体异基因造血干细胞移植（haplo-HSCT）患者巨细胞病毒（CMV）感染的背景下，EB 病毒再激活的发生率及临床特点。

方法 回顾性分析 2022 年 10 月至 2023 年 6 月我院血液科收治的 249 例行 haplo-HSCT 的应用莱特莫韦预防治疗 CMV 感染的恶性血液病患者的临床资料，根据是否应用莱特莫韦分组（莱特莫韦组 134 例；对照组 115 例），分析莱特莫韦应用后 EB 病毒感染的发生率及临床特点。

结果 随访期一年，莱特莫韦组 37 例(27.6%)患者、对照组 15 例(13.0%)患者发生 EB 病毒再激活，两组患者 EB 病毒再激活率差异有统计学意义($\chi^2 = 7.95, p = 0.005$)。Haplo-HSCT 后 100 天莱特莫韦组和对照组 EB 病毒再激活的发生率分别为 24%和 10%，haplo-HSCT 后 24 周莱特莫韦组和对照组分别为 27%和 12%。所有患者均出现 EB 病毒血症，每组 1 例患者进展为移植后淋巴增殖性疾病(PTLD)。Haplo-HSCT 后第 48 周，莱特莫韦组 EB 病毒再激活的累计发生率为 28.23%，对照组为 13.96% (Log-rank $p=0.0075$)。莱特莫韦组和对照组 haplo-HSCT 后 EB 病毒血症发生的中位时间分别为 57 天和 54 天($p = 0.984$)。根据血 EB 病毒载量分层，低载量组 ($>5 \times 10^2 \sim <1 \times 10^4$ copies/ml)，莱特莫韦组再激活病例数显著高于对照组(32 例[23.9%]比 11 例[9.5%])， $\chi^2 = 8.877, p = 0.003$ ，高载量组 ($\geq 1 \times 10^4$ copies/ml) 两组间无差异($p = 0.915$)。

结论 莱特莫韦预防治疗的 HSCT 患者，EB 病毒再激活率明显升高，以低载量再激活为主，PTLD 未增多。

PO-2647

Pseudoaneurysm Secondary to *Cunninghamella bertholletiae* Infection in a Hematopoietic Stem Cell Transplantation Recipient : Case Report and Review of the Literature

Zhiheng Ding, Sixi Liu
Shenzhen Children's Hospital

Objective *Cunninghamella bertholletiae* (*C. bertholletiae*) infection was rare in hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) recipients with poorest prognosis due to its strong toxicity and angioinvasive nature, accounting for nearly 80% mortality in HSCT recipients. However, to our

knowledge, there was no literature reported about the pseudoaneurysm caused by *C. bertholletiae* in HSCT recipients. Here we report a 8-year-old boy who died from the rupture of pseudoaneurysm caused by *C. bertholletiae* in disseminated mucormycosis after HSCT.

Methods We report a case about the rupture of pseudoaneurysm secondary to *C. bertholletiae* infection in a HSCT recipient and review the relevant literature about *C. bertholletiae* infection in HSCT.

Results Since Darrisaw first reported *C. bertholletiae* infection after HSCT, there had been 18 reported cases. The patients ranged in age from 10 to 69 years old. Both men and women appeared to be impacted equally. Sixteen of eighteen patients died while two of them died from uncontrol GVHD but not infection. Mortality rate from *C. bertholletiae* infection was high as 77.8% for total cases and 85.7% for disseminated cases. Voriconazole prophylaxis was used in 61.1 % of patients, and 22.2% for L-AmB, but seem do not stop the condition from getting worse for mostly reported cases. Lung has been the most commonly infected site(94.34%), while disseminated infection need to be vigilant, accounting for 7 cases (38.9 %). The most common diagnosis methods are culture and histopathology. The survival time was 5d to 37d from the time of confirmed *C. bertholletiae* infection, while four patients confirmed *C. bertholletiae* infection after death. Three of the cured patients use NGS or genetic analysis for early diagnosis. The mainstream treatment after onset of clinical symptom were amphotericin B (94.4%) and surgery combining with antifungal medication (44.4%). The four cases reported cured of infection used L-AmB, oral posaconazole or micafungin and surgery.

Conclusion Early diagnosis is vitally important for this fatal infection after HSCT. The culture and histological examination remain the cornerstone of diagnosis and drug sensitivity although the genetic analysis can anticipate the diagnosis. L-AmB should be used timely if available when the infection confirmed. Due to the angioinvasive nature of *C. bertholletiae*, vessel lesions like vascular occlusion, aneurysms or pseudoaneurysm should be alert when patients have persistent pain. Enhanced CT may detect vessel lesions early and make it possible to combine antifungal therapy with surgery.

PO-2648

成功治疗重型再生障碍性贫血异基因造血干细胞移植后脊柱骨感染 2 例

莫文健、许世林、黎宇苗、周睿卿、陈小卫、周铭、张玉平、王顺清
广州市第一人民医院

目的 重型再生障碍性贫血异基因造血干细胞移植后脊柱骨感染罕见，研究其临床特征、治疗方案。
方法 选取 2 例重型再生障碍性贫血异基因造血干细胞移植后发生脊柱骨感染病例，观察病人特征、治疗方案。病例 1，刘某某，女，47 岁，再障（输血依赖型）11 年，转重型再障 3 年，长期使用环孢素，移植前反复感染，2022 年 9 月 1 日行异基因造血干细胞移植（子供母，HLA 10/12，B+供 O+），预处理 BuCy+ATG+PTCy，+18 天出现大肠埃希菌（耐碳青霉烯）败血症，头孢他定阿维巴坦、氨曲南抗感染后控制，+5 月出现腰痛，核磁示：腰 1/2 椎间隙后肿块伴脊髓受压：化脓性脊柱炎？腰椎组织细菌培养、病原体测序：大肠埃希菌（耐碳青霉烯），磷霉素、替加环素、氨曲南治疗感染控制，米诺环素维持治疗，及时减少免疫抑制药物，抗感染疗程持续 6 月。病例 2，苏某某，女，26 岁，病史 1 月，极重型再障。2022 年 10 月 21 日行异基因造血干细胞移植（父供女，HLA 6/12，O+供 O+），预处理 FCA+PTCy，+3 月反复发热，每月一次，结核感染 T 细胞干扰素释放实验阴性，痰未见抗酸杆菌，肺 CT 示：慢性炎症，无钙化。美罗培南、左氧氟沙星抗感染有效，但反复，+6 月肺 CT 示隆突前淋巴结肿大，部位难活检。+7 月腰痛，腰骶椎 MR：胸腰骶椎体、附件及双侧髂骨多发斑片状异常信号：感染性病变？+8 月 PET-CT：腰 3、腰 5-8、腰 10-骶 1、骶 3-5，见多发放射性浓聚影。纵隔、左肺门、及腹膜后多发淋巴结代谢活跃。+11 月再发腰痛，腰骶椎 MR：腰骶椎体、附件及双侧髂骨多发斑片状异常信号，考虑感染性病变。2023

年 10 月 31 日腰 3 椎体活检病理：骨小梁间见多量纤维样组织增生及灶性类上皮细胞增生，局灶见中等量的小淋巴细胞浸润以及个别朗罕氏巨细胞；抗酸染色(-)。慢性炎症性病变，未见肿瘤，不排除结核。病原体测序：结核分枝杆菌复合群序列 1096，使用异烟肼、吡嗪酰胺、乙胺丁醇、左氧氟沙星片抗结核治疗，及时减少免疫抑制药物，发热腰痛好转，复查影像肿大淋巴结缩小到消失。抗结核治疗持续 9 月。

结果 再障移植后脊柱骨感染，例 1 为大肠埃希菌、例 2 为结核，分别+5，+7 月发热腰痛起病，+5 月，+11 月椎骨穿刺活检确诊，抗感染疗程分别 6、9 个月，均获感染控制，目前移植+20、19 月，血象正常，无感染迹象。

结论 对再障移植后脊柱骨感染病例，及时影像检查发现脊柱骨病变，局部椎骨穿刺活检、培养、病原体测序可以帮助明确脊柱骨感染类型，及时酌情减停免疫抑制药物，给予相应足量足疗程抗感染治疗可以控制疾病。

PO-2649

胸部影像驱使的支气管肺泡灌洗液二代测序病原检测 对持续/反复发热血液肿瘤患者抗菌治疗的意义

陆雯萍、费小明
江苏大学附属医院

目的 针对血液肿瘤化疗后感染，抗菌疗效不佳而持续/反复发热的患者，探究支气管肺泡灌洗液（BALF）二代测序（NGS）病原检测的时机及其对抗菌治疗的意义。

方法 2020 年 7 月至 2024 年 1 月在江苏大学附属医院血液科住院的 19 例血液肿瘤化疗后感染性发热的患者，经验性抗菌治疗后仍持续/反复发热，且传统病原检测的阳性率低。患者同时进行胸部影像检查的随诊，一旦胸部影像上发现新的肺部病灶，则尽早行纤支镜下支气管肺泡灌洗术（BAL），获取 BALF 标本进行 NGS 和传统病原检测。依据 NGS 病原结果调整抗菌治疗，评估疗效。

结果 1.19 例患者 BAL 检查前，中位发热时间 10(2~48)d，中位最高体温 39.7(38.8~40.8)℃，中位正在使用抗菌药物 3(1~5)种，7/19 例在未吸氧情况下血氧饱和度<0.90,18/19 例有咳嗽、咳痰,9/19 例有胸水，2/19 例血、痰标本的传统病原检测有阳性结果（1 例血培养口腔链球菌，1 例痰培养嗜麦芽窄食单胞菌，但与之之后 BALF 标本 NGS 病原结果不一致）。2.随诊的胸部影像上出现的新的肺部病灶，15/19 例累及双侧，11/19 例有结节样或片状实变。BAL 检查前距最后一次胸部影像检查的中位时间为 2（0~9）d。3.BALF 标本的 NGS 病原检测，18/19 例有明确病原菌检出，其中 11 例细菌，10 例真菌，7 例病毒，3 例分枝杆菌，且 8 例为混合病原。而 BALF 标本的传统病原检测仅 4/19 例有阳性结果（1 例细菌培养肺炎克雷伯杆菌且 GM 试验阳性，3 例 GM 试验阳性）。4.18 例有阳性病原检出的患者，根据病原结果调整抗菌药物。调整后 5/18 例抗菌药物总数减少，13/18 例类别变化，调整抗菌治疗后，14/18 例体温正常，并且咳嗽、咳痰等症状消失。

结论 1. 对于化疗后持续/反复发热的血液肿瘤患者，传统病原检测阳性率低，经验性抗菌疗效不佳。在抗菌治疗同时，随诊胸部影像检查是非常必要的。2. 一旦发现胸部影像有新的肺部病灶，及早送检 BALF 标本进行 NGS 病原检测，能显著提高病原检出率，对之后的抗菌药物调整及疗效有重要的意义。3.对于这类患者，随诊的胸部影像检查发现新的肺部病灶，是 BALF 标本进行 NGS 病原检测的关键时机。

PO-2650

在伴有巨细胞病毒感染且对抗巨细胞病毒治疗不耐受的造血干细胞移植受者中评估治疗模式、结局和医疗资源使用的多国研究

Genovefa Papanicolaou^{1,2}、Robin Avery³、María Laura Fox⁴、Karl S Peggs⁵、Luís Veloso⁶、Tien Bo⁷、Ishan Hirji⁷、Kimberly Davis⁷

1. Memorial Sloan Kettering Cancer Center, New York, New York, USA

2. Weill Cornell Medicine

3. Johns Hopkins University

4. Vall d'Hebron Universitari Hospital Campus

5. University College London Hospitals NHS Foundation Trust

6. CTI Clinical Trial & Consulting Services

7. Takeda Development Center Americas

目的 分析对抗巨细胞病毒(CMV)药物不耐受的 CMV 感染造血干细胞移植(HSCT)受者亚组的治疗模式、临床结局和医疗资源利用。

方法 这是一项多中心、回顾性研究，于 2014.1-2021.12 从 14 家移植中心收集对抗 CMV 药物难治或耐药，或不耐受的 CMV 感染 HSCT 受者的患者数据。患者被认为对抗 CMV 治疗不耐受的首次 CMV 发作为标记发作。收集数据并进行描述性分析。

结果 86/250 例患者对抗 CMV 药物不耐受。这些患者在研究期间共发生 160 次 CMV 感染，最常接受缙更昔洛韦治疗。对于所有 CMV 感染，83% 的患者接受了≥2 种治疗。98% 的患者接受≥1 次抗 CMV 治疗剂量调整，最常见于缙更昔洛韦(75%)、膦甲酸钠(58%)和更昔洛韦(49%)。患者不耐受的主要原因为骨髓抑制(51%)和肾毒性(33%)。骨髓抑制事件中，中性粒细胞减少症(73%)、血小板减少症(36%)和白细胞减少症(18%)最为常见。全因死亡率和不耐受后 1 年死亡率分别为 51% 和 47%。在首次不耐受 CMV 感染期间，76% 的患者达到病毒血症清除。40% 的患者出现 CMV 感染复发。2% 的患者发生植入失败，64% 的患者发生≥1 起移植物抗宿主病事件。38% 的患者有≥1 次 CMV 相关住院，共发生 50 次 CMV 相关住院。

结论 这项真实世界研究结果显示抗 CMV 药物不耐受的 HSCT 受者 CMV 感染负担非常高，目前该人群中迫切需要达到并维持病毒清除且更好安全性特征的抗 CMV 治疗。

PO-2651

宏基因组测序在血液疾病中的应用

傅廷娇、程宇、刘建勇、沈万青、陈学生、陈忠
北京海思特医学检验实验室有限公司

目的 血液疾病特别是恶性血液系统疾病的一个非常重要的并发症以及死亡因素就是感染，特别是不确定感染来源的感染、顽固性感染等等，快速确定感染病原体的种类以及耐药性对于血液疾病精准用药、治疗、预后判断等具有明确的意义。选择一个新式的，能够快速检出广谱感染源病原微生物的技术就变得尤其迫切，以提高精准治疗的疗效。

方法 NGS 测序技术

结果 宏基因组测序技术发展到了人类宏基因组学阶段，标本可能来自于人类呼吸道系统，也可能来自于血液系统，通过生信分析与成熟数据库进行比对，获取结果，另外宏基因组测序技术本身具有标本采集简单易得、样本量小、检测快、广谱筛选、检测灵敏度高的优点，并且获得的检测结果可以直接为临床医生提供准确的诊疗思路，在后疫情时代以及目前越来越复杂的临床环境中获得了临床医生的青睐，可以满足血液疾病感染使用。

结论 及时检测出引发感染的病原微生物对于正确使用抗感染药物、快速控制感染传播具有重要意义。宏基因组测序技术可快速检测致病菌，能够第一时间给出临床医生检测结果，特别是对于顽固性感染的患者可以提供耐药性的检测，避免无效用药，因此建议血液疾病感染患者优先选择进行宏基因组测序检测。

PO-2652

PD-1 单抗在治疗移植后早期播散性腺病毒感染中的应用

周斐¹、何雪峰¹、陈苏宁¹、杜丰²、王子妍²、薛梦星¹、吴德沛¹

1. 苏州大学附属第一医院 血液科

2. 苏州弘慈血液病医院

目的 我们开创性地尝试用 PD-1 单抗治疗一例对传统治疗无应答的异基因造血干细胞移植后早期播散性腺病毒感染患者。

方法 患者于 2020 年 3 月诊断弥漫大 B 细胞淋巴瘤，接受包含利妥昔单抗在内的 8 个疗程治疗后，疾病缓解。2022 年 10 月诊断急性髓系白血病，3 个疗程化疗后达形态学缓解，接受异基因造血干细胞移植。移植后 2 月诊断 EBV-PTLD，接受 3 剂利妥昔单抗治疗。移植后 3 月诊断播散性腺病毒感染，累及上呼吸道、消化道、血液。患者接受减停免疫抑制剂及 2 剂西多福韦治疗后，临床症状、多部位腺病毒拷贝数、炎症指标进行性恶化，因此患者接受 PD-1 单抗（信迪利单抗 200mg）作为挽救性治疗，用药后密切监测多部位腺病毒拷贝数、炎症指标、脏器功能、排异情况。

结果 患者在接受 PD-1 单抗治疗后，临床症状、炎症指标明显改善，3 周后多部位腺病毒定量均转阴。且外周血 EBV 在 PD-1 单抗应用 1 周后也转阴。患者在接受 PD-1 单抗治疗后出现肝脏 3 级急性移植物抗宿主病，应用环孢素及巴利昔单抗 3 剂后，肝脏排异指标明显好转，疗效评估达完全缓解。目前为移植后 9 月，患者一般状态良好，无病毒复燃、排异反复表现。

结论 PD-1 单抗对于移植后播散性腺病毒感染，是一种非常有前景的治疗方法。

PO-2653

单倍体造血干细胞移植术后钩端螺旋体感染致多器官功能衰竭 1 例

韦振斌、邱国胜、邓勇丽、施玲玲、甘钊萍、孙娜、韦树懿、章忠明、刘容容、赖永榕

广西医科大学第一附属医院

目的 通过 1 例单倍体造血干细胞移植术后钩端螺旋体重症感染病例，提示危重症感染患者尽早送检 mNGS 的意义、总结移植后钩端螺旋体重症感染的诊治经验。

方法 病例为 9 岁男童，因确诊重型地中海贫血行单倍体造血干细胞移植术，移植后长期口服他克莫司预防 GVHD。移植后 16 月余，患者出现反复高热、气促，并迅速出现呼吸衰竭、休克，伴腹痛、黄疸、咯血。Tmax41℃，BP62/28mmHg。PLT16*10⁹/L，CRP>192mg/L，PCT100ng/ml，TBil129.3μmol/L，DBil103.9μmol/L，CREA145μmol/L，AMY584U/L，血培养阴性。

结果 患儿高热起病，早期即出现休克、黄疸、肺出血，进而迅速出现多器官功能衰竭，使用广谱抗菌素（美罗培南+万古霉素+卡泊芬净）治疗无效。最终血液 mNGS 检出门号钩端螺旋体（序列数 218）得以诊断，予青霉素 10 万单位 q6h 治疗，同时呼吸机支持、抗休克等综合支持治疗后好转出院。

结论 近年来，钩端螺旋体感染较为罕见，异基因造血干细胞移植术后钩端螺旋体感染更为罕见，mNGS 检测少见病原微生物具有一定的优势，对于反复高热、病情进展迅速的患者，及早送检

mNGS, 尽早给予精准治疗, 提高危重感染的救治率。此外钩端螺旋体感染在免疫缺陷人群进展迅速, 可迅速发展为 MODS, 但其对青霉素敏感, 尽早治疗可力挽狂澜。

PO-2654

宏基因组二代测序和血培养在血液病粒缺患者 革兰阴性杆菌感染中的对比研究

单若琪^{1,2}、黄赛²、刘要伟²、窦立萍²、刘代红²、李猛²

1. 南开大学医学院

2. 中国人民解放军总医院第五医学中心

目的 通过宏基因组二代测序 (mNGS) 与血培养检出病原结果进行对比分析, 探讨 mNGS 在血液病粒缺患者革兰阴性杆菌感染中的检出优势、诊断价值及预后影响。

方法 回顾性分析 2019 年 4 月至 2023 年 8 月在解放军总医院第一医学中心血液科住院期间出现粒缺发热的血液病患者的病历资料, 纳入同时送检外周血 mNGS 和血培养的患者, 分析外周血 mNGS 与血培养方法在革兰阴性杆菌感染中的病原检出率、检测周期及对预后影响的差异。

结果 共 170 例血液病粒缺发热患者同时进行外周血 mNGS 和血培养, 其中男性 118 例 (69.4%), 中位年龄 49.5 (10-78) 岁, 最常见疾病是急性髓系白血病占 49.4% (84/170)。mNGS 对细菌的检出率为 17.6% (30/170), 其中革兰阴性杆菌占 86.7% (26/30), 革兰阳性球菌占 13.3% (4/30)。血培养的细菌检出率为 15.3% (26/170), 其中革兰阳性球菌占 57.7% (15/26), 革兰阴性杆菌占 38.5% (10/26)。共发生 21 例革兰阴性杆菌感染和 7 例混合感染 (含革兰阴性杆菌), 其中 8 例革兰阴性杆菌感染被 mNGS 和血培养同时诊断, 18 例仅被 mNGS 诊断, 2 例仅被血培养诊断, mNGS 对革兰阴性杆菌检出率明显高于血培养 (15.3% vs 5.9%, $P=0.003$)。共有 6 例耐碳青霉烯革兰阴性杆菌 (CRE) 感染被 mNGS 和血培养同时诊断, 共有 3 例 CRE 仅被 mNGS 诊断, mNGS 和血培养的 CRE 检出率分别为 5.3% 和 3.5%。mNGS 检测时间为 (1.21±0.48) 天, 血培养检测时间为 (2.60±0.27) 天, 差异有统计学意义 ($P<0.001$)。mNGS 与血培养方法对调整抗生素后的 30 天内感染死亡率无统计学差异 ($P>0.05$)。

结论 mNGS 相较于血培养方法在血液病粒缺患者革兰阴性杆菌感染, 尤其是 CRE 感染中具有检出率高、检测周期短的优势。

PO-2655

紫外线消毒联合过氧化氢消毒机器人消毒模式 在恶性肿瘤患者中的应用

周盼、杜欣、曾荔、冯雪、张曦

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨紫外线消毒联合过氧化氢消毒机器人消毒模式对于降低恶性肿瘤住院患者医院感染发生率的影响

方法 收集 2023 年 6 月至 2023 年 12 月期间于我科恶性肿瘤患者 100 例, 随机分为两组, 观察组与对照组, 各 50 例, 对照组实施采取常规清洁消毒方式进行清洁消毒, 观察组采取紫外线消毒联合过氧化氢消毒机器人消毒模式对洁净病房进行清洁消毒。对比两组空气菌落数、电脑键盘、病房床头柜、治疗室等物品表面卫生质量合格率

结果 观察组在电脑键盘、病房床头柜、治疗室等物品表面卫生质量合格率均明显高于对照组, 且

差异有统计学意义($P<0.05$),说明紫外线消毒联合过氧化氢消毒机器人消毒模式对于恶性肿瘤患者住院环境的安全性有明显改善。与对照组相比,观察组的患者对护理满意度有明显提高,差异有统计学意义($P<0.05$)

结论 在恶性肿瘤患者骨髓抑制期时实施紫外线消毒联合过氧化氢消毒机器人消毒模式更能有效进行诊疗环境消毒净化,阻断病原微生物传播,减少或避免住院患者医院感染,塑造医务人员无菌操作的观念,提高医务人员对于感染控制知识的重视程度,提高医务人员对于手卫生的依从性,降低医院感染发生率。

PO-2656

儿童急性白血病化疗后合并真菌血流感染的临床特征及预后分析

翁开枝²、吴椿萍¹、庄树铨³、黄淑贤²、王晓芳³、郑湧智¹、胡建达⁴

1. 福建省血液病研究所,福建省血液学重点实验室,福建医科大学附属协和医院

2. 漳州市医院

3. 泉州第一医院

4. 福建医科大学附属第二医院

目的 探讨儿童急性白血病(AL)化疗后合并真菌血流感染(BSI)的临床特征及预后。

方法 采用回顾性分析方法,对2015年1月至2023年12月在福建医科大学附属协和医院、福建医科大学附属漳州市医院及福建医科大学附属泉州第一医院3家医院AL化疗后合并真菌BSI患儿作为研究对象,对其临床特征及预后进行分析。

结果 所有AL患儿化疗后合并真菌BSI的发生率为1.38%(23/1668),AML化疗后合并真菌BSI发生率显著高于ALL(3.23% vs. 1.06%, $P=0.007$),中/高危组化疗后合并真菌BSI的发生率显著高于低危组(2.18% vs. 0.28%, $P=0.001$)。在发生真菌BSI时,86.96%患儿中性粒细胞缺乏已持续超过1周;临床上均有发热表现,其中91.30%表现为高热,21.74%伴脓毒性休克表现。在合并真菌BSI前,17.39%无感染定位症状,82.61%有感染伴随症状,以呼吸道/肺部感染表现最常见。23例均有C反应蛋白(中位值104.92mg/L)及降钙素原水平(中位值0.894ng/mL)升高,有26.09%患儿在病程中发展为播散性肝脾念珠菌病。23例真菌BSI患者外周血培养共检出23株真菌,念珠菌占绝对优势(86.96%)其中以热带念珠菌最为常见(65.22%);体外药物敏感性试验显示,对唑类抗真菌药物(氟康唑、伏立康唑)敏感性为75%,对棘白菌素(米卡芬净、卡泊芬净)/5-氟胞嘧啶/二性霉素B敏感性均为100%。棘白菌素类单药治疗失败率较高,而联合二性霉素B脂质体治疗有效率较高。总体抗真菌疗程中位数3(0.5~13.0)个月,其中6例发展为播散性肝脾念珠菌病患儿的抗真菌疗程中位数为8(6~13)个月。总体死亡率为34.78%,真菌BSI归因死亡率为21.74%。

结论 儿童AL化疗后合并真菌BSI多发生于持续中性粒细胞缺乏后,临床多表现为高热,伴有炎症指标升高,病原菌以热带念珠菌最为常见,抗真菌疗程长,病死率高。

PO-2657

骨髓增生异常综合征合并鼻-眶-脑毛霉病一例

陈焯

襄阳市第一人民医院

目的 分析骨髓增生异常综合征合并鼻-眶-脑毛霉病的临床表现、影像学特征及治疗方法,以提高血液科医师对鼻-眶-脑毛霉病的早期诊断及治疗,提高生存率。

方法 对我科收治的一例骨髓增生异常综合征-EB1合并鼻-眶-脑毛霉病患者的诊断、治疗、预后及

结合相关病例文献进行分析。

结果 本例患者在外院经四周期化疗，疾病得到控制，在行第五周期化疗后出现重度骨髓抑制，合并发热，伴左侧头痛伴左眼部肿胀，行头部 CT 提示左侧额叶梗塞，经鼻内镜检查，并送检鼻腔坏死物培养提示分枝横梗霉感染，给予艾沙康唑口服治疗，并在全麻下行左侧经鼻内镜鼻窦手术及左侧中鼻甲切除术，术后患者仍反复发热，左眼睑无法闭合，遂转入我院。转入我院后经给予两性霉素 B 胆固醇硫酸酯治疗，并间断行两性霉素 B 鞘内注射，后患者感染得到控制。汇总文献中鼻-眶-脑型毛霉病经两性霉素 B 静滴及外科手术联合治疗，死亡率达 55.8%，高危因素是未受控制的糖尿病、血液系统疾病或实体器官移植，并常因误诊而导致治疗失败。

结论 血液系统疾病合并鼻-眶-脑型毛霉病死亡率高，尽早诊断、制定有效治疗方案及选择合适的手术时机有助于提高患者生存率。

PO-2658

20 例成人恶性血液病合并重症新型冠状病毒肺炎的治疗初探

吴修进、姜薇、余霞、魏立
成都市第五人民医院

目的 了解成人恶性血液病合并重症新型冠状病毒肺炎的临床特征，探索其有效的治疗方法。

方法 回顾性分析 2022 年 12 月至 2023 年 2 月我科 20 例成人恶性血液病合并重症新型冠状病毒肺炎患者的临床资料，所有患者均给予阿兹夫定、激素、乌司他丁及不同等级的抗生素治疗，有真菌感染征象的患者联合抗真菌治疗，部分患者给予胸腺法新及人血白蛋白治疗；对于血小板高于 $30 \times 10^9/L$ 的患者，给予低分子量肝素抗凝；观察治疗前后氧饱和度、超敏 C 反应蛋白及胸部 CT 影像学变化。

结果 1、20 例患者男性 8 例，女性 12 例，中位年龄 69.5 岁，其中淋巴瘤 7 例，多发性骨髓瘤 6 例，急性白血病 4 例，骨髓增生异常综合征 3 例；2、所有患者胸部 CT 在治疗前均存在多发磨玻璃密度灶、实变灶，经治疗后复查胸部 CT 大部分患者肺部炎症灶明显吸收；3、80% 的患者超敏 C 反应蛋白在治疗启动后 3-5 天开始下降，第 5 天下降最为明显；4、经治疗 5 天后，90% 患者在不吸氧情况下指尖氧饱和度可达 95%-100%。

结论 抗感染治疗基础上，联合激素及乌司他丁可有效促进重症新型冠状病毒肺炎患者肺部炎症的吸收，联合使用胸腺法新和静脉丙种球蛋白对疾病的恢复有一定的促进作用。

PO-2659

异基因造血干细胞移植后耶氏肺孢子菌肺炎临床特征分析

夏晶、蒋军红、赵晔、马骁、吴德沛、陈苏宁、陈峰
苏州大学附属第一医院

目的 总结异基因造血干细胞移植 (allo-HSCT) 后合并耶氏肺孢子菌肺炎 (PJP) 患者的临床特征。

方法 回顾性分析 2018 年 7 月至 2023 年 7 月在苏州大学附属第一医院和苏州弘慈血液病医院诊断的 21 例 allo-HSCT 后 PJP 患者的临床表现、实验室检查、影像学表现及治疗转归。

结果 21 例患者男女比为 2.5: 1，中位年龄 36 (15-62) 岁，移植后并发 PJP 的中位时间为 225 d；临床表现缺乏特异性，主要为呼吸道症状 (呼吸困难、咳嗽、咳痰等) 和发热；实验室检查发现 15 例外周血淋巴细胞计数降低，19 例 CD4+T 淋巴细胞绝对值 $< 200/\mu l$ ，20 例 C 反应蛋白明显升高，14 例乳酸脱氢酶升高，14 例 1,3- β -D 葡聚糖试验升高；胸部 CT 表现分为磨玻璃型、结节型、混合型 3 种，其中磨玻璃型发生率最高 18 例，结节型 2 例、混合型 1 例。通过 mNGS 均检测出耶氏

肺孢子菌序列数（15-57570），11例患者为混合感染。治疗上予以TMP-SMX、卡泊芬净、甲基强的松龙等治疗，17例患者获得病情好转，4例死亡，均死于呼吸衰竭。

结论 PJP是造血干细胞移植术后危急重症，诊断不易，早期诊断可取得更好的预后。mNGS诊断PJP的敏感性高，为临床提供早期精准诊断可能，值得应用和推广。

PO-2660

出血性膀胱炎导尿困难患者导尿成功的护理

李兰兰

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 出血性膀胱炎是造血干细胞移植术后常见和潜在威胁生命的并发症，诊断分级标准：I-II度为轻度，III-IV度为重度。当出现III-IV度时，可通过留置导尿管或耻骨上膀胱切开及时清除血块，并利用生理盐水行膀胱冲洗，导尿困难指在插入尿管过程中出现梗阻，尿管无法顺利插入膀胱引出尿液。总结了12例患者导尿困难的原因及导尿成功的经验。

方法 选取我科于2023年4月—2024年3月共进行造血干细胞移植术148例，出现III度以上出血性膀胱炎12例，紧急插尿管30例，发生导尿困难16例。均为男性，移植后出现排尿困难，尿痛，可见肉眼血尿，伴血丝或血块，神清乏力，尿常规提示：潜血2+至3+。为解决患者尿路梗阻、尿储留，遵医嘱使用维力18—24FR号三腔导尿管予紧急插尿管。采取方式1.加强患者的心理护理 2.加强家属的心理护理，3 遵医嘱使用平滑肌解痉药，4 使用带导丝的导尿管，5 利多卡因—空气—无菌石蜡油注入尿道，6 指导术中的配合深呼吸，交谈转移注意力。结果 患者有明显的尿频、尿急、尿痛、尿储留、血尿伴血块等，患者普遍出现焦虑、恐惧、担心愈后等心理问题。紧急导尿可解决患者尿路梗阻和尿储留的护理问题，减少切开膀胱排出血块的风险；通过留置尿管可以观察尿量、尿色、有无血块，减少患者反复排尿，增加休息时间，缓解焦虑；遵医嘱行大剂量膀胱冲洗及局部使用止血等药物减少血块产生、促进粘膜修复。为了有效引流尿液和血块，减少尿管在使用中被堵塞的风险及漏尿现象，临床普遍选择24FR号的三腔尿管。

结果 患者尿液中出现小絮状血丝为导尿的最佳时机；导尿前充分加强患者及家属的心理护理；及时了解病情，如有无合并前列腺肥大问题；选择带导丝尿管；遵医嘱使用平滑肌解痉药；导尿时使用利多卡因—空气—石蜡油注入尿道，手法辅佐；并充分湿润整条尿管，可有效提高导尿成功率。

结论 患者尿液中出现小絮状血丝为导尿的最佳时机；导尿前充分加强患者及家属的心理护理；及时了解病情，如有无合并前列腺肥大问题；选择带导丝尿管；遵医嘱使用平滑肌解痉药；导尿时使用利多卡因—空气—石蜡油注入尿道，手法辅佐；并充分湿润整条尿管，可有效提高导尿成功率。

PO-2661

EB-IM 患儿淋巴细胞亚群、细胞因子水平变化以及临床意义分析

赵晶晶、刘建平

内蒙古自治区妇幼保健院

目的 观察儿童传染性单核细胞增多症（Infectious mononucleosis, IM）治疗期间、恢复期外周淋巴细胞亚群（CD3+细胞数量及比例、CD3-CD19+细胞数量及比例、CD16+CD56+细胞数量及比例、CD3+CD4+细胞数量及比例、CD3+CD8+细胞数量及比例、CD4+/CD8+比值）以及细胞因子（IL-1 β 、IL-2、IL-4、IL-5、IL-6、IL-8、IL-10、IL-12p70、IL-17、TNF- α 、IFN γ 、IFN- α ）在治疗前（T0）、治疗7天（T1）、治疗10天以上（T2）的水平变化，分析其趋势变化，观察TBNK、细胞因子在IM患儿的治疗效果、预后及其临床意义。

方法 纳入 2024 年 1 月至 2025 年 12 月在内蒙古自治区妇幼保健院住院治疗的 120 例 IM 患儿的病例资料，依据治疗前（T0）ALT 水平将 120 例 IM 患儿分为肝酶正常组、肝酶低水平组（ <100 ）、肝酶高水平组（ >100 ），收集 3 组患儿临床数据以及治疗前（T0）、治疗满 7 天（T1）以及治疗 10 天以上（T2）时淋巴细胞亚群、细胞因子数据，观察其水平变化、分析临床意义。

结果 与肝功能正常患儿相比，IM 和肝功能异常患儿淋巴细胞数量（均 $P<0.001$ ）、T 细胞数量（均 $P<0.001$ ）和比例（ $P<0.001$ ； $P=0.002$ ）、CD8+ T 细胞数量（均 $P<0.001$ ）和比例（均 $P<0.001$ ）、NK 细胞数量（ $P<0.001$ ； $P=0.001$ ）升高更为显著，而 B 细胞数量（ $P<0.001$ ； $P=0.049$ ）和比例（均 $P<0.001$ ）及 CD4+ /CD8+（ $P=0.001$ ； $P<0.001$ ）降低更为显著。

结论 淋巴细胞亚群、细胞因子能够反映机体免疫状态，对 EBV 感染诊断及疾病进展和预后评估有重要意义。

PO-2662

马立巴韦相比缙更昔洛韦治疗造血干细胞移植受者巨细胞病毒（CMV）感染的疗效和安全性的 3 期、多中心、随机、双盲、阳性对照研究：AURORA 研究中国人群亚组分析

董琳¹、宣丽²、黄河³、许兰平⁴、符粤文⁵、陈峰⁶、王顺清⁷、吴静怡⁸、吴德沛⁶

1. 武田亚太生物医药研发有限公司

2. 南方医科大学南方医院

3. 浙江大学医学院附属第一医院

4. 北京大学人民医院

5. 河南省肿瘤医院

6. 苏州大学附属第一医院

7. 广州市第一人民医院

8. 武田（中国）国际贸易有限公司

目的 比较马立巴韦与缙更昔洛韦在造血干细胞移植（HSCT）受者中治疗无症状巨细胞病毒（CMV）感染的疗效和安全性。

方法 这项 3 期、多中心、随机、双盲、阳性对照研究将 HSCT 后首次发生的无症状 CMV 感染的患者 1:1 的比例随机接受马立巴韦（400mg, BID）或缙更昔洛韦（900mg, BID, 剂量基于肌酐清除率调整）治疗 8 周。主要疗效终点是在研究第 8 周结束时确认的 CMV 病毒血症清除。安全性评价包括治疗中出现的不良事件（TEAE）和严重不良事件（SAE）。

结果 中国人群亚组共纳入 18 例患者，马立巴韦组和缙更昔洛韦组各 9 例患者。在第 8 周时，马立巴韦组和缙更昔洛韦组各有 7 例（77.8%）的患者达到了确认的 CMV 病毒血症清除，校正后差异（马立巴韦 vs 缙更昔洛韦）为 13.0%（95% CI: -28.09, 54.18; $p=0.534$ ）。马立巴韦组和缙更昔洛韦组在第 8 周达到 CMV 病毒血症清除且症状控制并维持至第 16 周的应答者比例分别为 44.4% 和 55.6%，校正后差异为 -4.3%（95% CI: -58.83, 50.13; $p=0.876$ ）。马立巴韦组因 TEAE 停用研究药物的患者比例为 11.1%，缙更昔洛韦组为 33.3%。在治疗观察期间，马立巴韦组中性粒细胞减少症发生率在数值上更低（55.6% vs 88.9%）。

结论 在中国人群中，马立巴韦较缙更昔洛韦在治疗 HSCT 后无症状 CMV 感染中 CMV 病毒血症清除率相似，但有更少的中性粒细胞减少症发生。

PO-2663

雾化吸入多黏菌素 B 联合治疗血液重症患者 多重耐药革兰阴性菌肺炎临床疗效分析

卢聪、江慧雯、吴耀辉、胡俊斌
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨联合多黏菌素 B 雾化吸入抗感染治疗在多重耐药 G- 菌（MDR）感染所致重症肺炎的血液病重症患者中的临床疗效和安全性

方法 回顾性分析华中科技大学同济医学院附属协和医院血液重症病房 2022 年 12 月至 2023 年 7 月收治的 48 例 MDR 重症肺炎患者联合多黏菌素 B 雾化吸入治疗的临床资料。依据多黏菌素优化应用国际共识指南雾化吸入治疗（25mg/q12h，震动筛孔雾化吸入），将体温、感染指标下降 50%、肺部 CT 复查好转作为疗效评估的指标，观察患者使用疗程结束后的有效率、治疗前后炎症指标变化情况。

结果 48 例患者中，原发病为 AML/MDS 患者 31 例，仍以髓系恶性肿瘤发生严重感染为主。微生物检出谱以耐碳青霉烯阴沟肠杆菌/大肠埃希菌(13 例)为主，其次为鲍曼不动杆菌（8 例）和铜绿假单胞菌（6 例）；合并新冠病毒感染患者 10 例。雾化吸入治疗平均天数为 11 天（4 ~ 29 天）。48 例患者中，治愈 11 例(22.3%)，好转 17 例(35.4%)，总有效率达 57.8%。有效患者体温复常中位时间为 6 天（2-13 天）。原发病、治疗前 CRP 水平以及粒细胞缺乏是预后不良的独立因素。动态分析治疗过程中炎症指标 C 反应蛋白（CRP）和血清降钙素原（PCT）水平的变化：治疗后 3 天（d3）CRP 水平较治疗前开始下降[mg/L: (72.70±10.96) VS (58.68±8.75), P<0.01]，治疗后 7 天（d7）[mg/L: (72.70±10.96) VS (41.47±6.37), P<0.001]及治疗后 14 天（d14）[mg/L: (72.70±10.96) VS (31.08±10.22), P<0.001] 显著下降，均存在明显统计学差异。PCT 水平在治疗后 7 天也开始出现明显下降 [ug/L: (5.76±1.89) VS (3.85±1.22), P=0.008]，与 CRP 变化一致。10 例合并新冠病毒感染的患者，有 6 例使用无创呼吸机辅助治疗，4 例好转，好转率为 40%（6/10）。治疗前后，患者均未引起患者胆红素以及肌酐水平升高，无肝肾功能损害（P>0.05）。

结论 血液重症患者均合并重度免疫缺陷，MDR 肺炎联合多黏菌素 B 雾化吸入治疗有效率可达 50% 以上，无肝肾功能损害；感染指标在治疗 2 周内呈动态下降趋势；对于合并新冠病毒感染重症患者可提高挽救性治疗疗效。

PO-2664

2 例婴儿川崎病休克综合征成功救治报告并诊治进展

李晓、谭梅
遵义医科大学附属医院

目的 提高儿科医师对婴儿川崎病休克综合征（Kawasaki disease shock syndrome, KDSS）的早期识别。

方法 回顾性分析 2 例婴儿 KDSS 的诊治情况，并进行文献分析。

结果 两例患儿均以发热起病，例 1 为 3 月男婴，以重症肺炎合并呼吸衰竭为突出表现，抗感染治疗后突发休克，缺乏典型川崎病体征，川崎病靶向药物治疗启动延迟，心脏冠脉瘤形成，随访 1 年余，冠脉逐渐恢复正常；例 2 为 9 月男婴，病程第 3 天出现双足硬肿及掌趾红斑，发生休克表现后，KDSS 诊断及时，但免疫球蛋白（intravenous immunoglobulin, IVIG）耐药，持续高热，加用甲泼尼龙后体温正常，随访 4 月冠状动脉无损害。

结论 KDSS 临床表现不具有典型性，在发病初期常被误诊为感染性休克或中毒性休克，易导致治

疗启动延迟。KDSS 应早期识别和诊断，并及时给予靶向治疗，若 IVIG 治疗耐药，应及时加用激素给予充分治疗，改善预后。

PO-2665

恶性血液病伴血流感染患者在抗生素治疗后病原学宏基因组二代测序技术诊断效能的研究

徐岳一、彭苗新、周彤、杨永公、谢婷、许佩佩、陈兵、欧阳建
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 血流感染（BSI）是血液恶性病患者的重大挑战之一。宏基因组二代测序技术（mNGS）是一种有效的检测病原体的方法。然而，目前关于使用抗生素是否会影响 mNGS 的诊断效能尚无共识。我们开展了一项针对 BSI 患者的前瞻性临床研究，旨在探讨抗生素治疗对 mNGS 的影响，并试图找到进行 mNGS 测定的最佳时机。

方法 共纳入 2021 年 3 月 11 日至 2023 年 2 月 19 日期间在我科诊治的 38 例 BSI 患者。一旦患者血培养（BC）确认为 BSI，在 24 小时内收集血液样本进行 mNGS 测试，此后每 2-3 天进行一次 mNGS 复查。

结果 38 例患者中，17 例（44.78%）在抗生素治疗后仍为 mNGS 阳性（mNGS-pos），其余为 mNGS 阴性（mNGS-neg）。mNGS 中位阳性持续时间显著长于 BC（4 days vs 1 days; $P < 0.0001$ ）。发生感染性休克的患者 mNGS 中位持续阳性时间长于未发生休克的患者（4 days vs 0 day; $P = 0.003$ ）。持续阳性 ≥ 3 天是感染性休克的一个独立危险因素（OR, 20.671; 95% CI, 1.958-218.190; $P = 0.012$ ）。与 mNGS-neg 患者相比，mNGS-pos 患者的发热中位持续时间更长（6 days vs 3 days; $P = 0.037$ ），耐药率更高（35.3% vs 4.8%; $P = 0.017$ ），感染性休克发生率更高（44.7% vs 14.3%; $P = 0.029$ ），28 天死亡率也更高（9.4% vs 4.8%; $P = 0.041$ ）。

结论 抗生素治疗会明显降低 BSI 患者 mNGS 的检测阳性率，导致 mNGS 检测效能的降低。但 mNGS 在抗生素使用后的持续阳性时间仍显著长于 BC。mNGS 持续阳性提示感染性休克风险增加，并可作为不良感染预后的高风险因素之一。因此，建议在抗生素给药前进行 mNGS 检测，但在使用抗生素后进行 mNGS 检测也仍然是有意义的。

PO-2666

依拉环素联合用药治疗恶性血液病合并重症感染的临床疗效及安全性研究

卢聪、江慧雯、吴耀辉、胡俊斌
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 恶性血液病患者由于长期骨髓造血功能受抑制、耐药菌感染发生率高，本研究旨在探讨依拉环素为基础的联合用药方案治疗恶性血液病合并重症感染的临床疗效及安全性。

方法 记录 8 例合并免疫缺陷、重症感染的恶性血液病患者，在反复发热且经验性使用抗生素效果欠佳后，换用依拉环素治疗期间的病情变化、检查检验结果和不良反应等。

结果 研究中 8 例患者中，男性 6 例（6/8，75%），中位年龄为 42 岁（14-67 岁），原发病诊断包括 1 例多发性骨髓瘤，1 例骨髓增生异常综合征，4 例初治急性白血病，1 例经治急性白血病和 1 例急性白血病 异基因造血干细胞移植状态。在经验性使用头孢哌酮舒巴坦、哌拉西林他唑巴坦、亚胺培南联合替考拉宁、万古霉素，伏立康唑、卡泊芬净和两性霉素 B 等抗生素后，患者的体温控

制欠佳。换用依拉环素联合用药后，所有患者（8/8，100%）在 24-48 小时内体温得到控制。5 例患者（5/8，62.5%）的 CRP 明显下降，复查 CT 显示肺部感染显著改善，且转氨酶、胆红素未见明显升高，凝血功能维持在正常范围。其余 3 例患者（3/8，37.5%）因感染加重或原发病快速进展导致多器官功能衰竭。

结论 病原学检测结果显示，主要致病菌为大肠埃希菌、不动杆菌属、肺炎克雷伯杆菌、金黄色葡萄球菌、铜绿假单胞菌等，对碳青霉烯类抗菌药物耐药性高。依拉环素作为新一代全合成氟环素类抗菌药物，可在 24-48 小时内迅速控制体温，显著改善病情，不影响肝肾功能和凝血功能。然而，换用依拉环素治疗时机较晚，仍导致病情迅速进展至多器官功能衰竭。

PO-2667

骨髓增生异常综合征并发肺孢子肺炎的 1 例报告并文献复习

王珊珊、唐家宏

中国人民解放军联勤保障部队第 988 医院

目的 探讨骨髓增生异常综合征患者卡氏肺孢子虫肺炎（PCP）的临床特征、诊断及治疗措施。

方法 回顾分析 1 例确诊卡氏肺孢子虫肺炎的骨髓增生异常综合征（MDS）患者并结合文献分析。

结果 62 岁女性患者，确诊骨髓增生异常综合征 10 余年，无原因发热，无咳嗽、咳痰，血白细胞计数偏低，胸部 CT 示：双肺多发炎性病变并部分纤维化，予以广谱抗生素治疗后无改善。后经支气管肺泡灌洗液探针捕获高通量测序法证实病原体为耶氏肺孢子菌。予以大剂量复方磺胺甲噁唑片口服 14d 后治愈，治疗过程中先后出现药疹、恶心、呕吐、肝脏损害、肾脏损害、中性粒细胞减少加重等，予以对症治疗后均治愈。

结论 卡氏肺孢子虫肺炎是常见机会性感染疾病，进展迅速，发病率和死亡率相当大。早期诊断，使用大剂量复方磺胺甲噁唑片仍是治疗 PCP 的首选药物，但副作用明显，需及时发现，合理干预。

PO-2668

全血细胞减少、发热患者 1 例—黑热病病例报道并文献复习

赵卓冉、李英梅、陈丹丹、张银银、谢新生、姜中兴

郑州大学第一附属医院

目的 探讨全血细胞减少、发热的少见病因，提醒血液科医生注意排除血液系统外疾病。

方法 描述我科收治的一例黑热病的诊断情况，复习相关文献。

结果 患者为男性，68 岁，以“间断发热 9 天，发现全血细胞减少 2 天”为主诉入院。体温最高 41℃，抗感染治疗疗效差，10 天体重下降 3kg，转诊至我院。查体：神志清，精神可，贫血貌，全身皮肤黏膜无黄染、淤点、瘀斑，全身浅表淋巴结未触及，胸骨无压痛，心肺听诊无异常，肝脏肋下未触及，脾脏肋下可触及约 3cm，双下肢无水肿。血常规：WBC $2.12 \times 10^9/L$ ，RBC $3.10 \times 10^{12}/L$ ，Hb 98.0 g/L，PLT $61 \times 10^9/L$ ，中性粒细胞绝对值 $1.73 \times 10^9/L$ ，Ret 2.59%；外周血细胞形态分析：单核 3%，淋巴 13%，中性分叶 67%，中性杆状 16%，中性晚幼粒 1%；成熟红细胞大小不等，色素充盈可，可见大红细胞。PCT 0.099 ng/L，CRP 23.03 mg/L；血生化：β2 微球蛋白 7.03 mg/L，AST 64 U/L，白蛋白 31.6 g/L，球蛋白 47.7 g/L，前白蛋白 95 μg/L，胆碱酯酶 3.50 KU/L，腺苷脱氨酶 137 U/L，乳酸脱氢酶 669 U/L；铁蛋白 1524.90 ng/mL；可溶性 CD25 1463.86 pg/mL；血免疫固定电泳阴性；PNH 阴性；血凝试验、叶酸、维生素 B12、粪便常规、库姆试验、甲状腺抗体、乙肝病毒 DNA、EB/CMV 病毒 DNA、结缔组织抗体未见明显异常；彩超：肝内稍高回声结节（考虑肝血管瘤），胆囊结石，脾大，长径 141mm，厚径 56mm，脾静脉增宽。PET-CT：1.脾大代谢弥漫性较活跃，脾脏下缘达肋下缘

3.7cm, 中央及外周骨髓代谢稍活跃, 未见明显异常肿大淋巴结。2.肝大代谢未见异常; 胆囊结石。骨髓像: 骨髓增生活跃↑,粒:红=1.12: 1。粒系增生活跃,中性中幼粒细胞比值增高,中性分叶核粒细胞比值减低,粒细胞易见巨样变,偶见环形杆状核粒细胞。可见嗜酸粒细胞。红系增生活跃,幼红细胞可见巨样变。淋巴细胞比值减低,形态正常。巨核细胞>200个/片,血小板少见。骨髓活检大致正常,MF-0级。流式细胞术大致正常。染色体核型正常。亚胺培南、利奈唑胺抗感染无效,病原学NGS:人类疱疹病毒6B型、婴儿利什曼原虫阳性。初步诊断为黑热病,转诊至感染科。

结论 发热、肝脾大、体重下降、球蛋白增高、铁蛋白增高、全血细胞减少,类似嗜血细胞综合征,抗感染疗效差,注意排除特殊病原体感染,NGS检测病原学高效、便捷。

PO-2669

噬血细胞综合征 37 例临床特征分析

鱼玲玲、吴涛

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 通过回顾性分析我院收治的噬血细胞综合征患者的临床特征及预后危险因素,为治疗提供线索,降低误诊率,延长生存期。

方法 选取我院噬血细胞综合征 37 例患者,研究时间从 2018 年 1 月 1 日至 2022 年 08 月 01 日,回顾性分析其临床特征、实验室检查结果、影像学及病理学结果、治疗过程及预后情况。

结果 淋巴瘤继发噬血细胞综合征为 14 例(37.8%),EB 病毒感染有 9 例(21.6%),原发性噬血细胞综合征患者 3 例(8.1%),4 例原因不明(10.8%),其他为少见病因如脂肪肉瘤、乳腺肿瘤继发。34 例患者首发症状为发热,间断反复发作,体温波动在 38.9℃~40.5℃,热型不一,时间均超过 1 周。其次伴随的症状为乏力、咽痛、淋巴结肿大、腹痛。两系或三系减少 29 例(78.4%);37 例患者中血清铁蛋白≥500 μg/L 有 35 例(94.6%);甘油三酯增高 14 例(37.8%);骨髓细胞学检查提示:有 28 例患者均发现噬血细胞(75.7%),1 例患者发生骨髓坏死。预后分析提示生存组与死亡组之间白细胞、红细胞、血红蛋白、乳酸脱氢酶、谷丙转氨酶、谷草转氨酶、活化部分凝血活酶时间(APTT)、凝血酶原时间、纤维蛋白原、甘油三酯均无统计学差异,中性粒细胞、血小板之间的差异存在统计学意义($P < 0.05$)。二元 Logistics 回归模型提示血小板水平与患者的死亡率呈负相关($P < 0.05$),即血小板越低,死亡率越高。

结论 噬血细胞综合征是一种以 T 细胞活性缺陷、巨噬细胞过度激活以及炎症细胞因子过度产生致脏器功能严重受损的综合征。血小板是影响预后的独立危险因素,该病发病率低,误诊率高,病死率高,早期识别并依据原发病对患者进行个体化治疗可改善预后。

PO-2670

PCT、PLT、D-D 在重症感染患者预后判断中的意义

丁琪、陈婧

洛阳市第三人民医院

目的 分析降钙素原(PCT)、外周血血小板计数(PLT)、D 二聚体(D-Dimer)在重症感染患者预后判断中的意义。

方法 选择医院 2023 年 3 月至 2024 年 3 月重症医学科收治的重症感染、气管插管患者 76 例。按照患者预后结果将其分成预后良好组(30 例)和不良组(46 例)。治疗期间监测 PCT、PLT、D-Dimer 水平,统计两组患者气管插管时间、重症病房入住天数,分析 PCT、PLT、D-Dimer 水平与其治疗、预后相关性。

结果 预后不良组患者在治疗期间监测 PCT (0.96 ± 0.21) ng/ml、PLT (95 ± 23) $\times 10^9$ /L、D-Dimer (1.23 ± 0.25) mg/l 水平高于预后良好组 ($P < 0.05$)。PCT、PLT、D-Dimer 水平与患者入住重症病房时间、气管插管带管时间均有一定相关性。

结论 PCT、PLT、D-Dimer 水平对于重症感染患者有早期评估意义，能够指导治疗，最大限度的改善患者预后，有着较高的临床意义。

PO-2671

1 例黑热病继发骨髓纤维化诊疗分析并文献复习

李娟¹、向保云¹、张志彪²、魏涛¹、杨梅¹

1. 安阳市第五人民医院

2. 安阳市人民医院

目的 探讨黑热病继发骨髓纤维化患者的诊疗，避免误诊误治。

方法 回顾性分析 1 例黑热病并骨髓纤维化患者的诊疗过程，随访至治疗后 1 年半观察其预后及转归，并文献复习。

结果 患者，男，15 岁，因“间断发热半月余”首次在当地市级医院就诊，查血常规白细胞 2.60×10^9 /L、血小板 65×10^9 /L、血红蛋白 113 g/L，在血液科诊断为感染性发热并白细胞血小板减少、脾大，予抗感染治疗好转出院。后病情时有反复，以“反复发热、乏力，发现全血细胞少 1 年余”入住省级医院血液科，考虑脾淋巴瘤行脾切除术，脾脏病理组织细胞胞浆内见病原体感染，基因检测提示杜氏利什曼原虫，骨髓外造血样改变，确诊。再查黑热病抗体快速检测 (rK39) 阳性。予葡萄糖酸锑钠静脉输注 1 疗程，患者体温恢复正常，复查骨髓涂片，可见利杜体，再输注葡萄糖酸锑钠 1 疗程，复查骨髓未见利杜体。10 个月后随访，骨髓涂片细胞学检查大致正常，未见利杜体，骨髓活检纤维化消失；1 年半后随访，骨髓细胞学正常。

结论 对反复发热、全血细胞减少、肝脾肿大不能确诊者，要想到黑热病并进行相关检测；对于不能明确病因的骨髓纤维化且有疫区旅居史的患者，应注意排除黑热病。

PO-2672

流行性呼吸道感染与成人血液系统恶性肿瘤患者非预期住院分析

夏玉雪¹、胡俊斌²、王萌¹、汪晓辉¹、张磊磊¹、陈珍¹、王科¹、吴耀辉²、苏梅芳¹

1. 黄冈市中心医院

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院血液病研究所

目的 本研究旨在探讨成人血液系统恶性肿瘤患者的流行性呼吸道感染的危险因素及对原发病的影响。

方法 研究数据为 2023 年 10 月至 2024 年 2 月期间，因呼吸道感染为就诊目的的非计划于黄冈市中心医院血液内科住院的血液系统恶性肿瘤患者，并对疑似呼吸道感染的鼻咽/口咽标本进行实时聚合酶链反应(RT-PCR)检测、血清免疫球蛋白检测及肺部 CT 等。

结果 因呼吸道感染非预期住院患者 8 人，其中以发热和咳嗽最为常见。平均住院天数 6.5 天，无死亡案例；病原体依次为呼吸道合胞病毒 3 例，腺病毒 2 例，鼻病毒 2 例，乙流 1 例，支原体 1 例，甲流 1 例；淋巴(浆)系统肿瘤 6 例，急性髓系白血病 2 例，造血干细胞移植患者 2 例，存在心力衰竭和/或慢阻肺基础疾病 2 例，合并念珠菌感染 1 例为多发性骨髓瘤患者，合并空肠弯曲菌菌血症 1 例为套细胞淋巴瘤、CART 治疗后患者。呼吸道 PCR 检出率更高影像学表现为多发片状影和磨玻璃样影。一例急性单核细胞白血病患者中剂量阿糖胞苷巩固治疗推迟 10 天。

结论 在造血干细胞移植受者和血液恶性肿瘤患者中，冬春季呼吸道感染致血液系统恶性肿瘤患者非预期住院的常见病原菌主要为呼吸道合胞病毒、腺病毒、鼻病毒，呼吸道病毒 PCR 检测阳性在有呼吸道感染症状的血液系统恶性肿瘤患者中更为常见；特异性淋巴细胞免疫缺陷为主要危险因素，可使患者化疗计划推迟并增加患者经济负担。淋巴（浆）系统肿瘤、急性髓系白血病患者为主要罹患人群，在患者随访过程中需强调早期就诊、隔离预防以及流感疫苗接种等措施。

PO-2673

血液系统恶性肿瘤合并毛霉菌病患者的单中心回顾性分析研究

崔玉、米瑞华、陈琳、王琳、李冬贝、程诚、魏旭东
河南省肿瘤医院

目的 分析血液恶性肿瘤患者合并毛霉菌感染的临床特点、治疗现状及结局，提高对该合并症的认识，改善治疗效果。

方法：回顾性分析了从 2020 年 08 月 28 日至 2023 年 9 月 11 日接受治疗的 46 例疑似血液系统恶性肿瘤合并毛霉感染患者的临床特征，流行病学特点、诊断、治疗及预后。

结果 纳入的患者入院年龄中位数为 49 岁，男性居多(69.6%，n=32/46)。多因素分析分析表明年龄>60 岁、两种及两种以上毛霉感染、中性粒细胞持续性减少以及大量使用类固醇激素是影响血液系统恶性肿瘤合并毛霉菌病患者总生存时间（OS）的独立危险因素。此外，采用 Fisher 精确概率法分析各组之间的差异，结果显示不同类型抗真菌药物治疗的有效率无显著差异。

结论 血液系统恶性肿瘤患者在怀疑毛霉感染时，及时完善相关检查是至关重要的，宏基因组二代测序可能是早期诊断的重要补充方法，特别是对不适合组织病理学或培养的患者。我们强调及时的诊断和治疗，合理使用皮质类固醇激素，尽量控制中性粒细胞数量以去除危险因素，增强患者自身的免疫功能是降低患者死亡率的重要措施。

PO-2674

儿童造血干细胞移植中心静脉导管相关血流感染病原菌相关危险因素分析

龙杰雯、王瑞、尹艳、张璐瑒
深圳市儿童医院

目的 探讨儿童造血干细胞移植中心静脉置管患儿导管相关血流感染 (CRBSI)病原菌相关危险因素。

方法 收集 2023 年 1 月-2023 年 12 月深圳市某三甲儿童医院造血干细胞移植中心 266 例中心静脉置管患者资料，观察留置中心静脉导管患者的 CRBSI 病原菌相关危险因素进行分析。

结果 调查发现 3 例患者发生了 CRBSI，千日感染率为 0.37‰；在 266 例儿童造血干细胞移植患者导管感染中共培养分离病原菌 3 株，分别为微黄奈瑟球菌、耐甲氧西林凝固酶阴性葡萄球菌、嗜麦芽窄食单胞菌。经临床个案追溯调查法，导致病原菌对 CRBSI 相关的主要危险因素为：置管因素，置管者操作时局部皮肤反复穿刺造成对血管内壁及皮下组织损伤；药物性因素，使用化疗药物及免疫抑制加重血管内壁损伤，增加炎症感染风险；医务人员操作因素，频繁打开导管接口治疗及新入职医务人员使用导管无菌意识薄。

结论 引起 CRBSI 发生的病原菌相关因素主要为置管因素、药物性因素、医务人员操作因素，临床应提高警惕，同时对于存在高危因素的患者应采取有效临床防控措施，并加强临床督导及培训，以预防 CRBSI 的发生率，提高移植成功率，促进移植患者恢复。

PO-2675

急性淋巴细胞白血病真菌预防的有效性和安全性临床研究

周洋、陈俊杰、蔡梓红、周红升
南方医科大学南方医院

目的 首要目的是：研究急性淋巴细胞白血病（ALL）患者诱导治疗期间，初级真菌预防（PAP）对侵袭性真菌病（IFD）发病率的影响，以及预防药物相关不良反应。次要目的是：研究 ALL 患者诱导期 IFD 发病率，以及 IFD 相关风险因素。

方法 我们对 2011 年 1 月-2021 年 12 月在南方医院接受首次诱导治疗，且年龄 ≥ 14 岁的 ALL 患者，进行了一项单中心回顾性队列研究。IFD 的诊断及分类参照 2019 年修订的欧洲癌症研究和治疗组织/美国真菌病研究组（EORTC/MSG）标准。

结果 共有 482 名患者纳入本研究，其中 316 名患者接受了 PAP。在 482 名患者中，有 13 名患者为确诊/临床诊断的 IFD，60 名患者为拟诊的 IFD，确诊/临床诊断的 IFD 发病率为 3%。预防组 IFD 发病率显著低于非预防组（36/316, 11% VS 37/166, 22%, $P=0.002$ ）。多因素 COX 回归分析证明，PAP 显著降低了 IFD 发病率（ $HR=0.306$, $P<0.001$ ），中心粒细胞缺乏 >10 天显著增加了 IFD 的发病率（ $HR=2.587$, $P=0.019$ ）。预防组首次应用的抗真菌药物有：卡泊芬净（ $n=113$ ）、伏立康唑（ $n=99$ ）、米卡芬净（ $n=53$ ）、其他（ $n=51$ ），共有 14 人出现药物相关不良反应（卡泊芬净组 0 人，伏立康唑组 7 人，米卡芬净组 5 人，其他组 2 人）。

结论 我们的真实世界研究证明，PAP 是 ALL 患者诱导治疗期间 IFD 的独立保护因素。并且，卡泊芬净用于 ALL 患者 PAP 的安全性良好。

PO-2676

2021-2023 年某医院常见细菌感染的病原学特征以及耐药性分析

张磊磊¹、胡俊斌²、夏玉雪¹、汪晓辉¹、吴耀辉²、苏梅芳¹
1. 黄冈市中心医院
2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院血液病研究所

目的 了解某医院 3 年间常见细菌感染的病原学特征以及耐药情况，为临床合理应用抗菌药物提供数据支持。

方法 对某医院 2021 年 1 月至 2023 年 12 月样本中检出的所有非重复菌株，应用 whonet5.6 软件进行统计分析。

结果 共分离多重耐药细菌 3545 株，其中革兰阳性菌占 38.1%，革兰阴性菌占 46.3%，真菌占 15.6%。主要的革兰氏阳性菌为金黄色葡萄球菌，屎肠菌，粪肠菌，无乳链球菌。主要的革兰氏阴性菌有铜绿假单胞菌，大肠埃希菌，肺炎克雷伯杆菌和鲍曼不动杆菌。主要来源于痰液、分泌物、尿液，主要分布在以下科室：产科、ICU、肝胆外科。其中，革兰氏阳性菌最常见的是产科，革兰氏阴性菌最常见的科室是 ICU。

结论 某医院细菌耐药性明显，加强耐药性检测，合理使用抗菌药物，从而减缓细菌耐药，控制医院感染，及时监测病原菌变化及耐药趋势，为临床合理使用抗菌药物提供依据。全国细菌耐药监测网成员的中部地区医院数量较少，某医院作为中部中等发达地区的三甲综合医院，其耐药特征对中部地区的临床用药有着重要意义。

PO-2677

mNGS 对造血干细胞移植后复杂感染的诊断价值分析

杨岩、闫金松、李婷、周栋、康志杰
大连医科大学附属第二医院

目的 探讨 mNGS 在造血干细胞移植治疗后复杂感染中的临床应用价值。

方法 回顾性分析 2020 年 12 月至 2024 年 2 月大连医大附二医院造血干细胞移植后复杂感染病例 26 例：感染灶部位不明确、经验性抗感染疗效欠佳或重症感染患者的 mNGS 结果及临床特征，分析 mNGS 与常规病原微生物检验效能比较、指导临床决策以及预后分析。

结果 26 例患者中女性 9 例，男性 17 例，中位年龄 35 岁(1-68 岁)，AML 7 例，ALL 7 例，AA 4 例，MDS 2 例，NHL 2 例，CML1 例，HLH 1 例，MM 1 例，IPEX 综合征 1 例。异基因移植 24 例，自体移植 2 例。10 例感染灶明确且能够获得局部标本（脑脊液 7 例，痰液 3 例），16 例感染灶不明确或无法获得局部组织，留取血液标本。mNGS 前均有 3 天以上广谱抗生素暴露。mNGS 和传统病原微生物检测阳性率分别为 80.77%和 42.31%。mNGS 检出病毒、细菌、真菌阳性样本分别占 58.06%、22.58%、12.90%，最常见的病原微生物是巨细胞病毒混合感染占 35.48%，其中以病毒和细菌混合最为多见（32.26%），而常规检测中未检测出真菌。根据 mNGS 结果，81.5%的患者进行抗感染方案调整，68.2%的患者治疗有效。

结论 mNGS 对造血干细胞移植后复杂感染病原微生物检测的灵敏度优于常规微生物检测,二者相结合有利于临床抗感染方案的调整以及较好的临床转归。

PO-2678

药物联合治疗血液肿瘤播散的真菌感染 3 例

王科¹、吴耀辉²、苏梅芳¹、胡俊斌²
1. 黄冈市中心医院
2. 武汉协和医院

目的 本文旨在探索 D-IFD 联合抗真菌治疗效果，优化真菌血流感染播散的治疗方案。

方法 根据致病真菌的种类、耐药性和患者的具体情况，选择合适的抗真菌药物进行联合用药。通过收集和分析 3 例患者的病历资料、实验室检查结果和用药记录等信息，了解不同治疗方案在实际应用中的效果。

结果 例 1 慢性淋巴细胞白血病患者 Rai I 期，Binet A 期，奥布替尼治疗过程中出现全血细胞减少伴发热，血培养和脑脊液培养均提示新型隐球菌生长，予以安复利克治疗仍出现感染性休克，联用泊沙康唑 3 天后血压恢复，体温正常。例 2 急性髓系白血病患者 FLT3-ITD 突变，MA 方案化疗后发热，外院予以卡净联合伏立康唑后出现腹胀腹泻，23-11-21 血 NGS 提示热带念珠菌，换用安复利克+伏立康唑后 6 天逐渐热退。例 3 急性粒单核细胞白血病伴 IDH2 突变患者，予以 2 疗程 IA 方案化疗后肺部感染，血培养及 NTS 提示热带念珠菌，予以安复利克联合卡泊芬净抗真菌治疗，10 天后体温逐渐下降好转。

结论 感染危险分层在血液科抗真菌治疗中起着关键作用。对于高风险患者，抗真菌治疗显得尤为重要。然而实际临床中，对于单用或是联用抗真菌药物有一定的争议，本文 3 例针对性抗真菌治疗联合使用抗真菌药物可能提高治疗效果，通过联合用药，可以充分利用不同药物的抗菌机制，从而提高对病原体的杀灭效果。因此，在制定治疗方案时，医生应根据患者的具体病情、身体状况和药物耐受性等因素进行综合考虑，以确保治疗方案的安全性和有效性。

PO-2679

恶性血液肿瘤患者在化疗后粒缺发热时 血浆病原微生物游离 DNA 情况

彭苗新、许佩佩、徐岳一、谢婷、杨永公、欧阳建
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 以宏基因组二代测序 (Metagenomic next-generation sequencing, mNGS) 技术评估恶性血液病患者在粒缺发热时外周血病原微生物游离 DNA (cell-free DNA, cfDNA) 的状态, 与常规微生物检测相比, 探讨 NGS 技术的诊断效能。

方法 纳入 2020 年 9 月至 2022 年 05 月符合入组标准的恶性血液病患者, 进行原发病的常规治疗, 待粒缺发热后随机分为实验组的患者再次送检外周血样本, 利用 mNGS 技术进行检测, 获取血浆病原微生物游离 DNA 结果。

结果 1、化疗后粒缺发热时患者病原微生物检出情况: 试验组纳入患者 82 例, 血浆 mNGS 检测阳性的有 35 例, 阳性率 42.7%。常规病原学检测阳性的有 21 例, 阳性率 25.6%。

血浆 mNGS 检测出为单一病原微生物的有 17 例 (20.7%), 两种及两种以上病原微生物的有 18 例 (22.0%)。常规病原学检测出单一病原微生物的有 18 例 (22.0%), 两种及两种以上病原微生物的有 3 例 (3.7%)。血浆 mNGS 对于两种及两种以上病原微生物的检出率优于常规病原学检测 (22.0%vs3.7%, $P<0.05$)。

血浆 mNGS 共检出病原微生物 62 株, 病毒 36 株 (58.1%)、细菌 22 株 (35.5%)、真菌 4 株 (6.4%); 常规病原学共检出 24 株病原微生物, 病毒 6 株 (25%)、细菌 17 株 (70.8%)、GM 阳性 1 株 (4.2%)。在病毒的检出率方面, 血浆 mNGS 检测高于常规病原学检测, 具有显著统计学差异 (34.1% vs 7.3%, $P<0.001$)。

结论 化疗后粒缺发热患者血浆 mNGS 检测的阳性率显著优于常规病原学检测 (42.7%vs25.6%, $P<0.05$), 尤其对病毒检出、两种及两种以上病原微生物检出方面具有较大优势 ($P<0.05$)。

PO-2680

恶性血液病合并念珠菌血症患者血小板和凝血参数的评估: 一项回顾性研究分析

罗晓莉¹、毕宏晨¹、张浩志¹、王铭洋²、庞爱明²、冯四洲²、曹佳欣²、潘攀²、王敏¹、姜尔烈²、崔宇杰¹

1. 天津医科大学医学技术学院

2. 中国医学科学院血液病医院血液与健康全国重点实验室

目的 探讨恶性血液病合并念珠菌血症患者的血小板及凝血参数变化的临床意义。

方法 回顾性分析中国医学科学院血液科医院 2017 - 2022 年确诊的 34 例恶性血液病合并念珠菌血症患者的相关临床资料, 同时收集 107 名健康体检者的相关临床资料作为对照。同时根据念珠菌感染是否损害组织或器官分为侵袭性和非侵袭性, 进行对比分析, 以全面了解念珠菌感染的临床特点。

结果 与对照组相比, 念珠菌感染引起恶性血液病患者外周血 MPV 和 P-LCR 升高, PLT 和 PCT 降低, 提示血小板活化增加。恶性血液病合并念珠菌血症患者 APTT、PT 和 TT 延长, AT III 活性降低, INR、Fg、FDP、D-Dimer 升高, 提示念珠菌感染引起恶性血液病患者凝血功能障碍和纤溶系统过度激活。此外, 与非侵袭性念珠菌血症患者相比, 侵袭性感染引起血小板活化进一步增加。

结论 我们首次证实恶性血液病合并念珠菌血症患者血小板数量减少和活化增加。侵袭性念珠菌血症患者血小板数量和功能进一步改变。同时, 我们发现恶性血液病合并念珠菌血症患者凝血功能出

现异常，同时伴随高纤溶状态。这表示患者的血液凝固机制可能发生障碍，且纤溶系统处于过度活跃的状态。希望我们的研究能够为血液恶性肿瘤合并念珠菌血症患者的认知和诊断提供新的视角。

PO-2681

Incidence, Risk Factors, Microbiology and Outcomes of Bloodstream Infection During Conditioning before Allogeneic Hematopoietic Stem Cell Transplantation

Ling Pan^{1,2}, Jia Li^{1,2}, Xiaomeng Feng^{1,2}, Sizhou Feng^{1,2}

1. State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, China

2. Tianjin Institutes of Health Science

Objective Bloodstream infection (BSI) represents a substantial and recurrent complication that often arises during allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). Despite its considerable occurrence, there has been a conspicuous absence of focused research delving into BSI specifically during the conditioning phase before HSCT.

Methods A single-center cohort study, comprising 2395 consecutive patients who underwent allo-HSCT from 2013 to 2023 was conducted. We examined the characteristics of BSI during the conditioning phase, risk factors and its prognosis on patients.

Results The cumulative incidence of BSI during conditioning was 4.7%, with a median onset on day 8 post-agitation of the conditioning regimen. The most frequently isolated pathogens included *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, and coagulase-negative staphylococci. A multivariate analysis identified several variables associated with BSI during conditioning, including neutropenia lasting ≥ 7 days before conditioning, a hematopoietic cell transplantation-comorbidity index (HCT-CI) ≥ 1 , and "in vivo" T-cell depletion using antithymocyte globulin (ATG). Furthermore, the analysis indicated that BSI caused by carbapenem-resistant Enterobacteriaceae (CRE) significantly increased the risk of all-cause mortality within 90 days following BSI (hazard ratio = 7.492; 95% confidence interval: 1.389, 40.429; $P = .019$).

Conclusion Reducing the incidence of BSI during conditioning phase can significantly improve early transplantation outcomes in haematological patients. Strategies to achieve this include increasing patients' pre-conditioning neutrophil levels, minimizing comorbidities, and optimizing conditioning regimens.

PO-2682

Efficacy of Short Course Antibiotic Therapy for Uncomplicated Staphylococcus aureus bacteremia in Neutropenic Patients with Hematological Diseases: A Retrospective Comparative Study

Nuobing Yang, Xiaomeng Feng, Sizhou Feng

State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Haihe Laboratory of Cell Ecosystem, Institute of Hematology & Blood diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College

Objective Data regarding duration of antibiotic therapy for *Staphylococcus aureus* bacteremia (SAB) in neutropenic patients with hematological diseases were limited. The objective of this

study was to explore the impact of neutropenia on the clinical outcomes of SAB in patients with hematological diseases and evaluate the effect of antibiotic treatment duration for hematological patients with SAB.

Methods We performed a retrospective single-center cohort study including hematological adult patients (≥ 14) with SAB. Clinical characteristics and treatment outcomes were compared between neutropenic and non-neutropenic hematologic patients. In addition, logistic regression models fitted with inverse probability of treatment weighting were used in a subgroup of patients with uncomplicated SAB to assess the association between the clinical outcomes and treatment duration.

Results Between January 2013 and December 2023, a total of 242 hematological patients infected with SAB were included, of whom 181 (74.8%) were neutropenic and 61 (25.2%) were non-neutropenic patients. Mortality or relapse within 90 days of the onset of SAB occurred in 22 (12.2%) neutropenic patients and in 15 (24.6%) non-neutropenic patients ($P = 0.020$). Recurrent fever within 7 days of completing therapy occurred in 14 (7.7%) neutropenic patients and in 11 (18.0%) non-neutropenic patients ($P = 0.022$). Multivariate analysis indicated that, relapse or refractory hematological malignancies ($aOR=6.384$, $p=0.001$), MRSA infection ($aOR=3.504$, $p=0.020$), polymicrobial bacteremia ($aOR=3.182$, $p=0.045$) were significant risk factors associated with 90-day mortality or relapse, while chemotherapy or immunosuppressive therapy within 1 month prior to SAB ($aOR=0.283$, $p=0.040$) and neutropenia ($aOR=0.248$, $p=0.012$) were protective factors. Acute lymphocyte leukemia, compared with acute myeloid leukemia, was a risk factor of 7-day fever recurrence ($aOR=3.673$, $p=0.025$). A total of 210 patients met the eligibility criteria of uncomplicated SAB, of whom 95 (45.2%) received short-course antibiotic therapy (median, 8.0 days; IQR, 7.0-9.0) and 115 (54.8%) received long-course therapy (median, 15.0 days; IQR, 12.0-20.0). In the weighted cohort, the univariate and multivariate analysis indicated that short course of antibiotic treatment showed no significant relation with 90-day mortality or relapse ($p = .766$), 30-day mortality or relapse ($p = .231$), or 7-day recurrent fever ($p = .060$).

Conclusion For hematological patients infected with SAB, neutropenia neither increased the incidence of 90-day mortality or relapse nor the incidence of recurrent fever. And short-course antibiotic therapy for treatment of uncomplicated SAB seemed to yield similar clinical outcomes as long-course one.

PO-2683

两性霉素 B 脂质体挽救性治疗 80 例血液病患者 侵袭性真菌病临床疗效分析

吴源兵¹、姜珊珊¹、吴雅雪¹、刘彬¹、景雨童¹、包海燕²、马骁^{2,3}、吴德沛^{2,3}、胡晓慧^{2,3}

1. 苏州弘慈血液病医院
2. 苏州大学附属第一医院
3. 江苏省血液病研究所

目的 探究两性霉素 B 脂质体 (Liposomal amphotericin B, L-AmB) 在血液病患者中挽救性治疗侵袭性真菌病 (invasive fungal disease, IFD) 的疗效及安全性。

方法 回顾性收集既往抗真菌治疗失败后在 2023 年 6 月-2023 年 12 月期间接受 L-AmB 治疗的 80 例血液病患者资料。统计患者基本信息、临床疗效、运用 Logistic 回归分析影响 L-AmB 疗效的因素。

结果 80 例血液病患者中, 其中确诊 IFD 9 例 (11.2%), 临床诊断 IFD 43 例 (53.8%), 拟诊 28 例 (35.0%)。L-AmB 挽救性治疗 IFD 有效率为 77.5%, 中位每日剂量 3mg/kg/d, 中位用药疗程 14 天。多因素 Logistic 回归分析显示: 疾病缓解状态 (OR: 4.337; CI: 1.167-16.122; $P = 0.029$) 和用药疗程 (OR: 1.127; CI: 1.029-1.234; $P = 0.010$) 是影响 L-AmB 疗效的独立因素。L-AmB 相关输液反应,

包括发热和寒战发生率为 5.0%，低钾血症发生率为 28.8%，主要为 1-2 级低钾血症(26.3%)，发生顽固性低钾血症比例仅为 2.5%。肾毒性发生率为 11.3%，主要为 1-2 级肾毒性。

结论 L-AmB 治疗既往抗真菌治疗不耐受或无效的 IFD 患者安全有效，不良反应率低。

PO-2684

来特莫韦治疗及二级预防异基因造血干细胞移植后巨细胞病毒感染的临床研究

徐婷^{1,2}、李东洋²、马骁^{1,2}

1. 苏州大学附属第一医院

2. 苏州弘慈血液病医院

目的 探究来特莫韦治疗及二级预防异基因造血干细胞移植后巨细胞病毒感染的疗效及安全性

方法 搜集 2022 年 3 月至 2023 年 3 月苏州弘慈血液病医院使用来特莫韦治疗 CMV 病毒感染的 17 例患者的临床资料，回顾性分析了这些患者 CMV-DNA 转阴时间及后续 CMV-DNA 在阳性的情况、药物使用过程中的副反应

结果 所有 17 例患者，仅 1 例患者使用单药来特莫韦抗 CMV 病毒，余患者均联合一线抗病毒药物（更昔洛韦或磷甲酸钠）。单药患者 CMV-DNA 转阴时间为 30d。剩余 16 例患者中，仅 1 例在使用来特莫韦期间未转阴，余均获得 CR，其中包括视网膜炎受累患者。使用来特莫韦后外周血 CMV-DNA 拷贝数首次转阴时间中位数为 7（3-30）d。CMV 视网膜炎患者在外周血 CMV-DNA 转阴后，继续玻璃体内注射更昔洛韦联合来特莫韦治疗，在使用来特莫韦第 48d 获得 CR。所有患者在获得 CR 后继续口服来特莫韦，做为二级预防。随访至今，除 1 例女性 MDS 患者因颅内感染于移植后+4 月死亡，余均存活至今，且 CMV 病毒未再激活。来特莫韦治疗及后期预防的患者表现出良好的耐受性，仅 1 例在治疗过程中出现恶心、呕吐，余患者未观察到与药物明显相关的副作用

结论 来特莫韦治疗及二级预防异基因造血干细胞移植后巨细胞病毒感染安全、有效，需大样本数据进一步证实

PO-2685

新型 RIPK1 抑制剂治疗噬血细胞综合征的药效学与机制研究

朱晋冰¹、汪金金¹、赵艾琳¹、杨胜勇²、牛挺¹

1. 四川大学华西医院

2. 四川大学生物治疗国家重点实验室

目的 噬血细胞综合征（HLH）是细胞因子大量释放的血液系统危急重症。本研究拟明确新型受体相互作用丝氨酸苏氨酸激酶 1（RIPK1）抑制剂在 HLH 中的治疗作用并分析机制。

方法 本研究使用本团队原研的，采用计算机辅助设计的全新结构的 RIPK1 抑制剂 SKLB-Z30 与地塞米松联用，SKLB-Z30 为目前国内已知对 RIPK1 靶点结合能力最强的小分子抑制剂。首先在体外研究中诱导小鼠巨噬、T 细胞系出现程序性坏死，探索 SKLB-Z30 单药及联合治疗对细胞程序性坏死的抑制作用。在 HLH 继发小鼠模型及原发小鼠模型中，使用 SKLB-Z30 单药或联合地塞米松治疗，并初步分析作用机制。

结果 1. 体外实验中，SKLB-Z30 单药可抑制出现程序性坏死的巨噬细胞及 T 细胞程序性坏死，抑制 RIPK1 通路关键蛋白磷酸化，降低细胞上清中细胞因子水平；2. 体内实验中，SKLB-Z30 联合联合地塞米松可显著缩小继发 HLH 小鼠肝脾，改善血常规并控制细胞因子风暴；3. 本研究成功构建国内首个原发 HLH 小鼠模型，原发 HLH 小鼠可出现血常规两系降低，体温升高，肝脾肿大，铁蛋白

增高；4.在原发 HLH 小鼠中，SKLB-Z30 联合地塞米松可显著缩小肝脾，降低铁蛋白，改善血常规及肝肾功，降低细胞因子。

结论 新型 RIPK1 抑制剂 SKLB-Z30 在体内及体外实验中，均对 HLH 具有较好的治疗作用，RIPK1 抑制剂可作为临床治疗 HLH 患者的新思路。

PO-2686

1 例以噬血细胞综合征起病的非 HIV 患者 感染马尔尼菲青霉菌治疗有效

朱俐

浙江大学医学院附属第一医院

目的 马尔尼菲青霉菌容易发生在免疫力低下的患者，尤其是 HIV 患者中高发。在非 HIV 患者中很少报道，且因临床表现不具有特异性，常被误诊为淋巴瘤但找不到病理依据，并且当合并噬血细胞综合征时预后极差。通过本病例成功治疗经验，为他人提供参考。

方法 介绍一例以噬血细胞综合征起病的非 HIV 患者感染马尔尼菲青霉菌患者早期诊断，治疗有效的经过。

结果 合并噬血细胞综合征的 1 例马尔尼菲青霉菌患者，经过早期诊断及及时的抗真菌治疗后，虽在 1 年后复发，但仍可以获得较长的生存时间。

结论 合并噬血细胞综合征的非 HIV 患者的马尔尼菲青霉菌患者，容易在早期被漏诊或误诊，但经过的诊断和正确的治疗，可能获得较长的生存时间。

PO-2687

一例造血干细胞移植术后肺部感染患者的护理

马婷

中国人民解放军西部战区总医院

目的 对造血干细胞移植术后肺部感染患者给予多种护理干预方法，缩短患者感染的时间，帮助患者减轻身体和经济的担子。

方法 针对本科室一例造血干细胞移植术后肺部感染患者给予多种护理干预。每日做好消毒隔离，加强手卫生；用药护理做到及时就、准确、精准给药；加强护理评估和各项指标监测；做好患者的心理护理。

结果 患者于感染后两周即转为阴性。

结论 提示对造血干细胞移植术后肺部感染患者给予多种护理干预方法，能够缩短患者的病程，使治疗更加顺利进行，是取得满意疗效的重要保障。

PO-2688

一例急性 B 淋巴细胞白血病 CART 治疗后 播散性镰刀菌感染的诊治

李猛、刘要伟、宋曼、靖斌、窦立萍、刘代红
中国人民解放军总医院第一医学中心

目的 总结一例 Ph 阳性急性 B 淋巴细胞白血病患者 CD19-CART 治疗后播散性镰刀菌感染的临床表现、治疗经过及结局。

方法 总结分析 2024 年 1 月在解放军总医院第一医学中心血液科住院治疗的 1 例复发难治 Ph 阳性急性 B 淋巴细胞白血病患者，接受 CD19-CART 治疗后发生播散性镰刀菌感染的病例资料。

结果 患者男性，36 岁，2020-6-4 因 Ph 阳性急性淋巴细胞白血病行同胞全合异基因造血干细胞移植。移植后 1 年出现中枢神经系统白血病，予达沙替尼口服、鞘注化疗药物及全脑全脊髓放疗后达到完全缓解。2023 年 9 月患者出现疾病血液学复发，予减低剂量 VDCP+达沙替尼治疗未缓解。患者于我院接受供者来源的 CD19-CART 细胞治疗。2023-11-21 回输供者来源 CD19-CART 细胞 $1 \times 10^6/\text{kg}$ 。回输第 2 天出现发热，体温 38.4°C ，血常规示粒细胞缺乏，怀疑为 1 级 CRS 反应，予托珠单抗治疗后体温正常。回输后第 13 天(2023.12.08)患者四肢皮肤出现圆形或类圆形红色皮疹，不排除为药疹，给与氯雷他定口服。2023.12.10 四肢皮疹增多，伴有疼痛，皮肤科会诊考虑感染性皮疹，给与美罗培南、利奈唑胺、伏立康唑联合抗感染。患者皮疹疼痛逐渐加重，逐渐扩散至躯干部皮肤，部分皮疹出现中央破溃、结痂，GM 试验波动在 4.335-5.394。2023.12.11 外周血宏基因组测序回报轮状镰刀菌，便培养结果回报增生镰刀菌，治疗方案调整为脂质体两性霉素 B 联合伏立康唑。2023.12.15 后背皮疹破溃处拭子培养为镰刀菌阳性，2023.12.18 痰培养镰刀菌，继续脂质体两性霉素 B 联合伏立康唑治疗。患者持续粒细胞缺乏状态，皮疹逐渐扩散至四肢、躯干、面部皮肤，咳嗽加重伴咳痰，2023.12.30 患者出现呼吸功能衰竭，2023.12.31 患者因呼吸功能衰竭死亡。

结论 CART 治疗后出现发热、痛性皮疹需警惕播散性镰刀菌感染，死亡率高。

PO-2689

2016-2022 年儿童血液病血流感染病原菌分布 及耐药性--单中心回顾性分析

魏彰悦、黄莉莉、凌婧、程生钦、卢俊、肖佩芳、范俊杰、姚艳华、王易、何海龙、周密、胡绍燕
苏州大学附属儿童医院

目的 研究血液病患儿血流感染 (Bloodstream infection, BSI) 临床特点及耐药性，为血液病患儿 BSI 的预防及治疗提供临床依据。

方法 回顾性分析 2016 年 1 月至 2022 年 12 月苏州大学附属儿童医院血液科血流感染患儿的临床特点，以及其病原菌分布和耐药性。

结果 2016 年 1 月至 2022 年 12 月苏州大学附属儿童医院血液科住院患儿送检 21268 例次血培养，共检出 806 名患儿的 842 例 BSI 阳性菌株，整体血流感染率为 3.96%。BSI 患儿中诊断为白血病的患儿比例显著高于其他血液疾病 (742 例 vs 100 例, $P=0.000$)，BSI 发生时 62.5% 的患者原发病处于完全缓解状态。普通病房菌血症数量高于层流病房 (698 例 vs 144 例, $P=0.013$)。88.7% 的患者 BSI 发生时处于粒细胞缺乏状态。BSI 患儿从发热至血培养阳性的平均时间为 16.6 小时。842 例次 BSI 菌株中，革兰氏阳性菌 (G+) 检出高于革兰氏阴性 (G-) 菌 (464 例 vs 378 例 ($P=0.012$))。G-菌中检出率排名前三位的是大肠埃希菌 (105 例, 12.5%)、肺炎克雷伯菌 (83 例, 9.9%)、铜绿假单胞菌 (52 例, 6.2%) 等。G+菌中检出率较高的是表皮葡萄球菌

(130例, 15.4%)、缓征链球菌(66例, 7.8%)、人葡萄球菌(45例, 5.3%)等。
结论 2016年1月至2022年12月苏州大学附属儿童医院血液科患者血流感染以革兰阳性菌为主, 不同菌种耐药性差异大。

PO-2690

全程预见性护理干预对造血干细胞移植老龄患者发生肺部感染的护理观察

张明琴、陈小丽、袁逸然、郭泓岑
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探究对造血干细胞移植肺部真菌感染老龄患者实行全程预见性护理所起到的干预效果。

方法 选取2023年01月~2024年01月我科所接受造血干细胞移植老龄患者60例作为研究对象, 采用随机分组法将其分为对照组(常规护理)与观察组(全程预见性护理干预), 各30例。对两组患者的护理满意度及感染率进行数据的统计和分析。

结果 观察组护理满意度明显优于对照组, 差异有统计学意义($P < 0.05$), 观察组感染发生率低于对照组, 差异有统计学意义($P < 0.05$)。

结论 对老龄造血干细胞移植患者实行全程预见性护理干预能有效降低其发生肺部感染的几率, 提升满意度, 值得在临床进行推广运用。

PO-2691

The impact of the donors' COVID-19 status on the outcomes of allogeneic hematopoietic stem cell transplantation: A multi-center retrospective study

黄怡霏、林韧
南方医科大学南方医院

目的 To explore the impact of donor COVID-19 status on allogeneic stem cell transplantation (allo-HSCT).

方法 We compared the transplant outcomes of the 74 participants including 9 receiving graft from COVID-19 positive donors (CPD), 45 COVID-19 experienced donors (CED) and 20 COVID-19 naive donors (CND) in this multi-center retrospective study.

结果 All the apheresis were successful and no significant difference among three groups regarding CD34+ cells or lymphocytes in grafts. All the patients achieved engraftment by day 30 post-HSCT. The incidence of grade II-IV acute graft-versus host disease (aGVHD) were 55.6%, 20% and 10% in the CPD, CED and CND group, respectively ($P=0.024$). Multivariate analysis showed that COVID-19-positive in donor at the time of apheresis was an independent risk factor for II-IV aGVHD ($P=0.020$, OR=12.159). There were no differences in other complications among the three groups in term of chronic GVHD, viral infection or sinusoidal obstruction syndrome.

结论 Our results suggested that the COVID-19-positive status of donors might not impact graft collection, engraftment or short-term survival of allo-HSCT recipients, but might increase the risk of aGVHD.

PO-2692

儿童慢性粒细胞白血病急淋变造血干细胞移植后毛霉菌病 1 例

李洪娟、王红美、顾艳、韩燕、李雪、丁国玉、林子云、穆锴、赵羽琦、张潇月、冯惠迪
山东第一医科大学第一附属医院（山东省千佛山医院）

目的 报道 1 例儿童慢性粒细胞白血病急淋变造血干细胞移植后合并背部大片皮肤毛霉菌病，并对国内外相关文献进行复习。

方法 患儿为慢性粒细胞白血病急淋变，复查 ABL 激酶区 4 处突变：T315I、F359I、G250E、E459K，尚未见相关报道。按 CCGG-ALL-2020 方案化疗。首次腰穿及鞘注，脑脊液脱落细胞学检查见白血病细胞，脑脊液 MRD 99.33%。给予维奈托克、普纳替尼靶向治疗，应用贝林妥欧单抗，期间合并肌肉脓肿（金黄色葡萄球菌）、急性胰腺炎、惊厥持续状态，经治疗后好转。复查骨髓 MRD<10⁻⁴，脑脊液 MRD<10⁻⁴，BCRABL 基因 0.38%，行亲缘单倍体造血干细胞移植（父供子，HLA 7/12，DSA 阴性，血型 A 型 RH+ 供 B 型 RH+），预处理方案 CLAD+IDA+Ara-c+TT+BU+CY+Me-CCUN+G-CSF，D01-02 输注供者骨髓及外周干细胞，TNC8.24×10⁸/kg，MNC 5.77×10⁸/kg，CD34 6.27×10⁶/kg。应用 ATG、环孢素、吗替麦考酚酯及短疗程的 MTX 预防 GVHD。

结果 移植后+9 天中性粒细胞植入，+10 天血小板植入。移植后 1.5 月出现高热，血培养金黄色葡萄球菌，应用万古霉素抗感染后出现 Stevens-Johnson 综合征，停万古霉素，应用糖皮质激素及丙种球蛋白后好转。移植后 3 月患儿背部出现硬币大小皮肤破溃，伴有疼痛，局部治疗后，破溃进行性增大，范围波及整个背部 1/2 皮肤面积，伴有黑痂，且出现高热，分泌物培养示金葡菌⁺MRSA、鲍曼不动，破溃处病理示真菌（+），NGS 示分枝横梗霉，经多学科会诊后，予替加环素抗细菌，两性霉素 B 脂质体抗真菌，局部清创、引流等治疗 1 月后，序贯泊沙康唑口服，行背部清创植皮+头部取皮术+VSD 负压引流术后逐渐好转。现患儿移植后 1 年余，原发病持续缓解。

结论 免疫力低下患儿移植前的重症感染移植后有再次激活可能；免疫功能低下患儿毛霉菌感染，病情凶险，早期识别，及时治疗；外科手术/局部清创+系统治疗是免疫低下患儿毛霉菌病的可行措施。

PO-2693

一例血型播散性结核感染继发噬血细胞综合征病例

雒雪萍、郑伟燕
浙江大学医学院附属第一医院

目的 报道一例以噬血细胞综合征为起病表现患者，经辅助检查后排除肿瘤，确诊为血型播散性结核，经治疗后疾病控制。

方法 患者，女性，63 岁，因“反复发热 1 于”2024 年 1 月 8 日就诊我院，血常规：白细胞 0.54×10⁹/L，中性粒细胞 0.02×10⁹/L，血红蛋白 69 g/L，血小板计数 19×10⁹/L。生化：白蛋白 22.3 g/L，谷丙转氨酶 132 U/L，谷草转氨酶 252 U/L，总胆红素 29.5 μmol/L，直接胆红素 25.6 μmol/L，甘油三酯 2.21 mmol/L，乳酸脱氢酶 942 U/L，羟丁酸脱氢酶 680 U/L，超敏 C 反应蛋白 155.30 mg/L，凝血功能：活化部分凝血活酶时间 80.8 秒，纤维蛋白原 0.87 g/L，D-二聚体 34220 ug/L FEU，铁蛋白 38266.0 ng/mL。抗核抗体、肿瘤标志物无殊。巨细胞病毒、肝炎系列无殊。EBV-DNA 6.23X10³ 拷贝/ml。TSPOT 阳性。患者反复发热、盗汗、消瘦、血三系减低，完善骨髓穿刺及 PET-CT 检查。骨髓细胞形态：有核细胞量减少，粒系增生减低，伴噬血现象，部分淋巴细胞呈毛刺状、拖尾状。流式免疫分型：未见明显异常淋巴细胞群。染色体核型：46,XX[3]。PET-CT：1、双肺支气管病变，双肺多发稍高密度斑片及索条影，FDG 代谢增高，双侧胸腔积液，

双下肺受压膨胀不全，FDG 代谢轻度增高，考虑炎症；2、脾脏饱满，FDG 代谢增高，扫描区骨髓 FDG 代谢轻度增高，双侧锁骨区、纵隔区和双侧肺门多发稍大淋巴结，FDG 代谢增高；余扫描所见区域全身（包括脑）PET 显像未见 FDG 代谢明显异常增高灶。患者 PET-CT 提示多发淋巴结增大，2024.1.10 完善左侧颈部淋巴结活检，病理回报示淋巴结呈反应性增生。患者 TSPOT 阳性，予进一步完善结核相关检查，痰结核菌涂片阴性，痰结核分枝杆菌 DNA 检测为阳性，外周血病原宏基因提示结核分枝杆菌复合群序列 66。患者入院诊断噬血细胞综合征，予芦可替尼 10mg bid 及地塞米松 10mg qd 控制噬血，后续痰结核分枝杆菌 DNA 检测及外周血病原宏基因提示结核分枝杆菌阳性，考虑患者血型播散性结核、噬血细胞综合征，予异烟肼片+乙胺丁醇片+莫西沙星片+吡嗪酰胺片抗结核，甲泼尼龙抗炎，美罗培南及奥玛环素抗感染，米卡芬净抗真菌，人粒细胞刺激升白细胞，护肝等治疗。

结果 2024.1.24 患者噬血控制良好，血常规基本恢复，芦可替尼逐渐减量至停药，激素改为甲泼尼龙片 3 片 qd 口服。2024 年 5 月末次随访，患者一般情况良好，血常规恢复正常，炎症指标恢复正常，继续抗结核治疗中。

结论 本例患者为噬血细胞综合征继发于血型播散性结核，经确诊及针对性治疗后，患者噬血细胞综合征控制，原发病改善，对于噬血细胞综合征，要重视结核的排查。

PO-2694

异基因造血干细胞移植后合并鼻窦真菌感染 4 例

周栋
大连医科大学附属第二医院

目的 探讨移植后鼻窦真菌感染的临床特点、诊断和治疗。

方法 对我中心异基因造血干细胞移植后 4 例患者进行回顾性分析，1 例复发难治淋巴瘤，1 例再生障碍性贫血，2 例急性白血病。观察其鼻窦感染发生时间、临床表现、CT 表现、分泌物 NGS 检查及治疗效果。在出现面部肿胀症状后均经验性应用广谱抗生素基础上加用伏立康唑，症状进展者更换脂质体两性霉素 B 或艾沙康唑。

结果 4 例患者中位发病时间 4.5 个月（1 月-6 月），均有面部肿胀、眼眶周围疼痛、流泪等表现，而 4 例均无发热、无明显鼻腔分泌物。CT 影像学均有鼻窦及副鼻窦渗出病灶，其中 1 例伴局部有骨破坏。4 例均经过鼻窦探查及病灶清扫术，行组织病理学检查，3 例经分泌物 NGS 检查。其中 NGS 检测 2 例烟曲霉，1 例分枝横梗霉，分泌物培养 1 例根霉。经治疗后，1 例鼻窦烟曲霉感染和鼻窦根霉感染在移植后 3 月余治疗无效死亡，其余 2 人治疗有效，目前分别为移植后 11 月和 13 月

结论 异基因造血干细胞移植后鼻窦感染隐匿，早期症状不典型，无发热、流涕等感染表现，影像学 CT 有慢性鼻窦炎表现，部分患者有骨质破坏，需要与血液肿瘤浸润鉴别，可行鼻窦清扫术同时行组织病理学及分泌物 NGS 检查，明确诊断，并根据病原学种类选择有效抗真菌药物。

PO-2695

Clinical Characteristics and Treatment Response of Chronic Disseminated Candidiasis in Patients with Hematological Disorders

Zhangjie Chen, Xin Chen, Sizhou Feng
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

Objective Chronic disseminated candidiasis (CDC), also known as hepatosplenic candidiasis (HSC), is a rare invasive fungal infection typically found in patients with hematological diseases and severe neutropenia. The clinical characteristics and treatment response remained to be studied.

Methods We retrospectively reviewed electronic medical record system and collected clinical data of 49 patients diagnosed with chronic disseminated candidiasis at the Institute of Hematology and Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, between January 2014 and December 2023.

Results The majority of patients had hematological malignancies (n=43, 87.8%), including acute myeloid leukemia (n=21, 42.9%), acute lymphoblastic leukemia (n=18, 36.7%), myelodysplastic syndrome (n=2, 4.1%) and invasive B-cell lymphoma (n=2, 4.1%). Severe neutropenia was a common risk factor (n=30, 61.2%) among the patient population, and 19 patients (38.8%) had persistent severe neutropenia for more than 20 days prior to CDC. Symptoms were present in 85.7% of patients (n=42), while CT scans revealed liver lesions in 44 patients, spleen lesions in 34 patients, and kidney lesions in 9 patients. Proven, probable and possible CDC was diagnosed in 5 (10.2%), 2 (4.1%) and 42 patients (85.7%), respectively. Among the confirmed diagnoses, DNA sequencing identified 2 cases of *Candida tropicalis* and 1 case of *Candida albicans* infections, while the other 2 cases showed only positive microscopic examination of yeasts without a determined species. As for the treatment, azole monotherapy (n=16, 32.7%) and azole + echinocandin combination (n=12, 24.5%) were most commonly utilized, and more patients (n=28, 57.1%) were treated with antifungal monotherapy (azole=16, caspofungin=6, amphotericin=6) compared to combination regimens (n=21, 42.9%). Abdominal CT scan was performed to evaluate response, showing complete response (CR), partial response (PR) and treatment failure rate of 10.2% (n=5), 69.4% (n=34) and 20.4% (n=10), respectively. Univariate logistic regression analysis demonstrated that proven diagnoses (OR= 25.333 (95% CI 2.405-266.803), P=0.007) and severe neutropenia > 20days (OR=5.250 (95% CI 1.155-23.856), P=0.032) were significantly associated with treatment failure at 3 months, while patients with possible diagnoses had a significantly improved antifungal response (OR=0.083 (95% CI .015-0.461), P=0.004). In addition, a strong trend toward CR/PR at 3 months was observed in patients treated with caspofungin (OR=0.193 (95% CI 0.036-1.30), P=0.054), while such effects were not demonstrated in patients receiving azoles or amphotericin B. Multivariate cox proportional regression analysis revealed that age > 45 years old predicted dismal 1-month survival (HR=10.175 (95% CI 1.011-102.396), P=0.049) and overall survival (OS) (HR=5.756 (95% CI 1.409-23.523), P=0.017), and patients achieving CR/PR within 3 months had increased 3-month OS rate (92.3% vs. 70% in treatment failure patients, P=0.168).

Conclusion In conclusion, this retrospective study reviewed clinical data, treatment planning and clinical factors for remission and survival in 49 CDC patients diagnosed in the past 10 years, offering perspectives into the epidemiology, disease characteristics and treatment response for both researchers and physicians. Nevertheless, prospective researches and clinical trial are required to improve antifungal treatment and verify related risk factors.

PO-2696

NK/T 细胞淋巴瘤合并侵袭性毛霉菌感染患者 1 例

王婧婧¹、徐婷^{1,2}、马骁^{1,2}

1. 弘慈血液病医院

2. 苏州大学附属第一医院

目的 探讨一例 NK/T 淋巴瘤患者在治疗过程中出现侵袭性毛霉菌感染的诊治过程

方法 该中年男性患者以乏力、发热发现全血细胞减少起病，院内外骨穿形态均见原幼细胞 10%左右伴红系病态造血，染色体+8 异常，流式见 3%左右髓系表达细胞，初步诊断为骨髓增生异常综合征，予阿扎胞苷去甲基化治疗。但随着骨髓淋巴瘤免疫分型见异常 NK 细胞群体，骨髓活检提示 NK/T 细胞淋巴瘤累及骨髓。修正诊断为 NK/T 细胞淋巴瘤。PET-CT 见肿大脾脏及骨髓弥漫性糖代谢增高。治疗上予 P-Gemox 方案化疗，化疗后患者出现牙痛主诉，起初查体黏膜无破损，约两天后出现上颌溃疡伴反复发热，局部拭子送检病原体测序见德氏根霉、嗜麦芽窄食单胞菌、阴沟肠杆菌。治疗上予广覆盖抗感染，尤其是针对毛霉予足量脂质体两性霉素 B 及艾沙康唑用药。但仍无法阻止感染逐渐向鼻窦、眼眶侵袭性进展。患者血象仅在化疗后一周以内有短暂回升，后持续三系低下状态。期间多学科会诊均表示无手术干预机会。化疗后一月复查骨穿仍可见异常细胞占 27%。

结果 患者最终因呼吸衰竭、意识模糊选择自动出院，回家后去世。

结论 这是一位特殊又不幸的患者，特殊在该患者的诊断是曲折的：临床上大多数 NK/T 细胞淋巴瘤原发于上呼吸道，以鼻腔最常见。本例患者起病以骨髓受累为主，表现为血象三系低下，除脾脏肿大外无其他部位受累，这也导致无法保证安全情况下取得脾脏等组织病理作为诊断金标准。在予针对性化疗后，患者血象是有回升趋势的，但不幸的是出现了以侵袭性毛霉菌为主的感染，血象重回重度低下水平。鼻-眶-脑毛霉菌病为一种急性、凶险的高病死率的感染，在该患者身上有着完善相符的诠释。虽然在起病时患者鼻腔等部位并无明显淋巴瘤浸润提示，但在后期感染的过程中，未能得到有效控制的肿瘤细胞是否也在局部组织的损坏中为虎作倀呢？

PO-2697

肺泡灌洗液及血清样本 GM 试验在侵袭性曲霉菌感染中临床价值

沈连军、孙幸、吉薇、倪军、王红、施青青、方悦之、周帮月、孙梅、顾健、吴蔚
江苏省苏北人民医院

目的 分析肺泡灌洗液及血清样本 GM 试验在侵袭性曲霉菌感染中临床价值。

方法 收集 2022 年 1 月-2024 年 4 月江苏省苏北人民医院呼吸科及重症监护室 640 例高危感染住院患者的支气管肺泡灌洗液 BALF 或血清样本，其中 (BALF 样本 290 例，血清样本 350 例)，结合高分辨 CT 及细菌真菌学培养鉴定，根据《肺真菌病诊断和治疗专家共识》将其分为确诊组 (52 例)、疑似组 (77 例)、拟诊组 (221 例)，另采选 120 例非 IPA 的肺部呼吸疾病患者设为非 IPA 组。采用天津丹娜生物 GM 酶联免疫吸附试验 (ELISA) 试剂盒检测并计算患者肺泡灌洗液 GM 及血清 GM cut-off 值。以指南推荐 GM 临界值作为阳性诊断标准，分析肺泡灌洗液 GM 与血清 GM cut-off 值对诊断 IPA 的临床效能并通过相关性分析指标水平与侵袭性曲霉菌感染的临床价值。

结果 结果 640 例高危感染患者的 BALF 或血清样本中，确诊组、疑似组患者的肺泡灌洗液、血清 GM cut-off 值均显著高于拟诊组、非 IPA 组，且确诊组肺泡灌洗液、血清 GM cut-off 值明显高于临床诊断疑似组，组间比较，差异均具有统计学意义 ($P < 0.05$)。ROC 曲线分析显示，当肺泡灌洗液 GM cut-off 值的诊断阈值 > 1.0 时，诊断 IPA 的灵敏度为 89.6%，特异度为 92.5%。肺泡灌洗液 GM 试验平均 cut-off 值及阳性率均高于血清 GM 试验的平均值及阳性率，差异均具有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 当肺泡灌洗液 GM cut-off 临界值为 1.0，血清样本 GM cut-off 临界值为 0.5 时，肺泡灌洗液 GM 试验的临床诊断高于血清样本，支气管肺泡灌洗液 GM 试验对临床疑似侵袭性肺曲霉病感染患者有重要的诊断价值，两种类型样本联合监测更能为 IPA 病人提供早期诊断及理论依据。

PO-2698

关于造血干细胞移植后巨细胞病毒感染的分析

林湘涵

郑州大学第一附属医院

目的 观察来特莫韦预防异基因造血干细胞移植后巨细胞病毒再激活的有效性及其安全性

方法 回顾性分析行异基因造血干细胞移植术后应用来特莫韦预防巨细胞病毒再激活的 80 例患者的临床资料，与既往本中心未应用来特莫韦预防的 80 例患者行历史对照，比较两组患者在移植后 100d 内巨细胞病毒再激活的发生率、总生存率、植入情况的发生率。

结果 实验组中检出 8 例 CMV 再激活，均为 CMV 血症，对照组中检出 34 例 CMV 再激活，可显著降低移植后 CMV 再激活发生率 ($P < 0.001$)，两组患者中性粒细胞植入 ($P = 0.054$) 和血小板植入 ($P = 0.649$) 时间无统计学差异

结论 实验组降低 allo-HSCT 后巨细胞病毒感染的一种有效且安全的方法

PO-2699

人类免疫缺陷病毒阳性合并自身免疫性溶血性贫血 6 例临床分析

王丹青、闵海燕

云南省传染病医院云南省艾滋病关爱中心云南省心理卫生中心

目的【摘要】 目的 探讨人类免疫缺陷病毒 (human immunodeficiency virus, HIV) 阳性合并自身免疫性溶血性贫血, (Autoimmune hemolytic anemia, AIHA) 患者的临床特征、诊疗过程及预后。

方法 回顾性分析 2017 年 6 月至 2023 年 12 月云南省传染病医院收治的 6 例 HIV 阳性合并 AIHA 患者的临床资料，分析其临床特征、诊断和治疗情况及预后等。结果 6 例患者均为确诊 HIV 感染后再诊断 wAIHA，3 例患者合并有 2 种自身免疫性疾病，其中 1 例患者为埃文斯综合征。6 例 CD4+T 淋巴细胞 $> 200/\mu\text{L}$ ，其中 1 例 CD4+T 淋巴细胞 $> 1000/\mu\text{L}$ ，6 例血红蛋白低于 75g/L ，网织红计数大于 10%，其中 3 例血红蛋白低于 30g/L ，6 例总胆红素升高，LDH 均高于正常。6 例患者接受了抗病毒和激素治疗，3 例患者使用激素治疗病情稳定，未复发；2 例为复发难治 AIHA，采用利妥昔单抗联合激素治疗后达到临床缓解。1 例同时合并弥漫大 B 细胞淋巴瘤治疗后死亡。

结果 6 例患者均为确诊 HIV 感染后再诊断 wAIHA，3 例患者合并有 2 种自身免疫性疾病，其中 1 例患者为埃文斯综合征。6 例 CD4+T 淋巴细胞 $> 200/\mu\text{L}$ ，其中 1 例 CD4+T 淋巴细胞 $> 1000/\mu\text{L}$ ，6 例血红蛋白低于 75g/L ，网织红计数大于 10%，其中 3 例血红蛋白低于 30g/L ，6 例总胆红素升高，LDH 均高于正常。6 例患者接受了抗病毒和激素治疗，3 例患者使用激素治疗病情稳定，未复发；2 例为复发难治 AIHA，采用利妥昔单抗联合激素治疗后达到临床缓解。1 例同时合并弥漫大 B 细胞淋巴瘤治疗后死亡。

结论 HIV 合并自身免疫性溶血性贫血的发生与免疫功能的恢复有关。对于难治复发的病例使用利妥昔单抗联合激素可使病情得到更快缓解。

PO-2700

Incidence of *Pneumocystis jirovecii* pneumonia in Patients with B-lineage Lymphoma Receiving Chemotherapy Containing Rituximab

liangxiping liangxiping, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective Our objective was to determine the incidence of and risk factors for PJP infection in B-lineage lymphoma patients treated with chemotherapy containing rituximab.

Methods The medical records of 1027 B-lineage lymphoma patients who received rituximab between Jan 2020 and Jan 2022 were retrospectively evaluated. Patients were divided into two groups: patients with PJP and patients without PJP. The incidence rate of PJP and risk factors for PJP were evaluated.

Results This single-center, there were 989 adult patients receiving rituximab, from which there were 22 patients with PJP. The median patient age was 54.3 years (range 30–77) and 12 (54.5%) were female with PJP. Most patients received rituximab plus cyclophosphamide, doxorubicin, vincristine, and prednisone (R-CHOP) ($n = 791$, 80.0%), and rituximab plus bendamustine was the second chemotherapy. And 725 (73.3%) patients completed four cycles and 606 (61.3%) patients completed six cycles. The cumulative incidence of PJP was 2.1%, after the start of rituximab ($n = 22$). Prior chemotherapy of lymphocyte count, cycles of rituximab and CD4 were associated with the development of PJP ($p = 0.04$). Patient's treatment with rituximab plus liposome doxorubicin seems easier to have PJP but did not statistically significant.

Conclusion Patients who had low lymphocyte count prior chemotherapy, four cycles of rituximab, and low CD4 were more likely had a pneumocystis infection. This study showed that PCP and may help guide prevention of PJP during rituximab treatment in patients and required further investigation.

PO-2701

两性霉素 B 脂质体治疗难治及危重血液病患者侵袭性真菌病的疗效与安全性

朱骏、马盼盼、赵初娴、李肃、刘慧霞、魏道林、蒋瑛、邵珊、王椿
上海市闸新中西医结合医院

目的 侵袭性真菌病 (IFD) 高发于原发或继发免疫功能抑制人群。在危重血液病患者, 自身免疫功能常不能迅速恢复, 此时早期应用广谱、强效的抗真菌药物两性霉素 B 脂质体(L-AmB)可能改善危重患者的预后。原研两性霉素 B 脂质体 (L-AmB) 已发表的中国人数据较少, 本研究将我院患者的应用经验作汇报。

方法 本研究为回顾性、观察性、单臂研究, 纳入 2023 年 6 月至 2024 年 2 月, 在我院血液科进行血液恶性肿瘤治疗, 且静脉使用 L-AmB 单药或联药治疗 IFD 的难治及危重患者。

结果 最终纳入 24 例静脉应用 L-AmB 的难治及危重 IFD 患者, 其中 83.3%为异基因造血干细胞移植患者, 15 例为前序其他广谱抗真菌药物治疗大于 7 天仍效果不佳的患者, 9 例为 L-AmB 初治患者。L-AmB 应用时长中位 15.5 天, 平均剂量为 $2.63 \pm 0.63 \text{mg/kg/天}$ 。在 L-AmB 应用结束和用后 3 月时, 患者 IFD 治疗的良好应答率分别为 73.3%和 61.5%。没有患者发生严重的输液反应。血肌酐上升至大于 1.5 倍基线的患者仅 1 例。在适当补钾的情况下, 一过性血钾 $< 3 \text{mmol/L}$ 的发生率为 20.8%, 可能与多种因素有关。

结论 L-AmB 在难治及危重血液病合并 IFD 患者, 表现出良好的疗效和安全性, 良好应答率在数值上高于或等于其他药物治疗的文献报道。需要指出的是, L-AmB 治疗危重患者, 应监测血钾水平, 及时补钾、关注其他低钾诱因, 预防重度低钾血症的发生。

PO-2702

Plasma levels of Angiopoietin 2/Angiopoietin 1 and Angiopoietin 2/Tie2 ratios are potential valuable biomarkers in patients with sepsis

Shu Yang, 袁彩, 江龙光, 黄美娟
福建医科大学附属协和医院

Objective To investigate the role of the Angiopoietin (Ang) and its receptors (Tie1,2), Ang-Tie axis in sepsis to fully understand the pathophysiology of the Ang-Tie axis-mediated microvascular dysfunction in sepsis

Methods Plasma levels of Ang1,2, Tie1, 2, fibronectin(FN) in septic patients were quantified by ELISA kits. Antithrombin III(ATIII, %), Protein C (PC, %), Protein S (PS, %), Fibrin monomer (FM, $\mu\text{g/mL}$), White Blood Cells (WBC, $10^9/\text{L}$), Hemoglobin (HB, g/L), Platelet count (PLT, $10^9/\text{L}$), procalcitonin (PCT, ng/mL), Prothrombin Time (PT,s), Activated Partial Thromboplastin Time (APTT,s), Fibrinogen (FIB, g/L), D-dimer (mg/L) was derived from medical records.

Categorical variables were expressed as numbers (%) and compared by the χ^2 test or Fisher's exact test between septic patients and non-septic patients groups. The continuous variables were compared using independent group t-tests and described using median and standard deviation. A two-sided α of less than 0.05 was considered statistically significant. Statistical analyses were performed with the SPSS software.

Results 77 patients with available plasma samples, including 36 septic patients and 41 non-septic patients at Fujian Medical University Union Hospital, were included. 45.5% were male. The average age of septic and non-septic patients was 50.6 and 51.0 years, respectively.

The median concentration of Ang1 in plasma is 1738.9 pg/mL in the non-septic patients' group with a median concentration of Ang2 at 828.3 pg/mL . The median concentration of Ang1 decreased to 483.9 pg/mL in the septic patients' group, while the median concentration of Ang2 increased to 1812.8 pg/mL . Notably, the Ang2/Ang1 ratio (3.75) is significantly higher in the septic patients' group compared to that (0.48) in the non-septic patients' group. Besides PC (90% vs 55%, $p < 0.0001$), there are no significant differences in AT3 (96% vs 85.5%, $p = 0.055$), FM (3.05 $\mu\text{g/mL}$ vs 4.24 $\mu\text{g/mL}$, $p = 0.058$), and PS (58% vs 49%, $p = 0.439$), between non-septic patients and septic patients.

Conclusion There is a robust correlation between the Ang2/Ang1 and Ang2/Tie2 ratios in septic patients, indicating a conserved pathobiological role of Ang2 in this context, and the Ang2/Tie2 ratio is more correlated to surrogates of thrombosis than the Ang2/Ang1 ratio. These findings underscore the potential clinical relevance of measuring circulating Ang2/Ang1 and Ang2/Tie2 levels as a guide for therapeutic interventions targeting endothelial injury, aiming to improve clinical outcomes in septic patients.

PO-2703

Circulating Exosomal miRNA Signature As a Potential Risk Factor for DNA Virus Infection in Patients with Multiple Myeloma

Xin Chen, Xin Li

The Third Xiangya Hospital of Central South University, Changsha, China

Objective DNA virus infection is a significant cause of morbidity and mortality in patients with multiple myeloma (MM). Monocyte dysfunction in MM patients plays a central role in infectious complications, but the precise molecular mechanism underlying the reduced monocyte resistance to viruses and risk factors for infection in newly diagnosed MM patients remains to be elucidated.

Methods To investigate the role of exosomal miRNAs (Exo-miRs) in DNA infection of MM patients, we conducted an analysis of miRNAs in bone marrow exosomes from MM patients using high-throughput RNA sequencing. To further evaluate the effect of five upregulated Exo-miRs on the antiviral response, we transfected host cells with chemically synthesized miRNA mimics to overexpress the miRNAs. Subsequently, we utilized qPCR and Western blotting to characterize the impact on the cGAS-STING signaling pathway in THP-1 cells after overexpressing the miRNAs. The efficacy and safety of these Exo-miRs in innate antiviral immunity were evaluated using 5TGM1 C57BL/KaLwRijHsd mice models. Additionally, miRNAs copy number as well as the viral susceptibility of newly diagnosed MM patients were determined in 82 samples from newly diagnosed biopsy proven MM patients.

Results Screening of miRNAs enriched in exosomes delivered by primary MM cells identified five miRNAs as inhibitory factors that negatively regulate the cGAS-STING antiviral immune response. To model MM progression, 5TGM1-Luc cells were engrafted via tail vein injection into C57BL/KLwRijHsd mice, resulting in typical MM phenotypes after eight weeks. Model mice were then primed with a mixture of Exo-miR antagomiRs oligonucleotides through tail vein injection three times every 24 hours, followed by a Murine cytomegalovirus (MCMV) challenge for 36 hours. Consistent with the immunosuppression observed in MM patients, 5TGM1 C57BL/KaLwRijHsd mice showed lower levels of IFN- β in their sera. Notably, intravenous administration of antagomiRs against miRNAs resulted in a marked increase in IFN- β levels in the serum and IFN-I expression in organs.

To investigate the potential of the miR-score as a prognostic determinant of vulnerability to DNA virus infection, we compared the miR-score in plasma exosomes collected from 82 newly diagnosed, biopsy-proven MM patients. We classified the viral susceptibility of newly diagnosed MM patients into two groups: Group I, DNA virus infection; Group II, no DNA virus infection. In humans, a pronounced inverse correlation was observed between IFN- β production by DNA virus in PBMCs and the microRNA (miR)-score of the exosomes within the plasma. Patients with DNA virus infection showed significantly enhanced circulatory expression of miRNAs compared to patients without DNA virus infection ($p < 0.001$). The diagnostic potential of miRNAs was assessed by plotting an ROC curve, which revealed that 5 miRNAs showed optimum sensitivity and specificity (AUC 0.854, $P < 0.0001$, Sensitivity 87.5%, Specificity 74.1%, Cut-off value 5.234).

Conclusion These findings identify a mechanism by which MM cells can suppress the host's innate immunity and potentially lead to immunocompromise in MM patients. Furthermore, the aberrant expression of specific miRNAs in MM patients emerges as a potential therapeutic target in MM cells. By quantifying miRNA scores based on abundant exosomal miRNAs in peripheral blood, the risk of DNA virus infection in MM patients can be assessed. Our findings shed light on a previously unknown molecular mechanism underlying immunosuppression in MM patients who have not received antineoplastic therapy, and also reveal a distinct miRNA signature that serves as a crucial determinant of the susceptibility of newly diagnosed MM patients to DNA virus infections.

PO-2704

某三甲妇幼保健院儿童静注人免疫球蛋白使用情况及其合理性评价

刘晓娟
长沙市妇幼保健院

目的 通过对静注人免疫球蛋白（IVIG）在某妇幼保健院儿童住院患者中的使用情况分析，促进其临床用药的合理性。

方法 抽取该院 2022 年 1 月—2023 年 3 月间儿科、新生儿科使用 IVIG 住院患儿病历 142 份进行回顾性分析，统计其患者的基本信息、临床诊断、IVIG 剂量及疗程等资料，依据 IVIG 药品说明书及国内外相关治疗指南，分析与评价 IVIG 使用的合理性。

结果 142 例使用 IVIG 的患儿中男孩 70 例（49.30%），女孩 72 例（50.70%），以出生≤28d 的新生儿为主（87 例，占 61.27%），>28d~1 岁患儿使用 IVIG 的总量最大为 290 g；使用人数最多的疾病为新生儿 ABO 溶血，使用剂量最大的疾病为川崎病；IVIG 用药适应证符合其说明书的 39 例（占 27.46%），超说明书用药 103 例（72.54%），其中指南不推荐应用的疾病 23 例（22.33%）。

结论 该院 IVIG 临床使用存在没得到指南推荐的超说明书用药现象，应进一步加强对 IVIG 的用药监护，干预不合理用药情况，促进 IVIG 的临床合理应用。

PO-2705

ICU 中心静脉导管相关血流感染研究的文献计量学分析

刘猛¹、米元元²、尚晓辉¹、向成林²、杜羿霏¹
1. 郑州大学附属肿瘤医院（河南省肿瘤医院）
2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 析近 10 年 ICU 中心静脉导管相关血流感染的研究现状、热点及未来发展趋势。

方法 计算机检索 web of science 核心合集数据和中国知网数据中与 ICU 中心静脉导管相关血流感染的相关文献，检索 2014 年 1 月 1 日至 2023 年 12 月 31 日，采用 CiteSpace 6.3.R1 对检索数据进行分析。

结果 经筛选共纳入 ICU 中心静脉导管相关血流感染的相关文献 1097 篇，中文文献 532 篇，英文文献 565 篇。结果显示：近 10 年国内外关于 ICU 中心静脉导管相关血流感染相关主题的文献发文量不均衡，国内发文量呈下降趋势，国外发文量呈上升趋势。国内聚焦于重要的易感人群，如重症监护、脓毒症、液体复苏等患者，研究主题集中在医院感染高发的病原菌与预后情况、使用氯己定消毒液维护中心静脉导管及相关血流感染护理方面；国外研究内容聚焦在中心静脉导管相关血流感染的风险因素、导管血流感染的种类（经外周置入中心静脉导管、动脉导管等）、消毒溶液（如碘伏）、感染发病机制、抗菌药物耐药性、预防 ICU 中心静脉导管相关血流感染的管理策略（如开展质量改进、可归因成本分析项目等），研究设计多为前瞻性临床试验，并善于总结经验，形成临床实践指南。

结论 近 10 年 ICU 中心静脉导管相关血流感染已被国内外学者广泛关注，研究相对成熟。我国可结合国外研究方法及发病机制作为突破口，准确评估患者使用中心静脉的适应症，并积极开展质量改进项目或可归因成本分析项目，以降低 ICU 中心静脉导管相关血流感染的发生率。

PO-2706

血液系统恶性肿瘤患者粒缺发热时期宏基因组二代测序技术分析病原微生物的临床研究

黄赛、单若琪、刘要伟、窦立萍、刘代红、李猛
中国人民解放军总医院第一医学中心

目的 评估宏基因组二代测序技术（Metagenomic Next-generation Sequencing, mNGS）在血液系统恶性肿瘤(Hematological malignancies, HM) 粒细胞缺乏伴发热（Febrile Neutropenia, FN）患者的病原微生物检出情况，探讨 mNGS 对血液系统恶性肿瘤合并 FN 患者病原微生物的检出优势、诊断价值及预后意义

方法 回顾性分析 2019 年至 2023 年在解放军总医院住院的血液系统恶性肿瘤出现粒缺发热的共 170 例患者的住院资料及临床标本，分析 mNGS 与传统病原学检测方法对不同种类病原体的诊断优势，并以临床感染作为金标准计算不同方法的诊断效能。

结果 1、mNGS 总体检出率为 76.5%，对细菌的检出率为 17.6%；对真菌的检出率为 5.9%；对病毒的检出率为 72.9%。血培养对细菌检出率为 15.3%其他传统方法对病毒检出率为 12.4%

2、mNGS 检测时间明显短于传统检测血培养（ $P<0.001$ ） 3、对于致病病原体，mNGS 相较于血培养对革兰阴性杆菌具有明显的检出优势（93.5% vs 32.3%， $P<0.001$ ）；血培养相较于 mNGS 对革兰阳性球菌检出情况无统计学差异（78.6% vs 28.6%， $P=0.092$ ）；mNGS 能检出全部致病的真菌，而血培养未检出任一致病真菌

4、共 46 例患者根据 mNGS 结果调整抗感染治疗，37 例根据传统方法调整抗感染治疗，两者感染死亡率无统计学差异

结论 从检测角度，mNGS 在血液系统恶性肿瘤出现粒缺发热患者中检出病原体的阳性率、检测时间均优于传统方法。mNGS 相较于传统方法检出革兰阴性杆菌、真菌等方面存在优势。从诊断角度，mNGS 可作为传统病原学检测的有效补充方法。从治疗角度，根据 mNGS 调整抗感染治疗可以达到和传统方法近似的临床结局。

PO-2707

Posaconazole enteric-coated tablets on the efficacy and tolerability of secondary antifungal prophylaxis in haploidentical allogeneic stem cell transplantation

xiaoning wang,juan Ren,wang yuqi,zhu huachao,he pengcheng
The department of hematology, the first affiliated hospital of xi'an jiaotong university, Shaanxi,710061

Objective To investigate the plasma concentration of posaconazole enteric-coated tablets on the efficacy and tolerability of SAP and drug-drug interactions between posaconazole, cyclosporine A (CsA) and mycophenolate mofetil (MMF) in haploidentical allo-HSCT.

Methods We conducted a single-arm, open-label, prospective trial (ChiCTR2200059472) to assess efficacy and tolerability of posaconazole enteric-coated tablets as SAP in haploidentical allo-HSCT patients. Plasma concentrations of posaconazole and mycophenolic acid (MPA,active metabolites of MMF) as well as CsA were monitored within 30 days post-transplantation. Additionally, the incidence of IFD was observed.

Results Forty-six patients previously with IFD were enrolled in the trial. The incidence of IFD was 4.35% at 100 days and 10.86% at 6 months. The primary cause of prophylaxis failure was gastrointestinal intolerance. The mean plasma concentrations of posaconazole were

0.48±0.06ug/ml at week 1, 0.54±0.07ug/ml at week 2, 0.75±0.08ug/ml at week 3 and 0.90±0.08ug/ml at week 4. The mean plasma concentrations of CsA were 133.04± 0.13ng/ml at week 1, 179.53±11.19ng/ml at week 2, 225.02±13.80ng/ml at week 3 and 278.61±13.61ng/ml at week 4. The mean plasma concentrations of MPA during week 2, 3 and 4 were 0.41±0.06mg/L, 0.84±0.08mg/L and 1.08±0.13mg/L, respectively. Posaconazole reached steady state concentrations by week 2 and MPA reached target concentrations at week 3.

Conclusion Posaconazole enteric-coated tablets appears to be effective and tolerability for SAP of IFD after haploidentical allo-HSCT. When cyclosporine, MMF, and posaconazole are used in combination, the dosage of MMF does not need to be adjusted. The dosage of CsA needs to be personalized and adjusted based on therapeutic drug monitoring.

PO-2708

艾沙康唑治疗 67 例血液系统疾病患者 侵袭性真菌病的有效性和安全性研究

杨楠、潘攀、曹佳欣、庞爱明、冯四洲、姜尔烈、韩明哲
中国医学科学院血液病医院

目的 侵袭性真菌病 (Invasive fungal disease, IFD) 在血液系统疾病患者中有较高的发生率及致死率, 既往研究显示艾沙康唑对曲霉菌、毛霉菌等多种病原所致的侵袭性真菌病均有较好疗效及安全性。为评估艾沙康唑在血液系统疾病患者中的疗效及安全性, 中国医学科学院血液病医院造血干细胞移植中心进行了一项回顾性非干预性单臂病例分析研究。

方法 本研究共纳入 67 例于 2022 年 5 月 1 日至 2024 年 5 月 1 日期间诊断 (包括确诊/临床诊断/拟诊) 为 IFD 且接受艾沙康唑治疗 >10 天的患者。

结果 全部 67 例患者中, 40.3% (27/67) 为临床诊断侵袭性真菌病患者, 55.2% (37/67) 为临床诊断侵袭性真菌病患者, 另有 4.5% (3/67) 为确诊侵袭性真菌病患者。本研究应用艾沙康唑治疗的中位时间为 37 (11-330) 天, 全部患者 42 天总体有效 (OR) 率为 57% (95% CI 60%-89%), 完全有效 (CR) 率 38.1% (95%CI 24%-52%); 84 天 OR 率为 78% (95%CI 60%-89%), CR 率为 52.7% (95%CI 32.7%-69.3%)。本研究中 16 例患者应用艾沙康唑一线抗真菌治疗, 84 天 OR 率为 76.2% (95%CI 28.6%-94.3%); 35 例患者应用艾沙康唑挽救治疗, 84 天 OR 率为 68.5% (95%CI 45.8%-83.3%), 序贯使用艾沙康唑的 16 例患者 84 天 OR 率为 75.5%(95%CI 24.8%-94.5%)。所有患者 100 天全因死亡率为 17.4% (95%CI 7.1%-24.8%)。单因素分析提示既往无真菌感染、年龄 <55 岁、ECOG ≤2 可能提升艾沙康唑有效率。安全性评估显示治疗用药期间 2 例患者出现肌酐升高, 1 例患者出现艾沙康唑相关皮疹, 未见患者因不良反应停用艾沙康唑。

结论 本项研究探讨了艾沙康唑在血液系统疾病患者中的应用, 结果显示其表现出良好的疗效及安全性, 是治疗血液系统疾病患者侵袭性真菌病的有效治疗方案。

PO-2709

硒代甲基半胱氨酸通过重构巨噬细胞 GPX4 依赖的铁死亡治疗脓毒症的机制探索

冯慧、牛凡
西安交通大学第一附属医院

目的 脓毒症是一种不受控制的免疫反应疾病, 可因全身炎症反应综合征而危及生命。目前的治疗有许多缺点, 因此更新和更有效的药物不能用于脓毒症治疗。

方法 我们提出了一种有机硒代甲基半胱氨酸（MSC）干预脓毒症治疗的策略。为了研究 MSC 对脓毒症治疗的保护作用，我们采用 ELISA 法分析了促炎细胞因子水平。免疫印迹法和免疫细胞化学法检测 NF- κ B 的活化。用蛋白质印迹试验、透射电子显微镜试验和流式细胞仪检测与凋亡和有丝分裂吞噬相关的标记物。并对脂多糖（LPS）诱导的体外脓毒症模型进行了 RNA-seq，探索潜在的机制。随后，我们建立了 LPS 诱导的脓毒症小鼠模型。利用 ELISA 法检测小鼠血清炎症因子水平。

结果 MSC 干预在体内外均以浓度依赖性方式显著减少 LPS 诱导的促炎细胞因子 TNF- α 、IL-1 β 和 IL-6 的释放。在体外，MSC 在 NF- κ B 活化方面表现出很强的保护性反应。MSC 恢复了巨噬细胞 GPX4 的表达，减少了 LPS 诱导的巨噬细胞中的 ROS 和脂质过氧化物，保护巨噬细胞免受铁死亡的影响。RNA-seq 结果揭示了脓毒血症中铁死亡和线粒体自噬的重要性。此外，MSC 预处理增强了 LPS 诱导的巨噬细胞中 LC3II 和 PINK1 的表达，这些巨噬细胞通过线粒体自噬作用得到了重构修复。

结论 这些数据表明通过补充 FDA 批准的天然有机硒能够增强巨噬细胞 GPX4 表达调节免疫治疗脓毒症。同时补充天然有机硒和硒代谢为免疫系统相关疾病的治疗提供了新的方向和可能性。

PO-2710

恶性血液病患者合并蜡样芽孢杆菌血流感染的临床特征及预后分析

陆琴琦、张馨慧、杨贞、吴小霞、周惠芬、苗瞄
苏州大学附属第一医院

目的 探讨恶性血液病患者合并蜡样芽孢杆菌血流感染的临床特征及诊疗情况。

方法 回顾性分析苏州大学附属第一医院 2017 年 11 月至 2022 年 12 月确诊的恶性血液系统疾病合并蜡样芽孢杆菌血流感染患者的临床特征及治疗结局。

结果 研究共纳入 14 例患者，其中男性 10 例，女性 4 例，13 例患者血流感染时处于粒细胞缺乏期，所有患者均留置中心静脉导管，发病时均有发热，发热前出现消化系统症状 8 例，感染性休克 5 例，神经系统症状 7 例，出现神经系统症状的患者中 6 例发热前出现消化系统症状，1 例既往有消化道穿孔史。死亡 4 例，存活 10 例，4 例死亡患者均处于初治诱导化疗期，均有神经系统症状。血培养报告回报前，4 例经验性选择碳青霉烯类抗生素，未应用万古霉素或利奈唑胺抗感染的患者中 3 例在初次发热 24 小时内死亡。10 例经验性应用碳青霉烯类联合万古霉素或利奈唑胺抗感染的患者中 1 例因感染性休克、深昏迷在初次发热后第 5 天死亡。

结论 恶性血液病患者合并蜡样芽孢杆菌血流感染起病急骤，病情凶险，易累及中枢神经系统导致严重脑损伤，病死率高，一旦在任何血液培养样本中检测到蜡样芽孢杆菌不应被视为污染，临床医师应力争做到早期识别以及先发制人的抗感染治疗。

PO-2711

mNGS 检测血液病患者病原菌分布及临床特征分析

黄嘉瑜、郑润辉
广州医科大学附属第五医院

目的 探讨血液肿瘤患者全血宏基因组二代测序（metagenomic next-generation sequencing, mNGS）检测的病原体特点与临床特征的关系，为优化经验性治疗和制定个体化抗感染策略提供科学依据。

方法 回顾性分析 2022 年 7 月至 2024 年 2 月期间，广州医科大学附属第五医院血液科收治的血液病合并发热患者的临床资料及全血 mNGS 检测结果。分析性别、年龄、疾病分类、化疗疗程及免疫治疗等因素对病原体分布的影响。

结果 在研究期间内，113 例患者进行全血 mNGS 检测，总检出率为 77.9%，共分离出 214 株病原菌，包括病毒 135 株（63.08%），其中主要为巨细胞病毒（CMV）（43.36%）、EB 病毒（17.70%）和单纯疱疹病毒 1 型（15.93%）；革兰阴性菌 49 株（22.90%），主要为肺炎克雷伯菌（19.62%）、大肠埃希菌（7.08%）和铜绿假单胞菌（5.31%）；革兰阳性菌 15 株（7.01%），主要为屎肠球菌；真菌 24 株（11.21%），主要为烟曲霉和耶氏肺孢子菌。结合临床特征，淋巴系统肿瘤患者合并病毒感染发生率较高（78.22%），其中，尤其联合免疫治疗患者（82.16%），以 CMV 感染最为显著，且 2 种以上混合病原体感染的检出率更高（61.40%）。

结论 淋巴系统肿瘤尤其接受联合免疫治疗的患者，病毒尤其 CMV 感染率较高，多种病原体混合感染常见。mNGS 检测为优化经验性治疗和制定个体化抗感染策略提供重要依据。

PO-2712

真实世界中后疫情时代芦可替尼对恶性血液病患者合并新冠病毒感染重症患者安全性和有效性的回顾性研究

赵洁¹、田卫伟¹、许凯丽²、展新荣²、隗佳³

1. 山西白求恩医院（山西医学科学院）

2. 新乡市中心医院

3. 华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 评估后疫情时代芦可替尼在恶性血液病患者合并新冠病毒感染后，对患者疾病转归、生存和不良反应的影响。

方法 回顾性分析 2022 年 12 月至 2023 年 7 月期间，血液病患者合并新冠病毒感染且接受芦可替尼治疗的病例。主要观察指标包括血常规、C-反应蛋白、细胞因子、生化指标、凝血检查、胸部 CT、28 天内的死亡率及不良反应。

结果 38 例患者纳入研究，17 例在出现新冠病前已经接受芦可替尼治疗，21 例为合并 COVID-19 感染后联合芦可替尼治疗。新冠感染前已使用芦可替尼的患者与感染后加用芦可替尼治疗的患者重症类型差异具有统计学意义（ $P < 0.01$ ）。治疗后 62.5%（10/16）的患者 IL-6 水平持续改善，30.0%（9/30）的患者淋巴细胞减少状况得到恢复。86.7%（26/30）在新冠病毒诊断后 28 天内出现 CT 表现改善。28 天内总死亡率为 2.6%。在芦可替尼的使用过程中，未观察到新的安全事件。

结论 芦可替尼联合标准治疗对恶性血液病患者合并新冠病毒感染的重症患者显示出显著的预后改善效果，并且具有良好的耐受性和安全性。对于任何一种合并细胞因子风暴的感染性疾病提供一种令人鼓舞的控制方法。

PO-2713

一例多发性骨髓瘤患者自体造血干细胞移植期间耐碳青霉烯肺炎克雷伯杆菌脓毒症合并播散性皮肤软组织脓肿的诊断和治疗

王冰洁、孙慧猛、梁贇隐、李渊、任汉云、董玉君

北京大学第一医院

目的 耐碳青霉烯肺炎克雷伯杆菌（CRKP）是血液肿瘤患者中最常见的耐碳青霉烯肠杆菌，其住院

30 天内死亡率高达 50%，是治疗相关死亡的重要原因，提升其诊断和治疗能力至关重要。

方法 回顾性分析一例多发性骨髓瘤（multiple myeloma, MM）患者移植期间 CRKP 感染的诊断和治疗经过，总结 CRKP 重症感染的诊治思路。

结果 61 岁男性，确诊为多发性骨髓瘤 IgGκ 型 III 期（DS 分期）I 期（ISS 分期），外院行 VTD、BD、RVD 及 BD 方案化疗，疗效达部分缓解。2021-11-20 行大剂量马法兰方案预处理，出现粒细胞缺乏、消化道黏膜损伤、腹泻。+4d 患者出现持续高热，经验性给予比阿培南、万古霉素无效，加用替加环素治疗。患者数小时后出现休克，予补液及粘菌素治疗。血培养回报为 CRKP，仅对替加环素、粘菌素及头孢他定阿维巴坦敏感。患者体温下降趋势，但持续 SIRS 状态，联合头孢他定阿维巴坦治疗。其后体温及炎症指标明显改善，但出现意识障碍、呼吸衰竭，行气管插管呼吸机辅助通气，后一般情况逐渐好转，体温正常，炎症指标下降，拔除气管插管撤除呼吸机。但患者开始出现手指及上臂皮肤结节、下肢皮肤软组织大面积肿胀、破溃，脓液培养为 CRKP，细菌毒力基因分型均为 ST11 K47。予继续抗感染及皮肤脓肿引流治疗，逐渐恢复。患者移植后随访 30 月，来那度胺维持，原发病稳定，一般情况良好。

结论 对于血液肿瘤患者在粒细胞缺乏状态，非高毒力 CRKP 即可导致脓毒血症及全身播散感染，预后极差，及时确诊病原体及联合治疗能够改善部分患者结局。

PO-2714

依拉环素治疗恶性血液病合并细菌相关感染患者的疗效和安全性观察性研究

杨栋林¹、李智慧²、陆铨³、梁晨¹、罗荣牡⁴、冯四洲¹、胡豫³

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

2. 北京博仁医院

3. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

4. 航天七三一医院

目的 评估依拉环素（ERV）治疗恶性血液病合并细菌相关感染（malignant hematology with bacterial infection, MHBI）患者的临床疗效和安全性。

方法 采用多中心回顾性研究，纳入 2023 年 8 月至 2024 年 6 月使用 ERV 3 天以上的 MHBI 患者。主要终点为 ERV 治疗结束后 14 天或 ERV 治疗结束不满 14 天出院患者（TOC）的临床有效率。次要终点包括 ERV 治疗结束（EOT）临床有效率、细菌清除率，TOC 的细菌清除率、死亡率，不良反应发生率。

结果 共纳入 61 例患者，平均年龄 43.2±12.6 岁，男 33 例，女 28 例。合并中性粒细胞减少 44 例（72.1%），接受过移植的患者 51 例（83.6%）。纳入患者以肺部感染（77.0%）、血流感染（26.2%）、肠道感染（18.0%）最多，其中 43 例患者有明确病原体检出，以肠杆菌（30.2%）、嗜麦芽窄食单胞菌（21.3%）、鲍曼不动杆菌（11.5%）最为常见。

TOC 临床有效率为 85.2%（51/61），细菌清除率为 76.7%（33/43）。EOT 临床有效率为 85.2%（51/61）。EOT 细菌清除率 72.1%（31/43）。TOC 死亡 3 例（4.9%），用药过程共发生不良反应 2 例（3.3%），其中恶心和腹泻各 1 例。

在治疗过程中，有 59 例 ERV 联合其他抗感染药物使用，美罗培南，两性霉素 B，卡泊芬净，复方磺胺甲噁唑片，头孢他啶等最为常见。

结论 ERV 治疗 MHBI 患者显示出良好的临床疗效和安全性。

PO-2715

联合应用染色体断裂试验和彗星试验技术诊断范可尼贫血四例

孙媛、王晓英、程建超、黄晓丽、邓胜
北京海思特医学检验实验室

目的 本研究旨在探讨染色体断裂试验与彗星试验在范可尼贫血（fanconi anemia, FA）临床诊断及鉴别诊断中的应用价值，以期提高诊断的准确性。

方法 本研究通过采集 4 例疑似 FA 患者的外周血样本，分别进行染色体断裂试验、彗星试验和高通量测序。在染色体断裂试验中，我们采用丝裂霉素 C（mitomycin C, MMC）作为诱导剂，分别在 50ng/ml 和 100ng/ml 的浓度下刺激样本，观察并分析染色体断裂情况。染色体断裂率（%）=（总断裂数/观察的分裂相总数）× 100%；畸变率（%）=（有染色体断裂的分裂相数/观察的分裂相总数）× 100%。彗星试验则通过对患者外周血标本进行样本制备和铺胶、细胞裂解、解旋、电泳、中和、脱水、染色等步骤，并利用 Imagem 软件对 100 张彗星图像进行量化分析。彗星细胞率（%）=（阳性彗星细胞数/观察的彗星细胞总数）× 100%。

结果 在 MMC 刺激下的染色体断裂试验中，患者外周血样本的染色体断裂率和畸变率均显著高于正常对照。在 50ng/ml 浓度 MMC 刺激下，患者的染色体断裂率分别为 204%、146%、206% 和 225%，畸变率分别为 72%、87%、91% 和 74%；而在 100ng/ml 浓度 MMC 刺激下，染色体断裂率分别升高至 247%、329%、461% 和 418%，畸变率则分别升高为 84%、96%、98% 和 93%，且较易见到四射体分裂相。这些数据表明，FA 患者对外源性交联剂具有高度敏感性。在彗星试验中，我们检测到患者的彗星细胞率分别为 24%、29%、24% 和 22%，这一结果进一步支持了 FA 的诊断。此外，我们还通过基因检测，发现其中 3 名患者存在 FANCE 或 FANCG 基因的致病变异，为 FA 的诊断提供了分子层面的证据。

结论 FA 基因型众多、临床表现异质性较大，仅靠临床表现诊断 FA 容易引起漏诊和误诊。必须采用 MMC 诱导的染色体断裂试验来确诊 FA。本研究证实了在低浓度的 MMC 诱导下 FA 患者的染色体断裂率明显高于正常人，染色体断裂试验技术与彗星试验在 FA 诊断中的重要应用价值。两者联合应用，可以提高 FA 诊断的准确性。

PO-2716

童急性髓系白血病早期流式微小残留病检测
与预后相关性的临床研究

卢文婕
华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院

目的 探索多参数流式细胞术（MFC）检测儿童急性髓系白血病（AML）诱导化疗后骨髓微小残留病（MRD）对预测预后的价值。

方法 回顾性分析 2015 年 8 月-2021 年 12 月武汉儿童医院血液科 97 例初诊 AML 患儿接受诱导化疗第 I 周期和第 II 周期后采用 MFC 检测骨髓 MRD 的结果，并分析其与预后的相关性。

结果 97 例 AML 患儿诱导 I 治疗后 57 名患儿 MRD 阳性（MRD1+，58.8%），诱导 II 治疗后仍有 19 名患儿 MRD 阳性（MRD2+，19.6%）。Kaplan-Meier 生存分析提示 37 例（64.9%）MRD1+接受移植治疗患儿预计 3 年总生存率（OS）明显高于 20 例（35.1%）未接受移植治疗患儿（84.6% vs 40.0%，P=0.0001）。35 例 MRD1+MRD2-患儿中，接受移植的 25 例患儿 3 年 OS 高于 10 例未移植患儿（87.2% vs 70.0%，P=0.3329）。19 例 MRD1+MRD2+患儿 3 年 OS 低于 35 例 MRD1+MRD2-患儿（57.4% vs 81.8%，P=0.059）。12 例 MRD1+MRD2+移植治疗患儿 3 年 OS

高于 7 例未移植患儿 (78.6% vs 14.3%, $P=0.0007$)。12 例 MRD1+MRD2+移植患儿和 25 例 MRD1+MRD2-移植患儿 3 年 OS 差异无统计学意义 (78.6% vs 87.2%, $P=0.9630$)。7 例 MRD1+MRD2+未移植患儿 3 年 OS 明显低于 10 例 MRD1+MRD2-未移植患儿 (14.3% vs 70.0%, $P=0.0114$)。进一步多因素分析结果显示, MRD2+和移植治疗是患儿预后的独立影响因素 ($P=0.031, 0.000$), MRD1+对预测 97 例患儿总体预后无统计学差异 ($P=0.757$)。

结论 诱导 II 化疗后 MRD2 阳性是 AML 患儿预后不良的独立危险因素。MRD2+预示着更差的预后, 可筛选出需接受移植的患儿。MRD2+不是患儿移植治疗禁忌症, 尽早移植明显改善高危患儿预后。

PO-2717

CD2 在 AML 伴 CBF β ::MYH11 中的表达

覃磊¹、马耀坤¹、郑金娥^{2,3}、李娟^{2,3}、刘钰¹、杜雯^{2,3}

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司
2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院干细胞科
3. 生物靶向治疗研究湖北省重点实验室

目的 据 WHO (2022 版) 分类标准, 已将 AML 伴 CBF β ::MYH11 归类为“具有明确基因遗传异常的急性髓系白血病”。因此针对该类疾病的免疫表型研究有利于其精准诊断及精准治疗。本次研究主要针对 CD2 在 AML 伴 CBF β ::MYH11 中的表达情况。

方法 本次研究选取 32 例有明确 AML 伴 CBF β ::MYH11 或 AML 伴 inv (16) 病例 (阳性组), 及 8 例明确不具备 CBF β ::MYH11 或 inv (16) 异常的 AML-M4 (按照 FAB 分类标准) 病例 (对照组)。分析两组的免疫表型并统计 CD2 在阳性组及对照组中原始细胞及单核细胞表达情况, 并对两组的差异使用 McNemar 分析, $P<0.05$ 为存在统计学差异。

结果 32 例 AML 伴 CBF β ::MYH11 或 AML 伴 inv (16) 患者原始细胞 CD2 均为阴性。但在单核细胞群中 32 例患者中有 17 名患者单核细胞具有 CD2 的阳性表达, 5 名患者具有少量表达 CD2 的单核细胞。8 例对照组中原始细胞及单核细胞均无 CD2 的异常表达。两组在单核细胞的 CD2 表达情况进行 McNemar 分析, $P=0.002$ ($P<0.05$), 具有明显的统计学差异。

结论 AML 伴 CBF β ::MYH11 中原始细胞 CD2 均为阴性, 68.75% 的病例出现了单核细胞异常表达 CD2, 且与无重现性遗传学异常的 AML-M4 相比, $P=0.002$ ($P<0.05$), 具有明显统计学差异。我们建议当患者免疫分型提示 AML 且单核细胞表达 CD2 时, 需加做相关基因或染色体核型分析鉴别是否为 AML 伴 CBF β ::MYH11 型。

PO-2718

流式细胞术行 PNH 检测粒细胞 CD24 阴性一例并文献复习

何珊¹、熊力¹、杜雯^{2,3}、郑金娥^{2,3}、刘伟^{2,3}、马耀坤¹

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司
2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院干细胞科
3. 生物靶向治疗研究湖北省重点实验室

目的 阵发性睡眠性血红蛋白尿症 (PNH) 是一种罕见的获得性造血干细胞克隆性疾病。流式细胞术 (FCM) 具有检测不同血细胞群体 GPI 锚连蛋白及锚的缺失、精确量化 PNH 克隆的大小、对 PNH 小克隆的检出具有较高的灵敏度等优势, 成为目前 PNH 检测的金标准。

方法 根据《阵发性睡眠型血红蛋白尿流式细胞术检测中国专家共识 (2021 年版)》的抗体组合及实验方法, 粒细胞和单核细胞主要选用 FLAER/CD24 和 FLAER/CD14, 红细胞则选用 CD235a/CD59 组合对患者外周血标本进行 PNH 克隆的检测。

结果 我室检测一例患者结果为红细胞，白细胞中均未检测到 PNH 克隆的存在，但是发现比例约 98% 的 FLAER+CD24-粒细胞，考虑恶性血液病导致的粒细胞分化异常，随后进行了流式细胞术免疫表型检测，骨髓活检，髓系血液疾病 74 种基因突变分析等检测来进行确认，结果均显示无血液疾病异常。通过查阅文献，选取 ML5 克隆号的 CD24 抗体，结合 CD45/CD15/CD33 再次对粒细胞进行染色分析验证。其克隆号为 ML5 的 CD24 表型为阳性，而克隆号 SN3 标记的粒细胞 CD24 仍为阴性，与 PNH-FCM 检查一致。本次病例中检查中出现 CD24 阴性粒细胞为抗体克隆号导致的假阴性。

结论 我们推荐在实验室通过《阵发性睡眠型血红蛋白尿流式细胞术检测中国专家共识（2021 年版）》，如出现 FLAER+CD24-粒细胞，除了应用专家共识推荐的 SN3 克隆号外，应次选 ML5 克隆号的 CD24，排除因 CD24 抗体克隆号导致的假阴性。

PO-2719

ADAMTS13 活性检测在血栓性微血管疾病的分类筛查和辅助治疗中的应用

宁香雪、徐守久、李慧、程宇、刘建勇、王绪华、陈忠
北京海思特医学检验实验室有限公司

目的 血栓性微血管病（TMA）是一组具有共同病理特征的急性临床病理综合征，包括血栓形成性血小板减少性紫癜（TTP）和非典型性溶血尿毒综合征（aHUS）。两者都是不及时治疗死亡率超过 70% 的高危疾病，且治疗方式完全不同。ADAMTS13 活性水平连续测量可以帮助临床医生更好的诊断以及治疗 TTP 患者，并且具有预测 TTP 复发的预后价值。

方法 SELDI-TOF-MS 方法结合了蛋白质芯片表面化学和飞行时间质谱分析仪，可检测和测量 ADAMTS13 酶活性。利用带有 6 个组氨酸（6XHis）标记的 vWF 蛋白片段，被 ADAMTS13 酶切后产物被 IMAC30 蛋白芯片捕捉富集，进而被 SELDI-TOF-MS 仪器检测识别。待测患者血浆中 ADAMTS13 活性是通过绘制正常混合血浆（PNP）的标准曲线，利用线性回归方程求得。

结果 本文收集了实验室的 25 例 ADAMTS13 活性测定实验结果，结合临床反馈，通过统计学分析证实了其中 10 例临床诊断偏向为 TTP 的患者，其血浆中 ADAMTS13 活性水平为 $17.23 \pm 2.22\%$ ^[1]，远低于 PNP 的 $92.26 \pm 4.89\%$ ^[2]，非 TTP 疾病患者的 ADAMTS13 活性水平则在 $33.86 \pm 4.66\%$ 至 $67.30 \pm 11.77\%$ 范围内。

[1] 与 PNP 组比较， $P < 0.01$

[2] $CV = 5.30\%$

结论 SELDI-TOF-MS 检测 ADAMTS13 方法已经造福超过 10 万病患，其与传统的 Frets-vWF73 试剂盒方法相比，实验成本降低，筛查速度及灵敏度均显著提高，能够有效降低血栓性微血管病的医疗风险。

PO-2720

通过 RNAseq 技术检测白血病融合基因及染色体倍体异常

黄丙庆、贾玉娇、王慧君
中国医学科学院血液病医院

目的 白血病相关融合基因众多，且部分融合基因的断裂点多种多样，传统检测方法如 FISH 或多重 PCR 无法全面检测。全转录组测序（WTS）为分析融合基因及染色体倍体异常提供了一个强大的工具。

方法 我们利用 WTS 检测分析了单个中心的 3259 例血液病肿瘤的融合基因图谱，包括 1602 例急性髓细胞白血病（AML）、1483 例急性淋巴细胞白血病（ALL）、107 例骨髓增生异常综合征（MDS）和 67 例混合表型急性白血病（MPAL）患者。

结果 3259 例血液肿瘤中融合基因阳性患者为 1783 例，阳性率高达 54.7%，在 AML、ALL、MDS 及 MPAL 中的阳性率分别为 50%、63%、13%及 51%，可见白血病患者融合基因阳性率要远高于 MDS 患者。进一步分析发现 AML 中融合基因占比依次为 RUNX1::RUNX1T1（27%）、CBFB::MYH11（14%）、PML::RARA（11%）、KMT2A::MLLT3（5%）、KMT2A::MLLT10（4%）、NUP98::NSD1（3%）、KMT2A::MLLT4（3%）、KMT2A::ELL（2%）、FUS::ERG（2%）；ALL 中融合基因占比依次为 BCR::ABL1（24%）、ETV6::RUNX1（19%）、TCF3::PBX1（7%）、EP300::ZNF384（5%）、KMT2A::AFF1（3%）、STIL::TAL1（2%）、IGH::DUX4（2%）、MEF2D::BCL9（2%）、P2RY8::CRLF2（2%）。WTS 还可以进行染色体倍体、FLT3-ITD、KMT2A-PTD 及重要基因的片段缺失检测，且比传统手段（核型和毛细管电泳等）的检出率和灵敏度高。

结论 WTS 作为一种新的检验检测手段，在血液肿瘤的分子诊断分型具有重要的应用前景，应该得到广泛的推广。

PO-2721

微滴式数字 PCR 检测血液系统肿瘤中的 TP53 拷贝数变异

赵威、姚冬明、袁倩、林江、钱军
江苏大学附属人民医院

目的 肿瘤蛋白 p53 基因（TP53）是一种广为人知的抑癌基因，其等位基因状态近年来是医学研究的一大热点话题。细胞中该基因的拷贝数发生变异将导致该基因的单倍体剂量不足或失能（LOF）。尽管下一代测序或荧光原位免疫杂交等技术已被广泛运用，但如何更加准确且更具有成本效益地进行 TP53 基因发生该类变异的检测仍是困扰许多独立的医院内实验室的难题。为此，我们建立了一种使用微滴式数字 PCR（ddPCR）定量检测血液系统肿瘤样本中 TP53 拷贝数的实验方案。

方法 该方案使用两个 Taqman 探针分别安置在 TP53 最易发生突变的 DNA 结合域编码区段的不同位置上，用 105 份来源于正常基因拷贝数人群的样本建立了该方案的空白检测限，结合一份来自于经过验证含有 TP53 拷贝数缺失的 HL60 细胞系的 DNA 样本，建立了该方案的检出限，同时测量了该方案的线性指标和变异系数。使用 24 份来自于近 5 年内髓系或淋系白血病、淋巴瘤、骨髓瘤及骨髓异常增生综合征患者的样本，我们对该方案的检出能力进行了验证，检测的结果与患者的其它相关报告进行了对比，包括 NGS 报告、核型分析、FISH 及 IHC 报告等。

结果 对该方案的性能验证显示，ddPCR 用于检测 TP53 的拷贝数变异具有较高的灵敏度，重复性好，同时价格相对低廉；检测结果在与其它相关报告的对比中展现出了良好的一致性。

结论 我们认为，ddPCR 在检测血液系统肿瘤中 TP53 拷贝数变异方面具有优秀的性能，是具有良好的应用前景的检测手段。

PO-2722

Rapid screening of acute promyelocytic leukemia in daily batch specimens: A novel artificial intelligence-enabled approach to bone marrow morphology

Yujun Xiao¹, Huang Zheng², Wu Jun⁴, Yan Zhang¹, Yuanyuan Yang¹, Chun Xu⁵, Fangyu Guo¹, Xiong Ni¹, Xinhua Hu², Jianmin Yang¹, Yang Song³, Hui Cheng¹, Gusheng Tang^{1,6}

1. Changhai Hospital, Naval Military Medical University

2. Department of Materials Science and Key Laboratory of Micro- and Nano-Photonic Structures (Ministry of Education), Fudan University, Shanghai, China

3. Department of Hematology, Changzheng Hospital, Naval Military Medical University, Shanghai, China

4. Nursing Department, Changhai Hospital, Naval Military Medical University, Shanghai, China

5. Cellsee (Wuxi) Intelligent Technology Co., Ltd, Wuxi, China

6. School of Health Science and Engineering-University of Shanghai for Science and Technology, Shanghai, China

Objective Acute promyelocytic leukemia (APL) is the most curable malignant hematological, but early mortality remains a challenge. Timely and reliable diagnosis is a major factor in the success of its treatment. This study aims to further improve the efficient and accuracy of morphological diagnosis of APL from daily batches of bone marrow morphological specimens.

Methods We proposed an AI-empowered APL morphological diagnostic system composed of a CNN model with attention mechanism embedding to recognize APL at both 10× and 100× magnifications. The bone marrow smear images were analyzed at 10× and/or 100× magnifications using Python, which implements a segmentation method based on color features to segment karyocyte regions in microscope image slices. The performance metrics of the APL recognition were analyzed and compared at the image and patient levels. We evaluated the model using the area under curves (AUC) and precision-recall (P-R) curves. The five-fold cross-validation test was implemented to inspect the robustness of model. We selected several classical metrics based on confusion matrix to characterize the actual performance of neural networks.

Results Bone marrow smear specimens from a total of 83 (APL) and 118 (non-APL) patients were enrolled and 6175 and 9544 images were collected using 10× and 100× lenses, respectively. Our novel and self-developed APL morphological diagnostic model system, namely CELLSEE, achieved 88.7% accuracy and 89.7% recall in APL recognition on the APL 10× dataset and yielded 95.16% accuracy and 96.44% recall on the APL 100× dataset. Joint diagnosis achieved 93.00% accuracy and 100% recall under 10× and 100× magnifications, ensuring that APL would not be missed.

Conclusion The CELLSEE system, with better performance metrics than other networks, implements accurate and quick APL recognition in batch specimens, thereby prompting clinical intervention at a faster and earlier stage, which ultimately translates into a higher overall survival.

PO-2723

Predicting RUNX1::RUNX1T1 genetic abnormalities in acute myeloid leukemia from bone marrow smears: Can artificial intelligence do better?

Hui Cheng¹, Jing Ding², Juan Wang³, Yujun Xiao¹, Yan Zhang¹, Yuanyuan Yang¹, Huangmeng Xu¹, Xinyi Cao⁴, Xinyi Jin⁴, Fangyu Guo¹, Jianmin Yang¹, Liquan Fan¹, Jiatao Lou², Gusheng Tang¹

1. Changhai Hospital, Naval Military Medical University, Shanghai, China

2. Department of Laboratory Medicine, Shanghai General Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China

3. Department of Laboratory Medicine, Ruijin Hospital, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China

4. Department of Medical Development, Hangzhou Zhiwei Information and Technology Co., Ltd., Hangzhou, China

Objective The presence of the RUNX1::RUNX1T1 fusion gene in patients diagnosed with acute myeloid leukemia (AML) subtype is often indicated by distinctive morphological features in myeloblasts from bone marrow (BM) smears. This study aims to evaluate the capacity of artificial intelligence (AI), specifically through the development of a convolutional neural network (CNN) model, to identify specific genetic abnormalities based solely on morphological characteristics. The intent is to investigate a non-invasive, cost-effective, and efficient preliminary screening method prior to the application of molecular biological assays.

Methods This multicenter trial included 205 patients diagnosed with AML, of which 75 were AML with RUNX1::RUNX1T1 fusion. A dataset of 65,039 myeloblasts images collected from the BM smears of these patients was compiled for CNN model training, testing, and validation. The study also undertook a comparative analysis of the discrepancies between conventional manual microscopy and AI-based identification. GraphPad Prism 10 was used to analysis of cell recognition performance and diagnostic performance. The cell recognition results were visually represented using a confusion matrix created with Python 3.6.5. A p-value of less than 0.05 was considered statistically significant.

Results The findings demonstrated that the CNN model was proficient in adapting to varied clinical scenarios by applying two different threshold values. With a high sensitivity threshold set at 0.59, the model achieved detection sensitivities of 92.86% and 95.65% for AML with RUNX1::RUNX1T1 within internal testing and at external institutions, respectively. Conversely, a threshold of 0.88 yielded high specificities of 92.31% and 92.68%. Nevertheless, the model surpassed manual microscopic examination in detecting AML with RUNX1::RUNX1T1, irrespective of the selected threshold.

Conclusion The CNN model demonstrates a significant capability to discern underlying genetic alterations from the morphological attributes of BM nucleated cells with a precision surpassing human observation. This providing a valuable tool highlights its potential as an invaluable tool for the preliminary screening of AML with RUNX1::RUNX1T1 fusion genes, suggesting a promising avenue for enhancing diagnostic efficiency in clinical practice.

PO-2724

二代测序方法在血液肿瘤分类筛查中的优势

宁香雪、刘晓峰、崔西苓、程宇、刘建勇、沈万青、陈学生、陈忠
北京海思特医学检验实验室有限公司

目的 血液肿瘤是一类高度异质性的疾病，传统的检测方法受限，可能得到不确定的结果，进而影响患者的临床诊断。随着基因组学时代的开启，某些基因异常已与血液肿瘤亚类相关联，二代测

序 (NGS) 技术成为血液肿瘤诊断及分型的强有力工具, 为患者的早期诊断和个体化治疗提供重要支持。

方法 收集送检患者的骨髓、外周血及配对样本, 通过 NGS 检测单核苷酸位点变异(SNV)、拷贝数变异(CNV)和融合基因常见断点等。生信分析后, 结果与传统方法进行比较。

结果 在一例接受 NGS 检测和高分辨染色体核型检测的患者中, NGS 检测方法成功锚定该患者与淋系肿瘤相关的具有明确临床意义 SNVs5 个、染色体级 CNVs6 段、单基因级 CNVs5 段; 该患者的核型(46, XY[20])检验结果只提示其分裂相为正常核型, 部分分裂相形态差, 不能识别。通过分析后续 NGS 动态监测, 其 SNVs 突变频率大幅下降, 可见对患者的治疗已初见成效。

结论 NGS 技术以其高通量、准确性和广泛的检测能力, 成为血液肿瘤筛查的常规手段, 为早期筛查和诊断提供了新的契机, 在提高诊断准确性、优化治疗方案以及改善患者预后中具有巨大潜力。

PO-2725

双突变 BCR::ABL1 融合基因阴性骨髓增殖性肿瘤临床实验室特征

杨利群¹、陈钦²、于莹²、蒋孟³

1. 华银康集团

2. 广州华银医学检验中心有限公司

3. 成都华银医学检验所有限公司

目的 探讨双突变 BCR::ABL1 融合基因阴性骨髓增殖性肿瘤临床实验室特征。

方法 收集 10119 例骨髓活检, 筛选出 4 例双突变 BCR::ABL1 融合基因阴性骨髓增殖性肿瘤, 对其临床病理学特征及 MPN 相关基因突变进行回顾性分析。

结果 男女各 2 例, 中位年龄 68 岁, 原发性血小板增多症 (ET) 2 例, 原发性骨髓纤维化, 纤维化期 (Overt-PMF) 1 例; 原发性骨髓纤维化, 早期 (Pre-PMF) 1 例。4 例均进行了基因突变检测, 4 例 JAK2V617F 突变均阳性, 其中 JAK2V617F 及 MPL W515 双阳性 3 例, JAK2V617F 及 CALR 双阳性 1 例。

结论 双突变 BCR::ABL1 融合基因阴性 MPN 极为罕见, 发生率约为 0.04%, 好发于老年人, 主要见于 PMF 及 ET, JAK2V617F 均阳性, JAK2V617F 及 MPL W515 双阳性更为常见, JAK2V617F 及 CALR 双阳性次之, 双突变 MPN 患者可能具有不同于单突变亚组的表型和临床过程, 突变频率的鉴定可能是确定 MPN 患者的预后、风险因素和结局的重要因素, 有待更多病例进一步研究。

PO-2726

FLT3 基因的检测与意义

王艳

贵州医科大学附属医院

目的 检测样本中 FLT3 基因突变情况辅助判断疾病发生

方法 以外周血/骨髓样本 DNA 为检测对象, 通过设计特异的 FLT3-TKD 与 FLT3-ITD 引物将样本 DAN 扩增后采用 ABI-3500 基因分析仪对 FLT3-TKD 进行 Sanger 测序分析, FLT3-ITD 进行片段分析

结果 通过比对样本与野生型 FLT3-TKD 基因序列, 当样本 FLT3-TKD 基因序列中的突变比例大于 1%时则为 FLT3-TKD 基因突变阳性; FLT3-ITD 基因在 329bp 及大于或小于 329bp 时则为 FLT3-ITD 基因突变阳性

结论 FLT3 基因突变是 AML 最常见的突变，该基因的检测可对 AML 评估预后及疾病危险分层，随着靶向药的研究深入 FLT3 基因突变还可靶向指导用药

PO-2727

50 例 BCR-ABL 融合基因阳性 B-ALL 的 C-MICM 特征分析

陈钦¹、杨利群²、何秋蓉¹、于莹¹、陈诗丽¹、廖丹¹

1. 华银康医疗集团血液病理综合诊断中心·广州华银医学检验中心
2. 华银康医疗集团血液病理综合诊断西南中心·成都华银医学检验所

目的 回顾分析 50 例 BCR-ABL 融合基因阳性急性 B 淋巴细胞白血病的临床特征、骨髓细胞形态、流式免疫分型、染色体核型分析及分子学特征，以提高对该疾病的认识。

方法 收集整理 2020 年 8 月-2023 年 9 月华银康血液病理综合诊断中心 50 例 BCR-ABL 融合基因阳性 B-ALL 的临床资料，分析其 C-MICM 特征。

结果 50 例 BCR-ABL 融合基因阳性 B-ALL 患者中，男性 27 例，女性 23 例，男女比例约为 1.2:1。BCR-ABL P190 33 例，BCR-ABL P210 17 例。外周血细胞分析可见血小板计数均偏低。骨髓涂片可见大量原始幼稚细胞（占比多>50%），类圆，胞浆量少。可见涂抹细胞、细胞成簇分布，大多血小板降低，过氧化物酶（MPO）染色阴性。流式免疫分型表达 CD19、CD10、TdT，不表达 CD117，30.23% 的患者表达 CD13，37.21% 的患者表达 CD33。染色体核型分析 5 例患者未检出 t(9; 22) 异常，18 例检出除 t(9; 22) 异常外，另外检出其他染色体异常，其中包括 5 例复杂核型。13 例患者送检了 Ph-like ALL 相关融合基因筛查，5 例检出 IKZF1 (IK6) 阳性，1 例检出 P2RY8-CRLF2 基因阳性。

结论 BCR-ABL P190 与 BCR-ABL P210 比例约为 2:1，与文献报道一致。仅约三分之一的 BCR-ABL 融合基因阳性 B-ALL 患者流式免疫分型表达 CD13、CD33，故当患者不表达髓系标志时，也需要进行融合基因检测，染色体核型分析可以和融合基因互相补充。Ph-like ALL 相关融合基因检测对患者的预后判断及靶向治疗有所帮助。

PO-2728

慢性髓细胞性白血病 BCR::ABL1 基因 p210 转录本 ddPCR 检测方法的性能确认

韩聪、马娇、王继英、王慧君、孙琦、肖志坚、姚瑶
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 BCR::ABL1 基因 p210 转录本数字 PCR (ddPCR) 检测方法的分析性能确认。

方法 对 ddPCR 检测方法的线性范围、分析灵敏度和分析特异性等参数进行确认。Bland Altman 和 Deming 回归用于分析 ddPCR 和 qPCR 两种方法的系统性差异。

结果 ddPCR 方法 e13a2 (P210) 转录本检测的分析灵敏度为 MR5.02，线性范围为 MR 0.11~MR5.02 (77.0000%~0.00096%)，斜率为 1.0014，截距为 0.0427，相关系数 R²= 0.9971，最大 CV 为 3.34%。e14a2 (P210) 转录本检测的分析灵敏度为 MR5.05，线性范围为 MR0.15~MR5.05 (70.9000%~0.00089%)，斜率为 1.0359，截距为-0.0141，R²= 0.9972，最大 CV 为 3.53%。该 ddPCR 方法分析特异性为 100%，与 BCR::ABL1 p190 和 BCR::ABL1 p230 转录本检测无交叉反应性。使用 Bland-Altman 对 80 个可评价的配对数据进行一致性分析，ddPCR 和 qPCR（本实验自建 BCR::ABL1 p210 定量检测）两种方法 MR 差值的平均偏倚为 0.1596，差值 95% 一致性界限的上下限为[-0.2661,0.5853]。Deming 回归结果显示，ddPCR 和 qPCR 显示出良

好的线性相关性, Pearson R2 相关系数为 0.983, 斜率为 0.9444, 截距为-0.0419。47 个转录本为 e14a2 的配对数据显示, ddPCR 和 qPCR 两种方法 MR 差值的平均偏倚为 0.0853, 95%一致性界限为[-0.2943,0.4649]。23 个转录本为 e13a2 的配对数据显示, ddPCR 和 qPCR 两种方法 MR 差值的平均偏倚为 0.2757, 95%一致性界限为[-0.0653,0.6166]。结果表明, qPCR 检测 e14a2 转录本的定量值更接近 ddPCR, 而对 e13a2 转录本的定量值明显高于 ddPCR。这可能是因为 qPCR 受扩增效率的影响, 对片段小的 e13a2 转录本的定量值偏高。

结论 本研究所采用的 ddPCR 方法分析性能良好, 可满足慢性髓细胞性白血病患者 BCR::ABL1 p210 临床检测需求。

PO-2729

1 例 JMML 病例的联合诊断

杨伟红、郑媛坤、孙黎
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 幼年型粒单核细胞白血病 (juvenile myelomonocytic leukaemia, JMML) 是一种罕见的克隆性造血障碍, 通常影响婴幼儿, 中位年龄为 2 岁。其特征是 RAS 途径的改变, 约 90% 的患者在 PTPN11、NRAS、KRAS、NF1 和 CBL 五个基因之中存在突变。本研究旨在通过结合髓系血液疾病 248 种基因捕获测序技术和全基因组测序 (WGS) 技术的检测方法, 探索 JMML 中 CBL 胚系突变和杂合性丢失的联合诊断, 以提高对该疾病的认识。

方法 该病例为 9 个月大女婴, 临床诊断为 JMML 可疑。前期检测结果显示骨髓染色体核型分析正常; 荧光原位杂交 (FISH) 无 7 号染色体异常, 甲基化芯片分析结果显示低甲基化水平。我们进一步采用 Illumina Nova X PLUS 高通量测序仪进行了目的基因靶向捕获测序 (Panel) 和全基因组测序 (WGS), 对送检骨髓和指甲标本进行检测。

结果 靶向捕获测序 (Panel) 结果提示该婴儿骨髓标本存在 CBL(NM_005188.4)c.1228-2A>G 的纯合剪接位点突变, 突变频率为 96.2%, 指甲标本验证该突变为杂合状态, 突变频率为 49.4%。骨髓与指甲标本检测结果不一致, 进一步采用全基因组测序 (WGS) 检测, 结果显示骨髓标本存在 11 号染色体长臂末端 q13.4qter (包含 CBL 基因) 大约 60.62Mb 的 UPD, 变异频率 100%。文献报道表明, 末端 UPD 异常均为获得性克隆性变异, 提示 CBL(NM_005188.4)c.1228-2A>G 为胚系来源的 UPD 导致的获得性突变, 满足 CBL 胚系突变和 CBL 杂合性丢失的 JMML 诊断标准, 即诊断为 JMML。

结论 在约 10% 至 15% 的 JMML 病例中可发现纯合 CBL 突变, 这些婴幼儿中的大多数都有一个杂合胚系 CBL 突变, 而白血病的发展与杂合性丢失有关。大多数情况下, CBL 基因杂合性的丢失是由造血干细胞 11q 的单亲二体 (UPD) 导致。JMML 中的 CBL 胚系突变和杂合性丢失的检测需要同时结合序列变异和染色体变异的检测方法, 二代测序中的捕获测序 (Panel) 和全基因组测序 (WGS) 技术可以作为这两类变异筛选的常规方法, 有助于提高 JMML 的准确诊断和治疗。

PO-2730

一例急性淋巴细胞性白血病通过 FISH 确诊 BCR/ABL 阳性患者

赵江源
贵州医科大学附属医院

目的 急性淋巴细胞白血病 (ALL), 是一种起源于造血干细胞恶性克隆性增殖所致的恶性血液疾病, 其中成人发病率较低而常发于儿童。ALL 可根据免疫学, 细胞遗传学以及分子遗传学确定其亚型情

况。成人的费城染色体阳性（ph 阳性）ALL 阳性预后相比较其他类型急淋患者应当选用更加强烈的化疗方案。

方法 该例患者是一例特殊患者，该患者初诊时由 FISH 确定 BCR/ABL 阳性，后续染色体核型分析后证实存在 t(9;22)融合基因产生，但未发现有其他染色体核型分析上的异常情况。其余分子遗传学常规检查中，均未见该融合基因产生。外送得到罕见型融合基因型患者。该患者随访两年，出现两次复发情况，期间 FISH 阳性并且表达情况随免疫分型结果呈现一定关联性。未见突变异常情况发生。

结果 患者在化疗周期结束后，再次因细胞升高入院，FISH 荧光信号比例为 1R1G2F: 87%，信号比例为 2R4G1F 占 7%,2R4G2F:5%，染色体核型 46,XY,t(9;22)，免疫学表达原始细胞占：61.48%，异常原始 B 淋系细胞比例升高。未见 TP53 突变产生。期间病情多次复发。

结论 在 ALL 中 BCR/ABL 阳性是患者预后不良指标，可从伊马替尼等 TKIs 药物获益，但易迅速复发，对挽救性化疗反应不佳，应接受更加强烈的化疗或造血干细胞移植，5 年 EFS<30%，可用于微小残留动态监测。

PO-2731

一例浆细胞伴 κ 和 λ 轻链限制性表达的淀粉样变病例并文献复习

邵萌、常伟、王显凤、方志平、黄蓉、温继微、梁超
北京迪安医学检验实验室有限公司，迪安血液事业部

目的 探讨双克隆浆细胞的实验室综合诊断特点及方法。

方法 报道 1 例 77 岁浆细胞伴 κ 和 λ 轻链限制性表达的淀粉样变女性患者，利用细胞形态学、流式细胞免疫学、蛋白电泳和免疫固定电泳等方法综合诊断浆细胞双克隆轻链限制性表达。

结果 骨髓细胞形态学发现浆细胞，此类细胞胞体偏大，细胞核呈圆形或椭圆形且偏于一侧，核染色质疏松，可见核仁，浆呈不透明深蓝量丰富有空泡，可见核旁淡染区和少量嗜天青颗粒；该类细胞表达 CD27、CD38、CD45dim、CD56、CD117、CD138、CD200、CD229、CD269，部分表达 cKappa (39.09%)、cLambda (60.15%)，不表达 CD19、CD81；蛋白电泳和免疫固定电泳提示检测到 IgA-κ+λ M 蛋白。

结论 浆细胞双克隆轻链限制性表达较为少见，但伴 κ 和 λ 轻链限制性表达的双克隆浆细胞更为罕见，完善相关检查明确浆细胞克隆性，有利于临床诊断与治疗。

PO-2732

43 例伴 NPM1 突变的髓系肿瘤 C-MICM 特征分析

陈钦¹、杨利群²、于莹¹、陈诗丽¹、宁春桂¹、廖丹¹

1. 华银康医疗集团血液病理综合诊断中心·广州华银医学检验中心
2. 华银康医疗集团血液病理综合诊断西南中心·成都华银医学检验所

目的 回顾分析 43 例伴 NPM1 突变的髓系肿瘤的临床特征、骨髓细胞形态、流式免疫分型、染色体核型分析及分子学特征，以提高对该类疾病的认识。

方法 收集整理 2020 年 8 月-2024 年 1 月华银康血液病理综合诊断中心诊断的 43 例伴 NPM1 突变的髓系肿瘤的临床资料，分析其 C-MICM 特征。

结果 43 例伴 NPM1 突变的髓系肿瘤中，结合骨髓形态及流式免疫分型，31 例诊断为 AML-非 M3 (72.09%)，表现为 AML-M1、AML-M2、AML-M4、AML-M5，4 例不能排除 APL (9.3%)，6 例诊断为 CMML (13.95%)，2 例为 MDS (4.65%)。典型的 AML 伴 NPM1 突变病例骨髓形态

可见“杯口”细胞，流式免疫分型异常原始髓系细胞 CD45 弱阳性，SSC 值中等或较大，表达 CD117、CD38、CD123、CD13、CD33，异常表达 CD7，不表达 CD14、CD16、CD11b、CD3、CD56、CD4、CD8、CD19、cCD79a，不表达或少量表达 CD34、HLA-DR、CD64。NPM1 突变类型，37 例为 A 型（NPM1 c.860_863dupTCTG p.Trp288fs）（86.05%），2 例为 B 型（NPM1c.863_864insCATG p.Trp288fs）（4.65%），1 例为 D 型（NPM1 c.863_864insCCTG p.Trp288fs）（2.33%），另外 3 例分别为 NPM1 c.863_864insTTCC p.Trp288fs、NPM1 c.863_864insCCGG p.Trp288fs、NPM1 c.804delinsTCGGCGCTT p.Ile269fs；14 例合并 FLT3-ITD 突变（12 例低水平 FLT3-ITD 突变，2 例高水平 FLT3-ITD 突变）。36 例检测染色体核型分析，30 例核型正常，6 例存在其他染色体异常；56 种融合基因阴性，WT1 过表达。

结论 NPM1 突变可见于 AML、MDS/MPN、MDS，伴 NPM1 突变的髓系肿瘤流式免疫分型异常原始髓系细胞不表达 CD34，与 APL 类似，临床中会出现结合形态及流式无法排除 APL 的情况，需结合分子检测进行鉴别诊断。NPM1 突变类型中 A 型比例最高，接近 90%，明确 NPM1 突变类型，后续可通过监测对应突变类型的比例，来评估治疗效果。

PO-2733

22 例 MLL 重排阳性 AML 的 C-MICM 特征分析

陈钦¹、杨利群²、何秋蓉¹、陈诗丽¹、宁春桂¹、廖丹¹

1. 华银康医疗集团血液病理综合诊断中心·广州华银医学检验中心
2. 华银康医疗集团血液病理综合诊断西南中心·成都华银医学检验所

目的 回顾分析 22 例 MLL 重排阳性 AML 临床特征、骨髓细胞形态、流式免疫分型、染色体核型分析及分子学特征，以提高对该类疾病的认识。

方法 收集整理 2020 年 8 月-2024 年 6 月华银康血液病理综合诊断中心诊断的 22 例伴 MLL 重排阳性 AML 的临床资料，分析其 C-MICM 特征。

结果 22 例 MLL 重排阳性的 AML 中，MLL-AF9 12 例（54.55%），MLL-AF6 3 例（13.64%），MLL-ELL 2 例（9.09%），MLL-AF10 2 例（9.09%），MLL-AF1p 2 例（9.09%），MLL-AF17 1 例（4.55%）。骨髓细胞形态，9 例倾向 AML-M5（40.91%），1 例为不能排除 APL（4.55%），1 例倾向 AML-M1（4.55%）。流式免疫分型表达 CD33、CD38，不表达 CD14、CD3、CD19，14 例不表达 CD34（63.64%），8 例表达 CD34（36.36%），且不表达 CD34 的病例 CD117 多为阴性。染色体核型分析 MLL-AF9 融合基因阳性病例检出 t(9;11)(p22;q23)；MLL-AF6 融合基因阳性病例检出 t(6;11)(q27;q23)；MLL-ELL 融合基因阳性病例检出 t(11;19)(q23;p13)；MLL-AF10 融合基因阳性病例未检出染色体异常，可能由于分辨率的原因；MLL-AF17 融合基因阳性病例检出 t(11;17)(q23;q21)；2 例 MLL-AF1p 融合基因阳性病例未进行染色体核型分析检测。

结论 MLL（KMT2A）重排阳性常与单核细胞升高有关，伴 MLL 重排阳性的 AML 常表现为 AML-M4 或 M5，本研究中统计的数据为 AML-M5 居多，原始单核细胞表达 CD34，幼稚单核细胞因不表达 CD34，故会出现根据骨髓形态及流式免疫分型无法排除 APL 的情况，需借助分子检测进行鉴别。在 MLL 重排阳性的 AML 中，MLL-AF9 阳性发生率最高。

PO-2734

66 例 PML-RARA 融合基因阳性 APL 的 C-MICM 特征分析

陈钦¹、杨利群²、何秋蓉¹、于莹¹、陈诗丽¹、宁春桂¹、廖丹¹

1. 华银康医疗集团血液病理综合诊断中心·广州华银医学检验中心

2. 华银康医疗集团血液病理综合诊断西南中心·成都华银医学检验所

目的 回顾分析 66 例 PML-RARA 融合基因阳性 APL 临床特征、骨髓细胞形态、流式免疫分型、染色体核型分析及分子学特征，以提高对该类疾病的认识。

方法 收集整理 2020 年 8 月-2024 年 6 月华银康血液病理综合诊断中心诊断的 66 例 PML-RARA 融合基因阳性 APL 的临床资料，分析其 C-MICM 特征。

结果 66 例 PML-RARA 融合基因阳性 APL 中，男性 35 例（53.03%），女性 31 例（46.97%）。年龄 14-76 岁，中位年龄 41 岁。HB 变化范围：43g/L~142g/L，中位值 78g/L。WBC 变化范围：0.48×10⁹/L~121×10⁹/L，中位值 2.59×10⁹/L。PLT 变化范围：2×10⁹/L~151×10⁹/L，中位值 26.5×10⁹/L。骨髓细胞形态 MPO 强阳性，可见不同比例的异常早幼粒细胞，胞体类圆，胞浆量丰富，可见内外浆、大量紫红色颗粒、蝴蝶样核及 Auer 小体，可见“柴捆”细胞。流式 CD45 弱阳性，SSC 值较大。表达 cMPO、CD117、CD13、CD33、CD123，不表达 CD34、HLA-DR、CD15、CD64、CD14、CD16、CD3、CD4。融合基因检测 PML-RARA L 型阳性 44 例（66.67%），PML-RARA S 型阳性 18 例（27.27%），PML-RARA V 型阳性 4 例（6.06%）。49 例进行了染色体核型分析检测，46 例检出 t(15;17)(q24;q21)（93.88%），其中 12 例除检出 t(15;17)外，存在附加染色体异常；2 例未检出 t(15;17)，为正常核型结果（4.08%）；1 例检测结果为 t(12;17)，带型没有显示 t(15;17)易位，可能为隐匿性 PML-RARA。

结论 急性早幼粒细胞白血病（APL）临床表现凶险，常合并弥散性血管内凝血（DIC），需尽早治疗，因此确诊是关键。充分认识 APL 不同平台检测结果的特征，能帮助患者尽快诊断，尽早治疗，降低死亡率。APL 骨髓细胞形态及流式免疫分型有其对应的特征，临床中会遇到部分不典型的情况，需结合分子学检查确诊。PML-RARA 融合基因阳性是诊断的关键，少数患者伴有其他变异型 RARA 易位。

PO-2735

AML 伴 PML-RARA 融合、NPM1 突变、MLL 重排三者 C-MICM 的比较

陈钦¹、杨利群²、何秋蓉¹、于莹¹、陈诗丽¹、宁春桂¹、廖丹¹

1. 华银康医疗集团血液病理综合诊断中心·广州华银医学检验中心

2. 华银康医疗集团血液病理综合诊断西南中心·成都华银医学检验所

目的 回顾分析 43 例伴 NPM1 突变的 AML、22 例伴 MLL 重排的 AML、66 例伴 PML-RARA 融合基因阳性的 APL 的临床特征、骨髓细胞形态、流式免疫分型、染色体核型分析及分子学特征，以利于三种不同 AML 的鉴别诊断。

方法 收集整理 2020 年 8 月-2024 年 6 月华银康血液病理综合诊断中心诊断的 43 例伴 NPM1 突变的 AML、22 例伴 MLL 重排的 AML、66 例伴 PML-RARA 融合基因阳性的 APL 的临床资料，分析其 C-MICM 特征。

结果 三者血小板均偏低，伴 PML-RARA 融合基因阳性的 APL 外周血血小板计数最低；伴 PML-RARA 融合基因阳性的 APL 多见“Auer”小体，MPO 强阳性；伴 NPM1 突变的 AML 骨髓细胞形态可见“杯口”细胞，MPO 阳性；伴 MLL 重排的 AML 可见单核细胞增多， α -NBE 染色阳性，可被 NaF 抑制，MPO 部分阳性或阴性。流式免疫分型三者均大多不表达 CD34，伴 PML-RARA 融合基

因阳性的 APL 及伴 NPM1 突变的 AML 不表达 CD34 的细胞, 表达 CD117; 而伴 MLL 重排的 AML 不表达 CD34 的细胞, 不表达 CD117。PML-RARA、MLL 重排可通过提取 RNA 进行融合基因检测, 或者进行染色体核型分析检测是否存在染色体易位, 而 NPM1 基因突变为基因层面核苷酸的变化, 需要提取 DNA 进行 Sanger 测序或者 NGS 方法检测。部分病例, 可能受用药或者细胞挤压变形等原因的影响, 细胞形态和流式免疫分型并不典型, 此时不易区分该三类疾病, 需要进行分子遗传学检测来进行诊断。伴 MLL 重排的 AML、伴 PML-RARA 融合基因阳性的 APL 可出现 DIC 表现, 而伴 NPM1 突变的 AML 一般不会出现 DIC 表现。伴 PML-RARA 融合基因阳性的 APL 使用维甲酸进行治疗, 伴 NPM1 突变的 AML 与伴 MLL 重排的 AML 按照常规的 AML 进行治疗。**结论** 伴 NPM1 突变、PML-RARA 融合及 MLL 重排 AML, 典型的病例有其特征性改变, 而不典型病例难以区分, 应充分综合 C-MICM 不同平台的结果进行判断, 这样才能给患者提供最准确的诊断以及最及时的治疗。

PO-2736

伴 SETD2::MYL3 和 EP300::ZNF384 双阳性 B-ALL 的实验室鉴定及临床特点

郭成业、董晓燕、李玉龙、张琳、商保军、朱尊民
河南省人民医院

目的 鉴定 1 例初诊急性 B 淋巴细胞白血病(acute B cell lymphoblastic leukemia, B-ALL)患者中具有病理意义的融合基因, 并探讨其实验室及临床特点。

方法 从一名白血病 59 种融合基因 (包括常见融合基因) 及 PH 样基因筛查阴性, 染色体核型正常的 B-ALL 患者骨髓细胞中提取总 RNA, 接着对患者的 RNA 进行测序, 应用转录组测序 (RNA-Seq) 分析可能存在的融合基因, 最后根据 RNA 测序的结果设计引物, 以患者 mRNA 反转录的 cDNA 为模板进行融合基因的扩增, 琼脂糖凝胶电泳后将目的条带切胶回收后送检测序, 测序结果参照 NCBI 数据库比对验证新融合基因的断裂位点, 并结合实验室其它检测和临床资料进行分析。

结果 RNA-Seq 分析表明该患者同时携带 SETD2 exon 14::MYL3 exon 2 和 EP300 exon 6::ZNF384 exon 3 型融合基因, 随后的 RT-PCR 和一代测序给予证实。患者经 DVLP 化疗方案治疗后达到血液学缓解。

结论 RNA-Seq 可有效检测白血病中可能存在的具有重要临床意义的融合基因, 伴 SETD2::MYL3 阳性的 B-ALL 为国内外首次报道, 具体预后意义有待进一步的追踪随访。该病例对于认识不同融合基因在 B-ALL 发病机制中所起的作用具有重要意义, 同时 SETD2::MYL3 和 EP300::ZNF384 双阳性融合基因的发现还显示了 RNA 测序在罕见及新融合基因检测中的重要价值。

PO-2737

骨髓液直接涂片与抗凝后涂片瑞氏染色后 人工智能细胞识别结果的一致性分析

刘思恒、彭贤贵
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨经瑞氏染色的骨髓液直接涂片与 4 种常用抗凝剂抗凝后涂片在人工智能细胞识别时结果的一致性。

方法 患者行骨髓穿刺术时，抽取 0.2ml 骨髓液用作直接涂片。然后同一部位继续抽取 1ml 骨髓液，分别注入紫色、蓝色、绿色、黑色抗凝管内，每管约 0.2ml。自动涂片仪制片。每例患者的无抗凝直接涂片与 4 种抗凝后涂片共 5 张涂片经瑞氏染色后由人工智能细胞识别平台识别细胞并分类。对结果行 Bland-Altman 分析和 spearman 相关性分析，分析内容包括早幼粒细胞、早幼红细胞等 13 项指标。

结果 26 例患者样本在经人工智能细胞识别平台识别后，13 项指标中紫色、蓝色、绿色、黑色抗凝涂片结果与直接涂片具备显著相关性的指标数量分别为 5 项（38.5%）、4 项（30.8%）、4 项（30.8%）、1 项（7.7%）；13 项指标中紫色、蓝色、绿色、黑色抗凝涂片结果与直接涂片的 Bland-Altman 分析示具有显著一致性的指标数量分别为 5 项（38.5%）、4 项（30.8%）、5 项（38.5%）、5 项（38.5%）。

结论 4 种常用抗凝剂抗凝后的骨髓液涂片与骨髓液直接涂片在瑞氏染色后经人工智能细胞识别平台识别时相关性及其一致性均较差，在设计全自动人工智能骨髓细胞识别设备时应考虑此因素。

PO-2738

血液学实验诊断在临床中的应用及意义

张焕腾

中国医学科学院北京协和医学院

目的 本研究旨在探讨血液学实验在临床诊断中的应用及意义，为临床医师提供更准确、快速的诊断手段。

方法 通过对相关文献进行综述分析，总结了血液学实验在疾病诊断、治疗监测和预后评估等方面的应用情况。重点关注了血液学实验在常见血液病、炎症性疾病、肿瘤等疾病中的诊断意义和临床应用。

结果 血液学实验在临床诊断中发挥着重要作用。血液常规检查、凝血功能检测、血液生化参数等多项指标可以帮助医师快速评估病情、制定治疗方案。在血液病的诊断中，血象、骨髓涂片、PCR 检测等技术的应用能够精确定位病变类型。在肿瘤诊断中，血液学实验也扮演着重要角色，例如血液肿瘤标志物的检测有助于早期筛查和疗效评估。

结论 血液学实验诊断是临床医学中不可或缺的一环，其快速、准确的特点使其在疾病诊断、治疗和随访中有着重要的应用。未来，随着技术的不断发展和检测手段的完善，血液学实验诊断将更加精准、个性化，为临床医师提供更多有效的辅助诊断信息，从而提高医疗质量和患者生活质量。

PO-2739

Study on the correlation between serum specific antibody levels of syphilis and immunoglobulin levels in active syphilis patients

Sheng Zhang, Yao Wang, Jie Ding, Qian Yang, Yinjuan Shi, Yuting Liang, Yang He
The First Affiliated Hospital of Soochow University

Objective To investigate the correlation between the level of syphilitic serum specific antibody (TP) and immunoglobulin A/E/M/G (IgA/E/M/G) and IgG subtypes in active syphilis patients, so as to provide a basis for the comprehensive diagnosis and treatment and prognosis evaluation of clinical syphilis.

Methods Active syphilis patients admitted to the First Affiliated Hospital of Soochow University in 2023 were divided into 1:4+ and 1:16+ groups according to the syphilis toluidine red unheated

serum test (TRUST), and healthy control group were selected for the detection of TP by chemiluminescence microparticle immunoassay (CMIA). The contents of A/E/M/G and IgG1/2/3/4 were determined by immunoturbidimetry. Statistical analysis was performed using GraphPad Prism 8.3.0 software, and $P < 0.05$ was considered statistically significant.

Results A total of 206 patients with active syphilis (125 males and 81 females) aged 46.05 ± 19.58 years were included in this study. The levels of TP, IgA, IgE, IgM, IgG, IgG1, IgG2, IgG3 and IgG4 in active syphilis group were higher than those in healthy control group, and the differences were statistically significant ($P < 0.05$). In addition, TRUST titer tended to increase with the increase, and there were statistical differences at the levels of IgA, IgM, IgG, IgG1 and IgG3 ($P < 0.05$). Compared with the healthy control group, TP, IgE and IgG2 in TRUST 1:4+ group had statistical differences, and TP was correlated with IgE, IgG2 and IgG4. The levels of TP, IgA, IgE, IgM, IgG, IgG1, IgG2 and IgG3 in TRUST 1:16+ group were significantly different, and TP was significantly correlated with IgE and IgG4 ($P < 0.05$).

Conclusion The levels of TP and Ig in active syphilis patients with different TRUST titers are significantly different. TP combined with Ig can be used to monitor the strength of syphilis activity. IgA, IgM, IgG, IgG1, IgG2 and IgG3 may be candidate biomarkers.

PO-2740

血小板衍生值在儿童常见血小板减少症诊疗中的临床应用

闫彬^{1,2}、胡天喜^{1,2}、杜伟鹏^{1,2}

1. 南阳市中心医院

2. 南阳市血栓与止血重点实验室

目的 探讨血小板计数 (PLT)、血小板压积 (PCT)、血小板体积分布宽度 (PDW)、血小板平均体积 (MPV)、大血小板比例 (P-LCR) 等参数在儿童常见血小板减少症诊疗中的临床价值。

方法 回顾性研究 2021 年 12 月至 2024 年 1 月在我院就诊免疫性血小板减少症 (ITP) 患儿 76 例; 另选择白血病和再生障碍性贫血 (AA) 患儿共 155 例归为骨髓相关组, 作为病例组。同期体检正常的健康儿童 182 例为对照组。使用迈瑞 BC-7500 血细胞分析仪检测血常规, 采用 t 检验或 Mann-Whitney U 检验分析血小板衍生值在病例组和对照组之间的差异。采用 Spearman 秩相关分析不同血小板衍生值之间的相关性。利用受试者工作特征曲线 (ROC 曲线) 评估血小板衍生值对 ITP 的诊断效能。

结果 (1) 与正常对照组相比, ITP 患儿的 PLT 和 PCT 值均显著降低, MPV 和 P-LCR 值则显著升高 (P 均 < 0.001), 对照组与骨髓相关组患儿的血小板衍生值之间的差异与之一致。(2) 与白血病症或 AA 组相比, ITP 组的 PLT、MPV 和 PCT 均显著降低, 而 P-LCR 则显著升高 (P 均 < 0.001)。(3) ITP 患儿 MPV 与 PCT 和 P-LCR 均呈正相关 (r 分别 0.53、0.85, $P < 0.001$)。MPV 对 ITP 的鉴别诊断价值最高, AUC 为 0.869, 敏感度和特异度分别为 99%、81%, 截断值为 14.05。MPV、PCT、P-LCR 三者联合检测能进一步提高对 ITP 的鉴别诊断价值 (AUC=0.959)。

(4) 与初诊时相比, 出院时 ITP 患儿 PLT 和 PCT 显著升高 ($P < 0.001$), 而 PDW 和 P-LCR 则显著降低 ($P < 0.001$)。

结论 PCT、MPV、P-LCR 在儿童 ITP 和骨髓相关的血小板减少症之间存在差异, 三者联合检测有助于 ITP 的鉴别诊断, 有望成为 ITP 诊疗评估的新指标。

PO-2741

59 例儿童 EB 病毒相关嗜血细胞综合征临床特征分析

李松

遵义医科大学附属医院

目的 探讨儿童 EB 病毒 (EBV) 相关嗜血细胞综合征 (HLH) 的临床特点及预后危险因素, 提高对该病的认识和诊疗水平。

方法 选取 2012 年 2 月至 2023 年 6 月就诊于我院的 59 例儿童 EBV-HLH 的临床数据和生存资料, 根据预后将患儿分为存活组与死亡组, 组间比较符合正态分布行 t 检验, 非正态分布使用非参数检验, 采用 ROC 曲线确定差异指标的最佳截断值, 应用 Cox 回归模型分析影响患儿预后的危险因素; 依据独立危险因素绘制 Kaplan-Meier 曲线, 组间比较采用 Log-rank 检验。

结果 59 例患儿中男性 31 例 (52.54%), 女性 28 例 (47.48%), 中位年龄为 3.5 (1.6,6.0) 岁, 81.36% 患儿于学龄前 (<7 岁) 诊断, 发热患儿 59 例 (100%), 肝大 50 例 (84.75%), 浆膜腔积液 47 例 (79.66%), 脾大 35 例 59.32%; 截止至随访时间死亡 20 例 (33.90%), 存活 39 例 (66.10%), 死亡组中有 80% 的患儿于诊断后 1 月内死亡, 早期死亡率高; 死亡组相较于存活组, 真菌感染、DIC 及神经系统受累的比例更高, 血小板、白蛋白更低, 凝血酶原时间更长, 差异均具有统计学意义 ($P < 0.05$)。应用 ROC 曲线分析显示, PLT、ALB、PT 的最佳截断值分别为 55.5、28.95、13.9; 将上述实验室指标按照截断值进行二分类同时将差异临床症状纳入 Cox 回归模型, 单因素分析结果显示, DIC、中枢神经系统受累、 $PLT < 55.5 \times 10^9/L$ 、 $ALB < 28.95g/L$ 、 $PT > 13.9s$ 是影响患儿预后的危险因素 ($P < 0.05$); 多因素分析结果显示, 中枢神经系统受累和 $PT > 13.9s$ 是影响患儿预后的独立危险因素 ($P < 0.05$), Kaplan-Meier 曲线结果显示中枢神经系统受累、 $PT > 13.9s$ 预后更差 ($P < 0.05$)。

结论 EBV-HLH 患者病情凶险, 早期死亡率高, 中枢神经系统受累和 $PT > 13.9s$ 可以作为评价患儿预后的独立危险因素。

PO-2742

HCK 及 BACH2 基因甲基化在诊断儿童急性 B 淋巴细胞白血病中的作用

刘姗

重庆医科大学附属儿童医院

目的 MICM(M,细胞形态学; I,免疫学; C,细胞遗传学; M,分子生物学)用于精确诊断/分型儿童急性 B 淋巴细胞白血病(B-ALL)所需样本量大、耗时、成本高。新诊断方法建立是 B-ALL 所亟需。甲基化修饰参与白血病的发生、发展, 且研究报道 Wnt 信号通路相关基因甲基化状态可用于儿童急性白血病诊断。故, 该研究旨在探讨儿童 B-ALL 发生/发展中的关键基因成为其诊断生物标志的可能。

方法 GSE 数据库筛选儿童 B-ALL 基因表达与甲基化程度负相关基因, 并结合文献报道确定候选基因。核酸质谱分析候选基因甲基化程度及位点。ROC 等统计方法探索不同基因不同甲基化位点对儿童 B-ALL 的诊断效能

结果 三个转录组 GSE 数据库联合甲基化数据库 GSE39141 分别筛选差异基因 (筛选条件: 转录组中 $fold > 2$ 且甲基化组中 $fold < 0.5$; 转录组中 $fold < 0.5$ 且甲基化组中 $fold > 2$), 后求交集。所得 56 个基因, 文献分析在儿童 B-ALL 中的作用, 确定甲基化分析的候选基因 HCK、BACH2。利用 28 例儿童 B-ALL、18 例非白血病病人骨髓样本, 对 HCK、BACH2 基因启动子区域进行甲基化核酸质谱检测, 发现: HCK、BACH2 启动子区域多位点甲基化, 尤其 B-ALL HOX11(+); 排除年龄、性别影响外, B-ALL 中, HCK 启动子区 2 个 CpG 岛高甲基化 ($p < 0.05$), BACH2 启动子区 9 个

CpG 岛高甲基化 ($p < 0.05$)。进一步, ROC 曲线分析不同位点及组合的诊断效能, 发现: HCK_378bp_CpG_11 分别联合 BACH2_426bp_CpG_1.2、BACH2_426bp_CpG_11 诊断儿童 B-ALL 的灵敏度及特异性达 100% 及 100%、95.65% 及 100%。

结论 HCK、BACH2 启动子区甲基化可作为儿童 B-ALL 诊断的分子生物标志; HCK、BACH2 启动子区甲基化联合应用可成为儿童 B-ALL 辅助诊断的一种新模式。

PO-2743

Transcriptional Profile Investigation Identified Aberrant CD34 Isoforms and APELA As a Hub gene in IGH-DUX4 subtype B-cell Acute Lymphoblastic Leukemia

Guangsi Zhang¹, Panxiang Cao¹, Fang Wang¹, Xue Chen¹, Yang Zhang², Mingyu Wang¹, Xiaoli Ma¹, Ming Liu¹, Hongxing Liu^{1,2}

1. 检验医学科

2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

Objective CD34, a transmembrane sialoglycoprotein, is expressed in hematopoietic stem and progenitor cells, endothelial cells, and bone marrow stromal cells. Therefore, in the clinical diagnosis and classification of leukemia, high expression of CD34 is accustomed analyzed as a marker for the immature phenotype. Although alternative splicing is a common oncogenic mechanism in various cancers, abnormal splicing of CD34 has not been revealed in hematological malignancies.

Methods Here, we investigated the transcriptional profile of CD34, including expression level and alternative splicing, by RNA sequencing (RNA-seq) analysis from hematological malignancies and normal bone marrow samples. The raw sequencing reads were aligned to human reference genome hg38 using HISAT2, followed by featureCounts quantification, and co-expressed and differentially expressed genes (DEGs) were detected by WGCNA and DESeq2, respectively. Alternative splicing events were calculated by rMATS, and further validated by reverse transcriptase PCR (RT-PCR).

Results The transcriptome characteristics of hematological malignancies, including AML, B-ALL, T-ALL, and MPAL, were elaborately investigated. We found that two accompanying novel in-frame splicing isoforms of CD34 were exclusively detected in B-ALL. Furthermore, we focused on B-ALL ($n = 504$) to systematically explore the transcriptional profile of CD34. The two novel splicing isoforms share a common first exon at the 5' untranslated region (UTR) of CD34, suggesting an alternative promoter that mediated the splicing.

We further observe that the novel aberrant CD34 isoforms are mainly accompanied by IGH-DUX4 gene fusion, which has been reported characterized by high expression of CD34 and intragenic ERG deletion. All IGH-DUX4 B-ALL cases ($n = 20$) in our cohort were positive with the novel aberrant CD34 isoforms and validated by RT-PCR (Figure 1A). We also validated the negative result for the aberrant CD34 isoforms in ZNF384-r ($n = 32$) subtype B-ALL in our cohort, which is also characterized by high CD34 expression.

According to the RNA-seq based pseudo-time analysis of our B-ALL cohort, IGH-DUX4 cases mostly tended to be common-B ALL, while ZNF384-r cases presented with more Pro-B ALL, which is also in accordance with the previous report based on immunophenotype analysis. To further discover the discrepancy between DUX4-r and ZNF384-r B-ALL subtypes, we compared DEGs and functional enrichment analysis between these two subtypes with B-other ALL as control, respectively. Activation of JAK-STAT signaling and downregulation of SOCS2, which acts as a negative controller of JAK-STAT signaling, were observed in both subtypes. The hematopoietic cell lineage gene set was enriched in ZNF384-r, consistent with its more immature phenotype. The co-expression gene network for IGH-DUX4 was constructed, and the hub gene APELA was emphasized among the closely related genes.

Conclusion In this study, we firstly identified two novel in-frame CD34 isoforms that share a common alternative first exon at its 5'UTR and are highly enriched in the IGH-DUX4 subtype B-ALL. It has been reported that intragenic focal ERG deletion is characteristically co-occurred with IGH-DUX4, and ERG targets CD34 through regulates its super-enhancer to affect the transcription program. It needs further investigation whether ERG deletion contributes to the aberrant transcription of CD34 in IGH-DUX4 subtype B-ALL. We also emphasized APELA as a hub gene in the transcription regulation network of IGH-DUX4. As it currently lacks effective targeted therapy for IGH-DUX4 subtype B-ALL, the potential therapeutic significance of the closely accompanied aberrant CD34 isoforms and APELA as a hub gene deserves further investigation.

PO-2744

Extensive CXCR4-MAPK Signaling Activation in the Novel B Cell Acute Lymphoblastic Subtype of CDX2/UBTF

panxiang cao¹,Mingyu Wang¹,Guangsi Zhang¹,Fang Wang¹,Yang Zhang²,Xue Chen¹,Xiaoli Ma¹,Ming Liu¹,Hongxing Liu^{1,2}

1. 检验医学科

2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

Objective B-cell acute lymphoblastic leukemia (B-ALL) is a genetically heterogeneous group of acute leukemia with novel subtypes emerging. Since we first reported a novel subgroup B-ALL with half cases possessing CXCR4 truncated mutations and abnormal expression of CDX2 in all cases, the genomic features were further elucidated by different research groups that concurrent focal deletions lead to both upstream enhancer hijacking by CDX2 and UBTF::ATXN7L3 fusion transcript. But the molecular characterization and underlying mechanism beyond the novel subtype B-ALL remain ambiguous.

Methods In order to comprehensively elucidate the molecular features, we adopt whole genome sequencing to reveal the genomic abnormalities, including snv, indel, copy number variant, and structural variation. Then, the signaling transduction and functional effect of differentially expressed genes were conducted by transcriptome analysis. Furthermore, we constructed a weighted gene co-expression network (WGCNA) and transcriptional regulons network to unravel the hub genes or transcriptional factors in the subtype.

Results We retrospectively identify 2.4% (n=12) cases belonging to a novel subtype among 503 B-ALL cases with available transcriptome data by unsupervised clustering, and this subtype is characterized by CXCR4 truncated mutations or high expression of FLNA which could enhance CXCR4 signaling. Among these patients, only one male was affected showing a strong sex tendency towards females. Uniformly, all cases harbor both focal deletions encompassing between PAN3 and FLT3 located upstream of CDX2, and between UBTF and ATXN7L3, unraveled by whole genome sequencing (n=10). The focal deletions lead to overexpression of CDX2 by enhancer hijacking of upstream PAN3 and fusion transcript UBTF::ATXN7L3, respectively. In addition, 80% (n=8) cases also occurred with 1q+ which is regarded as a factor contributing to poor prognosis in leukemia and lymphoma. Transcriptomic analysis of the differentially expressed genes (DEGs) for this subtype confirmed the critical role of oncogenic MAPK signaling. Enhanced MAPK signaling was further supported by the function of the hub genes including KIAA1549 and KIAA1549L, which belong to oncogenic MAPK signaling, derived from WGCNA analysis. According to the functional enrichment analysis of DEGs, axon guidance was the only significant enriched KEGG pathway. The hub genes NTN3 from WGCNA analysis and regulon CDX2 both confirmed the functional involvement of axon guidance in this subtype. Furthermore, we prospectively identify 8 more cases by RT-PCR screening of the UBTF::ATXN7L3 transcript. Totally, twenty patients have been found in our cohort, and interestingly, there exist two cases among this subtype accumulated with multiple subclones

characterized by different CXCR4 mutations, which strengthen the genotoxic stress over CXCR4 signaling.

Conclusion Although genomic characterization of this novel subtype has been revealed by our and others' research. The functional effect and underlying mechanism have never been elucidated. Here, we emphasize that enhanced CXCR4 signaling in this subtype may act as an upstream driver event, and it could be supplied as a therapeutic target.

PO-2745

Relapse Analysis and Resistance Mutations of PML-RARA Fusion Gene in Acute Promyelocytic Leukemia Patients Treated with All-trans Retinoic Acid and Arsenic

Jiaqi Chen¹, Fang Wang¹, Xue Chen¹, Yang Zhang¹, Panxiang Cao¹, Xiaoli Ma¹, Yu Li¹, Hongxing Liu^{1,2}

1. 检验医学科

2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

Objective The clinical manifestations, management, and prognosis of acute promyelocytic leukemia (APL) are distinctive in acute myeloid leukemia (AML). Administration of all-trans retinoic acid (ATRA) and arsenic agents have greatly improved the outcome of APL from the most lethal to the most curable subtype AML. Unfortunately, relapse is still observed. And in the case of combined medication with ATRA and arsenic, the resistance mutation spectrum of PML-RARA is far from being revealed. We retrospectively analyzed 40 APL patients that admitted to our hospital from Jan. 2013 to Jul. 2020. There were 21 males and 20 females, aged 6-65 years (median age 31.5), and follow-up time was 3-210 months (median time 58.85 months).

Methods There were 3 cases that developed secondary tumors, although APL remission has been achieved. One developed refractory AML with KMT2A-MLLT3 fusion during the consolidation treatment one year after the diagnosis of APL. One case relapsed with APL 5 years after the initial diagnosis, and she developed refractory AML with RUNX1-MECOM fusion 3.5 years more after enduring multiple relapses and treatment courses. Another case developed AML-M2 3.5 years after the initial diagnosis of APL, and achieved sustained remission again through allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT).

Results A total of 8 cases came to our hospital at the initial onset of APL, and 1 came during remission. All these cases got sustained remission through combined triple therapy (ATRA, arsenic, and chemotherapy), with the follow-up time of 3 to 37 months (median 20.5 months). No PML-RARA resistant mutation was detected in these 9 cases.

A total of 28 cases came to our hospital after APL relapse. The time from APL onset to the first relapse was 9-189 months (median 34 months). PML-RARA resistance mutations were detected in 9 cases, including 8 cases that carry single RARA mutations each, and 1 case that relapsed with multiple extramedullary infiltrations carry quadruple mutations (PML S214L-A216T and RARA R276W-H298N) (Figure 1a). A total of 4 cases underwent allo-HSCT after APL relapse. One of them relapsed 6 months after allo-HSCT, and the other 3 got sustained remission with the follow-up time of 47, 39, and 52 months, respectively.

There were 2 cases relapsed after maintaining sustained remission for more than 5 years. One was a 58-year-old male who achieved sustained remission after 2.5 years of combined triple therapy. However, APL recurred 16 years after the primary diagnosis. He achieved remission again and now underwent the consolidation course of combined triple therapy. Another was a 23-year-old male who achieved sustained remission after combined arsenic and chemotherapy, but APL relapsed 75 months after the primary diagnosis. He was resistant to combined triple therapy and achieved remission through allo-HSCT. We failed to retrieve archived specimens at the first onset of APL for genomic variation comparison with the second onset. Therefore, we could not

determine whether these two cases were relapsed from the original APL or developed another APL.

Conclusion Although we have achieved a high remission rate and long-term survival for APL through combined triple therapy, relapse and secondary tumors still occur in some cases. Especially for cases that endure heavy treatment, genomic toxicity may promote the oncogenesis of secondary tumors. Also, APL may recur over 5 years after the primary diagnosis and sustained remission. Whether there were inherited predisposing factors in these cases is worthy of further investigation.

The incidence of PML and RARA resistant mutations in cases resistance for ATRA and arsenic included therapy. This may be related to the combination use of chemotherapeutic drugs and suggests underlying resistance mechanisms. Although both ATRA and arsenic were used in most cases, the incidence of ATRA resistance mutations is significantly higher than that of arsenic, which might attribute to the sparse interaction sites of arsenic and PML.

A better combination strategy of arsenic, ATRA, with or without chemotherapy is worthy of further investigation to reduce the incidence of secondary tumors and relapse. Adhering to a systematically planned treatment course is essential for acquiring rapid remission and reduction of relapse. Treatment compliance should be paid attention to guaranteed, especially during the oral administration courses outside the hospital.

PO-2746

多种实验室检测手段在血液肿瘤 MRD 监测中的应用

张修进、张娟、程宇、刘建勇、沈万青、陈学生、陈忠
北京海思特医学检验实验室

目的 MRD (Minimal Residual Disease), 即微小残留病灶, 是指临床治疗后疾病缓解 (CR) 状态下, 体内还存在少量的肿瘤细胞, 是血液肿瘤复发的主要原因。

方法 分析和比较不同实验室检测手段在 MRD 监测中的应用情况。

结果 MRD 的检测方法主要包括细胞形态学、流式细胞术、荧光定量 PCR (qPCR)、数字 PCR (ddPCR) 和二代测序 (NGS) 等。

细胞形态学检测是最经典的 MRD 检测方法, 具有设备简单、操作简便、经济快速、直观性强的特点。

多参数流式细胞术是目前最常用的 MRD 检测方法。具有操作简单、检测速度快、报告时效短、检测灵敏度可达到 10^{-4} 等特点。

通过 qPCR/ddPCR 技术对单个基因的变异或表达进行监测。ddPCR 是荧光 PCR 新一代技术, 应用单个液滴/微孔进行扩增, 可获取绝对定量的结果, 灵敏度可达 10^{-4} - 10^{-5} 。

使用 NGS 技术能有效识别疾病进展中的克隆演变, 结合 UMI 分子标签和高深度测序, 灵敏度能达到和 qPCR/ddPCR 相当的水平, 因此应用前景广泛。

应用免疫组库测序技术对 TCR/BCR 克隆序列的负荷进行监测, 能显著提升一代测序基础上毛细管电泳的局限性, 提升灵敏度至 10^{-6} 。

结论 目前对血液肿瘤 MRD 监测的技术多样性进一步提高了监测灵敏度和特异性, 选择合适的实验技术并加以综合应用, 可以更好的提高 MRD 的检测水平。

PO-2747

NGS-based screening to comprehensively decipher TKIs resistant mutations in BCR::ABL1 positive leukemias

Jiaqi Chen¹, Fang Wang¹, Jiancheng Fang¹, Yincheng Tan¹, Wen Teng¹, Xue Chen¹, Yang Zhang², Xiaoli Ma¹, Panxiang Cao¹, Yu Li¹, Xiaosu Zhou², Hongxing Liu^{1,2}

1. 检验医学科

2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

Objective In BCR::ABL1 positive leukemia, mutations in the BCR::ABL1 kinase domain (KD) are the most common TKIs resistance mechanism. Sanger sequencing (SS) is currently the gold standard for detecting ABL1 KD mutations, but its low detection sensitivity cannot reveal mutations below 20% VAFs (variant allele frequency), and it is challenging to distinguish compound or polyclonal mutations. In recent years, the NGS-based BCR-ABL1 KD mutation screening protocol provides a powerful tool for deciphering complex patterns (compound or polyclonal mutations) and higher detection sensitivity (~2%, hotspot mutation 1%).

Methods Based on an inhouse designed NGS-based BCR::ABL1 KD mutation screening protocol, we retrospectively analyzed 348 specimens that undergone SS (ALL, n=164, CML, n=128, CML-BP, n=33, AML, n=3, other, n=20, other includes MAL, B-LBL). The BCR::ABL1 transcripts of 109 cases were 0, 184 cases were >0.1%, and the remaining 55 cases were between 0-0.1%. NGS screening results showed that the average VAF was 32.81% (range, 1.0%-100%), which was not provided by SS.

Results Compared with SS, NGS screening provided a higher mutation-positive rate (22.13% vs. 33.05%, P =0.0013), and Gatekeeper T315I remained the most common BCR::ABL1 KD mutation (12.24% vs. 14.06%, P =0.4513). When the BCR::ABL1 transcript was 0, no mutation was detected in SS; while NGS ABL1-KD discovered mutations in 12 cases (0 vs. 11.01%, P =0.0004) with VAFs lower than 10% except for one S438F (VAF 14.9%) mutation.

There were also significant differences in mutations between 0 and 0.1% in BCR::ABL1 transcripts (16.36% vs 32.73%, P =0.046). However, when the BCR::ABL1 transcript >0.1%, there was no difference in mutation-positive rate between the two groups (36.96% vs. 46.20%, P=0.072).

NGS screening disclosed more multiple mutations (59 vs 82, P =0.03), with significant advantages in detecting >3 mutations (3 vs 18, P = 0.0009). Compound mutations (CMs) were determined in 8 cases (8/384, 2.08%), with the incidence of 24.24% (8/33) in cases which carrying two or more mutations, of which T315I-including CMs were the most common (6/8, 75%).

Conclusion CMs or polyclonal mutation analysis is particularly crucial for severe patients who have received multiple consecutive TKIs treatments, and those with multiple background mutations and a higher risk of progression to clinical resistance. Our results showed that the inhouse designed NGS-based screening protocols could decipher TKIs resistant mutations more comprehensively than SS, and worthy of being implicated in clinical practice.

PO-2748

成人 t 细胞白血病/淋巴瘤中 TP53 突变的临床意义

许瑶

贵州医科大学附属医院

目的 成人 t 细胞白血病/淋巴瘤(Adult T-cell leukemia /lymphoma, ATL)是由人 t 细胞嗜淋巴细胞病毒 1 型(HTLV-1)引起的外周 t 细胞肿瘤, 预后较差。在许多癌症中, TP53 突变与不良预后相关, 但在

早期的研究中, TP53 单核苷酸变异(snv)、插入缺失(indels)或拷贝数变异(cnv)并未被证明是 ATL 患者的预后因素。目的: 研究 TP53 基因突变对 ATL 不同治疗方式预后的影响。

方法 运用 DNA 基因测序法检测 145 例患者初治时骨髓样本。

结果 检测出 27 例患者存在 TP53 基因突变, 共 32 个单核苷酸变异或插入缺失(SNVs/indels), 11 例患者观察到 TP53 拷贝数变异(CNVs)。总共, 145 例患者中有 38 例携带 TP53 SNVs/indels 或 TP53 CNVs, 将其归类为 TP53 突变。在整个队列中, TP53 突变和非 TP53 突变患者的中位生存期分别为 1.2 年和 6.4 年($P < 0.001$)。同种异体造血干细胞移植(HSCT)后, TP53 突变患者($n = 7$)和非 TP53 突变患者($n = 24$)的中位生存期分别为 1.4 年和未达到($P = 0.001$)。

结论 无论采用何种治疗策略, TP53 突变都与 ATL 的不良预后相关, 需要建立更新的预后模型来克服 ATL 患者 TP53 突变的不利影响。

PO-2749

Haploidentical stem cell transplantation in AML with t(6;9)(p23; q34)/DEK::NUP214 shows a favourable outcome: single center experience

Xue Chen¹, Fang Wang¹, Xiaoli Ma¹, Lili Yuan¹, Zhixiu Liu¹, Yang Zhang², Jaiqi Chen¹, Xiaosu Zhou², Ming Liu¹, Mingyue Liu¹, Peihua Lu³, Hongxing Liu^{1,2}

1. 检验医学科

2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

3. 河北燕达陆道培医院血液科

Objective Acute myeloid leukemia (AML) with t(6;9)(p23;q34)/DEK::NUP214 is a distinct entity in the 2008 WHO classification. AML with t(6;9)(p23;q34) patients can present as de novo AML with any morphologic subtype of AML. Based on the WHO classification, multilineage dysplasia and peripheral blood/bone marrow (PB/BM) basophilia (defined as $\geq 2\%$) have been associated with patients with t(6;9)(p23;q34) abnormality. FLT3-ITD have been detected in a large fraction of AML with t(6;9)(p23;q34). The presence of t(6;9)(p23;q34) in AML patients has been associated with poor response to standard chemotherapy and increasing risk of post-remission relapse. Hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) has been shown to improve the prognosis of AML with t(6;9)(p23;q34) patients compared to those receiving chemotherapy only. We studied the clinicopathologic and molecular profiles of 14 patients with AML carrying t(6;9)(p23;q34), who received haploidentical HSCT between Sep 2013 and Nov 2019 in our center, aimed to further define the clinicopathologic and molecular profiles of t(6;9)(p23; q34) AML patients, and observed the effect of haploidentical HSCT in AML with t(6;9)(p23; q34).

Methods We collected clinical data, karyotype analysis, immunophenotype of 14 patients with AML carrying t(6;9) (p23;q34), and sequenced the mutational hotspots or whole coding region of 58 genes that are commonly mutated in hematologic malignancies. In addition, RNA-sequencing, RT-PCR analysis and Sanger sequencing were performed to identify and verify the presence of DEK::NUP214 fusion gene following the protocol as previously reported. Haploidentical HSCT was performed according to our center's protocol, briefly, using busulfan/cyclophosphamide/cytarabine/anti-human T lymphocyte immunoglobulin based myeloablative conditioning, unmanipulated bone marrow and peripheral stem cell as graft, and ciclosporin/mycophenolate mofetil/short-course methotrexate as graft-versus-host disease prophylaxis.

Results There were eight males and six females, with a median age of 23 year-old, including 8 cases of AML-M2, 5 cases of AML-M4, and 1 case of AML-M5. Our cohort was characterized by frequent multilineage dysplasia (12/14), presence of myeloid markers (CD13, CD33, CD38, HLA-DR). Although basophilia has been described in association with t(6;9) (p23;q34), we observed only three cases with basophilia. All patients showed gene mutations concurrently, and FLT3-ITD

mutation was detected in 64.29% (9/14) of them. All fourteen patients received haploidentical HSCT, most in complete remission (CR) at the time of transplantation (CR1 7, CR2 1, CR3 3, NR 3), and all survived in the follow-up period (8-95months, from HSCT).

Conclusion Our data demonstrated that AML patients with t(6;9) have distinct clinicopathologic features, characterized by frequent multilineage dysplasia, presence of myeloid markers, frequent concurrent presence of FLT3-ITD. Haploidentical HSCT shows a significantly favorable outcome, which seems to be better than allo-HSCT earlier reported in the AML patients with t(6;9)(p23; q34) (2 year OS: 61%). It may be associated with most of our patients being in CR at the time of transplantation and stronger graft versus leukemia effect in haploidentical HSCT. Considering of small patient number, further study is needed.

PO-2750

Clinical and Molecular Characteristics of TCF3::HLF Gene Fusion-positive B-cell Precursor Acute Lymphoblastic Leukemia: a Series of 24 Cases From a Large Cohort of Leukemia Patients

Xue Chen¹, Fang Wang¹, Yang Zhang², Xiaoli Ma¹, Lili Yuan¹, Jiancheng Fang¹, Panxiang Cao¹, Jiaqi Chen¹, Xiaosu Zhou², Ming Liu¹, Mingyue Liu¹, Hongxing Liu^{1,2}

1. 检验医学科

2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

Objective B-cell acute lymphoid leukemia (B-ALL) with t(17;19)(q22;p13)/TCF3::HLF is very rare and has a dismal prognosis even with the application of allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT). Due to the rarity of this fusion, only a few cases have been described in the literature. In this study, we retrospectively analyzed 24 cases with TCF3::HLF from a large cohort of B-ALL, which constituted the largest cohort of TCF3::HLF-positive ALL reported to date and reported in detail the laboratory characteristics and prognoses of this group of patients.

Methods From Apr. 2012 to Feb. 2020, a total of 3287 cases were diagnosed with B-ALL in our hospital. All of them underwent a TCF3::HLF including fusion gene screening test through multiplex-nested reverse transcription-PCR. Whole transcriptome sequencing (WTS) was performed using RNA extracted from the bone marrow (BM) samples by HiSeq 2500. The gene expression signature for TCF3::HLF-positive B-ALL was investigated through comparing with healthy controls, B-ALL with TCF3-PBX1/TCF3-ZNF384, and B-ALL cases negative for pathogenic fusion genes (Chen X et al., Blood Cancer J 2021).

Results A total of 24 cases with TCF3::HLF were identified, accounting for 0.73% of all B-ALL cases. Among them, 22 (91.67%) were children (≤ 18 years), and 2 (8.33%) were adults. Length of follow-up varied. The endpoint of the follow-up was Jul. 1st, 2020. Overall survival (OS) was defined as the time from diagnosis to death or the time of the last follow-up. Of the 24 cases with TCF3::HLF, 8 had type I, 12 had type II, and the other 4 had both type II and III chimera isoforms. Karyotype was available in 22 cases, 19 showed abnormal karyotypes and most of them (12/19, 63%) harbored further structural and/or numerical aberrations besides t(17;19)(q22;p13) translocation. Gene mutation screening of 58 genes was performed on 17 cases at the time of diagnosis. Eight (47%) of them showed mutations and 7 of them had mutations involving RAS signaling pathway genes (NRAS, KRAS, FLT3, and PTPN11).

Gene expression clustering revealed apparent separation of TCF3::HLF-positive cases from TCF3-PBX1/TCF3-ZNF384-positive cases and those without pathogenic fusions. The differential expression of 535 genes (up: 207, down: 328) was identified in TCF3::HLF-positive cases compared to TCF3-PBX1-positive cases. The differential expression of 471 genes (up: 281, down: 190) was identified in TCF3::HLF-positive cases compared to TCF3-ZNF384-positive cases. TCF3::HLF-positive patients displayed a significantly up-regulated expression of HLF, which was

almost not expressed in other cases. The median OS of the 24 patients was 18.5 months (range 6-75 months). Thirteen of them underwent allogeneic HSCT (allo-HSCT) and the median OS was 23 months (range 13-75 months). Eight of them were in complete remission (CR) until the last follow-up; 2 of them relapsed after a first allo-HSCT and survived in CR after a second allo-HSCT; 3 of them died (2 died of relapse and 1 died of lung infection under CR). Eleven cases did not receive allo-HSCT, and the median OS was 9 months (range 6-29 months). Seven of them died (6 died after relapse, 1 died without achieving remission); 3 of them relapsed and re-induction was failed; only one case has survived in CR for 19 months till the last follow-up. Twelve cases underwent chimeric antigen receptor T-cells (CAR-T) therapy. Nine of them achieved CR after CAR-T therapy and bridged to allo-HSCT; one case achieved CR after CAR-T therapy but relapsed and lost opportunity for allo-HSCT; the other 2 patients achieved CR after the first application of CAR-T therapy but failed to achieve CR again by CAR-T therapy when relapsed.

Conclusion We provide systematic insights into the laboratory characteristics and prognoses of B-ALL cases with TCF3::HLF in a large cohort. TCF3::HLF-positive B-ALL has a characteristic gene expression profile that differs markedly from TCF3-PBX1 and TCF3-ZNF384-positive B-ALL and shows a dismal prognosis. TCF3::HLF-positive ALL remains an incurable disease, although CAR-T therapy and allo-HSCT can improve the prognosis to some extent. Advanced therapeutic approaches, including novel drug discovery and development, are urgently required to improve the outcome of this ALL subtype.

PO-2751

Deciphering the Structural Variants in Acute Myeloid Leukemia and Myelodysplastic Neoplasms by Optical Genome Mapping

Ming Liu¹, Yang Zhang², Xue Chen¹, Fang Wang¹, Jiaqi Chen¹, Panxiang Cao¹, Xiaoli Ma¹, Jiancheng Fang¹, Xiaosu Zhou², Tong Wang¹, Hongxing Liu^{1,2}

1. 检验医学科

2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

Objective Acute myeloid leukemia (AML) and myelodysplastic neoplasm (MDS) are common hematological malignancies, and the majority of patients carry genetic mutations, structural variants (SVs) and copy number variants (CNVs). Identifying these variants is important for diagnosis and prognosis, and in some cases can alter treatment management and outcomes. Methods for analyzing SVs and CNVs include karyotype analysis, fluorescence in situ hybridization, gene chips, and high-throughput gene sequencing technologies. Optical genome mapping (OGM) is a novel ultra-long single-molecule DNA detection based high throughput SVs analysis technology, which has the characteristics of whole genome coverage, high detection incidence and sensitivity. There were few publications presenting technical concordance of SVs detection between karyotyping and OGM, and there are no systematic studies comparing the concordance of OGM versus transcriptome sequencing (RNA-seq) in detecting gene fusion. This study aimed to compare the concordance of OGM and RNA-seq in the detection of fusion genes in AML and MDS cases, and the additional findings using OGM technology.

Methods Bone marrow aspirates of 52 newly diagnosed or relapsed/refractory AML/MDS patients were recruited for OGM, RNA-seq, and leukemia-related gene DNA panel sequencing. Among these cases, 36 males and 16 were females, 15 pediatric (< 18 years) and 37 adults (≥18 years), with a median age of 31 years.

Results Based on the RNA-seq results, 29/52 (55.8%) cases were detected with pathogenic gene fusions, including RUNX1::RUNX1T1, CBFB::MYH11, KMT2Ar etc.. All those fusions were detected by OGM. For SVs with VAF>5%, the concordance was 98.1% (51/52 cases) when comparing OGM with karyotyping. OGM missed one case whose translocation happened close to

the centromere. OGM reported more pathological variants with clinically significant in 5/52 cases (9.62%) and helped revise karyotype results in 1 case with clarifying marker chromosome. According to the ELN-2022 risk stratification mainly based on karyotype results, OGM's report results helped revise the risk stratification of 3 patients from intermediate to high risk. Fifty of 52 (96.2%) patients carried the gene mutation detected by the gene sequencing panel. In the samples of 4 patients who relapsed after receiving allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) with donors and patients of different genders, we can infer the proportion of male and female DNA based on the copy number of chr Y detected by OGM, and then determine the proportion of donor cells.

Conclusion This is the first AML cohort study to systematically compare the performance of OGM and RNA-seq, and the reported results of fusion genes are completely consistent. This is also the first report of applying the OGM technology in patients who relapsed after allo-HSCT and for chimerism analysis. Combined using OGM and targeted sequencing to fully characterize the CNV, SV, and mutation can be used for accurate stratification risk of AML/MDS. In conclusion, combining OGM and NGS can significantly improve the detection rate of genetic abnormalities with important pathological/diagnostic significance, and may bring new discoveries on SVs and pathogenic mechanisms.

PO-2752

中国 CLL 患者 IGHV 基因重排特征的单中心回顾性研究

李小青、王硕文、张雨中、陈丽芳、孙黎
武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 探究优化后的 IGHV 突变检测体系对慢性淋巴细胞白血病 (chronic lymphocytic leukemia, CLL) 患者免疫球蛋白重链可变区基因 (immunoglobulin heavy-chain variable region gene, IGHV) 重排全长的检出能力, 并回顾性分析 CLL 患者中 IGHV 重排突变频率、V 基因使用及同型模式的分布特征。

方法 选取 2024 年 1 月至 4 月在武汉康圣达医学检验所有限公司检测为 IGHV 突变阳性的 350 例中国 CLL 患者样本, 评估优化后体系对 IGHV 重排全长的检出能力, 并分析 IGHV 突变频率、V (D) J 基因使用、CDR3 序列及同型模式等预后信息。

结果 优化后的 IGHV 突变检测体系对 IGHV 重排阳性患者的检出率为 100%, IGHV 全长扩增成功率从行业平均的 70%左右提升到 82%。回顾性分析显示, 350 例 CLL 患者中, 检出 2 条和 1 条 IGHV 重排的患者分别有 48 例和 302 例, 其中突变频率 $\geq 2\%$ 和 $< 2\%$ 的 IGHV 重排分别有 247 条和 151 条。IGHV 片段使用主要集中在 IGHV3 和 IGHV4 家族, 使用率前五的基因为 IGHV4-34、IGHV3-23、IGHV4-39、(IGHV1-69、IGHV3-48)、IGHV3-7。一名患者经同型模式分析被归类为同型模式 8 亚群, 该亚群患者大多预后较差, 有较高的 Richter 转化风险。

结论 通过回顾性分析 350 例单中心初诊 CLL 患者的 IGHV 基因突变状态、V 基因使用及同型模式等预后信息, 本研究揭示了 CLL 患者中 IGHV 重排的复杂遗传特性, 为 CLL 患者的精细化疾病分层提供了数据支持。

PO-2753

TAF15::ZNF384 融合基因阳性急性淋巴细胞白血病 实验室检查和临床特征及预后分析

王正¹、马小丽¹、王芳¹、陈雪¹、曹泮翔¹、房建成¹、张阳²、刘红星^{1,2}1. 河北燕达陆道培医院检验医学科
2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

目的 探讨 TAF15::ZNF384 融合基因阳性急性 B 淋巴细胞白血病临床特征及预后分析，为该类白血病的诊断和治疗评估提供参考。

方法 回顾分析 2018 年 12 月 1 日至 2022 年 3 月 1 日河北燕达陆道培医院收治的 6 例 TAF15::ZNF384 阳性急性 B 淋巴细胞白血病患者和 1 例 TAF15::ZNF384 阳性急性混合细胞白血病（B 淋/髓系）患者的实验室检测、临床特征及预后。

结果 7 例患者中男 4 例，女 3 例，中位年龄为 22 岁，中位随访时间为 15 个月。其中 4 患者接受嵌合抗原受体 T 细胞（CART）免疫治疗并桥接异基因造血干细胞移植（allogenic hemopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT）后达到完全缓解，并于随访期间持续维持缓解。3 例经化疗后未缓解。6 例患者初诊时伴不同程度的染色体核型异常。

结论 TAF15::ZNF384 可能是一类具有独特实验室特征和临床特点的 B-ALL 亚型，常规的化疗难以得到完全缓解，且短时间内容易复发。CART 免疫治疗结合 allo-HSCT 治疗有可能改善其预后。

PO-2754

不同酶扩增建库的高通量基因测序方法监测白血病 微小病灶残留的对比研究

谭印成¹、马小丽¹、王芳¹、陈雪¹、张阳²、陈佳琦¹、刘红星^{1,2}1. 河北燕达陆道培医院检验医学科
2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

目的 本文通过使用不同 DNA 聚合酶扩增建库，采用新一代高通量基因测序（NGS）的方法对急性髓系白血病（AML）患者中常见的几个基因的热点区域突变进行检测，统计不同酶条件下测序结果中每个碱基发生背景突变的情况，以此评价不同的酶对背景突变的影响，为建立 NGS 检测低频突变的方法以监测微小残留病（MRD）提供依据。

方法 本实验选择了 2 种普通的 Taq 酶及 2 种高保真酶，同时对 6 个正常人 DNA 样本进行 3 个基因的片段进行扩增建库，并在 Ion Torrent PGM 平台进行测序，测序深度在 40000-150000 倍覆盖每扩增子，统计每条基因片段上每个碱基的突变情况。

结果 高保真酶 Q5 和 Phusion 背景突变平均频率分别为 0.00721% 和 0.00687%，较普通 Taq 酶（>0.03185%）能明显降低背景突变的频率；在不同的碱基置换类型中，碱基转换较颠换更易发生，但高保真酶较普通 Taq 酶能更好的降低碱基转换的突变频率；JAK2 基因 c.1849 G>T 在 Q5 高保真酶构建的文库中变异频率低至 0.00028%（95%CI: 0.0000% ~ 0.00088%）。

结论 使用新型的高保真扩增酶进行文库构建，具备使用 NGS 方法检测特定位点进行 MRD 监测的可行性。

PO-2755

用基因组光学图谱技术分析 B-ALL 中 PAX5 基因结构变异特征及疾病相关性

张阳²、刘铭¹、周晓苏²、王芳¹、陈雪¹、陈佳琦¹、王彤¹、刘红星^{1,2}

1. 河北燕达陆道培医院检验医学科
2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

目的 PAX5 基因是 B 细胞分化发育过程中关键的转录因子，可以多种异常形式驱动 B-ALL 的发生，包括易位、局部丢失、序列突变、基因内扩增等，基因组光学图谱技术（OGM）具有精确解析基因组结构变异的能力，利用 OGM 技术探索 PAX5 基因异常，及与疾病的相关性和对治疗的影响，深入了解 PAX5 基因的致病规律。

方法 对随机入组的 21 例初治、复发或难治 B-ALL 患者进行了骨髓 OGM 分析，同时分析比较了这些患者的 RNAseq 分析融合基因、血液肿瘤基因突变分析（86 种）及细胞遗传学结果，并随访患者治疗转归。

结果 共在 21 例 B-ALL 患者中检出 11 例伴 PAX5 结构异常，患者中位年龄 20 岁（2.5-55 岁），男性 9 例，女性 2 例，男:女=4.5:1。PAX5 结构异常包括与伙伴基因易位形成融合基因 5 例（45.4%），伙伴基因分别为 NOL4L、ELK3、RNF38、BCL2、NSD1；9p 微缺失（510Kb 片段丢失）形成 PAX5::ZCCHC7 融合基因 4 例（36.3%）；PAX5 基因内部片段缺失（exon6、exon6-7）2 例（18.3%）；其中 RNF38、BCL2、NSD1 伙伴基因未见报道。11 例 PAX5 结构异常的患者中有 9 例同时伴定义 B-ALL 亚型的其他融合基因阳性。其中 7 例为 BCR::ABL1 阳性或 BCR::ABL1-like 阳性，占 63.6%（BCR::ABL1 2 例，IGH@CRLF2 2 例，EBF1::PDGFRB，NUP214::ABL1，RCSD1::ABL2 各一例）；另 2 例患者分别伴随 ETV6::RUNX1，TCF3::PBX1，而常规 RNAseq 和融合基因筛查累及 PAX5 融合基因异常者仅检出 2 例。此外，OGM 技术还精确分析出 9 例 PAX5 结构异常患者伴随 IKZF1 基因缺失（IK6、IK10 及 IK8），而 2 例 PAX5 外显子丢失病例中未检出 IKZF1 异常。治疗转归：7 例 Ph 阳性或 Ph-like 阳性患者（预后分层为高危），1 例化疗后早期复发并死亡，6 例未缓解或复发患者经化疗联合靶向治疗、CART 免疫治疗及异基因造血干细胞移植（HSCT）获持续缓解并存活，中位生存时间 44 月（11-103 月）。3 例预后低/中危患者（ETV6::RUNX1，TCF3::PBX1 及一例高超二倍体），伴 PAX5 丢失或微缺失，仅常规化疗，截止随访日中位生存 26 月（11-32 月）。

结论 OGM 对全面有效地鉴定基因组异常的“暗物质”提供了新的方法学选择，可显著提高 PAX5 及其他共存的、具有重要病理/诊断分型意义异常的检出率。PAX5 更多协同发生于 BCR-ABL1 或 BCR-ABL1-like 酪氨酸激酶及细胞因子受体信号通路，表明 PAX5 转录激活的丧失进一步促进白血病发生。本组患者在化疗联合靶向治疗，或 CART 并桥接 HSCT 等治疗方法下 PAX5 异常没有显著改变患者预后。由于病例数少有待进一步深入研究。

PO-2756

异基因造血干细胞移植后患者指甲嵌合情况分析

张阳¹、王芳²、魏志杰³、陈雪²、周晓苏¹、马小丽²、王绵绵²、李婷婷²、刘红星^{1,2}

1. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心
2. 河北燕达陆道培医院检验医学科
3. 河北燕达陆道培医院移植科

目的 通过分析 allo-HSCT 后患者游离缘指甲的嵌合情况及其潜在的临床相关因素，探讨指甲游离缘标本作为胚系 DNA 来源用于 allo-HSCT 后患者遗传学分析的适用性。

方法 采集 212 例患者移植后的骨髓和游离缘指甲样本，与移植前留存的患者和供者 DNA 进行 15 个 STR 位点的基因分型和嵌合状态分析。

结果 共收集 312 份移植后的游离缘指甲样本，51.4% (109/212) 的患者在移植后发生了指甲 DNA 的供者嵌合现象，中位嵌合比例为 17.0% (2.5%-92.1%)。指甲嵌合阳性组中 21-30 岁患者比例 (31.8% vs 5.0%, $P=0.042$) 和血型不相合患者比例 (62.8% vs 35.0%, $P=0.039$) 显著高于嵌合阴性组，31-40 岁患者比例 (9.1% vs 35.0%, $P=0.029$) 和男供女比例 (4.9% vs 25.0%, $P=0.033$)。随移植后随访时间的增加，指甲嵌合阳性患者的比例呈上升趋势，二者呈显著正相关 ($r=0.736$, $P=0.002$)。指甲中供者嵌合比例随时间动态波动，并非长期稳定存在。

结论 约半数患者移植后可观察到游离缘指甲样本中供患者的混合嵌合现象，提示可能存在供者来源的非造血系统的间皮组织重建。年龄、血型和性别可能是相关因素，未发现与预处理方案、GVHD 的相关性，发生的免疫学规律待进一步探讨。

PO-2757

基于 ARMS-PCR 的 BCR-ABL1 激酶区突变筛查方法的建立

邓君、丁雅洁、罗珊珊、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 建立一种快速准确筛查 BCR-ABL1 酪氨酸激酶区突变位点的方法，并与目前的两种公认方法 sanger 测序法及 NGS 方法进行对比，探讨该方法的准确性，灵敏度及临床适用性。

方法 对常见的 19 种 BCR-ABL1 酪氨酸激酶区突变位点设计上下游引物及探针，包括 P-loop 区 (G250E; E255K; Q252H; M244V; Y253H)、A-loop 区 (H396R) 以及 T315I、F359V 等明确报道的 TKI 药物耐药位点。通过 ARMS-PCR 的方法，可在 4h 内准确筛查出常见的突变类型；此外，我们构建相应位点的阳性质粒进行验证，并检测不同位点的灵敏度；同时，收集华中科技大学同济医学院附属协和医院于 2016 年 7 月-2020 年 9 月期间收治的 539 例白血病患者样本及正常对照标本，用 ARMS-PCR 方法与 sanger 测序法、NGS 方法进行比对，评估该方法的准确性。

结果 sanger 测序灵敏度较低，仅可达到 20%，周期为两个工作日；NGS 方法灵敏度较高可达 0.1%-1%，周期 7-10 个工作日；ARMS-PCR 方法灵敏度可达 1-5%，实验周期 4h。白血病患者及正常对照样本验证结果提示 ARMS-PCR 法与 NGS 法一致性较高，sanger 法假阴性率较高。

结论 ARMS-PCR 法检测常见 19 种 ABL 激酶区突变与 sanger 法相比灵敏度更高，与 NGS 方法相比实验周期更短，能快速准确地为临床提供信息，及时指导用药治疗。

PO-2758

The Ingenious Multiple Efficacies of the Integrated Gene Fragment of Torque Teno Mini Virus in Orchestrating Promyelocytic Leukemogenesis via Hijacking RARA

Xiaosu Zhou¹, Xue Chen², Jiaqi Chen², Panxiang Cao², Fang Wang², Yang Zhang¹, Xiaoli Ma², Jiancheng Fang², Linya Wang³, Lijun Wen⁴, Ping Wu², Ruijie Tang⁵, Wanting He⁶, Siyuan Liu¹, Jianqiang Zhan¹, Xian Zhang⁵, Suning Chen⁴, Huyong Zheng³, Peihua Lu⁵, Hongxing Liu^{1,2}

1. 精准医学中心

2. 河北燕达陆道培医院检验医学科

3. 首都医科大学附属北京儿童医院

4. 苏州大学附属第一医院

5. 河北燕达陆道培医院血液科

6. 哈尔滨医科大学附属第二医院

Objective Torque teno mini virus (TTMV) is a ubiquitous virus which symbiotic with humans, but it has recently been reported to cause acute promyelocytic leukemia (APL) through a unique form of genome fragment integration and forming the TTMV::RARA fusion gene, with 4 cases reported till now. However, the leukemogenesis mechanism of TTMV::RARA-APL has not been explored.

Methods We recruited transcriptome sequencing (RNA-seq) data of 7 TTMV::RARA-APL cases, 3 of them also with whole genome sequencing (WGS) data, to analyze the properties of the TTMV integrated sequences. Clinical information was analyzed. In vitro cell experiments were performed to verify the functions of the conserved regulatory sequences and the fusion protein.

Results These cases were collected from 4 centers, 5 males and 2 females, aged 3 to 35 (median 9) years, with 6 pediatric cases. Of which 3 pediatric cases were identified from a continuous acute myeloid leukemia (AML) cohort. In this cohort, 3 TTMV::RARA-APL were identified in 205 AML cases under 14 years, but no cases in another 930 AML cases, showing a strong tendency towards pediatrics ($p=0.00022$). Moreover, we totally identified 85 PML::RARA-APL and 3 TTMV::RARA-APL, and no other X::RAR cases in this cohort, indicating TTMV::RARA is the most common X::RAR fusion besides PML::RARA.

All cases manifested typical APL morphological features, and RNA-seq expression analysis showed clustering with PML::RARA-APL cases. Initial effect and remission can be achieved with chemotherapy regimens containing all-trans retinoic acid (ATRA), but early recurrence is prone to occur. RARA-I387T mutation was observed in case #TR4, who relapsed after treatment with ATRA, suggesting that the leukemic cells were responsive to ATRA. However, primary resistance to ATRA and extensive resistance to various agents were observed in case #TR5, who was initially diagnosed with myeloid sarcoma and transformed into APL at relapse.

The TTMV integrated sequences of 3 cases with WGS data were 1164bp, 2113bp, and 2859bp, respectively, and the common feature was the involvement of the transcription regulatory region and the open reading frame 2 (ORF2). Alignment of TTMV transcription regulatory sequences revealed a highly conserved basal transcription factor region, including the canonical TATA box and GC box. While in the proximal promoter region showing sequence diversity, all 3 cases carried 4 RUNX1 binding elements and 1 octamer motif. In vitro experiments showed that TTMV basal transcription element can initiate basal expression in 293T cells, while RUNX1 can significantly enhance the expression in response to the RUNX1 binding elements. RUNX1 is an important transcription factor protein in the differentiation of myeloid cells, and the 4 RUNX1 binding elements might explain the myelotropic of TTMV and confer an important basis in promyelocytic leukemogenesis.

The TTMV-ORF2 coding sequences of all 7 cases were analyzed, with the common region being the N-terminus 58 amino acids, of which 20 were highly conserved. Co-Immunoprecipitation analysis confirmed that the TTMV::RARA protein forms homopolymers and heteropolymers with RXRA, which is the property shared by all X::RARA proteins. Serine/Threonine protein phosphatase (S/T PPase) assays showed that the fusion protein exhibits strong S/T PPase

activity. UAS/GAL4 reporter experiment showed that TTMV::RARA protein exhibited a constrained but concentration-dependent response to ATRA compared to RARA. However, fusion proteins with ORF2-C32A/C34A mutation and impaired phosphatase activity were significantly more responsive to ATRA. This suggests that the S/T PPase activity of the ORF2 coding region plays a role in retarded ATRA response.

Conclusion This is the first systematic report on this novelty disease. Data suggests that TTMV::RARA-APL may be more common in children, which may be related to the ubiquity of TTMV and its acquisition early in life. The clinical manifestations and treatment responses are diverse, with overall dismal prognosis. Molecular investigation indicated the multifunctional TTMV integrated molecular machinery in orchestrating RUNX1 enforced myelotropic, aberrant priming expression, homodimer formation, and S/T PPase activity, and confer promyelocytic leukemogenesis via hijacking RARA.

PO-2759

ETV6::RUNX1 阳性 B-ALL 患儿遗传学特征评估

孙媛、程振、李永玲、王健学、张玉杰、邓胜
北京海思特医学检验实验室

目的 本研究旨在深入探究荧光原位杂交 (fluorescence in situ hybridization, FISH) 信号类型以及染色体核型分析在 ETV6::RUNX1 阳性儿童 B 系急性淋巴细胞白血病 (B-acute lymphoblastic leukemia, B-ALL) 遗传学特征评估中的应用价值。

方法 回顾性分析 2023 年 1 月至 2023 年 12 月间确诊的 532 例 B-ALL 患儿的临床资料。采用 G 显带染色体核型分析和 ETV6::RUNX1 探针 FISH 检测。通过统计分析评估 FISH 信号类型以及染色体核型的特点和分布情况。

结果 结果 在 532 例患儿中, 共有 79 例 (14.8%) 通过 FISH 检测显示 ETV6::RUNX1 基因融合阳性。其中, 26 例 (32.9%) 呈现经典融合信号 1R1G2F, 而 53 例 (67.1%) 呈现非经典融合信号, 包括 15 例 1G2F、12 例 1R2G1F、7 例 2R2G1F、5 例 1G3F、2 例 2R1G1F、2 例 1R2G2F 以及 2 例 2G2F。其他非经典信号类型包括 2R2G2F、2R3G1F、1R3G1F、1R1G3F、1R2F、2R1G2F、2R2F 和 4G2F, 每种类型各 1 例。在 79 例 ETV6::RUNX1 阳性患儿中, 36 例 (45.5%) 未送检染色体, 1 例 (1.3%) 无分裂相, 23 例 (29.1%) 具有正常核型, 而 19 例 (24.1%) 存在异常核型。值得注意的是, 这些异常核型中均未检出 t(12;21)(p13;q22) 易位, 但有 3 例异常核型与 12 号染色体短臂 p13 位点相关。

结论 本研究结果表明, FISH 技术在检测 ETV6::RUNX1 融合基因方面具有较高的敏感度。同时, FISH 信号类型以及染色体核型分析在 ETV6::RUNX1 阳性儿童 B-ALL 的遗传学特征评估中发挥着重要作用, 为临床诊断和治疗提供遗传学依据。

PO-2760

血浆 mcfDNA 宏基因组二代测序揭示血液病与造血干细胞移植患者病原谱特征

马秀娟¹、王芳¹、韩璐优¹、方芳¹、刘红星^{1,2}

1. 河北燕达陆道培医院检验医学科

2. 北京陆道培血液病研究院精准医学中心

目的 宏基因组二代测序(mNGS)是一种基于高通量测序平台对临床样本中的全部微生物基因组进行

测序的实验室诊断技术。应用 mNGS 技术检测血浆 mcfDNA 揭示血液病与造血干细胞移植患者感染病原谱特征，对于流行病学研究、感染的拟诊、确诊和治疗都有重要意义。

方法 回顾性分析 2021-2023 年期间本院 497 例血液病患者与 2447 例造血干细胞移植患者非连续送检的 5248 例外周血样本 mNGS 检测结果。

结果 病毒是血液科（52.29%）和移植科（58.45%）患者感染的主要病原体，排在前三位的分别为人巨细胞病毒(CMV)、细环病毒(TTV)和人疱疹病毒 4 型(EBV)。细菌检出两组以 G-菌为主，血液科 G-菌检出占比 21.81%，其中最常见的是铜绿假单胞菌（26.06%，49/188）。移植科 G-菌检出占比 22.13%，其中最常见的为大肠埃希菌（22.36%，297/1328）。在移植科患者中大肠埃希菌检出率明显高于血液科（OR=0.594，95%CI:0.400-0.883, P=0.009），秋冬季高发。两组中 G+球菌检出均以屎肠球菌为主，春季高发。曲霉菌是血液科(35.52%)与移植科(42.03%)检出最多的致病真菌，主要致病物种为烟曲霉和黄曲霉。血液科与移植科真菌感染谱不同，血液科排前三位的致病真菌分别为曲霉菌属、耶氏肺孢子菌和小孢根霉；移植科排前三位的致病真菌分别为曲霉菌属、热带念珠菌和微小根毛霉；血液科耶氏肺孢子菌感染率较移植科高（10.93% VS 3.59%，P<0.001）。在 118 例疑似肺孢子菌肺炎的患者中，血浆 mNGS 诊断耶氏肺孢子菌肺炎的灵敏度为 89.28%（25/28），特异度为 92.22%（83/90），阳性预测价值为 78.12%（25/32），阴性预测价值为 96.51%（83/86），Youden 指数为 81.5%，具有临床诊断价值。mNGS 检出病原菌(包含细菌和真菌)阳性率为 41.68%，明显高于血培养阳性率（8.76%，P=0.000）。除了常见的细菌、真菌和病毒外，mNGS 检出分枝杆菌、立克次体与寄生虫等特殊病原。

结论 在血液科与移植科血流感染患者中，病毒感染高于细菌和真菌。血液科与移植科细菌和真菌感染谱不同，细菌感染存在季节性差异；除此之外，血浆 mNGS 对于诊断耶氏肺孢子菌肺炎具有较好的诊断效能。mNGS 具有覆盖病原广、特异性强等特点，不受限于病原活性、培养特性等因素影响，在临床少见、特殊病原的感染诊断方面具有显著优势。

PO-2761

外周血中出现破碎红细胞的患者的临床特征分析

汪智琼、刘娴、隗佳、孟凡凯、黄丽芳
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 探讨外周血中出现破碎红细胞的患者的临床资料及特征分析。

方法 对华中科技大学同济医学院附属同济医院 2019 年—2022 年，收治的 65 例外周血中出现不同比例破碎红细胞的患者的临床资料进行回顾性分析。

结果 结果 65 例患者中 34 例女性，31 例男性，年龄为 14 岁~74 岁，其中 TTP 患者 32 例，TMA 患者 33 例。破碎红细胞的比 2%-35%，其中≤3%有 13 例，3%-10%有 40%，≥10%有 12 例。其中 53 例进行血浆置换，随访有 10 例死亡。实验室检查的白细胞计数(WBC)（0.01-40.56）×10⁹/L，其中（0.01-4）×10⁹/L 有 26 例，（4-10）×10⁹/L 有 28 例，（10-40.56）×10⁹/L 有 12 例。血红蛋白(Hb)（38-97）g/L。血小板计数(PLT)（3-287）×10⁹/L，其中（3-50）×10⁹/L 有 53 例，（50-100）×10⁹/L 有 7 例，（100-287）×10⁹/L 有 5 例。乳酸脱氢酶(LDH)正常仅 2 例，245-1000U/L 有 44 例，≥1000U/L 有 19 例。破碎红细胞百分比，在疾病治疗前后变化明显，具有疗效评估价值。

结论 重视外周血涂片寻找破碎红细胞的直观实验室指标，结合临床病史及实验室检查，尽快早期诊断并及时进行血浆置换，可能让患者更好获益。

PO-2762

血液系统疾病外周血细胞形态学检验的临床价值研究

汪智琼、刘娟、隗佳、孟凡凯、黄丽芳
华中科技大学同济医学院附属同济医院血液内科

目的 探讨血液系统疾病外周血细胞形态学检验的临床价值。

方法 回顾性分析 2019 年 6 月至 2021 年 6 月华中科技大学同济医学院附属同济医院血液内科收治的血液系统疾病患者，只单独进行外周血细胞形态学检验的标本 1097 例，通过住院信息系统及 LIS 系统收集患者临床资料、血常规结果、外周血细胞形态学检验结果。

结果 本研究 127 例为干细胞采集物计数，145 例为临床试验标本，ALL 项目和 CML 项目，参与患者分别是 3 名、5 名。825 例为临床患者包括初诊患者 214 例和复诊患者 611 例。初诊患者男性 105 例，女性 109 例，年龄（12-93）岁，37 岁至 60 岁间的患者占 46.7%，恶性血液病的诊断如：AML、ALL、CML、淋巴瘤、MDS/MPN、浆细胞疾病共 38 人，占 17.6%，以单纯贫血为主要外周血细胞形态学表现的患者最多，占 25.7%，其次是贫血合并血小板减少以及破碎红细胞增多的患者，均占 11.2%。初诊患者血常规：WBC(0.15-344)×10⁹/L，Hb(31-194)g/L，PLT(3-841)×10⁹/L。WBC 正常的患者最多，占 44.9%，中度贫血的患者最多，占 53.7%。PLT 正常的患者最多，占 35%，其次 PLT<50×10⁹/L 的患者占 33.6%。复诊患者 611 例标本，以 AML 患者最多，其次是 ALL，然后是淋巴瘤及 MDS，外周血结果评判为疾病未缓解，阳性率分别是 42.1%、33.3%、32.6%、42.3%。复诊患者血常规：WBC(0.01-231)×10⁹/L，Hb(9-220)g/L，PLT(1-1185)×10⁹/L。WBC<4.0×10⁹/L 最多，其中 WBC<1.5×10⁹/L 患者占 25.4%，中度贫血的患者最多，占 64.3%，PLT<50×10⁹/L 的患者最多见，占 57.3%。

结论 无论是初诊患者还是复诊患者，无论是血液系统恶性疾病还是血液系统相关疾病，外周血形态学检验都具有重要的临床价值，是目前任何一项技术都无法完全取代的检测手段。

PO-2763

数字 PCR 检测纳基奥仑赛 CAR-T 方法学的建立及临床检测意义的初步探讨

王继英、马娇、王慧君、肖志坚、姚瑶
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 建立数字 PCR（ddPCR）检测纳基奥仑赛 CD19 CAR-T 细胞治疗产品的方法，为临床治疗提供实验依据。

方法 ① 设计靶标区域特异性引物、探针组合进行性能验证：精密度、空白检测限、最低检测限、检测线性范围。② 比较 ddPCR 与 RT-PCR 方法的精密度。③ 检测应用纳基奥仑赛 CAR-T 细胞的临床样本，探讨临床意义。

结果 ① 检测 4 个不同水平的 CAR-T 样本，结果显示批内精密度和总精密度高，在低水平（0.609%）时批内精密度 CV=16.380%，总精密度 CV=16.442%，具有良好的重复性。② 检测方法的空白检测限为 1 个阳性微滴，检测下限分别为 0.005%、3 个拷贝。③ 检测的线性范围为 0.05%-60.82%。④ ddPCR 检测结果的均值±标准差、CV 值分别为 243±15、6.321%，RT-PCR 为 195±18、9.483%，ddPCR 结果的 CV 值小于 RT-PCR 结果。⑤ 3 例达到缓解和 4 例未缓解患者载体拷贝数扩增峰值的百分比均值分别为 55.60% vs. 13.02%，峰值扩增时间的均值分别为 13 天 vs. 10 天，峰值相对于第 4 天载体拷贝数倍数的均值分别为 38 倍 vs. 29 倍。

结论 (1) 该引物探针组合可以准确检测纳基奥仑赛 CAR-T 患者体内的载体拷贝数，为患者的疾病

治疗提供理论依据。(2) 初步发现 CAR-T 治疗后达到缓解患者载体拷贝数峰值、峰值扩增时间、峰值相对于 D4 载体拷贝数的倍数均高于效果不佳患者。

PO-2764

由 APTT 延长纠正实验发现低凝血酶原血症-狼疮抗凝物综合征 1 例并文献复习

王晶淼、姜中兴
郑州大学第一附属医院

目的 探讨低凝血酶原血症-狼疮抗凝物综合征 (HLAS) 的实验诊断特点, 加强对低凝血酶原血症-狼疮抗凝物综合征 (HLAS) 的认识。

方法 回顾性分析 1 例我院收治的由 APTT 延长纠正实验从而诊断为低凝血酶原血症-狼疮抗凝物综合征患者的临床资料, 分析患者的临床实验特点, 并结合文献进行复习。

结果 该例患者因反复鼻出血入院, 凝血检查: APTT 128.7 秒显著延长, PT 25.7 秒轻度延长。APTT 延长纠正试验发现 APTT 不纠正, 提示存在狼疮抗凝物或其他因子抑制物可能性大, 进一步行狼疮抗凝物和凝血因子检测, 狼疮抗凝物强阳性, 检测凝血因子 II、VIII、IX、XI、XII 均提示显著降低, 随着稀释度增加, II 因子结果无明显变化, 内源性因子均有所升高, 但未到正常水平, 提示受非特异性抗体干扰, 考虑为狼疮抗凝物的干扰, 同时使用狼疮检测确认试剂进行 FVIII、FIX、FXI 定标后检测患者血浆 FVIII、FIX、FXI 活性均升高, 提示内源性凝血因子活性不低。最后考虑该病例为低凝血酶原血症-狼疮抗凝物综合征 (HLAS)。

结论 HLAS 是一种狼疮抗凝物 (LA) 阳性伴有凝血因子 II 降低的疾病, 机制是存在高滴度的抗磷脂抗体, 抗凝血酶原抗体结合 II 因子并对其清除, 而不是抑制 II 因子活性。因此患者 II 因子降低而 PT 延长可纠正。患者自身抗体检测结果为阳性, 最终考虑诊断为继发性血小板减少症、HLAS、SLE, 最后至风湿免疫科就诊。

PO-2765

儿童脑脊液中发现正常前体 B 淋巴细胞 1 例

高风彩
郑州大学第一附属医院

目的 B-ALL 患者流式细胞仪检测脑脊液, 评估脑脊液中是否有异常幼稚细胞。

方法 7 岁, 男性患者。2023.07.06 因“间断发热 8 天”入院, 血常规(急): 白细胞计数 $29.90 \times 10^9/L$, 血红蛋白 126.0 g/L , 血小板计数 $158 \times 10^9/L$ 。骨髓细胞形态及细胞化学染色: 急性淋巴细胞白血病。

免疫分型: 急性 B 淋巴细胞白血病 (Com-B-ALL)。融合基因: BCR-ABL-P190 阳性; BCR-ABL 190/ABL 96.04/100; FISH: BCR/ABL 阳性; 染色体: 46, XY[20]; 血液肿瘤全转录组: 融合基因 1 级 BCR-ABL1 p190、IKZF1-chr7 阳性, 2 级 PAX5-ZCCHC7 阳性。明确诊断为“急性 B 淋巴细胞白血病”。依次行 VDLP、CAM、CAML、HD-MTX (3.5g) +6-MP、HD-MTX (3.5g) +6-MP, 期间预防中枢神经系统白血病, 行 5 次腰椎穿刺+三联鞘注髓外预防; 2023-12-28 行腰椎穿刺, 脑脊液生化+常规: 外观无色, 清晰, 无凝块, 蛋白定性阴性; 内皮细胞计数 0, 体液有核细胞数 0, 白细胞计数 0, 红细胞计数 0。葡萄糖 3.70 mmol/L , 氯 122.4 mmol/L , 谷草转氨酶 13 U/L , 乳酸脱氢酶 21 U/L , 乳酸 1.50 mmol/L , 脑脊液白蛋白 109.00 mg/L , 脑脊液白蛋白 44.30 mg/L ; 脑脊液甩片: 未见幼稚细胞。脑脊液流式细胞学: 2ml 脑脊液中共获取 294 个有核细胞。CD19+B 细胞占

全部有核细胞 5.782%，表型为 CD34-CD19+CD10+CD38+CD20-CD123-CD58-CD45dim+，符合前体 B 淋巴细胞表型。患者未诉中枢神经系统浸润的任何临床症状；隔天复查脑脊液流式未见 CD19+CD10+CD38+细胞。随访半年时间，患者行 3 次腰椎穿刺+三联鞘注髓外预防，均未见幼稚细胞，且无患者未诉中枢神经系统浸润的任何临床症状。

结果 脑脊液中出现 CD34-CD19+CD10+CD38+CD20-45dim+前体 B 淋巴细胞，排除了机器污染的原因。David Schafflick 发表文章"Single-cell profiling of CNS border compartment leukocytes reveals that B cells and their progenitors reside in non-diseased meninges"为此结论提供理论基础。脑脊液大部分是血浆的超滤液，儿童化疗后骨髓增殖旺盛，骨髓中可出现前体 B 淋巴细胞多达有核细胞 30%以上，推测其可释放至血液并通过血脑屏障出现在脑脊液中。

结论 儿童骨髓增殖旺盛，骨髓恢复期可有前体 B 淋巴细胞至血液循环及脑脊液中。

PO-2766

流式细胞术检测急性 B 淋巴细胞白血病患儿脑脊液 对于诊断中枢神经系统白血病的临床意义

唐雪、麦惠容、刘四喜、付笑迎、文飞球
深圳市儿童医院

目的 中枢神经系统白血病是导致儿童白血病预后不良的主要原因之一。我们旨在比较细胞形态学和流式细胞术诊断中枢神经系统白血病的灵敏度，强调流式细胞术在诊断中枢神经系统白血病过程中的重要性。

方法 本研究共纳入 165 名新确诊的急性淋巴细胞白血病患者，采集初次诊断的脑脊液样本进行流式细胞术检测和细胞形态分析。所有患者在诊断白血病时均进行了头颅 CT 或磁共振检查。损伤性腰穿的患儿在诱导治疗期间额外接受了两次三联鞘内注射。我们比较了流式细胞术和细胞形态学检查在诊断 CNSL 儿童方面的敏感性。

结果 128 份(77.58%)脑脊液标本经 CM 或 FCM 检测均为阴性，4 份(2.42%)脑脊液标本经 CM 和 FCM 检测均为阳性，33 份(20%)脑脊液标本经 FCM 检测为单一阳性 ($p=0.044$)。通过在诱导治疗中增加 2 次鞘内注射，10 例 TLP 患儿与 TLP 患儿一样无 CNS 复发。但与 CNS1 和 TLP 相比，CNS2 和 CNS3 患者的无事件生存(EFS)无明显改善。CNSL 状态与 3 年 EFS 显著相关($p < 0.05$)。

结论 与细胞形态学分析相比，流式细胞术检测脑脊液对中枢神经系统状况进行分级诊断更为准确。与此同时，为了提高儿童白血病的总体生存率，有必要将细胞形态学检查、流式细胞术检查和头颅 CT/MRI 检查结合起来，以便更早诊断中枢神经系统白血病。

PO-2767

常规核型分析和荧光原位杂交技术检测 多发性骨髓瘤细胞遗传学异常

蒋如如、董海波、袁翠英
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 本研究的旨在通过常规核型分析和荧光原位杂交技术检测多发性骨髓瘤患者的细胞遗传学和分子遗传学特征并进行比较分析。

方法 对 327 例 MM 患者进行细胞遗传学分析，所有患者均进行常规核型分析和荧光原位杂交(FISH)检测，FISH 对一组探针进行评估，包括 1q21/1p32、p53、IGH、IgH/CCND1、

IgH/FGFR3、IgH/MAF、IgH/CCND3、IgH/MAFB。

结果 81% (264/327) 的患者核型正常, 19% (63/327) 的患者核型复杂并伴有各种结构和数值异常, 其中超二倍体核型占 9% (n=30), 非超二倍体核型占 8% (n=25)。所有核型中常见的异常染色体为 1、3、5、6、9、14 和 19 号染色体, 其中以 1 号染色体长臂扩增最为常见。FISH 分析显示 62% (203/327) 患者存在染色体异常, t(4;14)/IgH::FGFR3 是最常见的异常 (36%), 其次是 1 号染色体长臂 (1q21) 扩增 (64%)。对于核型正常的患者, FISH 显示 58% 的染色体异常; 而对于 FISH 正常的患者, 11% 患者存在核型异常。

结论 MM 的核型分析和 FISH 分析各提供独特的信息。对于大多数患者来说, 同时进行这两项检查可为患者提供更好的预后和治疗方式。

PO-2768

恶性血液病患者外周血淋巴细胞亚群统计分析和临床意义

章亚明

贵州医科大学附属医院

目的 探讨恶性血液病患者外周血淋巴细胞亚群的变化及临床意义。

方法 采用流式细胞术检测 114 例恶性血液病患者外周血 T、B、NK 细胞的水平。

结果 114 例恶性血液病患者组与健康对照组比较, 外周血中 CD16+CD56+NK 百分比、CD8+百分比明显高于对照组 ($P<0.05$); CD19+百分比明显降低 ($P<0.05$)。其中恶性血液病患者组中差异较明显的有淋巴瘤、弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL)。慢性髓细胞白血病 (CML) 的 CD3+百分比、CD8+百分比、CD16+CD56+百分比、CD4+百分比均明显低于对照组 ($P<0.05$); CD19+百分比明显高于对照组 ($P<0.05$)。骨髓增生异常综合症 (MDS) 总 CD3+百分比明显高于对照组 ($P<0.05$); CD19+百分比明显降低 ($P<0.05$)。

结论 恶性血液病患者外周血淋巴细胞亚群百分比发生变化, 为临床了解患者免疫功能、病情变化及其治疗方案的选择方面提供一定的价值。

PO-2769

凝固曲线波形分析参数参考区间的建立及临床应用

闫彬^{1,2,3}、胡天喜^{1,2,3}、翟素平^{1,2,3}、杜伟鹏^{1,2,3}

1. 南阳市中心医院

2. 南阳市检验医学精准检测与应用工程技术研究中心

3. 南阳市血栓与止血重点实验室

目的 建立凝血酶原时间 (PT)、活化部分凝血活酶时间 (APTT)、凝血酶时间 (TT) 的凝固曲线波形分析 (CWA) 参数最大反应速度 |Min1|、最大反应加速度 |Min2|、最大反应减速度 |Max2| 的参考区间, 并分析其在血栓性疾病和狼疮抗凝物阳性患者中的变化。

方法 选择 2023 年 8 月至 2024 年 5 月在我院健康管理中心体检的常规凝血检查正常而无其他凝血功能障碍的表观正常人 220 例, 利用沃芬 TOP750 血凝检测平台测定 PT、APTT 和 TT, 记录各项的 CWA 参数用于建立参考区间。同时收集 26 例血栓性疾病患者、15 例狼疮抗凝物 (LA) 阴性, 7 例 LA 阳性患者的标本用于分析其 CWA 参数的改变。

结果 (1) PT 的 |Min1| 参考区间为 340.14 ± 84.51 , APTT 的 |Min1|、|Min2|、|Max2| 参考区间分别为 222.76 ± 47.84 、 836.30 ± 183.11 、 -413.30 ± 78.04 , TT 的 |Min1|、|Min2|、|Max2| 参考区间分别为 157.04 ± 32.33 、 442.19 ± 105.54 、 -182.96 ± 43.78 。(2) 血栓性疾病患者的各项

CWA-APTT 参数活性水平均显著低于健康对照组 (P 均 <0.01)；(3) LA 阳性患者 APTT 的 |Min2| 水平显著低于 LA 阴性组 (312.82[173.49,590.29] vs 878.05[640.18,1050.02], P <0.01)，而 LA 阳性患者的 |Max2| 水平显著高于 LA 阴性组 (-144.46[-341.77,-60.33] vs -421.86[-521.96,-376.90], P <0.01)。两组在其它凝血常规 CWA 参数之间的差异无统计学意义 (P >0.05)。

结论 首次基于沃芬品牌建立了 CWA 参数的参考区间，不同品牌血凝仪的 CWA 参数参考区间不同。CWA 参数可以协助对血栓性疾病患者的诊疗，基于 CWA 参数判断狼疮抗凝物有望成为新的发展方向。

PO-2770

新型荧光染料 DRAQ5 用于成人急性淋巴细胞白血病 DNA 含量分析的研究

朱焕玲¹、肖蓉²、蒋能刚¹

1. 四川大学华西医院
2. 四川省人民医院

目的 通过免疫表型和光散射特性，多参数流式分析新型荧光染料 DRAQ5 染色检测 ALL 白血病细胞 DNA 含量的最佳化方法，及成人 ALL 的非整倍体检出率，G0/G1、S+G2M 期细胞分布情况，与免疫表型及临床资料的关系。

方法 对 73 例 ALL 患者骨髓细胞进行免疫表型分析；用 DRAQ5 染色骨髓细胞，通过 CD45 / 侧向角散射光强度(ssc)设门识别幼稚细胞，测定 DNA 含量，对其 DNA 指数、细胞周期及其临床资料进行分析。

结果 73 例成人初治 ALL，中位年龄 45 岁。ALL 异倍体检出 12 例 (16.4%)，外周血白细胞计数 (WBC) 在 $2.4-116.7 \times 10^9$ ， $> 50 \times 10^9$ 有 10 例，低倍体 6 例，二倍体 4 例； $< 50 \times 10^9$ 有 63 例，其中 9 例是低倍体。Ph 染色体阳性 9 例，低倍体 4 例。异倍体和二倍体在性别、年龄、外周血白细胞数目、Ph 染色体检出率没有统计学的差别。DRAQ5 联合 CD45 染色白血病细胞计数 (%) 在 16%-84%，FCM 免疫表型法白血病细胞计数 (%) 在 22%-94%，FCM-DNA 检测到白血病细胞的百分比与 FCM 免疫表型显示的白血病细胞百分比有着良好的相关性 ($R^2=0.97$)。73 例成人初治 ALL 中 T 系 16/73 (21.9%)，B 系 57 例 (78.1%)。T-ALL 异倍体检出率 31% (5/16)，B-ALL 的异倍体检出率 12% (7/57)，两者 P <0.05 ，有统计学意义。B-ALL 和 T-ALL 的 DI 值高于对照组 (均 P <0.05)，T-ALL 的 DI 值高于 B-ALL (P <0.05)。异倍体组 PI 值高于二倍体组与对照组 (P <0.05)，B-ALL 和 T-ALL 的 PI 值显著高于对照组 (均 P <0.05)。61% 的 ALL CD34 阳性，CD34 阳性在亚二倍体 70%，二倍体 62%，超二倍体 0% (P <0.05)，差异有统计学意义。

结论 成人 ALL 非整倍体检出率明显低于儿童，且以亚二倍体为主，超二倍体检出率低。B-ALL 和 T-ALL 的 DI 值、PI 值显著高于正常对照组，异倍体组 PI 值高于二倍体组与对照组，T-ALL 的 DI 值高于 B-ALL，T-ALL 异倍体检出率高，临床上 T-ALL 预后差于 B-ALL 可能与这有关。FCM-DNA 检测到白血病细胞的百分比与 FCM 免疫表型显示的白血病细胞百分比之间有良好的相关性。DRAQ5 与免疫分型同时进行，可直接用于活细胞，快速的筛选初治 ALL 患者 DNA 含量异常，简化了操作步骤及流程，在治疗前能够提供有效信息对预后进行评估。

PO-2771

一种鉴别 SBDS 真假基因辅助诊断 Shwachman-Diamond 综合征的方法

监立强、朱颖、赵咪、孙岐峰、梁超、温继微
迪安诊断血液事业部

目的 本研究旨在精确鉴别 Shwachman-Diamond 综合征 (SDS) 中 SBDS 基因的变异。SDS 是一种罕见的遗传性疾病，其特征包括骨髓衰竭、胰腺外分泌功能不全以及生长发育异常，其分子机制主要与 SBDS 基因变异有关。由于 SBDS 基因与其假基因 SBDSP1 之间存在高度同源性，使得对 SBDS 基因的准确分析变得复杂。本研究结合生物信息学算法和 Sanger 测序技术，建立了一套精准鉴别 SBDS 真假基因的检测方案。

方法 在 2024 年 1 月至 4 月期间，收集了 6 例确诊为 SDS 患者的样本。实验流程包括：提取 DNA，采用 NGS 技术进行基因组分析，并设计针对 SBDS 基因的特异性引物进行 PCR 和 Sanger 测序进行辅助验证。数据分析：本实验室自主开发的 NGS 生物信息学分析流程用于检测位点变异及拷贝数变异，通过分析 SBDS 基因及其假基因对应 Reads 上的碱基变化，结合 Sanger 测序结果，排除了假基因干扰或染色体缺失对 SBDS 基因变异分析的影响。

结果 利用 IGV 软件对真假基因特定位点进行分析比对，确认了 6 例临床样本中 SBDS 基因变异的真实性。通过公司自主研发的 CNV 检测流程与 Sanger 测序结果的辅助验证，进一步提高了 SBDS 基因变异检测的准确性。此外，研究还发现假基因的干扰可能导致 NGS 数据分析中 SBDS 基因变异频率的偏差。

结论 本研究表明，结合生物信息学算法和 Sanger 测序技术，可以有效辅助临床进行 SDS 的鉴别诊断，为该综合征的分子诊断提供了一种新的策略。

PO-2772

免疫固定电泳在继发性单克隆免疫球蛋白血症诊断中的作用

朱颖、黄蓉、王丹、晋豆豆、梁超、温继微
迪安诊断血液事业部

目的 本研究的目的是评估免疫固定电泳 (IFE) 在诊断继发性意义未明的单克隆免疫球蛋白血症 (sMGUS) 中的作用，并分析 sMGUS 对多发性骨髓瘤 (MM) 患者预后的影响。

方法 本研究选取了 2024 年 1 月-2024 年 4 月接收到 689 例诊断为多发性骨髓瘤的患者作为研究对象。通过采集患者的血清样本，使用免疫固定电泳技术对样本中的单克隆蛋白进行定性分析。同时，收集包括治疗历史、疾病进展情况等临床资料作为辅助参考。

结果 在 689 例诊断为多发性骨髓瘤的患者中，通过 IFE 技术识别出 3 例患者在治疗后出现了与原始克隆不同的新的单克隆蛋白条带，符合 sMGUS 的诊断标准。这些 sMGUS 患者的单克隆蛋白浓度普遍较低，多数情况下仅能通过高灵敏度的 IFE 技术检测到。但在某些情况下，其存在与更好的治疗反应和较长的生存时间相关。

结论 免疫固定电泳是一种敏感且特异的技术，能够有效地检测和区分 sMGUS 相关的新型单克隆蛋白。sMGUS 的出现可能作为 MM 患者治疗反应和预后的生物标志物。然而，sMGUS 的具体机制和其对预后的确切影响仍需进一步研究。

PO-2773

KMT2A::MLLT3 融合基因阳性急性髓系 白血病临床特征及预后研究

胡瑞萍、石秀敏、李佩桐、张曦、高素君
吉林大学第一医院

目的 探讨 KMT2A::MLLT3 融合基因阳性初治急性髓系白血病 (acute myeloid leukemia AML) 患者的临床特征及预后。

方法 回顾分析 40 例 KMT2A::MLLT3 融合基因阳性初治成人 AML 患者资料, 分析其实验室、临床特征及预后特点。

结果 40 例患者中男性 18 例, 女性 22 例, 中位年龄 40 岁。根据 FAB 分型, M2 3 例, M4 13 例, M5 24 例。39 例患者染色体核型分型成功, 其中 t(9:11)(p22;q23)异常 23 例 (57.50%), 正常核型 11 例, 其他核型 5 例, 最常见的附加染色体异常为+8, t(9:11)(p22;q23)异常患者中 3 例为复杂核型。初诊时骨髓中位原始细胞 88.5% (37%~99%), 中位 WBC 13.15 ×10⁹/L(0.43×10⁹~263.17×10⁹), 中位 Hb 79g/L(42g/L~141g/L), 中位 PLT 40×10⁹/L(6×10⁹/L~135×10⁹/L)。12 例患者确诊白血病前曾患其他恶性肿瘤, 距确诊白血病的平均间隔时间约 2 年。26 例患者进行血液病相关基因突变 NGS 检测, 14 例患者检测到 12 种基因共 21 种不同类型突变, 其中以 NRAS 和 KRAS 突变最为常见。25 例患者接受常规治疗, 第一疗程达到完全缓解者 13 例(52.00%), 未缓解者 11 例(44%)。20 例化疗的患者仅 2 例患者随访中, 分别为治疗后 9 个月和 6 个月, 其余由于治疗欠佳均于 1 年左右放弃治疗或死亡。有 5 例患者进行了造血干细胞移植, 其中 1 例为脐血移植, 4 例为异基因移植, 4 例放弃治疗或死亡, 另外 1 例移植后 2.5 年, MRD 阴性, 随访中。

结论 t(9:11)(p22;q23)易位形成 KMT2A::MLLT3 融合基因, 是涉及 11q23 所有遗传学异常中唯一归为中危组的类型, 多为年轻患者, FAB 分型以 M4、M5 居多, 最常见的附加染色体异常为+8, 基因突变以 NRAS 和 KRAS 突变最为常见。患者总体生存期短, 造血干细胞移植是唯一可获得长生存的可能。此外约 30%患者曾于确诊白血病前患其他恶性肿瘤, 是否与治疗相关, 有待进一步扩大样本研究。

PO-2774

游离轻链动态监测在多发性骨髓瘤及 AL 淀粉样变性 疾病管理中的重要性

朱颖、黄蓉、李雅卓、张迦勒、马鑫宇、梁超、温继微
迪安诊断血液事业部

目的 动态监测游离轻链 (Free Light Chains, FLCs) 对于多发性骨髓瘤 (Multiple Myeloma, MM)、AL 淀粉样变性 (Amyloid Light-chain Amyloidosis, AL) 等疾病的进展和治疗反应的评估至关重要。本研究旨在探讨 FLCs 动态监测在疾病管理中的重要性, 并展示其在临床实践中的应用价值。

方法 本研究采用乳胶增强免疫分析法对患者血清中的 κ 和 λ 游离轻链进行定量检测, 以获得血清中 κ 和 λ 游离轻链的浓度。测定结果通过动态折线图的形式进行可视化展示, 以实现对患者 FLCs 水平变化的直观展示和深入分析。

结果 动态监测显示 FLCs 水平随时间的显著变化, 这些变化与疾病的活动性、治疗反应和预后紧密相关。κ 和 λ 轻链的绝对水平变化反映了疾病负担的动态变化, 而 κ/λ 比值的变化有助于识别单克隆 FLCs 的产生, 这对于 MM 和 AL 的诊断和分型至关重要。差值 (dFLC) 的动态变化为评估治疗

效果提供了敏感指标，特别是在治疗初期和疾病复发时。动态折线图清晰地展示了这些参数随时间的波动，使得医生能够及时调整治疗方案，实现个性化治疗。

结论 FLCs 的动态监测并采用动态折线图进行报告，为临床医生提供了一个强有力的工具，以实现 MM、AL 等疾病的精确监测和管理。这种方法提高了对疾病进展的敏感性，并增强了治疗效果的评估能力，从而为患者提供了更加个性化和精准的治疗方案。动态监测 FLCs 已成为疾病管理中不可或缺的一部分，对于改善患者预后和生活质量具有重要意义。

PO-2775

数字 PCR 检测 BCR::abl 融合基因在慢性髓系白血病 MRD 监测中的应用

朱颖、程明、翟梓颖、刘淑洁、梁超、温继微
迪安诊断血液事业部

目的 慢性髓系白血病（CML）是一种与 BCR::ABL 融合基因相关的骨髓增生性疾病。本研究旨在探讨数字聚合酶链反应（Digital Polymerase Chain Reaction, dPCR）技术在检测 BCR::ABL 融合基因方面的应用，并评估其在 CML 的 MRD 监测中的价值。

方法 本研究纳入了一组经诊断并接受标准治疗的 CML 患者。在治疗过程中，定期收集患者的血液样本，并使用 dPCR 技术对 BCR::ABL 融合基因的表达水平进行定量分析。通过监测 BCR::ABL 基因的拷贝数变化，评估其与疾病复发的相关性。

结果 dPCR 技术在检测 BCR::ABL 融合基因方面展现了出色的灵敏度和精确度。在本研究中，dPCR 技术能够检测到低至每毫升血液中少数几个拷贝数的 BCR::ABL 融合基因。通过持续监测，发现在 CML 患者复发前，BCR::ABL 基因拷贝数出现上升，这一变化先于临床复发病状数月出现。这些发现为使用 dPCR 作为 CML 的 MRD 监测方法提供了科学依据。

结论 dPCR 技术在检测 BCR::ABL 融合基因方面具有显著优势，能够提前预测 CML 的复发。这一技术的应用有望为 CML 患者的个性化治疗和疾病管理提供重要信息，有助于改善治疗效果和患者预后。后续研究将进一步验证 dPCR 在 MRD 监测方法的临床应用价值，并探索其在其他血液疾病中的潜在应用。

PO-2776

染色体核型分析在儿童急性淋巴细胞白血病诊断及预后判断中的价值

陈春英、王妍、陈志青、闫鑫森、王福微、梁超、温继微
迪安诊断血液事业部

目的 探讨染色体核型分析在儿童急性淋巴细胞白血病（ALL）诊断及预后判断中的价值。

方法 收集 30 例初诊为淋巴细胞白血病（ALL）并经流式细胞免疫分型诊断为 ALL 的患儿临床资料，并对其进行 G 显带染色体核型分析。

结果 30 例 ALL 患者中共检测出 19 例染色体异常核型（63.33%），其中 9 例为超二倍体核型（47.37%），涉及染色体数目及结构异常，同时存在增加 1 条或多条 21 号染色体。10 例为二倍体核型（52.63%），涉及染色体结构异常。10 例结构异常的核型中 1 例存在 t(4;11)，1 例存在 t(4;12;21)，1 例存在 t(1;19)，1 例存在 der(19)t(1;19)。

结论 超二倍体主要见于儿童 B-ALL，以 21 号染色体增加最多见。超二倍体组在所有组别中中位生存期最长，其次为正常核型，存在 t(4;11)中位生存期最短。染色体核型分析对儿童 ALL 的诊断及预后判断有重要的指导作用。

PO-2777

靶向建库应用于长片段测序的探索： 一项血友病的综合检测方案

刘博言¹、马思倩¹、许瑞霞²、江淼^{1,3}

1. 苏州大学附属第四医院（苏州市独墅湖医院）

2. 苏州贝康医疗器械有限公司

3. 江苏省血液研究所，国家血液系统疾病临床医学研究中心，国家卫生健康委员会血栓形成止血重点实验室，苏州大学附属第一医院

目的 血友病是较为常见的一类血液系统遗传病，目前对于导致约 40%血友病 A 的 F8 基因内含子 22 相关重组变异等大片段结构变异的检测仍存在挑战。本研究旨在以三代测序技术为基础，开发能识别所有血友病基因类型变异的检测方法，以代替传统方法的繁琐组合。

方法 基于 PacBio 长读长测序平台，探索建立了靶向血友病基因的综合检测方案。该方案包括一项基于寡核苷酸探针捕获的靶向富集技术和一种分析高度同源序列生物信息学方法，可以靶向富集 >5kb 的长片段测序文库，分析点突变和包括 F8 基因内含子 22 相关区域重组变异在内的各种结构变异。

结果 在 18 例检测样本中，使用该方案成功识别出血友病的致病位点，包括在血友病 A 家系中识别出 4 例 F8 单核苷酸变异、6 例 Inv22 Type I 及 2 例携带者、1 例 Inv22 Type II、1 例 int22 相关复杂变异，在血友病 B 家系中识别出 1 例 F9 单核苷酸变异、1 例 F9 基因缺失及 1 例缺失携带者。

结论 本研究突破了构建长片段靶向文库和分析高度同源区域的现有难题，为血友病的诊断和筛查提供了一套综合检测方案。该方案兼顾精确识别点突变和各类大片段结构变异，相比于其他检测方法组合，具有准确率高、操作简便等优势。

PO-2778

nCounter 基因表达谱对弥漫 大 B 细胞淋巴瘤的细胞来源分型的鉴定

胡东¹、周围²、舒思敏²、邱雪冰²、李小青¹、郑金娥¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 武汉康圣达医学检验所有限公司

目的 弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）具有高度异质性，不同细胞起源（COO）分型的金标准免疫组织化学 Hans 方法已无法满足临床分型诊断的需求。本研究旨在依据对弥漫大 B 细胞淋巴瘤（DLBCL）nCounter 基因表达谱的鉴定，在 Lymph2x 基因分型基础上，建立更有效的 DLBCL 分型方案。

方法 对 65 例 DLBCL 患者的 FFPE 样本，进行免疫组化（CD5，CD10，BCL6，MUM1）分析后，对样本进行 RNA 提取，利用 nCounter 数字基因表达谱技术检测 COO 分型相关的 48 个基因的表达量。在 Lymph2x 的 20 个基因的基础上，通过聚类分析新筛选了 6 个与 COO 分型密切相关的基因，建立了 26 个 COO 分型相关的基因表达谱。比较 Hans 方法和基因表达谱技术在 COO 分型上的符合率。

结果 应用免疫组化 Hans 分型检出 GCB 的患者为 52.63% (20/38), Non-GCB 为 47.37% (18/38)。应用 nCounter 26 个基因表达谱检出 GCB 的患者为 23/65 (35.38%), 检出 ABC 的患者为 40/65 (61.54%), 检出 unclassified 的患者为 2/65 (3.08%)。免疫组化 Hans 分型与优化的基因表达谱方法的符合率为 76.32% (29/38)。与文献报道的 Hans 分型方法的准确度 (80%) 一致。

结论 我们建立的 26 个基因表达谱可以应用于 DLBCL 的临床 COO 分型并辅助临床进行诊断和治疗。

PO-2779

An early warning indicator of mortality risk in patients with COVID-19: the NETs/ neutrophilic segmented granulocyte ratio.

Qiong Wang
无锡市人民医院

Objective We employed morphological observations of blood cells and statistical analyses to investigate the correlation between the NETs/neutrophilic segmented granulocyte ratio and mortality risk in patients with COVID-19.

Methods Peripheral blood samples were collected from 117 hospitalized patients with COVID-19 between November 2022 and February 2023, and various blood cell parameters were measured. Two types of smudge cells were observed in the blood and counted: lymphatic and neutral smudge cells. Statistical data analysis was used to establish COVID-19 mortality risk assessment indicators.

Results Morphological observations of neutrophilic smudge cells revealed swelling, eruption, and NETs formation in the neutrophil nuclei. Subsequently, the NETs/neutrophilic segmented granulocyte ratio (NNSR) was calculated. A high concentration of NETs poses a fatal risk for thrombus formation in patients. Statistical analysis indicated that a high NNSR was more suitable for evaluating the risk of death in patients with COVID-19 compared to elevated fibrinogen (FIB) and D-dimer (DD) levels.

Conclusion Observing blood cell morphology is an effective method for the detection of NETs, NNSR are important markers for revealing the mortality risk of patients with COVID-19.

PO-2780

成人胚胎性横纹肌肉瘤骨髓转移 1 例报道并文献复习

李威
河南省人民医院

目的 分析 1 例成人胚胎性横纹肌肉瘤骨髓转移患者的临床及实验室资料, 结合文献复习, 提高对该病的认识。

方法 分析河南省人民医院 2024 年 05 月 23 日收治的 1 例成人胚胎性横纹肌肉瘤骨髓转移患者的临床特征及诊疗经过, 并进行相关文献复习。

结果 患者, 女, 35 岁, 1 年前鼻咽右侧后壁占位, 确诊胚胎性横纹肌肉瘤, 因三系细胞减少, 为进一步治疗入院。结合患者入院后骨髓细胞形态学、流式细胞术、骨髓活检等辅助检查结果, 最终诊断为: 横纹肌肉瘤骨髓转移。

结论 胚胎性横纹肌肉瘤在成人人群中非常罕见，但是在儿童及青少年群体中常见。横纹肌肉瘤在早期即可通过淋巴结转移和血行播散发生转移，转移部位多为肝、肺、骨髓、骨等部位。怀疑患者发生骨髓转移时，影像学难以提供诊断性帮助，此时应完善骨髓穿刺行相关检查以明确诊断。

PO-2781

新型冠状病毒感染对恶性血液病患者骨髓细胞发育的影响

张艳、王萍萍
中国医科大学附属第一医院

目的 分析新型冠状病毒感染对恶性血液病患者骨髓细胞发育的影响。

方法 应用流式细胞术检测 70 例 1 个月内感染新型冠状病毒患者的骨髓各群细胞表达差异；其中明确诊断恶性血液病患者 40 例(淋巴瘤 12 例，浆细胞疾病 8 例，髓系肿瘤 20 例)，非血液病患者 30 例。恶性血液病所属系别不参与对应的系别分析（例如 B 淋巴瘤患者不分析其 B 细胞发育情况，只分析除 B 细胞外的其它类别细胞发育及表达情况）。

结果 与非血液病组相比，恶性血液病患者新冠感染后，CD34+CD117+CD33+CD13+ 向粒单方向发育的髓系祖细胞比例增高（ 1.12 ± 1.60 VS 0.20 ± 0.14 , $P=0.01$ ），CD14+CD64+ 成熟单核细胞比例增高（ 5.51 ± 4.50 VS 2.24 ± 1.27 , $P=0.02$ ），CD15+SSC++ 粒细胞系比例减低（ 54.61 ± 28.95 VS 59.70 ± 16.93 , $P=0.03$ ），CD20+CD19+ 成熟阶段 B 细胞比例减低（ 0.99 ± 0.94 VS 3.26 ± 2.51 , $P=0.02$ ）；向红巨系发育的祖细胞和 B 祖细胞、成熟阶段 T 细胞（CD3+CD4+,CD3+CD8+,CD3+CD4-CD8-）及有核红细胞在比例及平均荧光强度表达上，两组均无差别。

结论 恶性血液病患者新型冠状病毒感染后，与非血液病新冠感染者相比，骨髓中粒单系祖细胞及成熟单核细胞增殖发育较旺盛；B 系细胞可能发育缓慢；T 细胞因不在骨髓中发育，两组间无差别。

PO-2782

T 大颗粒淋巴细胞白血病 T 细胞受体重排的特点及临床意义

朱莉颖、金慧敏、吴雨洁、仇海荣、王琰、李建勇、范磊、乔纯
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 探讨 T 细胞受体（TCR）重排在 T 大颗粒淋巴细胞白血病（T-LGLL）中的特点和临床意义。

方法 收集江苏省人民医院血液科 2011 年至 2023 年 T-LGLL 患者标本 103 例、再生障碍性贫血（AA）18 例、纯红细胞再生障碍性贫血（PRCA）3 例和健康对照 30 例，采用 PCR 毛细管电泳法检测 TCR 重排，流式细胞术检测 T 细胞受体可变区亚家族（TCR $\nu\beta$ ）和 TCR β 链恒定区结构域蛋白（TRBC1）。

结果 在 T-LGLL 患者中，男 57 例（57/103，55.3%），女 46 例（46/103，44.7%），中位年龄为 61 岁（28-81 岁）。97.1%（100/103）的患者 TCR 基因重排检测阳性，其中发生率最高的为 TCR β 重排（95.1%，98/103），包括 TCR β （V-J）（42.8%，42/98）、TCR β （D-J）（15.3%，15/98）和两种 TCR β 重排方式同时检出（41.8%，41/98）；其次为 TCR γ 重排（47.6%，49/103）和 TCR δ 重排（4.9%，5/103）。流式细胞术检测 TCR $\nu\beta$ 和 TRBC1 克隆性表达分别为 84.2%（48/57）和 66.7%（28/42）。在非 T-LGLL 患者中，19.0%（4/21）的患者 TCR 重排阳性，分别为 TCR β 重排和 TCR γ 重排各 2 例；健康对照病例中未检测到 TCR 基因重排。与健康对照相比，T-LGLL 患者红细胞（RBC）和血红蛋白（HB）更低（ 2.89×10^{12} /L vs. 4.48×10^{12} /L, $P<0.001$ ； 91.92 g/L vs. 132.90 g/L, $P<0.001$ ），中性粒细胞（ANC）的数量和比例均较低

($1.80 \times 10^9/L$ vs. $3.76 \times 10^9/L$; 31.66% vs. 58.78%, $P < 0.001$), 淋巴细胞 (ALC) 的数量和比例均更高 ($5.15 \times 10^9/L$ vs. $1.99 \times 10^9/L$, $P = 0.005$; 70.83% vs. 31.90%, $P < 0.001$)。与只检测出一种 TCR β 重排方式相比, TCR β (V-J) 和 TCR β (D-J) 重排同时检出的 T-LGLL 患者 RBC 和 HB 更低 ($2.47 \times 10^{12}/L$ vs. $3.25 \times 10^{12}/L$, $P = 0.005$; 81.12 g/L vs. 101.21 g/L, $P = 0.001$), 而淋巴瘤 B 症状的发生率更高 (70.7% vs. 38.6%, $P = 0.022$)。

结论 PCR 毛细管电泳法检测 TCR 重排能够鉴定 T 细胞的克隆性, TCR β (V-J) 和 TCR β (D-J) 同时重排可能与贫血和淋巴瘤 B 症状相关。联合流式细胞术检测 TCR 的克隆性表达能提高对克隆性 T 细胞的检出率, 对 T-LGLL 的辅助诊断具有重要价值。

PO-2783

寡克隆实验室检测 1 例并文献复习

吴峰、张娟、徐守久、程宇、刘建勇、沈万青、陈学生、陈忠
北京海思特临床检验所有限公司

目的 通过临床一例寡克隆实验室检测实例, 进行文献复习, 回顾寡克隆出现的临床意义。

方法 血清免疫固定电泳

结果 患者男性, 54 岁, 进行血清免疫固定电泳检测, 检测结果显示参照带在 γ 区有两条异常条带, 在 IgG、IgM 泳道区和 Kappa 和 Lambda 泳道区分别有相应的条带, 貌似 M 蛋白带。那么这个异常条带是 M 蛋白带还是患者治疗后出现的寡克隆条带? 经查询患者临床信息, 临床诊断为急性髓系白血病, 造血干细胞移植术后, 移植后淋巴组织增生性疾病, 血清游离轻链比值在参考范围内。由此可以判断出该例检测结果为寡克隆。

寡克隆条带常出现在治疗引起的免疫缺陷 (如骨髓或器官移植); 自体免疫疾病 (如风湿性关节炎等) 和感染引起的免疫缺陷 (如病毒、细菌感染等)。

刘佳慧等人对多发性骨髓瘤 (MM) 患者出现寡克隆条带的研究发现接受 ASCT 的患者中 OB 的发生率显著高于未接受 ASCT 的患者, 出现 OB 的患者的预后显著优于未出现 OB 的患者。

有学者研究发现 MM 患者在造血干细胞移植后会出现不同于诊断时的 M 蛋白轻链或重链成分的新 M 蛋白即 Ig 同型转换和 (或) 寡克隆蛋白条带 (APB), 出现 APB 则提示预后良好。

结论 对移植患者的定期随访, 以及对 MM 治疗过程中新出现 APB 特点的解释及正确认识都将影响实验室的正确判断。因此, 实验室检测中对寡克隆的判断要结合临床信息和其他检测结果进行综合分析, 避免发生误判。

PO-2784

范可尼贫血实验室常用检测方法比较

张娟、刘晓曼、程宇、刘建勇、沈万青、陈学生、陈忠
北京海思特医学检验实验室有限公司

目的 范可尼贫血 (Fanconi anemia, FA) 是一种罕见的遗传性血液系统疾病, 患者除有出血倾向等典型再生障碍性贫血表现外, 还伴有多发性发育异常。本文对范可尼贫血实验室检测常用方法进行比较。

方法 血常规, 骨髓细胞形态学检查, 染色体断裂试验, 单细胞凝胶电泳实验, 基因测序

结果 血液和骨髓细胞形态学检查可以发现血液中单一细胞减少或者全血细胞减少, 骨髓象可见骨髓增生减低等现象, 需要与特发性血小板减少性紫癜和 MDS 进行鉴别诊断。

因为 FA 患者常存在染色体畸变情况，所以通过丝裂霉素 C 诱导的染色体断裂试验可以在显微镜下对染色体断裂和畸变情况进行形象直观的分析，可作为 FA 的首选筛查试验。

单细胞凝胶电泳实验（SCGE）可以对细胞内 DNA 的损伤程度进行快速和定量分析。具有操作快速，简便易行等特点，在实验室中应用较广。

FA 是由 FANC 基因突变所引发的单基因缺陷类疾病，目前已经发现 22 个 FANC 相关基因。采用一代和二代测序技术可以发现致病基因，对疾病进行明确诊断。由于目前二代测序技术已经很成熟，具有检测准确度高，覆盖面广等优势，因此目前此技术应用最广泛。

结论 范可尼贫血的实验室检测建议首选基因测序技术，如果实验室条件允许，开展染色体断裂试验、单细胞凝胶电泳实验可以辅助临床对 FA 进行明确诊断。

PO-2785

157 例急性早幼粒细胞白血病 PML-RARA 融合基因特征分析

杨利群、陈钦、于莹、何秋蓉
华银康集团

目的 回顾性分析 157 例急性早幼粒细胞白血病 PML-RARA 融合基因特征。

方法 收集 157 例急性早幼粒细胞白血病患者 56 种融合基因（白血病相关）检测结果，分析其融合基因特征。

结果 男性，82 例，女性，75 例，男：女约为 1.1：1，年龄 6-72 岁，中位年龄为 39 岁，157 例均行白血病相关 56 种融合基因筛查及 WT1 检测，其中 PML-RARA L 型基因阳性 91 例，约占 58.0%，PML-RARA S 型基因阳性 57 例，约占 36.3%；PML-RARA V 型基因阳性 8 例，占 5.1%；STAT5B-RARA 基因阳性 1 例，约占 0.6%；154 例 WT1 基因过表达，占 98.0%。

结论 急性早幼粒细胞白血病(APL)融合基因 PML-RARA L 型最常见，PML-RARA S 型次之，PML-RARA V 型相对少见，变异型罕见，绝大部分病例伴有 WT1 基因过表达。APL 临床表现凶险，发病时常合并弥散性血管内凝血，凝血功能异常导致死亡率升高，因此早期识别并及时治疗非常关键，且伴 ZBTB16-RARA 和 STAT5B-RARA 的 APL 对全反式维甲酸治疗无效，应进行较全面的融合基因筛查指导治疗。

PO-2786

多发性骨髓瘤 FISH 检测结合浆细胞标识的方法学对比研究分析

苏良焱
广西医科大学第一附属医院

目的 比较基于 CD138+磁珠分选富集浆细胞后的 FISH 检测（integrating enrichment fluorescence in situ hybridization; i-FISH）和浆细胞胞浆 κ/λ 轻链染色的 FISH（Cytoplasmic Immunoglobulin Fluorescence in Situ Hybridization; clg -FISH）检测多发性骨髓瘤 Mayo 危险度预后相关基因的方法学比较，并探讨两种 FISH 技术在分析判别多发性骨髓瘤患者的方法学上优劣。

方法 i-FISH 和 clg-FISH 检测技术分别检测 50 例多发性骨髓瘤患者的骨髓标本，双盲阅片，采用 ROC 曲线分析、配对样本 t 检验、单样本 t 检验进行差异性比较分析。以 P<0.05 为有显著性差异。

结果 1. ROC 曲线分析 AUC(i-FISH)>96.0；AUC（clg-FISH）>93.5，均渐近 95%的置信区间，说明二者预测诊断价值高，检测结果可信度高；2. 配对样本 t 检验分析两种方法检测同一多发性骨髓瘤样本 IGH：：CCND1 基因突变的异常信号比率值不存在显著性差异（t=1.117，df=47，P=0.27>0.05）；3. 单样本 t 检验比较分析 clg-FISH 检测和 i-FISH 检测两种方法，在基因突变信

号表达中判断阴阳性存在显著性差异 ($t=7.071$; $df=47$; $P<0.01$) ; 4.i-FISH 真阳性率 (灵敏度) : 14.2%, clg-FISH 真阳性率为 12.90%,clg- FISH 较 i-FISH 敏感度略低。

结论 两种 FISH 检测方法是目前国际上较常用的两种检测多发性骨髓瘤中肿瘤细胞基因的方法, 两种方法各有优劣, 二者检测结果可信度、准确率具有一致性; 但 i-FISH 的灵敏度较 clg-FISH 高, 特别对于 MM 中低比率的阳性浆细胞, i-FISH 的敏感度高于 clg-FISH, 在临床检测过程中应根据标本的差异个性化选择性使用更为有利的方法学, 以提高多发性骨髓瘤诊断、预后监测的准确性和敏感性。。

PO-2787

一种人工智能精准定位靶细胞辅助诊断慢粒急变的方法

陈思宇、彭贤贵、张静、吴盛旺、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探索工智能精准定位靶细胞辅助诊断慢粒急变新方法

方法 一例无慢粒病史疑似慢粒急变成 AML 的患者结合临床资料、骨髓细胞学、流式免疫分型、染色体核型、荧光原位杂交术及实时荧光定量 PCR 结果进行分析。在骨髓涂片上瑞氏染色后找到恶性肿瘤细胞并精准定位, 同一张玻片脱色后再 FISH 方法学直接检测被定位细胞的遗传学异常, 通过人工智能(artificial intelligence, AI) 技术分别扫描骨髓涂片上瑞氏染色特定玻片区域、FISH 涂片特定玻片区域, 采用图像重叠技术, 观察细胞的形态学与 FISH 信号关系。

结果 此例患者骨髓涂片结果示 AML-M2 考虑 CML-B,骨髓细胞分类见原始粒细胞 36%、中晚幼粒细胞 18%、嗜酸性粒细胞 4%。FISH 检测示: BCR: : ABL 阳性, RQ-PCRBCR: : ABL P210 呈阳性, AI 扫描骨髓涂片和 FISH 涂片图像重叠示: 原始粒细胞、中晚幼粒细胞、嗜酸性粒细胞均显示 FISH 信号 BCR: : ABL 阳性。

结论 人工智能精准定位靶细胞辅助诊断是慢粒急变的一种新方法, 通过人工智能精准定位靶细胞, 提出特异性的病理诊断依据, 对鉴别 BCR: : ABL 阳性 AML 和 CML-B 所致的 AML 有重大价值, 并能评估其在血液肿瘤患者发生感染的早期监测、预估病情进展、判断预后等临床应用中的可行性。

PO-2788

Characterization of missense mutations in the signal peptide and propeptide of FIX in hemophilia B by a cell-based assay.

Minwen Hong
扬州大学

Characterization of missense mutations in the signal peptide and propeptide of FIX in hemophilia B by a cell-based assay.

PO-2789

Detection of Hemophilia A genetic variants using third-generation long-read sequencing

Xiaoting Ling, Liqiu Pan, Linlin Li, Yunhua Huang, Chenghan Wang, Chaoyu Huang, Yan Long, Yifang Huang
The First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

Objective Hemophilia A (HA) is an X-linked recessive genetic disorder caused by pathogenic variations in the factor VIII (FVIII)-encoding gene, F8 gene, and is characterized by a deficiency or dysfunction of FVIII. Due to the large size and diverse types of variations in the F8 gene, the causative mutations in F8 cannot be simultaneously detected in one step by traditional molecular analysis, and the genetic molecular diagnosis and prenatal screening of HA still face significant difficulties and challenges in clinical practice.

Methods The comprehensive analysis of hemophilia A (CAHEA) method based on long-range polymerase chain reaction (LR-PCR) and long-read sequencing (LRS) was used to detect F8 gene mutations in 14 clinical samples diagnosed with HA. The LRS results were compared to those of the conventional methods to evaluate the accuracy and sensitivity of this approach.

Results The CAHEA method successfully identified 14 F8 variants in all probands, including 3 small insertion deletions (indels), 4 single nucleotide variants (SNVs) and 7 intron 22 inversions (Inv22) in a "one-step" manner, of which 2 small deletions have not been reported previously. Moreover, the method provided the opportunity to analyze the mechanism of rearrangement and pathogenicity of the F8 variants. The LRS results were validated to be in 100% agreement with those of the conventional method.

Conclusion The LRS-based F8 gene detection method allows for comprehensive characterization of pathogenic variants in F8 gene in a single step. It is an accurate and reproducible genetic screening and diagnostic method with significant clinical value. It provides efficient, comprehensive, and accurate genetic screening and diagnostic services for individuals at high risk of hemophilia A as well as premarital and prenatal populations.

PO-2790

FISH 联合 RT-PCR 通过提高 ZNF384 重排的检出率 进一步辅助 B-other ALL 的分型

李钦璐、邢树刚、张恒、肖敏、毛霞、王滢
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 ZNF384 基因重排 (ZNF384-r) 是成人 B 细胞急性淋巴细胞白血病(B-ALL)的一个新的独立亚型;然而,然而国内对 ZNF384-r 的 B-ALL 研究仍然很少。为了进一步明确具有该类细胞遗传学改变的中国患者的临床和生物性特征,我们对本中心的相关相关数据进行分析。

方法 在排除了具有重现性的细胞遗传学异常后,我们入组了本中心的 46 例 B-others ALL 的患者,同时使用 ZNF384 荧光原位杂交(FISH)和逆转录聚合酶链反应(RT-PCR)进行 ZNF384-r 的筛查,并对患者的临床资料,实验室数据,治疗反应以及 MRD 的状态进行回顾性的分析比较。

结果 10 例(21.7%)B-other ALL 患者 ZNF384 检测阳性(FISH:9 例,RT-PCR:9 例,两者共同:8 例)。FISH 可呈现非典型阳性信号,包括 3'信号的扩增和 5'信号缺失。EP300 是最常见的伙伴基因(n=5),分别检测到 TAF15::ZNF384、SYNRG::ZNF384、CREBBP::ZNF384 和 TCF3::ZNF384 融合各 1 例患者;4 例患者显示 ETV6 缺失(2 例:易位的 12p;2 例:未易位的 12p);仅 1 例患者首次诱导化疗结束后 MRD 阴性,明显低于 ZNF384-r 阴性组。

结论 ZNF384-r 中 B-others ALL 的发生率较高,FISH 联合 RT-PCR 可提高 ZNF384 重排的检出率;

ZNF384-r 的 B-ALL 具有独特的生物学特性和更低的 MRD 阴性率，提示传统的化疗诱导治疗方案对该类患者效果不佳，加强对该类患者的识别对临床具有重要意义。

PO-2791

基于实验室参数的人工智能模型在辅助诊断 血液系统疾病中的应用研究

刘静雅¹、苟阳¹、杨武晨¹、刘水清¹、张诚¹、彭贤贵¹、李欣蔚²、张曦¹

1. 中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

2. 重庆邮电大学

目的 利用人工智能算法构建基于实验室参数的血液系统疾病早期辅助诊断模型。

方法 回顾性纳入 2015 年 1 月至 2024 年 03 月在陆军军医大学新桥医院血液病医学中心初诊为血液系统疾病患者（包括 AML（非 M3）、AML-M3、ALL、MDS、CLL、CML、MPN、MDS/MPN 及各类常见贫血等共 16 种常见疾病类型）共 9974 例，健康对照组 1160 例，总病例数 11134 例。收集患者基本信息、实验室参数和诊断结果。按照 70%和 30%的病例数据比例划分训练集和验证集。利用轻量级梯度提升机（Light Gradient Boosting Machine, LightGBM）与链式方程多重插补法（Multiple Imputation by Chained Equation, MICE）对实验室参数数据集进行特征选择和缺失值插补。之后用合成少数类过采样技术（Synthetic Minority Oversampling Technique, SMOTE）进行数据增强处理。使用 KNN、SVM、Random Forest、XGBoost、Deep Forest、CNN、ResNet、SE-ResNet 及 DNN 共 9 类机器学习和深度学习算法构建预测模型。采用受试者工作特征曲线（Receiver Operating Characteristic Curve, ROC）进行最优机器学习模型筛选，并使用沙普利加和解释（SHapley Additive exPlanations, SHAP）可视化评估对模型中鉴别特征贡献度最高的特征。

结果 共纳入 41 项实验室参数，利用 LightGBM 对 41 个参数的数据集进行特征选择，最后选择对疾病预测最有价值的 12 个参数（包括 WBC、RBC、HGB、MCV、PLT、IGM、age、MXD%、LYM%、NEUT%、RET%及 IGA）进入下一步研究，之后用链式方程多重插补法（MICE）处理缺失值，并通过合成少数过采样技术（SMOTE）为少数类生成合成样本。从 9 种模型中选择模型准确性最高且稳定的包含 400 棵决策树的随机森林模型，模型训练集和验证集 ROC 曲线下面积（Area Under Curve, AUC）分别为 0.7130 和 0.6758。

结论 基于实验室参数构建的人工智能模型能准确预测血液系统疾病类型，将会为临床医生提供强有力的辅助诊断工具。

PO-2792

髓系肿瘤合并克隆性 B 淋巴细胞增殖的实验室特征

姚静雅、侯晓巨

天津见康华美医学诊断技术有限公司

目的 探讨髓系肿瘤合并克隆性 B 淋巴细胞增殖的实验室特征

方法 回顾性分析 2018 年 7 月至 2023 年 1 月期间，10 例确诊髓系肿瘤合并克隆性 B 淋巴细胞增殖患者的实验室检查，包括流式细胞学、骨髓活检及分子遗传学检测。

结果 纳入患者中位年龄为 73 岁，男性占多数（8/10）。髓系肿瘤中，2 例为骨髓增生异常综合征（MDS），8 例为急性髓系白血病（AML），其中 1 例有 MDS 病史。单克隆 B 淋巴细胞中，3 例为 CD5+CD10-，其中 1 例符合慢性淋巴细胞白血病/小淋巴细胞淋巴瘤（CLL/SLL）表型；7 例为

CD5-CD10-，其中 1 例符合淋巴浆细胞性淋巴瘤（LPL）表型，1 例有边缘区 B 细胞淋巴瘤（MZL）病史。此外，1 例复杂核型患者，为 AML 合并 CLL/SLL；1 例通过二代测序显示 TP53 及 CCND3 基因突变的患者，为 MDS 合并 B 细胞淋巴瘤；1 例 MYD88-L265P 阳性患者，为 AML 合并 LPL。
结论 本研究显示，髓系肿瘤合并克隆性 B 淋巴细胞增殖多见于老年男性 AML 患者，单克隆 B 淋巴细胞的表型以 CD5-CD10- 为主。诊断 B 细胞淋巴瘤时需注意与单克隆 B 细胞淋巴瘤增多症（MBL）的鉴别，应综合运用多种实验室检查手段综合判断。

PO-2793

免疫组化检测 BCL2 蛋白辅助精准诊断急性髓系白血病及 BCL2 抑制剂用药指导研究

李佳、冯一梅、墙星、彭贤贵、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 本文旨在研究 BCL2 蛋白在初诊急性髓系白血病中的诊断价值，及对维奈克拉治疗指导意义的探索，从而指导个体化治疗策略。

方法 对 2022 年 9 月-2023 年 12 月，陆军军医大学第二附属医院血液病医学中心 AML 初诊 98 例，统计了 CD34、CD117 及 BCL2 免疫组化中蛋白表达量，用 SPSS 19.0 统计分析，1. CD34+CD117 作为传统组，CD34+CD117+BCL2 作联合组，MICM 综合报告诊断 AML 作为金标准，两组作统计学分析 2. 11 例接受了维奈克拉治疗的患者生存情况，其初诊 BCL2 含量（分为阳性率 $\geq 20\%$ 组，及 $< 20\%$ 组，做生存分析（Kaplan-Meier）。

结果 1.传统组阳性率 76.5%，联合组阳性率 95.9%，卡方检验示：卡方值 110.245，p 值 < 0.001 ，有显著统计学差异，联合诊断效果远高于传统组；2.传统组阴性但 BCL2 阳性主要见于 AML-M5；3. 对 11 例接受维奈克拉治疗的患者，BCL2 $\geq 20\%$ 表达组 5 例，生存时间平均值 19.8 个月；BCL2 $< 20\%$ 表达组 6 例，平均生存时长平均值 13.16 个月，低于 BCL2 表达组，生存曲线可见 BCL2 表达组药效明显优于 BCL2 不表达组。

结论 1. 免疫组化检测 BCL2 联合 CD34 及 CD117 对 AML 的检出效果远高于传统 CD34+CD117，能更好的避免漏诊、误诊，尤其 AML-M5 与慢性粒单细胞白血病尤为重要，值得推广；2. 初诊免疫组化检测 BCL2 蛋白可指导维奈克拉用药，避免了患者身心、经济不必要的负担，可作为有效的用药指导指标，且结合文献，优于 PCR 检测 BCL2 基因及流式检测 BCL2 蛋白。

PO-2794

FLT3-ITD 片段分析法和二代测序法检测的比较研究

万丽、贾玉娇、李艳、马娇、姚瑶、王迎、魏辉、王建祥、肖志坚、秘营昌
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 FLT3-ITD 是急性髓系白血病的重要预后因素，目前对 FLT3-ITD 的检测包括片段分析法和二代测序法，比较两种方法学的 FLT3-ITD 检测结果。

方法 应用 AML 骨髓或外周血样本 DNA 扩增，扩增产物经过一代测序仪进行毛细管电泳，通过 GeneMapper 软件分析，以突变型峰面积比野生型峰面积所得的比值为 FLT3-ITD 的等位基因比率 AR 值；应用相同样本 DNA 进行靶向测序文库构建，在二代测序仪边合成边测序，通过软件生信分析得到 FLT3-ITD 的突变频率 VAF 值。

结果 共检测 AML 初诊病例 579 例，应用片段分析法的结果：阳性 186 例（32.12%），AR 中位值 0.61（0.02~13.9），白细胞数中位值 $32.22 \times 10^9/L$ （ $0.77 \times 10^9/L \sim 319.08 \times 10^9/L$ ），阴性 393 例

(67.88%)，白细胞数中位值 $10.7 \times 10^9/L$ ($0.49 \times 10^9/L \sim 321.51 \times 10^9/L$)；应用二代测序法的结果：阳性 206 例 (35.58%)，VAF 中位值 28.9% (0.15%~95.7%)，阴性 373 例 (64.42%)。其中有 20 例二代测序法检测为 FLT3-ITD 阳性而片段分析法为 FLT3-ITD 阴性，它们的 VAF 比值在 0.15%~2.0% (片段分析法的检出限在 2.0%)。使用 SPSS26 统计分析，以二代测序法作为对比方法，片段分析法的阳性符合率为 90.29% (95%CI 85.48%~93.63%)，阴性符合率为 100% (95%CI 98.98%~100%)，总符合率为 96.55% (95%CI 94.73%~97.76%)。kappa=0.923 (95%CI 0.885~0.923)， $P < 0.001$ 。以 AR/(AR+1)的数值与 VAF 数值作相关性比较，Pearson 相关系数为：0.889 (95%CI 0.841~0.924)， $P < 0.001$ 。

结论 FLT3-ITD 的片段分析法和二代测序法两种方法检测结果具有一致性，但是二代测序法能检测到低突变负荷的 FLT3-ITD。

PO-2795

细胞因子异常帮助判断嗜血细胞综合症的病因

熊梦琦^{1,2}、叶琇锦¹、李黎¹、汪露露^{1,2}、朱丽霞¹、陈蓉蓉^{1,2}、何静松¹

1. 浙江大学医学院附属第一医院

2. 浙江大学医学院

目的 识别嗜血细胞综合征背后的病因是临床的难点，本文发现细胞因子测定可帮助识别诱因是否为血液系统相关恶性肿瘤。

方法 该研究纳入 2020 年 1 月至 2023 年 12 月间浙大一院诊断为嗜血细胞综合征的患者，比较病因为血液系统恶性肿瘤与其他疾病的细胞因子差异。

结果 共 330 例患者纳入本次回顾性研究，发病中位年龄为 58 岁(18-98)岁，年龄 ≥ 60 岁,共 152 例 (46.06%)，男女患者比为 1.2: 1。血液系统恶性肿瘤共 189 例，感染、免疫及病因不明造成嗜血共 141 例。两组中位数比较 IL-6:47.79pg/ml vs 34.51pg/ml,IL-10 :259.025pg/mlvs25.46pg/ml, TNF- α :2.86pg/mvs1.64pg/ml。通过独立样本 T 检验发现 IL-6,IL-10, TNF- α 是否升高在两组间有统计学差异。(P 值分别为 0.019, 0.016 和 0.016)。

结论 本研究表明，IL-6,IL-10 和 TNF- α 的升高更有可能指向血液系统恶性疾病导致的嗜血细胞综合征，因此完善细胞因子的测定有助于判断潜在病因，并为后续的治疗提供帮助。

PO-2796

FISH 检测在诊断 BCL11B 基因异常白血病中的应用

李钦璐、邢树刚、张恒、肖敏、王滢

华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 通过报道一例伴罕见 t(7;14) (q21;q32)易位的急性白血病(AL)，加强认识 BCL11B 基因活化白血病 (BCL11B activated, BCL11B-a, AL) 新亚型，并探讨如何准确、快速识别这一亚型及意义。

方法 发现一例伴 14q32 染色体结构异常的 AL 病例，梳理该病例特点，并采用 IGH、BCL11B、CDK6 探针进行 FISH 检测，将患者精准分型并复习相关文献。

结果 患者为 29 岁男性，因“发热、发现白细胞增高 1 周”入院，骨髓检测经流式免疫分型诊断为 ETP-ALL。常规融合基因组合检测阴性，一代测序检测到 FLT3-ITD。染色体核型 46, XY, t(7;14)(q21;q32)[10]，进而采用 IGH 分离探针 FISH 检测结果显示 2 融合信号，经中期 FISH 分析发现 IGH 整体易位到 der(7)上，证实该易位存在且累及基因位于 IGH 基因上游。定制 BCL11B 探针二次杂交，显示 1 融合 1 红 1 绿的重排阳性信号。定制 CDK6 探针 FISH 结果也显示 1 融合 1 红 1 绿的重排阳性信号。即证实 t(7;14)累及 BCL11B::CDK6 重排。包括本研究病例，目前在 AL 中仅

有 4 例报道，包括 2 例 ETP-ALL、1 例 T/髓 MPAL、1 例 AML 伴 T 系表达，且均伴 FLT3-ITD 突变。

结论 第五版 WHO 急性系别不明白血病中，新增加了伴 BCL11B 基因重排的 ALAL。ICC T-ALL 新增加了伴 BCL11B-a ALL，本病例可纳入这两种分类。由于多数为增强子劫持机制（即不产生融合基因），且 BCL11B 断裂点位置较多，可以涉及多个对手基因；采用常规融合基因无法检出，RNA-Seq 检测也存在困难；采用 BCL11B 分离探针 FISH 检测可以弥补上述基因检测难点，结合核型可以更加准确、快速识别这一亚型。但目前尚未在临床常规应用；识别率不高，容易漏诊。BCL11B-a 是一组特殊的 AL 实体，加强认识为靶向药物使用，以及临床试验开展提供病例基础。

PO-2797

The diagnostic and prognostic value of hemostatic biomarkers in disseminated intravascular coagulation

Qiuyu Guo¹, Fengjiao Han¹, Jing Wang³, Zhiping Liu³, Xiaorong Yang⁴, Ming Hou¹, Tichao Shan², Jun Peng¹, Miao Xu¹

1. Qilu Hospital of Shandong University, Jinan, China

2. Department of Critical Care Medicine, Qilu Hospital of Shandong University, Jinan, China

3. Department of Biomedical Engineering, School of Control Science and Engineering, Shandong University, Jinan, China

4. Clinical Epidemiology Unit, Qilu Hospital of Shandong University, Jinan, China

Objective Disseminated intravascular coagulation (DIC) is a common complication with high mortality in critically ill patients. Nowadays, there is no gold standard for early diagnosis of DIC, resulting in the delayed identification, suboptimal therapeutic response, and poor prognosis of DIC. Hemostatic biomarkers, including thrombin-antithrombin complex (TAT), thrombomodulin (TM), tissue plasminogen activator inhibitor complex (tPAIC), and plasmin α 2-plasmin inhibitor complex (PIC), can provide earlier insights into the coagulation and fibrinolysis status. The study tries to assess and validate the early diagnostic value of hemostatic biomarkers for DIC, and to investigate their impact on the risk of mortality within 28 days in DIC patients, so as to provide a reference for the diagnosis and treatment of critically ill patients.

Methods A retrospective analysis was conducted on ICU patients at Qilu Hospital of Shandong University (Jinan) who underwent hemostatic biomarker testing due to clinical assessment of coagulation abnormalities from January 2021 to December 2022. The training set comprised comprehensive ICU patients meeting the inclusion and exclusion criteria, while the validation set consisted of patients from the Emergency ICU with equal disease admission capabilities. During the patient's hospitalization, the time of initial hemostatic biomarkers testing conducted due to clinical assessment of coagulation abnormalities was defined as Day 0. Overt-DIC and non-overt DIC were diagnosed using the ISTH criteria. Pre-DIC was defined as those with scores <5 on day 0 but ≥ 5 within seven days. Non-DIC had DIC scores consistently <5 .

A general logistic regression model and lasso-logistic regression model were employed to evaluate the diagnostic and predictive value of hemostatic biomarkers for overt-DIC. The lasso-logistic regression model was assessed with internally five-fold cross-validation, followed by external validation. SHAP (Shapley Additive exPlanations) was used to evaluate the relative importance of each marker. The receiver operating characteristic (ROC) curves were plotted with calculations of the area under the curve (AUC), cutoff values, etc. Multivariate logistic regression analysis were used to identify independent risk factors for mortality within 28 days.

Results 1. The training set comprised 101 overt-DIC patients and 350 non-overt DIC patients (293 non-DIC and 57 pre-DIC cases), while the validation set included 118 overt-DIC patients and 164 non-overt DIC patients (117 non-DIC and 47 pre-DIC cases). Levels of TAT, TM, tPAIC, PIC, and TAT/ATIII in the overt-DIC group were higher than that in the non-overt DIC group ($P < 0.05$) while ATIII activity was lower ($P < 0.05$). Levels of TAT, TM, tPAIC, and TAT/ATIII in the pre-DIC group were higher than that in the non-DIC group ($P < 0.05$) while ATIII activity was lower ($P < 0.05$).

2. When predicting overt-DIC within 7 or 3 days, the AUCs for TAT and ATIII alone were greater than that for TM, PIC, and tPAIC alone. The AUC for TAT/ATIII was higher than that for TAT and ATIII alone. The AUCs for the above indicators when individually and comprehensively predicting overt-DIC within 3 days were greater than that for predicting overt-DIC after 3 days.

3. In the training set, lasso-logistic regression models were constructed based on TAT, TM, tPAIC, PIC, and ATIII. The external validation yielded AUCs of 0.803 and 0.780 for predicting overt-DIC within 7 days and within 3 days, respectively. The SHAP values of TAT and ATIII consistently ranked in the top two positions, higher than TM, tPAIC, and PIC.

4. Multivariate logistic regression analysis showed that within 28 days, tPAIC>17ng/ml (OR 3.429, 95% CI 1.484-7.921, P=0.004) was an independent risk factor for mortality in overt-DIC patients, while PIC>0.85ng/ml (OR 0.506, 95% CI 0.273-0.937, P=0.030) was an independent protective factor for mortality in non-overt DIC patients.

Conclusion TAT, TM, tPAIC, and PIC combination with ATIII had the ability to early diagnose DIC, especially TAT and ATIII. Besides, TAT/ATIII was a derivative indicator that had significant value in the diagnosis of DIC. Within 28 days, tPAIC>17ng/ml was an independent risk factor for death in patients with overt-DIC, and PIC>0.85ng/ml emerged as an independent protective factor in non-overt DIC patients.

PO-2798

Individual clinical study of patients with blood tumor hematopoietic stem cell transplantation based on the theory of TCM constitution

Yeyan He

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

Objective To explore the individualized clinical study on patients with blood tumor hematopoietic stem cell transplantation based on TCM constitution theory.

Methods The convenience sampling method was used to develop the inclusion and exclusion criteria. Using research tools, general demographic data questionnaire, psychological measurement and rehabilitation assessment tools, through the multidisciplinary consultation mode (MDT), set up the team members and homogeneity training, using multi-angle data collection and analysis method, according to the constitution assessment of traditional Chinese medicine, constitution classification and determination of Chinese medicine table, quality of life evaluation scale, anxiety screening scale, Pittsburgh sleep scale, fatigue scale-14 comprehensive evaluation index, individualized nursing plan, observe transplant patients hematopoietic reconstruction, adjust the research plan.

Results TCM physical identification and syndrome differentiation of care can establish a scientific and effective evaluation and monitoring system according to their physical characteristics and conditions, make a comprehensive assessment of the patient's condition and rehabilitation, and formulate the corresponding nursing plan. Study plan implementation through the introduction of traditional Chinese medicine constitution assessment identification related questionnaire, symptom assessment, rehabilitation progress assessment, psychological measurement tools such as comprehensive evaluation index, we through in-depth study of traditional Chinese medicine constitution theory and modern medicine knowledge, establish a comprehensive evaluation model, a comprehensive understanding of the patient's physical characteristics and condition, provide more accurate diagnosis and treatment guidance.

Conclusion Based on the theory of traditional Chinese medicine constitution in patients with physical identification and syndrome differentiation, for blood tumor hematopoietic stem cell transplantation patients develop individualized clinical nursing plan, can provide patients with more accurate and effective treatment and nursing measures, improve the treatment effect and

quality of life, reduce adverse reactions, provide timely adjustment and guidance, through the observation curative effect, it will provide more refinement for clinical care and effective guidance, and improve the treatment and rehabilitation effect, provide the basis for clinical nursing work.

PO-2799

血液恶性肿瘤周围神经病变中医药治疗现状

赵志芳

邢台市第一医院

目的 迄今为止没有治疗血液恶性肿瘤周围神经病变（Hematologic Neoplasms Peripheral Neuropathy, HNP）的特效疗法，而且对于中医药治疗 HNP 还缺乏相应机制的研究。故对目前中医药治疗该病的进展做一综述，以便更好地挖掘中医药治疗 HNP 的潜力。

方法 通过查阅文献及临床，发现本病的病机主要为本虚标实，且肾虚血瘀毒蕴贯穿本病的始终，且中医药治疗及其特色疗法对于本病发挥着独特的疗效。中医治疗方法是全方位的，包括内治、外治、预防等，治疗本病以补肾益气、活血化瘀为主，并辅以补脾、温阳、养阴、通络等方法。

结果 大量临床资料证明，补肾、活血药物的合理使用极为重要，补肾益气、活血化瘀法应贯穿治疗的始终。

结论 临床根据患者症状辨证论治，遣方用药。补肾、活血药物的合理使用极为重要，补肾益气、活血化瘀法应贯穿治疗的始终。

PO-2800

中西医结合护理干预在早期糖尿病肾病护理中的应用效果 及其生活质量的影响分析

项阳

吉林大学第一医院

目的 观察早期糖尿病肾病患者开展中西医结合护理的效果以及对患者生活质量的影响，为提高糖尿病患者的护理效果提供参考方案。

方法 选择 2022 年 1 月—2023 年 12 月于医院接受诊治的 70 例早期糖尿病肾病患者，以简单随机法将患者分为两组（对照组和观察组），对照组有 35 例患者，采取糖尿病肾病常规护理，观察组有 35 例，采取中西医结合护理。在护理前后对患者的肾功能指标进行测定，并评估患者的生活质量，从而探讨两组肾功能和生活的变化。并了解患者的护理满意度情况。

结果 护理前，将两组患者的各项肾功能指标进行对应比较，差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。护理前，收集两组患者生活质量数据，分析两组生活质量水平，差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。护理后，在此测定两组患者各项肾功能指标，作对应比较，观察组尿素氮（BUN）、血尿酸（UA）和肌酐指标改善程度大于对照组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。观察组生活质量水平有明显提升，且较对照组相比，改善程度高，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。两组护理满意度数据纳入统计学分析，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

结论 将中西医结合护理应用于早期糖尿病肾病患者护理中，有助于患者肾功能恢复，同时对其生活质量水平产生积极影响，且大部分患者护理满意度较高，具有推广价值。

PO-2801

基于 PP2A/AKT 信号通路探讨扶正祛毒汤对 AML-CR 患者 CD34+细胞源 DC 激发 T 细胞的影响

彭名行¹、周伟¹、朱国庆²、尹尚瑾²、陈孟豪²、左乐²、陈涛²、姚宇红²、黄礼明²

1. 贵州中医药大学

2. 贵州中医药大学第二附属医院

目的 探讨扶正祛毒汤治疗 AML-CR 的可能作用机制。

方法 运用血清药理学、Ficoll 密度梯度离心、免疫磁珠阳性选择、细胞培养、流式细胞分析、WB 和 RT-qPCR 等技术检测 DC 表面 CD1a、CD80、CD83、CD86、HLA-DR 的表达，DC 激发 T 细胞中 CTLA-4、PP2A、AKT、p-AKT 蛋白和 mRNA 的表达。

结果 扶正祛毒汤含药血清能诱导 AML-CR 患者 CD34+细胞形成典型的 DC 形态，明显增加 DC 表面 CD1a、CD80、CD83、CD86、HLA-DR 的表达，上调 DC 激发 T 细胞中 PP2A 蛋白及 mRNA 的表达，下调 CTLA-4、AKT 蛋白及 mRNA 的表达，下调 p-AKT 蛋白的表达。

结论 扶正祛毒汤治疗 AML-CR 的作用机制可能与该方能够促使 AML-CR 患者 CD34+细胞源 DC 成熟，抑制 CTLA-4 与 CD80、CD86 的结合，有效激活 T 细胞，调控 PP2A/AKT 信号通路，进而杀伤白血病细胞有关。

PO-2802

基于 PI3K/Akt/Bcl-xl 信号通路探讨青蒿鳖甲汤对 AML-CR 患者骨髓 CD34+细胞源 DCs 生物学效应的影响及机制

周艳群、肖雪、谭琴、姚宇红、陈涛、黄礼明

贵州中医药大学第二附属医院

目的 探讨青蒿鳖甲汤对 AML-CR 患者骨髓 CD34+细胞源 DCs 生物学效应的影响及机制。

方法 将 12 只新西兰兔随机均分为青蒿鳖甲汤低、中、高剂量组以及正常组，青蒿鳖甲汤低、中、高剂量组分别予青蒿鳖甲汤浓缩煎剂 2、4、8ml/(kg.d)灌胃 3d，正常组予等体积蒸馏水灌胃，末次灌胃后心脏取血获得血清。从 AML-CR 患者骨髓分离 CD34+细胞，分为空白组、细胞因子组、正常血清组联合细胞因子组以及青蒿鳖甲汤低、中、高剂量血清联合细胞因子组，诱导培养 9d 后使用流式细胞术检测 DCs 表面 CD80、CD86 表达。将各组 DCs 与 AML-CR 患者 T 细胞以 10:1 比例共培养 5 天，通过 WB 和 RT-qPCR 检测 T 细胞表面 CD28、PI3K、Akt、Bcl-xl 蛋白和 mRNA 表达。将激活后的 T 细胞与人 AML 细胞株 K562 以 10:1、20:1、40:1 效靶比共培养 24h，使用 MTT 法检测 T 细胞对 K562 的杀伤作用。

结果 与空白组相比，细胞因子组、正常血清组和青蒿鳖甲汤高、中、低剂量血清组 DCs 表面抗原 CD80、CD86 的表达、T 细胞表面 CD28、PI3K、Akt、Bcl-xl 蛋白和 mRNA 的表达均增加 ($P < 0.05$)，其中中剂量组表达最佳 ($P < 0.01$)；激活后的 T 细胞对 K562 细胞的杀伤率增加 ($P < 0.05$)，杀伤作用随效靶比的增加而增强。

结论 青蒿鳖甲汤通过诱导 AML-CR 患者骨髓 CD34+细胞源 DCs 的成熟，促进 CD80、CD86 与 CD28 结合，激活 PI3K/Akt/Bcl-xl 信号通路，提高 T 细胞的杀伤作用以增强 AML-CR 的抗肿瘤免疫功能。

PO-2803

基于网络药理学分析金卷升板方治疗 免疫性血小板减少症作用机制

刘清池¹、任欣怡¹、张丽红¹、王玲娇²、赵丹¹、周春华²、刘月彩³、王建英¹、沈扬¹、张慧敏¹

1. 河北医科大学第一医院血液内科

2. 河北医科大学第一医院药剂科

3. 河北医科大学第一医院检验科

目的 探究刘清池教授自拟金卷升板经验方治疗免疫性血小板减少症（ITP）的作用机制。

方法 通过 TCMSP、PubChem、SwissTargetPrediction 等数据库及网络平台，对金卷升板方中各组方中药材搜集并筛选出其有效活性成分，获得组方对应的蛋白靶点，应用 OMIM、TTD、Genecards、Drugbank 等人类疾病数据库筛选出 ITP 的疾病靶点，并进行靶点交集，利用 STRING 在线平台，绘制蛋白-蛋白相互作用网络图，将 TSV 文件导入 Cytoscape 3.10.0，利用拓扑学分析得到金卷升板方作用于 ITP 的关键蛋白，绘制“中药-成分-疾病-靶点”网络图，并在 Metastape 平台上，进行基因功能（GO）功能及经度基因与基因组百科全书（KEGG）通路富集分析和可视化。

结果 共挖掘到金卷升板方 148 种化合物，1015 个潜在靶点，ITP 疾病靶点 997 个，金卷升板方经验方-ITP 的共同靶点共 164 个，主要活性成分包括山奈酚、谷甾醇、亚油酸乙酯、白术烯三醇、槲皮素、鞣花酸等，PPI 网络 Degree 值排序得到前 20 个靶点基因为白细胞介素-6（IL-6）、肿瘤坏死因子（TNF）、丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶 1（Akt1）、细胞肿瘤抗原 p53（TP53）、信号转导和转录激活因子 3（STAT3）等，GO 功能和 KEGG 富集分析结果显示关键蛋白作用于细胞膜侧、质膜胞质侧、受体复合物、免疫突触等细胞亚单位，参与蛋白激酶活化、激酶结合、细胞因子受体结合、磷酸结合、蛋白丝氨酸/苏氨酸激酶活化等分子功能，并与免疫应答、细胞活化、细胞因子产生、对外界刺激的反应、跨膜受体蛋白酪氨酸激酶信号通路、炎症反应等生物学过程密切相关，并通过 Th17 细胞分化、JAK-STAT 信号通路发挥作用。

结论 金卷升板方可能通过山奈酚、谷甾醇等化合物，经由 IL-6、TNF、Akt1、TP53、STAT3 等靶点，通过 Th17 细胞分化、JAK-STAT 信号通路治疗 ITP。

PO-2804

HMGB2 通过激活 PI3K/AKT/mTOR 通路增强 Warburg 效应 促进 HIV 相关弥漫大 B 细胞淋巴瘤发生

李军、刘耀

重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨 HIV 相关弥漫大 B 细胞淋巴瘤（HIV-DLBCL）的发病机制

方法 1.对 HIV-/non-HIV-DLBCL 患者病变淋巴结进行 mRNA-seq、单细胞转录组测序，筛选差异表达基因行基因功能富集分析，并分析潜在的 maker gene（HMGB2）。

2.用 qPCR 法分别验证反应性增生、HIV-/ non-HIV-DLBCL 患者淋巴结标本中的 HMGB2 表达，得到其在各组间的差异；探讨 HMGB2 表达差异对 HIV-DLBCL 患者 EFS、OS 的影响。

3. 在 HIV-DLBCL 样本中过表达/敲减 HMGB2 后，探讨对增殖、凋亡、PI3K/AKT/mTOR 信号通路以及 Warburg 效应的影响。

4. 采用免疫共沉淀法获得可能与 HMGB2 结合的蛋白，并进行验证。

结果 1. mRNA-seq 及单细胞转录组测序结果均提示，与对照组相比，HIV-DLBCL 患者肿瘤细胞的

差异基因在 PI3K/AKT/mTOR 通路显著富集；maker gene 分析发现 HMGB2 在该组样本中异常高表达。

2. qPCR 验证结果表明 HMGB2 基因仅在 HIV-DLBCL 患者中高表达，且是不良预后因素。

3. HMGB2 过表达，能促进肿瘤细胞的增殖、侵袭和迁移，抑制凋亡，激活 PI3K/AKT/mTOR 通路，增加葡萄糖的摄取和乳酸的生成，上调糖酵解相关酶 PKM2、LDHB 和 HK2 的表达；而将 HMGB2 敲减后 mRNA-seq 结果显示调控 Warburg 效应的多种因子均显著下调。

4. 发现了 U2AF2 是 HMGB2 高度可信的结合蛋白，HMGB2 过表达能明显提高 U2AF2 的蛋白表达水平。

结论 肿瘤细胞通过高表达 HMGB2 并正向调控 U2AF2 稳定性进而上调其表达，通过激活 PI3K/AKT/mTOR 信号通路来增强 Warburg 效应，最终促进 HIV-DLBCL 的发生发展。

PO-2805

使用事件触发光片显微镜对细胞免疫治疗中亚细胞毒性长时程动态成像和表型分析

陈丽婷¹、王兆飞²、王婕²、金瑾¹、赵宇轩²、张义成¹、费鹏¹

1. 华中科技大学同济医学院附属同济医院

2. 华中科技大学光电信息学院

目的 嵌合抗原受体 T 细胞 (CAR-T) 疗法开创了治疗血液系统恶性肿瘤的新时代。然而，高度选择的患者的总体缓解率 (ORR) 仍在 50-90% 之间。此外，只有一部分患者通过免疫治疗获得长期缓解。本研究旨在对来自个体患者的 T 细胞的细胞毒性能力进行完全可视化 and 定量分析，从而预测基于 T 细胞功能的细胞免疫治疗疗效。本研究将在鉴定与细胞治疗疗效相关的生物标志物方面具有巨大潜力。

方法 我们利用事件触发贝塞尔斜平面光片显微镜 (light-sheet microscopy)，对癌症免疫治疗中的嵌合抗原受体 (CAR) 修饰 T 细胞的细胞毒性进行智能 3D 实时成像和表型分析，各向同性亚细胞分辨率为 320nm，大规模侦察超过 400 个相互作用的细胞对，5 小时的长期观察，以及对 TB 级 3D、多通道、延时图像数据集的定量分析。

结果 通过对 CAR-T 细胞捕获并杀死靶细胞过程中的几个关键亚细胞事件，如免疫突触的瞬时形成、微管形态的持续变化等，进行全面分析，我们确定了肌动蛋白回流的速度、肌动蛋白耗竭系数、微管极化和 CAR-T/靶细胞免疫突触面积，作为与 CAR-T 细胞毒性功能密切相关的基本参数。

结论 基于智能贝塞尔斜平面光片显微镜和 T 细胞行为分析的新发展，先进的成像技术与基于高维图像的分析相结合，我们完成了一个自动化和可扩展的细胞观察和分析流程，非常适合各种类型的细胞研究。在我们的研究中，我们测试了该系统在特定情况下评估 CAR-T 细胞功能的能力，并验证了我们平台的有效性。

PO-2806

Targeting lactate metabolism in multiple myeloma to enhance CAR-T cells antitumor function

Zhaoyun Liu, chun yang, Rong Fu

Department of Hematology, Tianjin Medical University General Hospital

Objective Altering tumor cell metabolism is a promising therapeutic target for multiple myeloma (MM). Increased glucose metabolism in multiple myeloma cells ensures a high

proliferation of tumor cells, but also produces excess lactic acid, which suppresses the immune microenvironment. Here, we intend to discover targeting lactate metabolism in multiple myeloma to enhance immune cell like CAR-T cells antitumor function, which will lead a new therapy methods for both MM cell and CAR-T cell.

Methods we analyse of the correlation between the lactate level of TME and the function of its immune cells in patients with myeloma. Next, the effect of exogenous lactate on immune cells were detected. Furthermore, the effect of MCT inhibitors combined with MPC inhibitors in the regulation of proliferation, apoptosis, and cell cycle in MM cells were analysed. Last, the effect of targeting lactate metabolism of MM cell on immune cell function were analysed in MM patient-derived BMMNCs co-culture system and MM load NSG mice model.

Results The results of the analysis indicate the immune suppression in MM patients which may related to the lactate level in MM patients. By synergistically inhibiting the monocarboxylate transporters (MCT) pathway and the mitochondrial pyruvate carrier (MPC) pathway, which may simultaneously inhibit the lactate efflux and blocking the entry of lactate-converted pyruvate into the mitochondria, it will lead to acidify the intracellular environment of the MM cells and activate oxidative stress of tumor cells. At the same time, with reduce of the extracellular acidification rate, the immunosuppressive microenvironment is alleviated, the effector immune cell (T cell and CAR-T cell) function get be restored and enhanced the anti-tumor effect in vitro and in MM load NSG mice model experiments.

Conclusion Our results indicated that targeting lactate metabolic in MM cell can enhance the efficiency of CAR-T cells in MM patients.

PO-2807

Chidamide and orelabrutinib synergistically induce cell cycle arrest and apoptosis in diffuse large B-cell lymphoma by regulating the PI3K/AKT/mTOR pathway

Chunyan Wu, Shaoling Wu
Qingdao University

Objective The initial therapeutic approach for diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL) entails a rituximab, cyclophosphamide, doxorubicin, vincristine, and prednisone (R-CHOP) regimen. However, 40% of patients exhibit suboptimal responses, with some experiencing relapse and refractory conditions. This study aimed to explore novel therapeutic strategies and elucidate their underlying mechanisms in DLBCL.

Methods Bioinformatics techniques were employed to scrutinize expression, mutation, correlations of HDAC1, HDAC2, HDAC3, HDAC10, BTK, MYC, TP53, and BCL2 genes in DLBCL. In vitro experiments were conducted using DB and SU-DHL-4 cells treated with chidamide, orelabrutinib, and a combination of both. Cell viability was assessed by CCK8. Cell apoptosis and the cell cycle were determined using flow cytometry. Reactive oxygen species (ROS) production and mitochondrial function were assessed through ROS and JC-1 staining. RNA sequencing and Western blot analyses were conducted to elucidate the molecular mechanisms underlying the combined action of chidamide and orelabrutinib in DLBCL cells.

Results 47 lymph node samples from patients with DLBCL and 337 whole-blood-cell samples were included. Compared with normal tissues in DLBCL, the expression levels of BCL2, MYC, P53, HDAC1, HDAC2, HDAC3, HDAC10, and BTK were significantly elevated. cBioPortal revealed high mutation rates in BCL2, MYC, P53, HDAC1, HDAC2, HDAC3, HDAC10, and BTK in the DLBCL samples. The cell viability of DB and SU-DHL-4 cells treated with chidamide and orelabrutinib for 24h and 48h showed a significant time-dose dependence, respectively. After 24 hours of treatment with the combination drug, the proliferation inhibition of both cell lines was stronger than that of the single drug group in DB and SU-DHL-4 cells. The combination of

Chidamide and orelabrutinib significantly enhanced the anti-tumor effect. Compusyn software analysis showed that the CI < 1, indicating that the combination of the two drugs had a synergistic effect in inhibiting the proliferation of DLBCL cells. This synergistic effect was also reflected in the enhanced cell cycle arrest and induction of apoptosis, as well as the down-regulation of cell cycle-related and anti-apoptotic proteins and the up-regulation of pro-apoptotic proteins. The amount of ROS in cells was then quantified using the DCFH-DA staining. The green fluorescence intensity was significantly increased upon treatment with chidamide and orelabrutinib in the combination treatment group compared with that in the control group. The combined group significantly reduced SOD1 and SOD2 protein levels, indicating the combined group induced excessive ROS production in mitochondria, leading to oxidative stress and mitochondrial dysfunction. In addition, RNA-seq and Western blot results suggested that chidamide and orelabrutinib could kill DLBCL cells by regulating PI3K/AKT and mTOR signaling pathways.

Conclusion Chidamide combined with orelabrutinib has synergistic anti-tumor effect. This synergistic effect is mainly manifested as down-regulating the activity of PI3K/AKT/mTOR pathway, thereby regulating the expression levels of cell cycle and apoptosis related proteins, and inducing cell cycle arrest and apoptosis. For clinical use in the west of the amine with the cloth for, provides a theoretical basis for combination treatment of DLBCL.

PO-2808

Genetically determined metabolites and metabolic pathways are causally related to the hematologic diseases: search for some novel biomarkers and potential mechanism

Lihua Wu, Nainong Li
福建医科大学附属协和医院

Objective The underlying mechanisms and risk factors of hematologic diseases remain being researched, which emphasizes the crucial importance of identifying novel biomarkers and improved prediction variables. Circulating metabolites have recently demonstrated the ability to predict diseases and survival outcomes and may have a role in the cause of hematologic diseases. But there hasn't been a lot of study into their specific genetic makeup. In this study, we carried out a comprehensive Mendelian randomization (MR) study with the goal of demonstrating the connection between the risk of genetically determined metabolites (GDMs) and hematologic diseases, and identifying some novel biomarkers.

Methods In this study, we performed a two-sample single-variable MR (SVMR) and multivariable MR (MVMR) after consolidating genetic statistical data of GDMs with hematologic diseases by a genome-wide association study (GWAS). The main strategy used was the inverse variance weighted (IVW) method, with cross-validation using the MR-Egger, weighted median (WM), and Lasso methods to assess if there is a causal association between the risk of metabolites and hematologic diseases. To further confirm the stability of the results, several sensitivity tests were carried out. The Cochran's Q statistical analysis and the MR-Egger intercept were used to assess potential heterogeneity and pleiotropy. We also performed a reverse MR analysis to confirm if the risk of hematologic diseases had an impact on the observed blood metabolite levels. Furthermore, metabolic pathway analysis was performed with the support of the online tool Metaconflict 5.0.

Results In MR analysis, we discovered 11 suggestive causal associations involving 11 metabolites, 6 metabolites as potential risk factors, and 5 as potential risk reducers. It is worth mentioning that Tyrosine was associated with a higher risk of developing Polycythemia vera (ORMVMR-IVW = 3.5E + 5, 95% CI 107.98 – 1.13E + 9, PMVMR-IVW = 0.002). X-12092 was associated with a lower risk of developing Essential thrombocythemia (ORMVMR-IVW = 0.33, 95% CI 0.15 – 0.72, PMVMR-IVW = 0.006). These findings are crucial for the clinical distinction

diagnosis between Polycythemia vera and Essential thrombocythemia. Furthermore, the development of hematologic diseases was associated with five significant pathways: "Phenylalanine, tyrosine, and tryptophan biosynthesis", "Phenylalanine metabolism", "Arginine biosynthesis", "Ubiquinone and other terpenoid-quinone biosynthesis", and "Citrate cycle (TCA cycle)".

Conclusion Our MR analysis identified compounds that are both protective and risk-associated, offering insights into potential causal associations between GDMs and the metabolic pathways linked to diseases of the hematologic system. Potential options for prevention, diagnosis and treatment biomarkers could be the metabolites associated with haematologic diseases.

PO-2809

血小板与补体的协同作用在抗白色念珠菌系统感染和微血栓形成中的作用及机理研究

罗珊珊、胡豫
华中科技大学附属协和医院

目的 真菌感染在临床上越来越常见。特别是肿瘤患者在行化疗期间，移植前后，以及服用免疫抑制剂等情况下，系统性真菌感染更是一类棘手的并发症。值得一提的是系统真菌感染常伴有凝血因子和血小板的过度激活和消耗，从而诱发出凝血疾病的发生。但是该过程的分子机制尚不清楚，即病原菌如何逃避免疫攻击，并激活凝血系统。

方法 本研究以血小板、补体系统和白色念珠菌 *C. albicans* 为研究对象，利用活体显微成像术，流式细胞术和 PET-CT 等，结合体内、体外实验和临床样本的收集，研究血小板和补体的协同作用在对抗 *C. albicans* 系统感染和微血栓形成中的作用和分子机理。

结果 研究结果显示，在系统感染过程中，白色念珠菌和血小板之间存在一个动态作用过程，该过程与患者微血栓的形成密切相关。即白色念珠菌在感染宿主时，通过瞬时激活宿主补体系统，介导 C3b 在病原菌表面的堆积，并以 C3b 为供体介导其与血小板表面的 GPIb 相结合形成 *C. albicans*-platelets 复合物，同时伴有血小板和凝血因子的小范围激活，正常情况下血小板与病原菌形成复合物后能够介导免疫清除，但是白色念珠菌通过过表达表面毒力因子 Sap2 从而降解 C3b，导致病原菌与血小板复合物的解聚，从而逃避宿主免疫识别和清除，该过程伴有血小板微粒的产生和凝血系统的过度激活。免疫逃逸的病原菌进一步增值、诱导补体和凝血系统的激活，如此循环，导致凝血因子的激活和消耗，以及微血栓的形成。

结论 补体系统 C3 与血小板表面 GPIb 的协同作用介导白色念珠菌与血小板之间的动态作用，从而使得病原菌逃避宿主免疫攻击的同时，诱导凝血系统的过度激活和消耗，从而导致临床上微血栓的形成。该研究有望为更好地控制和治疗系统性真菌感染及其所致的出凝血疾病提供新的治疗思路，开辟新的治疗途径。

PO-2810

The mechanism study of SIRP α - Fc fusion protein IMM01 targeting CD47/SIRP α signaling pathway combined CD24 monoclonal antibody IMM47 targeting CD24/Siglec-10 signaling pathway in the treatment of relapsed and refractory AML

Jifeng Yu¹, Song Li², Dianze Chen², Dandan Liu², Huiqin Guo², Chunmei Yang², Yongping Song¹, Zhongxing Jiang¹, Ruliang Zhang², Wenzhi Tian²

1. 郑州大学第一附属医院

2. ImmuneOnco Biopharmaceuticals (Shanghai) Co., Ltd.

Objective To explore mechanism study of the combination of SIRP α - Fc fusion protein IMM01 targeting SIRP α and CD24 monoclonal antibody IMM47 targeting CD24 can produce synergistic anti-tumor effects.

Methods Use leukemia cell lines and macrophages collected from mice and humans for in vitro culture. Using flow cytometry to analyze phagocytic assay and in vitro blockade of CD47/SIRP α , CD24/Siglec-10 pathway binding assay, cell proliferation and apoptosis detection. Immunohistochemistry (IHC) is used to detect the number and distribution of macrophages in tumors, and CBA technology is used to detect cytokines. Using a subcutaneous tumor mouse xenograft model, observe the in vivo efficacy of IMM01 and IMM47. Statistical analysis was conducted using SPSS and GraphPad Prism software. The result is expressed as mean \pm standard deviation. Use Student's t-test to analyze the statistical significance between different groups. Compare the survival rates between different groups using Kaplan Meier survival curves. In all analyses, $p < 0.05$ is considered a statistically significant difference.

Results IMM01 has strong binding activity against various tumor cells, including Raji, Daudi, SU-DHL-10, Jurkat, HL-60, MV-4-11, Reh, HCC827, NCI-H1299, NCI-H2975, A549, BT474, SK-BR-3, SK-OV-3, Hela, AGS, and HT-29, limited binding activities to human T, B, NK, and monocyte cells. Importantly, there is no binding activity to red blood cells. The in vitro experiments revealed that the combination of IMM01 and IMM47 strongly blocks the interaction between CD47/SIRP and CD24/Siglec-10 and significantly enhances the phagocytic effect of macrophages on leukemia cells in vitro. The ADCC effect of IMM01 combined with IMM47 on leukemia cells of AML patients and normal human cells was measured. The results showed that IMM01 combined with IMM47 showed a strong ADCC effect on leukemia cells of AML patients in vitro, but no ADCC effect on normal human granulocytes and CD3+T cells. The HL-60 tumor cell xenotransplantation SCID mouse model in vivo pharmacological results showed that the combined treatment effect of IMM47 and IMM01 was significantly better than any single drug. Compared with the vehicle control group, the control CD47 monoclonal antibody, IMM01 monotherapy, IMM47 monotherapy, and IMM01 combined with IMM47 groups all significantly inhibited tumor growth ($p < 0.001$). Compared with the CD47 control group, both the IMM47 monotherapy group and the IMM01 combined with IMM47 group significantly inhibited tumor growth ($p < 0.05$). The combination of IMM01 and IMM47 produced excellent synergistic anti-tumor effects in this HL-60 xenotransplantation model.

Conclusion These results provide strong experimental support and solid theoretical foundation for the combination of IMM01 and IMM47 in the treatment of AML.

PO-2811

Role and mechanism of Pim-2 kinase inhibitors-induced immunogenic cell death in multiple myeloma

Zhaoyun Liu, hongli Shen, Rong Fu
Department of Hematology, Tianjin Medical University General Hospital

Objective Immune dysfunction is an important part of pathogenesis in multiple myeloma, and restoring anti-myeloma immunity has become a key research direction. The goal of this study was to determine whether and how Pim-2 kinases inhibitors induce immunogenic cell death in multiple myeloma.

Methods By using bioinformatics, reanalyze scRNA seq data from the Gene Expression Omnibus (GEO) database to explore the expression of Pim-2 gene, endoplasmic reticulum stress, and DAMP related genes in MM patients. In vitro, SMI-16a were applied to MM cell lines (RPMI-8226, OPM-2, U266) for 24 hours, followed by DCFH-DA staining. Flow cytometry (FCM) was used to detect intracellular reactive oxygen species (ROS) levels and the expression of Calreticulin (CALR) on the surface of MM cells. Western blot (WB) was used to detect the expression of DAMPs (HMGB1, HSP70) in the supernatant. Co-culture DCs, pan-T lymphocytes, NK cells and MM cell lines treated with PBS, SMI-16a, IL-15 superagonist fusion protein, and SMI-16a+ IL-15 superagonist fusion protein.

Results Pim-2 kinase inhibitors up-regulate IRE1 phosphorylation, promote XBP1 and CHOP transcription, thereby mediating endoplasmic reticulum stress in MM cells. ER-stress and increased ROS levels can promote the expression of damage related molecular patterns and promote immunogenic cell death in MM cells. Pim-2 kinase inhibitors-treated MM cell lines can up-regulate the expression of activation molecules on the surface of DCs from MM patients, promote T lymphocyte differentiation from Naïve T cells to effector memory T cells, and promote the expression of T lymphocyte functional molecules. In addition, combination of IL-15 superagonist fusion protein and SMI-16a can improve the expression of CD107a, NKG2D, Granzyme B and perforin in NK cells.

Conclusion Pim-2 kinases regulates anti-myeloma immunity and provide efficient therapy for applying Pim-2 kinases inhibitors in MM treatment.

PO-2812

CD38 协同 PD-L1 的双特异性抗体在治疗多发性骨髓瘤中的疗效研究

王超凡、王默然、孙春燕、胡豫、罗珊珊
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 多发性骨髓瘤是血液恶性肿瘤中较常见的类型之一，在疾病进展中，骨髓瘤克隆进化逃避了药物的细胞毒性使其不可避免的复发。本研究旨在比较针对骨髓瘤细胞表面不同抗原的多组合双特异性抗体对细胞毒效应的影响，生成高效组合数据作为临床治疗重要参考和有价值理论指导

方法 利用基因克隆和蛋白表达纯化技术构建并纯化针对骨髓瘤不同表面抗原的双特异性抗体组合（如 CD3-CD38、CD28-CD38、CD28-PD-L1、CD28-SLAMF7，并通过 Coomassie 染色和 WB 实验分析了抗体质量。流式细胞术探究双特异性抗体与 T 细胞或 MM 细胞结合能力，以及对 T 细胞增殖、活化和杀伤的诱导作用；通过部分阻断 CD38 的表达水平检测不同组的疗效。建立多发性骨髓瘤皮下瘤模型后，在腹腔注射新鲜分离的外周血单个核细胞，并在不同时间点给予动物不同组合的双特异性抗体静脉注射，评估其药效，以期获得最佳双抗组合。

结果 体内体外实验表明 CD3-CD38 协同 CD28-PD-L1 双抗能够高效清除多发性骨髓瘤细胞，同时能够避免单一抗原识别造成的克隆进化而造成的药效降低和疾病复发。

结论 本研究通过基因编辑手段合成，并比较了不同组合的双特异性抗体在多发性骨髓瘤治疗中的效果，并成功找到了具有高度杀伤能力的最佳组合。这些发现为将双特异性抗体应用于临床提供了坚实理论基础。

PO-2813

住院血液病患者压疮的预防及护理体会

范素君

郑州大学第一附属医院

目的 探讨怎样预防压疮的发生及压疮形成后的护理对策

方法 加强全身营养，补充足够的蛋白质及维生素，定时翻身按摩，保持局部皮肤清洁干燥、完整。床褥床单及时更换，积极治疗原发疾病；发生褥疮后对症治疗及加强护理。

结果 经过上述的方法处理，I-III 期褥疮在 7-28 天内能完全治愈。

结论 采取有效的措施进行褥疮预防及有效的护理措施，不仅伤口愈合情况良好，皮肤状况得到了改善，疼痛程度也有所减轻，同时并发症的发生率得到了有效的控制，在治疗褥疮中起关键作用。

PO-2814

基于医院感染实时监控系统在血液透析感染控制管理中的应用分析

李婧

天水四零七医院股份有限公司

目的 探讨基于医院感染实时监控系统在血液透析感染控制管理中的应用分析。

方法 将 2021 年 1 月-2023 年 12 月在我院血液透析室治疗的 94 例终末期肾病患者随机分为两组，对照组使用人工监测，观察组使用实时监控系統，对比两组医院感染指标、感染管理合格率、感染控制管理质量。

结果 观察组医院感染发生率、感染漏报率低于对照组，24 h 预警处置率高于对照组 ($P < 0.05$)；观察组在环境清洁消毒、手卫生、管道维护、CRBSI 核心防控、多重耐药菌防控、医疗废物管理等感染管理合格率均高于对照组 ($P < 0.05$)；观察组在成立院感管理工作小组、院感控制知识掌握、院感管理制度落实、院感规章制度流程健全、预警处置完善等感染控制管理质量评分高于对照组 ($P < 0.05$)。

结论 基于医院感染实时监控系统在血液透析感染控制管理中的应用效果显著，能降低感染发生率，提高 24 h 预警处置率及感染管理合格率，提升感染控制管理质量。

PO-2815

靶向 BRD4 在 T-ALL 精准治疗中的潜力研究

廖紫薇

广州医科大学附属妇女儿童医疗中心

目的 本研究旨在评估 BRD4 抑制剂 MS-417 对 T-ALL 细胞特异性基因表达的影响，并探究其对细胞增殖和表观遗传学特征的调控作用和内在机制。研究将特别关注 TAL1 基因座上增强子的活性变化，以及 MS-417 对 K562 和 Jurkat 细胞系增殖能力的影响，以验证 BRD4 在白血病细胞中的作用机制，并评估以 MS-417 为代表的 BRD4 抑制剂作为 T-ALL 治疗靶点的潜力。通过这些研究，我们希望为开发针对 T-ALL 的新型精准治疗策略提供科学依据。

方法 通过 qRT-PCR、WB、ChIP-qPCR 检测观测 MS417 处理前后 K562 和 Jurkat 细胞中相关基因的表达变化以及 TAL1 基因座上增强子的表观遗传学特征变化。利用、细胞增殖实验、MTS 分析及细胞周期流式细胞术观测增殖相关能力受到的影响。

结果 研究发现 BRD4 抑制剂 MS417 处理能够影响 T-ALL 细胞中 TAL1 表达水平，但对 K562 为代表的红/粒系细胞影响小。在 Jurkat 细胞中，TAL1 的转录水平明显被抑制，增强子活性明显减低。此外，MS417 处理对 Jurkat 细胞的增殖速度和能力产生差异性影响与药物浓度直接相关，但对 K562 细胞增殖影响程度较小

结论 本实验通过观测分析 MS417 对 K562 和 Jurkat 细胞中 TAL1 表达水平及相关细胞表型产生的差异性影响，验证两种细胞中 TAL1 转录激活调控机制的不同。其中，Jurkat 细胞内 TAL1 的表达可能与超级增强子相关转录因子 BRD4 有密切联系。提示 TAL1 在 Jurkat 人 T 淋巴细胞白血病细胞株重中的异常表达可能受到超级增强子的调控。同时，由于对 Jurkat 细胞具有明显且相对特异性的抑制作用，MS417 也具有成为治疗 T-ALL 药物的潜力。

PO-2816

POU3F2 基因在胶质母细胞瘤中的表达、功能及机制研究

林倩如、阮积晨

温州医科大学附属第二医院

目的 胶质母细胞瘤（Glioblastoma, GBM）具有高度异质性与治疗抗性。寻找新的有效治疗靶点对改善 GBM 预后至关重要。POU3F2 不但参与新皮质神经元的形成和转化，其突变还可促进细胞的恶性生物学行为。本研究旨在探索 POU3F2 基因在胶质母细胞瘤中的表达、功能及机制研究。

方法 本研究建立了体外细胞模型，分别通过 siRNA 转染和慢病毒感染上调或下调 POU3F2 在 GBM 细胞中的表达；通过 CCK8 实验、细胞克隆实验、Transwell 实验、免疫印迹试验和流式细胞仪分析等方法验证 POU3F2 对细胞功能的影响；从 TCGA 数据库下载 GBM 患者的临床信息和基因测序数据，通过生存分析验证 POU3F2 对 GBM 预后的影响；通过转录组测序确定 POU3F2 的下游基因，并用 RT-qPCR 分析进行验证；使用 miRWalk 2.0 数据库进行基因-miRNA 分析，并通过 StarBase 预测 miRNA 对应的 LncRNA。我们使用 GraphPad Prism 8、Image Lab 和 Image J 软件处理数据。使用卡方检验和 T 检验评估差异。

结果 细胞功能实验发现 POU3F2 能促进 GBM 细胞的增殖和迁移。生存分析表明 POU3F2 过表达与 GBM 患者预后不良相关。通过测序分析，我们共鉴定出 32 个差异表达的 RNA，并通过 RT-qPCR 分析筛选出两个 RNA：CPA4 和 RTN1。因此，我们认为 POU3F2 可能通过调控 CPA4 和 RTN1 来影响 GBM 的进展。此外，我们还预测了 24 个同时靶向 POU3F2、CPA4 和 RNT1 的 miRNA，鉴定出 6 个可能的上游 LncRNA。

结论 POU3F2 在 GBM 中表达上调，并可能通过调控 CPA4 和 RNT1 促进 GBM 的发生与进展。

PO-2817

TRMT61B 基因多态性与中国儿童 Wilms 肿瘤易感性的关系

黄晓凯、阮积晨
温州医科大学附属第二医院

目的 肾母细胞瘤是儿童最常见的恶性肿瘤之一。虽然 m1A 修饰影响 RNA 的结构和功能，参与肿瘤发生，但 m1A 甲基转移酶 TRMT61B 基因多态性与 Wilms 肿瘤易感性的关系尚不清楚。

方法 采用 TaqMan 探针法检测 414 例 Wilms 肿瘤患儿 TRMT61B 基因 rs4563180 G>C 多态性与 1199 例健康对照的关系。采用分层分析方法研究各亚层基因型与肾母细胞瘤发生风险的关系。利用 GTEx 数据库分析 TRMT61B rs4563180 G>C 多态性对 mRNA 表达的影响。

结果 TRMT61B 基因多态性显著降低 Wilms 肿瘤易感性(GC vs GG:调整优势比[AOR] = 0.72, 95% 可信区间[CI] = 0.56 ~ 0.93, P = 0.012;GC/CC vs. GG: AOR = 0.76, 95% CI = 0.60-0.96, P = 0.021)。与 rs4563180 GG 基因型相比, GC/CC 基因型对 III 期和 III/IV 期肿瘤的男孩和儿童有保护作用。此外, 与 rs4563180G 等位基因相比, C 等位基因在培养成纤维细胞(P = 3.3e-80)、ebv 转化淋巴细胞(P = 9.5e-14)和全血(P = 6.0e-12)中与 TRMT61B 基因 mRNA 表达降低显著相关。

结论 我们的研究结果证实了 TRMT61B 基因在 Wilms 肿瘤发生中的重要作用, 但其潜在机制有待进一步探索。

PO-2818

利用耦合 scFv 及纳米抗体的工程菌靶向重塑肿瘤免疫微环境治疗 B 细胞淋巴瘤

余泓彬¹、徐逸龙²、邹超瑜¹、罗云孜³、吴昊¹

1. 四川大学华西医院
2. 清华大学
3. 天津大学

目的 淋巴瘤是一类高度异质性的血液恶性肿瘤, 高侵袭性及复发难治淋巴瘤的预后仍需更多创新治疗手段改善。重塑肿瘤免疫微环境 (tumor immune microenvironment, TIME) 是一种改善淋巴瘤预后的重要手段, 但由于淋巴瘤的高度异质性及 TIME 的复杂性, 目前疗法仅对部分淋巴瘤类型有效, 亟需寻找有效重塑免疫微环境的创新方法治疗淋巴瘤。

方法 利用细菌重塑 TIME 是一种经典免疫治疗方法, 但其安全性与有效性仍有待提升。随着合成生物学的发展, 利用相关手段改造非致病菌为细菌重塑 TIME 的临床转化奠定了新的技术基础。本研究通过合成生物学手段构建基因线路, 在工程菌表面展示抗 CD19 scFv 主动靶向淋巴瘤肿瘤细胞, 并构建了基于 Kil 蛋白的细菌蛋白释放系统释放抗免疫检查点 CD47 及 PD-L1 纳米抗体。

结果 CD19 scFv 可被展示于工程菌表面, 增加与肿瘤细胞黏附。工程菌可大量释放具有生物活性的 CD47、PD-L1 纳米抗体。使用含有上述基因线路的非致病性工程菌在免疫正常 B 细胞淋巴瘤皮下瘤小鼠模型中可明显延长小鼠生存时间, 并具有良好的安全性。

结论 本研究开发的工程菌安全、有效, 为细菌治疗肿瘤的临床转化研究提供了新的基础。

PO-2819

医务人员再次献血意愿调查及影响因素分析

杨远芳

德阳市人民医院

目的 调查分析医务人员再次献血意愿现状，探究其影响因素，为发展固定低危献血者队伍，提高采血效能提供参考。

方法 采用自制调查问卷对 2020 年 1 月—2023 年 12 月在我市参与献血的 815 例医护人员进行调查，了解其再次献血意愿及影响因素。

结果 在 815 名接受调查的医务人员献血者中，首次献血 416 人，占比 51.04% (416/815)；重复献血 625 人，占比 76.68% (625/815)。医务人员共情能力、熟悉献血知识及政策、献血动机(奉献爱心，单位规定，方便自己用血)、采血机构服务质量优、献血感受以及献血途径了解方式(自我了解，单位宣传，公益广告)是影响医务人员再次献血意愿的独立因素。

结论 医务人员再次献血意愿受多因素影响。应通过提高献血服务互动质量，对献血政策和激励措施的宣传，以及献血者在整个献血过程中的感受等来提高医务人员再次献血的比例，促进低危献血队伍的发展。

PO-2820

Tetrandrine 在 CAR-T 治疗后细胞因子释放综合症中的作用及机制探究

王有名、鄂苗苗、李慧、王兴兵

中国科学技术大学

目的 Tetrandrine 是从植物防己块根中提取的一种双苄基异喹啉类生物碱，在多种炎症中表现出降炎效果，本研究旨在探索 Tetrandrine 对 CAR-T 治疗后细胞因子释放综合症的影响及作用机制。

方法 使用 CAR-T 和 Raji 细胞共培养上清刺激巨噬细胞 mTHP1 建立细胞 CRS 模型。ELISA 检测 Tetrandrine 对细胞因子分泌的影响。通过生物发光法(荧光素酶)检测 Tetrandrine 对 CAR-T 杀伤功能的影响。Western blot、流式和共聚焦成像用来探究其发挥作用的机制。最后在小鼠 CRS 模型中评估 Tetrandrine 对 CAR-T 治疗后细胞因子释放综合症的作用。

结果 Tetrandrine 可以浓度梯度抑制巨噬细胞 IL6 和 IL1 β 的分泌。低浓度 Tetrandrine 不影响 CAR-T 细胞的杀伤功能。机制上，在 CRS 时巨噬细胞中 PI3K/AKT/mTOR 通路活化，自噬被抑制，同时溶酶体 PH 升高和数量减少使得溶酶体降解能力减弱。Tetrandrine 可以抑制 PI3K/AKT/mTOR 通路的活化促进巨噬细胞自噬。此外，Tetrandrine 通过降低溶酶体 PH 和增加溶酶体的数量来部分恢复溶酶体降解能力从而促进自噬后期降解过程。在小鼠 CRS 模型中 Tetrandrine 可以抑制 CAR-T 治疗后细胞因子 mouse-IL6 和 human-IFN γ 的分泌。

结论 在本研究中我们发现 Tetrandrine 可以通过促进巨噬细胞自噬影响 CAR-T 治疗后的细胞因子释放综合征。

PO-2821

In Situ Bioorthogonal Labeling for Non-invasive, Dynamic In Vivo Tracking of CAR-T Cells

Zhaozhao Chen^{1,2}, Yu Hu^{1,2}, Heng Mei^{1,2}

1. Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

2. Hubei Clinical Medical Center of Cell Therapy for Neoplastic Disease

Objective With the rapid advancement of chimeric antigen receptor T cell (CAR-T) immunotherapy, CAR-T products have demonstrated significant efficiencies in refractory and relapsed hematologic neoplasms. As “living cellular drugs”, the absorption, distribution, metabolism, and excretion of CAR-T cells do not conform to the pharmacokinetics of traditional drugs. In order to enhance its therapeutic efficacy, further investigation is required into the migration, survival, and biological distribution of CAR-T cells within the body, as well as their impact on target sites, quantity, persistence, and adverse reactions. However, traditional tracking methods are often limited by technical constraints and fail to provide sufficient information to monitor cell dynamics within the body, and there is an increasing demand for tracking CAR-T cells dynamically in vivo. In this study, we employed a novel approach utilizing glycometabolic engineering and in situ bioorthogonal chemistry labeling technology for in vivo tracking of CAR-T cells in mouse models of subcutaneous lymphoma.

Methods Azide motifs are anchored on the CAR-T cell surface via the intrinsic glycometabolism of exogenous azide-glucose, serving as an artificial ligand for imaging probes binding. Then, the modified CAR-T cells were intravenously infused into NOD-scid-IL2R γ null (NSG) mice subcutaneously engrafted with Raji-luc cells. Subsequently, by introducing the complementary functional moiety dibenzocyclooctyl (DBCO)-conjugated near-infrared fluorescence (NIRF) and nuclide probes (eg. DBCO-ICG and DBCO-DOTA-68Ga) into the mice, through NIRF and positron emission tomography (PET) imaging, we achieved dual-modal, non-invasive and dynamic tracking of CAR-T cells, providing a comprehensive view of their biodistribution and kinetics of infiltration within the body.

Results Our research demonstrated the effectiveness and feasibility of this approach. Utilizing bioorthogonal labeling technology, we successfully labeled CAR-T cells and achieved dynamic tracking of them in vivo. We observed the distribution, migration, and proliferation of CAR-T cells within the body and could monitor their actions against tumors in real time.

Conclusion This study presents a novel approach utilizing bioorthogonal labeling technology for non-invasive, dynamic in vivo tracking of CAR-T cells. This method provides a new means for monitoring and optimizing CAR-T cell therapy and is expected to further advance the field of CAR-T cell therapy.

PO-2822

Bio-orthogonally redirected bispecific lentiviral vectors for in vivo CAR-T cell generation

Zhaozhao Chen^{1,2}, Yu Hu^{1,2}, Heng Mei^{1,2}

1. Union Hospital, Tongji Medical College, Huazhong University of Science and Technology

2. Hubei Clinical Medical Center of Cell Therapy for Neoplastic Disease

Objective Chimeric antigen receptor T-cell (CAR-T) therapy has emerged as a remarkably efficacious treatment modality in recent years for refractory and relapsed hematopoietic malignancies. However, the exorbitant cost and intricate manufacturing procedure of ex vivo CAR-T cell generation have impeded its broader application. In vivo induced CAR-T therapy offers the potential to circumvent cumbersome manufacturing logistics, thereby providing novel

insights into the field of CAR-T treatment. In this study, we have developed a bio-orthogonally redirected bispecific lentiviral vector platform for the reprogramming of circulating T lymphocytes into CAR-T cells and subsequent elimination of tumor cells in vivo. This approach holds great promise in advancing the clinical translation of CAR-T therapy and expanding its reach to a wider patient population.

Methods To engineer dual-targeting lentiviral vectors (D-LVs), the packing cell lines 293T was labelled with azide groups by glycometabolic bio-orthogonal chemistry (designated N3-293T) firstly, and a CD3 promoter (CD3p) was fused to CAR transfer plasmid. Secondly, azide groups modified LVs were further surface engineered with anti-CD3 antibody (OKT3) via click chemistry. The conjunction of OKT3 and was analyzed using dot immunobinding assay, confocal microscopy and the in vitro transduction efficiency was evaluated using flow cytometry. To demonstrate the ability of targeted transduction and specific cytotoxicity in vivo, D-LVs were intravenously infused into humanized NOD-scid-IL2R γ null (huNSG) mice engrafted with Nalm6-luc cells. Subsequently, the tumor burden was monitored using a noninvasive bioluminescence imaging system and the in-vivo CD19-CAR-T cells existence were detected by flow cytometry.

Results By displaying OKT3 on the single lentiviral surface and fused CD3p into the key construct, we could achieve targeted delivery of CD19-CAR genes to T cells both in vitro and in vivo.

Conclusion These results demonstrate the great potential applications of this engineered lentiviral system as a new strategy for inducing CAR-T immunotherapy in vivo and a promising approach for leading personalized treatment.

PO-2823

基于抗 His 标签核酸适体构建的新型类“BITE”免疫治疗工具

杨黎婷、陈静

上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心

目的 基于抗体的免疫疗法如双抗、CAR-T 等在临床应用中存在靶点有限、免疫原性高、难以进入肿瘤组织以及修饰改造困难等问题，仍需进一步开发新的免疫治疗工具以提高疗效。核酸适体是通过指数富集的配体系统进化技术（Systematic Evolution of Ligands by Exponential Enrichment, SELEX）筛选获得的、能够特异性结合靶标的单链寡核苷酸序列，具有靶标范围广、易于合成修饰、生物相容性好等优势，可作为抗体的理想替代用于肿瘤免疫治疗。本文在筛选特异性结合重组蛋白标签 6×His 核酸适体的基础上探索了其在 T 细胞免疫疗法中的应用，通过构建原理类似双特异性 T 细胞衔接器的环状适体-抗体复合物，显著增强了 T 细胞的抗肿瘤靶向杀伤。

方法 体外表达带有 6×His 标签的重组蛋白，在此基础上利用 SELEX 技术筛选针对 His 标签的核酸适体，并通过酶联寡核苷酸吸附试验（Enzyme-linked Oligonucleotide assay, ELONA）验证其结合的特异性及亲和力。选取靶向肿瘤表面抗原 PTK7（Protein tyrosine kinase 7）的经典核酸适体 sgc8 与抗 His 标签核酸适体相连构建环状适体，进一步与 CD3 抗体 OKT3 结合形成双特异性复合物，通过流式、共聚焦等方法验证 T 细胞对靶细胞的结合及杀伤。

结果 本文利用基于重组蛋白的 SELEX 技术筛选得到了特异性结合 His 标签的核酸适体 20S，ELONA 实验证明其与既往文献报道的 6H5-MU 相比具有更高的亲和力。在成功构建环状适体并验证其血清稳定性后，与带有 His 标签的 CD3 抗体 OKT3 结合制备出功能类似 T 细胞衔接器的双特异性环状适体-抗体复合物。在验证了该复合物能够特异性结合靶细胞后，进一步利用流式及共聚焦的方法证明该复合物可显著增加 T 细胞与肿瘤细胞之间的连接。在此基础上通过对共培养体系中肿瘤细胞活率以及 T 细胞表面活化标志物、毒性因子分泌进行检测，成功证明了该复合物对 T 细胞杀伤目的肿瘤细胞的增强作用。

结论 利用新筛选的抗 His 标签核酸适体构建的双特异性环状适体-抗体复合物能够增强 T 细胞对肿瘤细胞的靶向杀伤，为基于 T 细胞的免疫疗法提供了简单通用的新型分子工具。

PO-2824

克拉屈滨、阿糖胞苷联合维奈克拉方案 治疗急性白血病的机制研究

黄元宏¹、葛帅帅¹、王秒¹、张知鸷¹、李岩岩¹、刘松柏²、戴海萍¹、薛胜利¹

1. 国家血液系统疾病临床医学研究中心，江苏省血液研究所，苏州大学附属第一医院血液科

2. 苏州医学生物技术重点实验室，苏州卫生职业技术学院

目的 克拉屈滨、阿糖胞苷和维奈克拉（CAV）在复发难治急性髓系白血病中具有较高的再诱导缓解率，被纳入中国复发难治急性髓系白血病诊断和治疗指南。这三种药物联合抗白血病的作用机制尚不明确。拟通过一系列体外细胞模型，探索克拉屈滨、阿糖胞苷和维奈克拉的抗白血病机制。

方法 使用 CCK-8 法观察克拉屈滨、阿糖胞苷和维奈克拉单药及联合用药对急性髓系白血病(AML)细胞系 HL60、MOLM-13 和急性淋巴系白血病(ALL)细胞系 RS4;11 增殖的影响，利用 CompuSyn 软件计算药物联合指数（CI）。通过 Annexin V/PI 双染色、JC-1 染色和 Western blotting 检测克拉屈滨、阿糖胞苷和维奈克拉对急性白血病细胞凋亡的影响。使用流式细胞仪检测克拉屈滨、阿糖胞苷和维奈克拉对细胞周期的影响，并用 Western blot 验证三药对急性白血病 DNA 损伤的作用。

结果 克拉屈滨、阿糖胞苷和维奈克拉单独或联合应用均能显著抑制白血病细胞的增殖，且呈剂量依赖性，并具有协同作用（CI<1）。CAV 联合用药在诱导 AL 细胞凋亡方面具有明显的协同作用（P < 0.05），三种药物联用可显著降低线粒体膜电位，诱导内源性凋亡，同时显著切割激活 Caspase 3 和 PARP。CAV 可使细胞阻滞于 G0/G1 期，Western blot 结果显示，CAV 组 γ -H2A.X 表达上调，药物联合显著诱导 DNA 双链断裂。

结论 克拉屈滨、阿糖胞苷和维奈克拉单药及联合方案通过抑制细胞增殖、诱导细胞内源性凋亡和促进 DNA 断裂，发挥抗白血病效应。

PO-2825

基于网络药理学的木犀草素治疗 免疫性血小板减少症的机制研究及实验验证

张淑文、王宏伟
山西医科大学

目的 通过网络药理学的方法，探究木犀草素治疗免疫性血小板减少症（ITP）的分子机制。

方法 通过中药系统药理学数据库与分析平台（TCMSP）收集木犀草素相关的潜在靶点；ITP 的相关蛋白从 Genecards、DisGeNet 数据库中获取。将木犀草素和 ITP 的常见蛋白靶标导入 STRING 数据库，以获得靶标之间的关系，进而利用 DAVID 数据库通过 GO 和 KEGG 富集分析评估木犀草素和 ITP 的共同靶蛋白以探讨党参治疗 ITP 的作用机制。此外，通过动物实验验证木犀草素对 ITP 小鼠模型的影响。

结果 筛选出了参与 ITP 治疗的木犀草素的 20 个靶点，包括 PTGS1、HSP90AA1、JUN、MMP2、和 MAPK1 等关键靶蛋白。网络富集分析结果发现木犀草素通过调节 PI3K-Akt、IL-17、T 细胞信号通路来抑制 ITP。动物实验结果表明，与模型对照组相比高剂量木犀草素组（75mg/kg）外周血小板计数，血清细胞因子 IL-10、TGF- β 含量显著升高（P<0.05），脾脏指数显著下降（P<0.05）。病理

结果显示，木犀草素组小鼠的脾脏组织病理较模型对照组明显改善，淋巴细胞的数量明显回升。

结论 本研究阐明木犀草素对抗 ITP 的潜在机制，为揭示中药的药理机制提供了有效的参考，促进了木犀草素在 ITP 治疗中的更多应用。

PO-2826

中性粒细胞制剂靶向骨髓递药促进多发性骨髓瘤的免疫治疗研究

张波、孙春艳、胡豫

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 利用中性粒细胞衰老后过表达 CXCR4 从而归巢骨髓的生理特性，建立一种中性粒细胞劫持的药物递送策略用于提高药物在骨髓组织中的分布；提出一种新的药物组合用于提高骨髓瘤的免疫治疗效果。

方法 制备 RGD 环肽分子修饰的脂质体药物（RLP）和没有 RGD 环肽分子修饰的脂质体药物（LP）并进行表征；探索 RLP 和中性粒细胞的结合效应以及对骨髓组织的靶向性；验证包载卡非佐米的 RLP（C-RLP）和 BMS-202（PD1 信号通路的小分子抑制剂）的 RLP（B-RLP）对骨髓瘤的联合治疗效果。

结果 RLP 粒径为 100nm 左右，可以在 4℃ 稳定保存一周左右；体内外实验证实 RLP 可以较 LP 更好地和中性粒细胞结合；离体骨髓组织荧光显像实验显示 RLP 可以较 LP 更容易富集到骨髓组织，骨髓组织免疫荧光染色显示 RLP 可以较 LP 更容易富集到骨髓组织，并且和中性粒细胞具有更好的共定位；C-RLP 联合 B-RLP 的药物组合可以较 C-LP 和 B-LP 的药物组合以及游离的卡非佐米和 BMS-202 的药物组合取得更好的治疗效果，同时可以最为显著地促进具有骨髓瘤杀伤效应的毒性 T 细胞并减少免疫抑制效应的 Treg 和 MDSC 在骨髓组织中的分布，改善骨髓瘤的免疫微环境。

结论 本研究建立了一种基于中性粒细胞衰老后归巢骨髓特性的纳米递药策略，可以高效递送卡非佐米和 BMS-202 到达骨髓组织，改善骨髓瘤的免疫微环境，提高骨髓瘤的免疫治疗效果。

PO-2827

16 例职业性慢性苯中毒的外周血淋巴细胞亚群分析

唐君玲¹、刘永生²、牟玲¹、郑丽¹、贺炜¹、刘仟千¹、吴佳霏¹、张琳依¹、张庭强¹、蒋结梅¹、王丽¹、王永义¹

1. 重庆医药高等专科学校附属第一医院
2. 重庆医药高等专科学校

目的 研究职业性慢性苯中毒患者的淋巴细胞亚群变化特征。

方法 采集 16 例患者外周血进行流式细胞检测淋巴细胞亚群。

结果 结果 16 例苯中毒患者外周血中淋巴细胞亚群紊乱。16 例患者的 NK 样 T 细胞均值为 13.79%，其中 13（81.25%）例患者的 NK 样 T 细胞比例（%）都高于正常值；晚期活化 T 淋巴细胞（DR+）升高的患者比例为 56.25%。11 例患者都出现了 B2 淋巴细胞的异常，其中 9 例患者都呈现增高。

结论 职业性慢性苯中毒患者存在 T 细胞亚群的紊乱和 B2 淋巴细胞的改变，其中 NK 样 T 细胞的改变最为显著。

PO-2828

分析 43 例职业性慢性苯中毒患者血细胞水平的变化

刘仟千、唐君玲、冉小雨、郑丽、吴佳霏、张琳依、张庭强、喻梅、王丽、吴月梅
重庆医药高等专科学校附属第一医院

目的 汇总分析本院在 2020-2023 年期间，有住院史的职业性慢性苯中毒患者的血常规变化情况。

方法 统计 2020-2023 年重庆市职业病防治医院住院 43 例患者（33 例轻度苯中毒、8 例中度苯中毒和 2 例重度苯中毒患者）的临床信息及历次血常规数据，用 Excel 和 Graphpad 软件对血常规数据进行分类分析。

结果 不同程度苯中毒均有白细胞数量、中性粒细胞数量、淋巴细胞数目下降，以重度苯中毒下降较明显，同时重度苯中毒合并血小板数目及压积明显下降及大型血小板比例升高。随停止苯接触时间延长，白细胞数量和中性粒细胞数量可逐渐升高，而在停止暴露时间 >12 年后这两类细胞甚至可恢复至正常。

结论 职业病慢性苯中毒可导致造血系统损害，会出现外周血血象的异常改变。

PO-2829

AKT inhibitors enhance the sensitivity of TPR-FGFR1 cells to FGFR1 inhibitors induced apoptosis

Mengyao Lv, Feng Li
Jinling Clinical Medical College, Nanjing University of Chinese Medicine

Objective Nowadays, fibroblast growth factor receptor 1 (FGFR1) inhibitors are considered as an effective kinase inhibitor for 8p11 myeloproliferative syndrome (EMS) treatment. However, targeting FGFR1 alone may not be sufficient in EMS patients with TPR-FGFR1 rearrangement. Therefore, there is a need to seek more effective treatment strategies.

Methods In this study, we established TPR-FGFR1-expressing Baf3 cells and performed RNA-Seq analysis. Then, we evaluated the effect of combining FGFR1 and AKT inhibitors on the protein expression levels of FGFR1 and AKT phosphorylation. Furthermore, we performed flow cytometric analysis (FACS) to determine the levels of cell apoptosis.

Results RNA-Seq analysis revealed that genes associated with TPR-FGFR1 expression mainly participated in the epidermal growth factor receptor (EGFR) pathway ($|FC| > 1.80$, $P < 0.05$). Gene set enrichment analysis (GSEA) identified significant enrichment in the PI3K/AKT pathways. Moreover, we found that treatment with FGFR1 inhibitors alone could completely inhibit FGFR1 phosphorylation, but could not completely inhibit AKT, which is the downstream molecule of FGFR1. Compared to FGFR1 inhibitors alone, co-treatment with PD-166866 (FGFR1 inhibitor) and MK-2206 (AKT inhibitor) could simultaneously inhibit the phosphorylation of FGFR1 and AKT. In addition, FACS results indicated that the combination therapy of PD-166866 and MK-2206 significantly increased the rate of cells apoptosis than monotherapy of PD-166866 ($P < 0.0001$).

Conclusion We found that EGFR is another activation pathway for AKT in TPR-FGFR1-expressing Baf3 cells. Furthermore, the combined treatment of FGFR1 inhibitor and AKT inhibitor increased the apoptosis rate of TPR-FGFR1-expressing Baf3 cells. Collectively, the data obtained in the present study provides strong evidence for dual targeting therapy of FGFR and AKT in EMS patients with TPR-FGFR1 rearrangement, offering a new direction for EMS treatment.

PO-2830

IFN- γ and TNF- α Synergistically Induce Mesenchymal Stem/Stromal Cell Death via RIPK1-Independent Necroptosis

Xiang Ren, Jiali Huo, Xingxin Li, Min Wang, Peng Jin, Neng Nie, Jing Zhang, Jinbo Huang, Yizhou Zheng, Meili Ge
CAMS

Objective IFN- γ and TNF- α are two vital inflammatory factors aberrant in many diseases and an inflammatory microenvironment is detrimental to residual cells such as mesenchymal stem/stromal cells (MSCs). IFN- γ alone or in combination with TNF- α have distinct effects on the immunoregulatory properties of MSCs, and they have been raised to be optimal prime factors to enhance the immunosuppressive capacity of engineered MSCs. Yet controversies remain with regards to the normal function maintenance of cells as they may be impaired after exposure to inflammatory factors. We hope to reveal the underlying mechanisms of cell impairment in this setting through in vitro approaches.

Methods Human bone marrow-derived MSCs were exposed to IFN- γ and/or TNF- α , with vehicle as control. Then the cells were evaluated from the aspects of morphology, proliferation, apoptosis, senescence, differentiation, immunosuppression, and gene expression profiling etc.

Results We found that IFN- γ synergises with TNF- α to induce cell death of MSCs via necroptosis. When MSCs are exposed to both IFN- γ and TNF- α , its morphological features and biological functions are totally injured. Firstly, IFN- γ and TNF- α synergistically induce distinct morphological changes of MSCs to an enlarged widespread morphology and a disordered growth. Single cell looks like a flat spider web and the blurred cell membrane hints that these cells may have "ruptured". Secondly, MSCs are functionally impaired in regard to their capacities of proliferation and migration, which, however, are not associated with increased cell apoptosis or senescence. Furthermore, the adipocytes, osteocytes and chondrocytes differentiation capacities of MSCs are entirely impaired and the immunosuppressive efficacies of MSCs on T cells are also attenuated by synergistic effect of IFN- γ and TNF- α , although these impaired MSCs retain normal capacity of releasing indoleamine 2,3-dioxygenase. Mechanistically, we initially find that the signaling of IFN- γ might be enhanced by TNF- α through increasing the abundance of IFN- γ receptor1, indicating an interplay mechanism of the two cytokines. When the injured cells are subjected to RNA-Sequencing, it reveals that those MSCs have undergone a unique form of programmed cell death, which is necroptosis, characterized by a necrotic morphology and releasing of cellular contents, thereby leading to a variety of inflammatory responses subsequently. Compared with the control groups, IFN- γ and TNF- α synergistically increased the expression level of major necroptotic signaling cascade RIPK1, RIPK3 and MLKL into a significant level, and further analysis reveals that all other genes associated with necroptosis (TRADD, TICAM1, ZBP1, TLR3, and TLR4) are significantly upregulated as well. Finally, the rescue experiments targeting signaling pathways of necroptosis show that the process cannot be reversed by RIPK1 inhibitor (Necrostatin-1), however, RIPK3 and MLKL inhibitor (GSK872 and Necrosulfonamide) hold individual or collaborative effects of protection against it, suggesting the undergoing necroptosis in this setting is independent of RIPK1.

Conclusion These findings disclose an immunogenic cell death mechanism of MSCs deficits in some inflammation associated diseases, with expectations to innovate potential targeted therapies. Besides, inflammatory impairment should be taken into consideration when delivering cell therapy based on MSCs primed with IFN- γ and TNF- α .

PO-2831

组蛋白去甲基化酶 JMJD1C 订书肽激活剂的设计 合成及促干细胞扩增研究

徐鑫
山东第二医科大学

目的 组蛋白去甲基化酶 JMJD1C 在包括造血过程在内的众多细胞活动中发挥作用。本研究旨在探索基于 JMJD1C 的功能性结构域设计激活剂的可能性，以及这些激活剂在促进干细胞扩增方面的潜力和作用机制。

方法 本研究针对 JMJD1C 的关键功能性锌指结构域，进行了深入研究。我们采用了包括订书肽在内的多种多肽修饰技术以提高多肽的稳定性。CCK8 细胞增殖检测被用于评估多肽的细胞活性，实时定量 PCR 和 Western blot 技术用以测定多肽对细胞内 JMJD1C 表达的影响。此外，本研究还使用脐带造血干细胞和脐带间充质干细胞体系来评估多肽对干细胞活性的促进作用，通过细胞增殖、集落形成和流式细胞术等实验评估其对干细胞增殖和分化的影响。多肽沉淀实验结合质谱分析被用来鉴定与 JMJD1C 及功能性多肽相结合的蛋白，进一步通过表面等离子共振分子互作实验确定这些蛋白的结合强度。

结果 本研究首先系统性地分析了 JMJD1C 的蛋白结构域。基于这些结构域的二级结构预测，我们设计了多种多肽，并通过添加穿膜结构、豆蔻酰化修饰和订书肽设计来优化。CCK8 增殖检测结果显示，针对 JMJD1C 锌指结构域设计的一种订书肽（命名为 SAH-JZ3）展现出最佳的促细胞增殖活性。Western blot 结果表明 SAH-JZ3 能够增强细胞内 JMJD1C 蛋白的表达，暗示它可能作为 JMJD1C 的有效激活剂。通过对脐带造血干细胞和间充质干细胞的实验，发现 SAH-JZ3 能显著促进 CD34⁺脐带造血干细胞的扩增，而对脐带间充质干细胞的扩增也有促进作用，但对其分化无显著影响。通过生物素标记的 SAH-JZ3 多肽沉淀实验和质谱分析，鉴定出多个与 SAH-JZ3 相互作用的潜在蛋白，包括 platelet factor 4 等，这些相互作用通过表面等离子共振分子互作实验证实。

结论 本研究成功设计并合成基于 JMJD1C 锌指结构域的订书肽 SAH-JZ3，作为 JMJD1C 的激活剂，显示出促进造血干细胞和间充质干细胞体外扩增的能力。

PO-2832

eccDNA 促进 DLBCL 进展的新机制以及靶向治疗策略探索

伍紫娟、王博雅、金晖、李建勇
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

目的 eccDNA 在肿瘤的发生发展及耐药中具有重要作用，然而其在免疫逃逸中的作用尚不明确。MHC-I 表达降低是肿瘤细胞逃避免疫系统的一种常见机制，本研究旨在探究 eccDNA 调控 MHC-I 介导的抗原呈递作用，促进免疫 DLBCL 免疫逃逸的作用及内在分子机制。

方法 利用 scRNA-seq 分析 eccDNA 与抗原呈递相关性，GEO 数据集明确 eccDNA 与 EZH2 的关系，药筛平台确定 EZH2 对 MHC-I 的调控作用，scRNA-seq、ATAC-seq 等揭示内在分子机制，细胞及动物模型评估 EZH2 介导的免疫逃逸作用以及 EZH2 抑制剂联合 PD1 单抗协同抗肿瘤效果。

结果 对 18 株 DLBCL 细胞进行 scRNA-seq，GSEA 分析发现 eccDNA 丰度低的细胞显著富集于 MHC-I 及抗原呈递通路，差异基因分析发现 MHC-I 相关基因在 eccDNA 丰度高的细胞中显著高表达。qPCR 和 WB 验证了这一结果。同样，转染 eccDNA 的细胞相较于对照组也获得了一致的结果。DLBCL 患者常伴有 EZH2 突变，而其与 MHC-I 表达相关，其他肿瘤中也发现 EZH2 表达可以调控 MHC-I。对 EZH2 突变和未突变细胞分析发现 eccDNA 高表达促进 EZH2 表达升高。GEO 数据集

说明 EZH2 与 MHC-I 表达负相关, 同时分析发现 EZH2 高表达患者预后明显较差, 且多因素分析表明其是 DLBCL 患者的独立危险预后因素。动物实验证明 EZH2 可以通过 CD8+T 细胞介导免疫逃逸, 促进 DLBCL 小鼠疾病进展。通过药筛发现 EZH2 抑制剂 GSK126 可以显著抑制 DLBCL 细胞增殖, 并增强 MHC-I 的表达。GSK126 可以抑制小鼠肿瘤生长, 当其联合 PD1 单抗时, 抗肿瘤效果更为显著。

结论 eccDNA 通过 EZH2 调控 MHC-1 介导的抗原呈递作用, 促进 DLBCL 免疫逃逸。EZH2 抑制剂可以恢复 DLBCL 免疫应答, 其联合 PD1 单抗具有协同抗肿瘤作用, 为患者新的治疗策略提供了理论支持。

PO-2833

氟暴露对 AML 骨髓间充质干细胞增殖和成骨分化的影响

廖玉丹

贵州医科大学附属医院

目的 骨髓造血微环境异常导致急性髓系白血病 (AML) 复发和耐药问题, 而骨髓间充质干细胞 (BMSCs) 是构成造血微环境的主要细胞成分, 不仅能够维持正常骨髓造血功能, 还能保护 AML 细胞免受化疗药物的损害, 并促进白血病干细胞的存活, 使得 AML 耐药性形成。我国存在广泛的氟暴露区域, 已有充分的证据表明氟的摄入诱导 BSMCs 成骨分化能力增强, 而氟暴露诱导 BMSCs 成骨分化增强后对骨髓微环境的影响研究报道较少。本研究从氟暴露诱导的 BMSCs 生物学功能改变切入, 探讨氟暴露对骨髓微环境的损害在 AML 耐药中发挥的可能作用。

方法 根据《中国成人急性髓系白血病(非急性早幼粒细胞白血病)诊疗指南(2022 年版)》纳入初诊的成人急性髓系白血病患者 20 例作为研究对象。经粒细胞集落刺激因子 (G-CSF) 动员的正常供者外周血 CD34+ 细胞作为对照 10 例。实验过程及标本获取均获得患者知情同意及贵州医科大学附属医院伦理委员会批准。依据预实验结果选取 150 $\mu\text{mol/L}$ 氟化钠 (NaF) 处理 BMSCs, EDU 法检测 BMSCs 增殖情况; 碱性磷酸酶和矿化结节染色检测 BMSC 成骨和成脂分化能力; 检测 BMSCs 成骨分化后碱性磷酸酶 (ALP) 活性以及矿化结节半定量。

结果 流式细胞术结果显示, BMSCs 表面分子 CD105、CD73 和 CD90 均阳性, CD45、CD34 均阴性。分别采用 150 $\mu\text{mol/L}$ 氟化钠 NaF 处理后 AML 和正常对照组 BMSCs 后, 各组之间差异具有统计学意义 (P 均 < 0.05); NaF 处理后 BMSCs 增殖能力增强 ($P < 0.05$)。碱性磷酸酶和矿化结节染色显示, 各组之间 BMSCs 成骨分化和矿化能力以及 ALP 活性和矿化半定量均存在差异 (P 均 < 0.05), NaF 处理后 BMSCs 成骨分化和矿化能力增强、ALP 活性和矿化半定量均增强。

结论 氟暴露促进急性髓系白血病患者骨髓间充质干细胞成骨分化, 可能影响其骨髓微环境稳定性。

PO-2834

TSPAN32 通过促进 CD25 复合体形成与稳定增强 CAR-T 细胞抗肿瘤功能

邱强、孙媛媛、王渤川、胡以国

四川大学华西医院

目的 CAR-T 细胞疗法是当前热门的肿瘤免疫治疗手段, 而肿瘤病人 T 细胞功能状态对 CAR-T 细胞治疗效果具有重要影响。有研究发现 Tspan32 敲除小鼠对抗病原体感染能力明显降低, 特别是抗原特异性 CD8+ T 细胞的比例明显减少。本研究详细阐明了 TSPAN32 对 T 细胞功能调控及其具体分子机制。

方法 通过数据库及临床样本分析健康人和肿瘤病人外周 T 细胞中 TSPAN32 的表达差异，且比较其制备的自体 CAR-T 细胞功能差异。用 DLBCL 病人和健康人 T 细胞制备靶向 CD19 的 TSPAN32 高表达 CAR-T 细胞，在多个肿瘤模型中评估其杀伤功能。最后通过转录组学，蛋白质谱及生化细胞等手段揭示 TSPAN32 调控 T 细胞功能详细的分子机制。

结果 大数据分析及实验结果表明肿瘤病人外周 T 细胞中 TSPAN32 表达明显低于健康人，且体外增殖能力减弱，制备的自体 CAR-T 细胞体外肿瘤杀伤作用明显低于健康人组；靶向 CD19 高表达 TSPAN32 CAR-T 细胞在多个 CDX 和 PDX 模型中治疗作用明显优于对照组。机制研究显示 TSPAN32 过表达促进 T 细胞活化、细胞因子分泌及激活 JAKs-STATs 信号通路。另外，TSPAN32 与 CD25 存在直接相互作用，二者在 IL-2 刺激后的 T 细胞膜表面存在时空高度重合性，且 TSPAN32 高表达或缺失可明显影响 T 细胞中 CD25 的表达水平及下游 JAKs-STATs 信号通路激活。

结论 TSPAN32 可通过稳定并增强 CD25 在 T 细胞膜上表达以及 IL-2 受体复合物形成，促进下游 JAKs/STATs 信号通路转导，进而提高 T 细胞的活化程度和抗肿瘤功能。

PO-2835

异质骨髓基质通过调控 S100A8/S100A9 表达水平 驱动纤维化并影响芦可替尼疗效

冯秋天、黄健
浙江大学医学院附属第一医院

目的 通过单细胞测序，研究骨髓纤维化患者 S100A8/S100A9 基因表达与骨髓纤维化过程、药物治疗效果的相关性。

方法 将一例对芦可替尼不耐受的骨髓纤维化患者作为对照组，三例耐药的患者作为实验组。通过单细胞亚群分类和可视化，确定特征基因，并基于这些特征基因进行了 GO 富集分析和 KEGG 富集分析。

结果 对所有样本进行聚类 and 可视化，通过不同细胞簇的差异基因表达分析表明，在其中 2 簇细胞中 S100A8/S100A9 基因显著上调。结合单细胞水平的主要细胞类型分布图，发现 S100A8/S100A9 基因主要分布在骨髓细胞和单核细胞中。而富集分析显示，与氧化应激代谢、免疫炎症反应以及其他途径相关的途径在芦可替尼耐药组中显著富集，同时还有与 NF-kappaB 转录因子活性调节、Jak-STAT 信号转导和 mTOR 信号转导相关的途径。

结论 在芦可替尼耐药的患者中，S100A8/S100A9 基因在骨髓细胞和单核细胞中显著上调，并富集于多个与炎症和免疫反应相关的途径。S100A8/S100A9 基因的表达水平可能影响芦可替尼在骨髓纤维化患者中的治疗效果。S100A8/S100A9 可能是驱动骨髓纤维化的重要影响因素，也是潜在的治疗靶点。

PO-2836

纳米免疫治疗在血液肿瘤中的研究进展及临床转化前景

徐健、孙春艳、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨纳米技术在血液肿瘤免疫治疗中的研究进展及临床转化应用前景。

方法 使用 Nanotechnology、Immunotherapy、Hematological malignancies 等关键词在 PubMed、Web of Science 等搜索引擎中检索与主题相关文献。同时使用 Nanotechnology、Nanoparticle、

Lymphoma 等关键词在 Clinicaltrials.gov 官网中检索与主题相关的注册临床研究。

结果 纳米技术可简化 CAR-T 治疗流程、提高 CAR-T 治疗疗效并减少相关副作用。例如：替代病毒载体，更有效地将 CAR 基因或 mRNA 转入 T 细胞；替代微磁球 aAPC 系统，提高抗原提呈能力和 CAR-T 细胞的体外活化、增殖效率；通过 CAR mRNA 或 CAR DNA 纳米载体实现 CAR-T 细胞体内个体化构建；以及通过 CAR-T 细胞靶向结合纳米实现 CAR-T 细胞体内实时监测等。此外，纳米材料作为载体或者免疫佐剂用于纳米疫苗的制备，具有保护抗原免受降解，控制抗原体内的分布和释放，增强抗原提呈细胞的摄取能力等作用，提高肿瘤疫苗的免疫激活效应。纳米技术还可用于 PD-1 纳米抗体、PD-1 siRNA 纳米载体等制备，提高对免疫检查点的抑制效应。通过靶向去除或杀伤肿瘤微环境中免疫抑制细胞、减少免疫抑制因子等方式，纳米技术也可以重塑抑制性免疫微环境，进一步提高抗肿瘤免疫。目前，基于纳米材料的药物、基于纳米抗体的 CAR-Ts、纳米疫苗等均有产品实现临床转化进入临床实验研究阶段。

结论 纳米技术在血液肿瘤免疫治疗领域目前处于较早期阶段，然而未来有望成为肿瘤免疫治疗成功的关键驱动力。

PO-2837

一种新型 CD45 阳性循环肿瘤细胞的动物模型功能验证分析

陈小文^{1,2}、袁秀丽¹、崔秀芳³、曹年华³、徐焕丽¹、张民^{1,2}、刘四喜¹、刘宗彬³、文飞球¹

1. 深圳市儿童医院 血液肿瘤科
2. 深圳市儿童医院 儿科研究所
3. 深圳市瑞格生物科技有限公司

目的 前期神经母细胞瘤外周血发现一种新型 CD45 阳性循环肿瘤细胞 (DP-CTC) 与转移及预后更相关，但其功能特征不明确，拟基于小鼠模型对此类 CTC 转移成瘤效能及特征进行探究。

方法 Luc-GFP-Neuro-2a 细胞对 Balb/c 小鼠原位神经母细胞瘤建模，采集不同进展期荷瘤小鼠外周血，级联过滤式确定性侧向位移微流控芯片分离富集两类 CTC，统计分析两类 CTC 数量差异；CD45-PE 标记细胞，流式分选获纯化 CTC (GFP+/CD45-) 和 DP-CTC (GFP+/CD45+)，约 400 个 CTC 或 DP-CTC 分别尾静脉注入 BALB/c 小鼠，生物发光成像和 H&E 染色确定转移区域，分析两类 CTC 转移成瘤效能差异；分别收集约 100-1000 个上述细胞进行单细胞微量测序，对比分析基因表达差异。

结果 成功构建 Neuro-2a 细胞 Balb/c 小鼠原位成瘤模型。转移组外周血 DP-CTC 计数显著高于非转移组 ($P < 0.05$)。荧光素酶信号和 H&E 染色检测到 DP-CTC 组的所有小鼠和 CTC 组五分之三小鼠都检测到肝脏或脾的转移。DP-CTC 组显示出更高的肿瘤进展风险 ($P < 0.05$)，无病生存率 (DFS) ($P < 0.05$) 和总生存率 (OS) ($P < 0.01$) 更差。这些结果表明，在血行转移中，DP-CTC 是比 CTC 更有效的转移起始细胞。微量 RNA-seq 组学显示，与 CTC 相比，DP-CTC 中超过 77% 的中性粒细胞标记基因和超过 62% 的巨噬细胞标记基因上调。GO 通路分析显示 DP-CTC 的显著上调基因富集于白细胞迁移、细胞粘附、细胞因子产生、对外部刺激反应的正调控和免疫系统过程的负调控。

结论 项目成功从 Neuro-2a 荷瘤小鼠的血液中分离出双阳性循环肿瘤细胞 (DP-CTCs)，与之前的临床检测一致。与 CTC 相比，DP-CTC 在免疫完整小鼠中表现出更大的转移起始能力，有可能成为肿瘤转移监测和预后评估有前景的外周血活检标记物。

PO-2838

脐血造血干细胞移植联合间充质干细胞治疗骨髓型急性放射病小鼠的实验研究

侯怡西、任柯全、肖倩倩、周芳
中国人民解放军联勤保障部队第 960 医院

目的 观察脐血造血干细胞移植(UCBT)联合人脐带沃顿胶间充质干细胞(WJ-MSCs)对骨髓型急性放射病(ARS)小鼠的治疗效果

方法 小鼠给予 8Gy 剂量的 $^{60}\text{Co}\gamma$ 射线辐射,建立骨髓型 ARS 小鼠模型,按照完全随机设计分为单倍体组、脐血组和生理盐水组,每组 50 只小鼠。通过各组小鼠生存率、血细胞变化情况、骨髓病理切片、髓细胞集落数及 GVHD 小鼠病理切片,观察 UCBT 联合 WJ-MSCs 对受致死剂量辐照的 CB6F1 小鼠救治疗效。

结果 生理盐水组小鼠第 14 天全部死亡,中位生存时间为 8.9 天(95%CI 7.7-10.0)。单倍体组和脐血组小鼠中位生存时间均为 30 天,两组小鼠生存时间差异没有统计学意义($P=0.561$)。单倍体组与脐血组小鼠移植后第 28 天 WBC ($2.82\pm 0.50\times 10^9/\text{L}$ 、 $3.22\pm 0.17\times 10^9/\text{L}$),PLT ($616.2\pm 40.6\times 10^9/\text{L}$ 、 $606.2\pm 48.5\times 10^9/\text{L}$),RBC ($11.26\pm 1.34\times 10^{12}/\text{L}$ 、 $11.46\pm 1.97\times 10^{12}/\text{L}$),Hb ($125.6\pm 1.49\text{g/L}$ 、 $124.6\pm 1.35\text{g/L}$)。两组小鼠 WBC、PLT、RBC、Hb 恢复速度和程度不存在统计学差异($t=-1.516,P=0.07$ 、 $t=0.316,P=0.597$ 、 $t=0.911,P=0.730$ 、 $z=-0.752,P=0.452$)。

结论 脐血造血干细胞移植联合人脐带沃顿胶间充质干细胞能够促进骨髓型急性放射病的造血重建及植入,提高移植成功率,降低死亡率,具有重要临床意义。

PO-2839

糖皮质激素通过增强 CD163-HMOX1 信号通路促进红细胞成熟的机制研究

李梦佳、李旭东、张兵雷、高乐、宋永平、姜中兴、李威
郑州大学第一附属医院

目的 全世界 30%的人患有贫血,其发病率和死亡率高。与慢性肾功能不全相关的贫血可通过促红细胞生成素(Epo)成功治疗。然而,许多红细胞异常相关血液病,如溶血、败血症、纯红细胞再生障碍性贫血(DBA),对 Epo 产生耐药性。地塞米松(DEX)是直接改善 Epo 耐受和骨髓衰竭患者红细胞生成的主要药物之一。然而 DEX 如何影响红细胞生成尚待进一步明确。本研究拟通过对野生型小鼠、CD163 小鼠和 HO1 小鼠分别连续注射 DEX 以及体外实验结合单细胞转录组数据,详细阐释 DEX 通过影响 EBI 巨噬细胞形成及其支持红细胞生成的分子机制。

方法 首先利用体外实验将 DEX 预处理的单核细胞衍生巨噬细胞或经 DEX 预处理的 HSCs 衍生巨噬细胞与红细胞共培养,在 EPO 存在的情况下,进行 EBI 形成实验;接着利用小鼠模型(野生型 WT, CD163 敲除和 HO1 敲除)比较 DEX 处理后红系细胞情况以及 EBI 形成实验和铁水平检测,最后进行单细胞转录组测序实验进一步探索相关分子机制。

结果 我们发现人类 CD34+ 造血干细胞(HSCs)而非 CD14+单核细胞衍生的巨噬细胞在体外易与红细胞有效结合形成红系造血岛(EBI)。并且,糖皮质激素在体外和体内实验均可通过增加 CD163 和 HMOX1 的表达,促进人 EBI 的形成和血红素代谢,更重要的是,利用氯膦酸脂质体去除巨噬细胞可减少糖皮质激素对红细胞生成影响。进一步单细胞转录组结果提示 CD163-/-小鼠无明显贫血症状是由于 CD163-/-EBI 巨噬细胞的红细胞生成代偿能力增强,巨噬细胞上 CD163 的缺

失降低了糖皮质激素促进骨髓红细胞成熟的作用。另外，我们发现 HMOX1-/-小鼠骨髓中的红细胞数量、EBI 巨噬细胞和 EBI 数量减少，而巨噬细胞上 HMOX-1 的半缺失降低了糖皮质激素促进骨髓红细胞成熟的作用。

结论 综上所述，我们的研究表明，糖皮质激素通过增强 CD163-HMOX1 信号通路进而促进 EBI 的形成，影响铁代谢，最终促进红细胞的成熟。

PO-2840

LAG-3 在肿瘤免疫中的作用

吴翌娴

南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 就淋巴细胞活化基因 3(LAG-3)的结构、功能及其在肿瘤免疫中的研究进展进行综述，增强对其了解。

方法 总结 LAG-3 相关文献，进行综述。

结果 淋巴细胞活化基因 3 (LAG3;CD223)是跨膜糖蛋白免疫球蛋白家族中的一员，在人体免疫系统中发挥重要的调节作用。LAG-3 是免疫检查抑制共受体之一，可参与肿瘤免疫反应，阻断其通路可恢复 T 细胞的功能，可通过结合 PD1 对 T 细胞功能产生负调控，从而调节 PD1 的耗尽。编码 LAG-3 基因及编码 CD4 的基因共用一个外显子，与 CD4 存在相似结构域，其合成氨基酸有着同源性，具有抗肿瘤的作用，这使 LAG-3 可成为一种潜在的癌症免疫治疗药物靶标。

LAG-3 表达与特异性 T 细胞的免疫负调节功能相关，抑制 LAG-3 分子功能可增加特异性 T 细胞子的抗肿瘤作用，LAG-3 和 PD-1 在 CD4+和 CD8+TIL 上共表达，共同抑制 LAG-3 和 PD-1 后可加强抗肿瘤 CD8+T 细胞的免疫应答。LAG3 与 PD-1 相互作用并聚集在免疫突触传导共抑制信号，同时阻断 LAG3 和 PD-1 能够通过增强 CD8+T 细胞功能和清除 Treg 发挥免疫协同作用，有研究表明，LAG3 表达与晚期淋巴结转移、细胞毒性 T 细胞浸润和 TP53 突变均有显著相关。

结论 LAG-3 参与了多种肿瘤发生及转移的可能，因此了解 LAG-3 的生物学特点并进一步探究其作用机制具有重要意义。

PO-2841

Inhibition of MELK promotes megakaryocyte maturation and thrombopoiesis in immune thrombocytopenia via Cofilin

Xueqian Li, Jiaqian Qi, Chu Tiantian, Hou Qixiu, Yue Han
苏州大学附属第一医院

Objective Impaired megakaryocyte (MK) maturation plays critical role in the development of immune thrombocytopenia (ITP), but the specific molecules and mechanisms involved remain unclear. This study aims to elucidate the underlying mechanisms of megakaryopoiesis disorder in ITP and identify a potential target for ITP treatment.

Methods Using a multidimensional approach, we investigated the role of the serine/threonine kinase MELK in impaired megakaryopoiesis in ITP. RNA-seq data from ITP patients at two centers were obtained from the Gene Expression Omnibus (GEO) database and reanalyzed to assess MELK expression in ITP. The study involved 43 ITP patients and 16 healthy donors. Utilizing flow cytometry, we examined the expression of MELK in bone marrow MKs (Lin-CD34-CD41+) and analyzed its correlation with clinical data. In vitro, we established systems of human

CD34+ cell-derived and mouse fetal liver stem cell-derived MKs to observe the effects of MELK on MK maturation, morphology and proplatelet formation. In vivo, the passive and active ITP mouse model was established, and the impact of a MELK inhibitor on bone marrow MKs quantity and platelet counts were observed post-administration.

Results Analysis of RNA-seq data from the GEO database (GSE23754, GSE23754) showed increased MELK expression in chronic ITP patients. Notably, the expression level of MELK was higher in ITP patients in remission compared to those at initial diagnosis. Our clinical results further revealed that the expression of MELK was elevated in bone marrow MKs of ITP patients, with a negative correlation with platelet count. Both in vitro and in vivo experiments demonstrated that inhibition of MELK facilitated MK differentiation and maturation, promoted proplatelet formation, and enhanced platelet production. Subsequent investigations unveiled that the impact of MELK on MK maturation was mediated through the activation of the MAPK/ERK signaling pathway. Additionally, MELK inhibition led to decreased Cofilin phosphorylation, with inhibition of the MAPK/ERK pathway hindering this effect, indicating the involvement of the MAPK-ERK/Cofilin pathway in MELK-induced megakaryopoiesis and thrombopoiesis.

Conclusion Our study suggested that MELK suppresses MK maturation and platelet production in ITP, purposing MELK as a potential therapeutic target for ITP treatment.

PO-2842

胞外巯基异构酶 ERp72 调控整合素 Mac-1 活性影响 中性粒细胞募集

徐旭林¹、李尧丰¹、Haoqing Jerry Wang²、武艺³、Lining Arnold Ju²、方超¹

1. 华中科技大学同济医学院基础医学院药理学系, 湖北武汉, 430030

2. School of Biomedical Engineering, Faculty of Engineering, The University of Sydney, Darlington, NSW, 2008, Australia

3. 苏州大学唐仲英医学研究院, 江苏苏州, 215123

目的 巯基异构酶家族蛋白通过催化二硫键重排影响底物蛋白功能, 本研究旨在探索巯基异构酶 ERp72 对整合素 Mac-1 活性和中性粒细胞 PMNs 募集的影响及分子机制。

方法 采用 CRISPR/Cas9 和骨髓移植构建髓系 ERp72 敲除小鼠 (Erp72^{-/-}), 微血管活体成像和体外黏附实验检测 PMNs 的黏附功能; 流式细胞术分析整合素的活化情况; 共聚焦荧光显微镜和脂筏梯度分离法检测 ERp72 和 Mac-1 分布情况; 生物素标记法检测细胞表面活性巯基的变化; 质谱检测 ERp72 靶向 Mac-1 的作用位点; 生物膜力探针 BFP 检测 Mac-1 的结合力; LPS 诱导急性肺损伤 ARDS 模型检测 PMNs 的浸润。

结果 微血管荧光活体成像和体外黏附实验发现 Erp72^{-/-}小鼠中性粒细胞存在整合素 Mac-1 介导的黏附/爬行缺陷。免疫共沉淀和荧光共聚焦实验显示 ERp72 与 Mac-1 在 PMNs 表面脂筏中发生巯基反应。质谱分析发现 ERp72 靶向 Mac-1 的 CD11b 亚基的 C654-C711 二硫键。BFP 实验证实 ERp72 能增强 Mac-1 与配体 ICAM-1 的结合力。重组 ERp72-C (野生型) 而非 ERp72-A (活性位点突变型) 可挽救 Erp72^{-/-} PMNs 在体内外的粘附缺陷。髓系 ERp72 敲除能减轻 ARDS 模型小鼠 PMNs 渗出和肺组织损伤并提高存活率。

结论 胞外 ERp72 通过切割 CD11b 亚基 C654-C711 二硫键促进整合素 Mac-1 活化从而影响 PMNs 的募集。胞外 ERp72 是治疗中性粒细胞相关的血管并发症的新干预靶点。

PO-2843

Involvement of PCSK9 in megakaryocyte reconstitution following pediatric allogeneic hematopoietic stem cell transplantation

Qi Wang

Children's Hospital of Soochow University

Objective Allogeneic hematopoietic stem cell transplantation (allo-HSCT) is an effective therapy for hematologic malignancies, aplastic anemia, and immunodeficiency syndrome. Bleeding is a significant prognostic factor for adverse outcomes in patients following allo-HSCT. Thrombocytopenia (TP) is a pivotal cause of bleeding following allo-HSCT, however, the specific pathogenesis remains incompletely understood. Patients who undergo post-transplantation often experience abnormal lipid metabolism. The emerging lipid-lowering target, proprotein convertase subtilisin / kexin type 9 (PCSK9), exerts a crucial effect on platelet activation. In this study we aimed to evaluate the impact of PCSK9 in megakaryocyte (MK) reconstitution and platelet production of pediatric patients following allo-HSCT.

Methods We included 54 TP children after allo-HSCT as well as 32 good graft function (GGF) children and 36 healthy donors (HD) between May 2021 and June 2023 at Children's Hospital of Soochow University in this study. Concentrations of serum Thrombopoietin (TPO), PCSK9, defensin alpha 1 (DEFA1) or chemerin were detected using ELISA. Hematoxylin-eosin and Giemsa staining were performed for bone marrow cell morphology identification. Flow cytometry was applied to assess lymphocyte subsets, inflammatory cytokines, CD36, LDLR and TPO receptor (TPOR), reactive oxygen species (ROS) and ploidy. The human megakaryoblastic leukemia cell line (Meg-01 cells) and human bone marrow cells were cultured for evaluating MK reconstitution in vitro.

Results Our study demonstrated that TP children who underwent allo-HSCT exhibited inadequate MK reconstitution, coupled with impaired liver function and a disrupted immune system. Notably, the concentration of PCSK9 in serum was significantly higher in TP children after allo-HSCT compared to those with good graft function (GGF) children and normal healthy donor (HD) children. Moreover, it showed a close association with blood lipids, liver function, subsets of lymphocytes, and inflammatory cytokines in TP children post allo-HSCT. Additionally, the active recombinant polypeptides of PCSK9 (PP) reduced platelet count in mice, hindered the polyploidization of Meg-01 cells, and proplatelet formation of human primary MKs derived from bone marrow.

Conclusion These results suggest that PCSK9 exerts an effect on MK reconstitution after allo-HSCT, and as a target for lipid-lowering, it may also hold significance in the treatment of TP among pediatric patients undergoing allo-HSCT.

PO-2844

Loss of Cpt1a resulting in elevated glucose-fueled mitochondrial OXPHOS and defective Hematopoietic Stem Cells

Jue Li

xiangya hospital, central south university

Objective Hematopoietic stem cells (HSCs) rely on self-renewal to sustain stem cell potential and undergo differentiation to generate mature blood cells. Mitochondrial fatty acid β -oxidation (FAO)

is essential for HSCs maintenance. However, the role of Carnitine palmitoyl transferase 1a (Cpt1a), a key enzyme of FAO, remains unclear in HSCs.

Methods Flow cytometry

Results Using the Cpt1a hematopoietic specific conditional knock-out (Cpt1a Δ/Δ) mouse model, we found that loss of Cpt1a leads to HSC defects, loss of HSC quiescence, self-renewal, and promoting differentiation. Mechanistically, we find that loss of Cpt1a results in increasing in mitochondrial respiring complex contents and activities, ATP production, and mitochondrial reactive oxygen species (mitoROS) accumulation in HSCs, suggesting that mitochondrial overactivation and metabolic rewiring via upregulated glucose-fueled oxidative phosphorylation (OXPHOS).

Conclusion our findings indicate a novel role of Cpt1a in HSC maintenance through regulating mitochondrial metabolism balance between FAO and glucose-fueled OXPHOS.

PO-2845

过继免疫治疗中基因修饰的 NK 细胞制备工艺的优化

林昊龙、叶善炜、朱莉、穆伟
华中科技大学同济医学院附属同济医院血液内科

目的 优化自然杀伤 (NK) 细胞的体外扩增和基因修饰工艺, 以生成足量的具备必要基因修饰的临床级 NK 细胞。

方法 我们使用了多种培养基, 包括 RPMI 1640、KBM581、SCGM、NK MACS、X-VIVO 15 和 AIM-V, 并分别补充胎牛血清 (FBS)、人 AB 血清、人血小板裂解液 (HPL) 或免疫细胞血清替代物 (SR), 培养高细胞毒性的 NK 细胞。随后评估 NK 细胞的细胞活力、扩增倍数、细胞毒性、免疫表型和转录组特征。此外, 使用不同启动子、载体和包膜的慢病毒感染 NK 细胞, 比较其转导效率。通过每两天进行一次 CRISPR/Cas9 核电转, 确定最佳的基因编辑时机。

结果 在 KBM581 培养基中补充 SR 时, NK 细胞在两周内扩增超过 5000 倍, 在三周内扩增超过 25000 倍; 补充人 AB 血清时, NK 细胞显示出最强的细胞毒性。这些 NK 细胞表现出显著更高水平的 NK 细胞受体, 如 NKp30、NKp44、KIR2DS4 或 2B4, 以及与免疫细胞激活相关的通路, 包括 IL2RG、IL-15 和 CD27。恒河猴包膜伪型慢病毒 (BaEV) 对 NK 细胞的转导效果显著优于 BaEV-水疱性口炎病毒 G 型 (BaEV-VSVG) 混合包膜慢病毒。此外, 在饲养细胞激活后第 4 至第 6 天进行电穿孔, 实现了高效的扩增和基因编辑, 达到了编辑效率和细胞扩增的平衡。

结论 本研究提供了一个符合 GMP 标准的全面系统的平台, 用于制备基因修饰的 NK 细胞, 推动了 NK 细胞疗法在临床中的应用。

PO-2846

卡维地洛通过 β_3 -AR/cAMP/PKA/STAT3/TopoII 信号通路 逆转 T-ALL 对地塞米松耐药的作用及研究

徐艳朋、罗艳、张平平、陈艳、何志旭
遵义医科大学附属医院

目的 明确卡维地洛 (CVD) 逆转 T-ALL 耐地塞米松 (DEX) 的作用, 并阐明 CVD 逆转 T-ALL 耐 DEX 的作用机制。

方法 首先, 采用细胞增殖、周期及凋亡实验鉴定 CEM-C1 细胞对 DEX 的耐药性并验证 CVD 逆转 CEM-C1 细胞对 DEX 耐药的作用。其次, 采用 Western blot、q-PCR 及 Co-IP 实验验证 β_3 -

AR/cAMP/PKA/STAT3/TopoII 信号通路；并采用 Western blot 及 q-PCR 检测 CVD 对 β 3-AR/cAMP/PKA/STAT3/ TopoII 信号通路上关键分子蛋白及 mRNA 的作用。此外，分别构建裸鼠皮下 T-ALL 移植瘤模型及 T-ALL 模型鼠，验证 CVD 在体内具有逆转 T-ALL 对 DEX 耐药的作用。

结果 体外实验：1) T-ALL 细胞系 CEM-C1 对 DEX 耐药，CEM-C7 对 DEX 敏感；CVD 可逆转 CEM-C1 细胞对 DEX 的耐药。2) 与 CEM-C7 细胞比较，CEM-C1 细胞上 β 3-AR、STAT3 蛋白显著高表达，TopoII α 蛋白显著低表达；且 β 3-AR、STAT3 及 TopoII 是导致 CEM-C1 细胞耐 DEX 的关键分子。3) β 3-AR 可通过 cAMP/PKA 正向调控 STAT3，进而负向调控 TopoII α 的表达。5) CVD 干预 CEM-C1 细胞后， β 3-AR、cAMP、PKA、STAT3 的表达下降，而 TopoII α 的表达水平上升。体内实验：1) 非抑制剂量的 CVD 联合 DEX 可显著抑制移植瘤的生长，并可改善白血鼠模型鼠的一般身体情况，减轻肝脾肿大，还可显著抑制小鼠外周血及骨髓中 CEM-C1 细胞的增殖，并减少 CEM-C1 细胞向肝脾的浸润。

结论 β 3-AR/cAMP/PKA/STAT3/TopoII 在 T-ALL 耐 DEX 上发挥重要作用。CVD 以 β 3-AR 为靶点，通过 cAMP/PKA 抑制下游的 STAT3，进而上调 TopoII 的表达，发挥逆转 T-ALL 对 DEX 耐药的作用。

PO-2847

维生素 B1（硫胺素）在耐药 ALL 中的代谢调控及辅助增敏作用

王凌燕、陈艳欣、吴正军
福建医科大学附属协和医院

目的 研究硫胺素在急性淋巴细胞白血病（ALL）的代谢重编程的调控作用及其对 ALL 治疗的影响。

方法 1、单细胞测序：收集了包括初治组（ND）、复发难治组（RR）和健康供者组（HD）的 ALL 患者的骨髓单个核细胞样本，经过处理后送检单细胞转录组测序。GSEA 分析寻找在初治组和复发难治组中高表达的细胞亚群中的表达谱差异。2、培养 ALL 细胞系 Nalm-6 亲本株（N6），Nalm-6 耐阿霉素耐药株（NAR），正常 B 淋巴细胞株 HMy2.CIR3 组，进行体外实验。3、将 NAR 与 N6 送检 LC-MS 进行非靶代谢组学检测，经过分析与筛选后，选取了一组在 Nalm-6R 上清中低表达的代谢物（图 7A）在耐药株中进行回复实验。4、海马能量代谢仪检测 NAR、N6、Hmy2.CIR3 组细胞的活细胞耗氧率（OCR）和细胞外酸化率（ECAR）水平来反应氧化磷酸化水平和糖酵解水平。5、MTT 法检测细胞对化疗药物敏感性。WB 检测信号通路相关蛋白活化情况。QPCR 分析 RNA 水平的变化。

结果 1、将单细胞测序结果显示，与健康供者组相比，在初治样本中，氧化磷酸化通路受到抑制，而在复发难治组中氧化磷酸化通路则有上调。而糖酵解相关的信号通路则在初治组与复发难治组均有上调。

2、海马能量代谢仪分析 NAR、N6、HMy2.CIR 三株细胞的 OCR 和 ECAR 水平，结果显示，在 N6 和 HMy2.CIR 细胞中，OCR 水平均低于 NAR 细胞；而与 HMy2.CIR 相比，NAR 与 N6 的 ECAR 水平均升高。提示在恶性增殖的 ALL 细胞中糖酵解水平均有上调，而在耐药 ALL 中，氧化磷酸化水平上调。

3、将 NAR 与 N6 送检 LC-MS 进行非靶代谢组学检测，经过分析与筛选后，选取了一组在 Nalm-6R 上清中低表达的代谢物。在耐药株中进行回复实验。结果显示回复特定浓度的硫胺素可以有效抑制氧化磷酸化水平。对于 ADR 药敏的检测结果显示，硫胺素联合化疗治疗 ALL 可起到辅助增敏作用。

4、海马能量代谢仪分析耐药 ALL 细胞 NAR 在单药化疗、单用硫胺素和化疗联合硫胺素三种不同处理下，OCR 和 ECAR 水平的变化，结果显示，化疗组、单用硫胺素组和化疗联合硫胺素组 ECAR 水平均低于未处理组，但 3 组之间无显著性差异。而硫胺素和硫胺素联合化疗组的 OCR 水平显著低于单药化疗组和未处理组。

结论 在复发难治 ALL 中存在着糖代谢重编程, 在耐药的急性淋巴细胞白血病中, 我们观察到不能完全用 Warburg 效应来解释的现象。对于初治的或者治疗敏感的 ALL, 细胞中的糖酵解通路活化而氧化磷酸化受抑制; 而对于复发难治或耐药 ALL, 细胞中糖酵解和氧化磷酸化通路同时活化。单纯抑制糖酵解不能改善药物敏感性。推测, 除了有氧糖酵解之外, 异常活化的氧化磷酸化在白血病耐药过程中起到重要作用, 硫胺素可能通过调控氧化磷酸化水平改善白血病的耐药现象。

PO-2848

RNA 解旋酶 DDX3X 通过调控内质网应激反应和细胞焦亡促进多发性骨髓瘤细胞存活

范凤娟、江仕骏、孙春艳、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 多发性骨髓瘤 (MM) 是一种骨髓中克隆性浆细胞异常增殖的恶性疾病, 治疗中复发和耐药仍是无法克服的瓶颈。DEAD-box RNA 解旋酶家族成员 DDX3X 在乳腺癌、肺细胞癌等多种癌症中发挥促癌或抑癌的关键作用, 但在 MM 中功能尚无报道。

方法 ChIP-qPCR 验证 ChIP-seq 数据中 DDX3X DNA 序列与 MYC 的结合, 双荧光素酶报告基因检测 MYC 对 DDX3X 基因启动子活性的影响, Western blot 和 qPCR 检测相关蛋白和 mRNA 表达水平, 慢病毒感染构建 DDX3X 敲低的 MM 细胞株 MM.1S 及 RPMI-8226, MTS 法检测细胞活性, 免疫荧光检测蛋白在细胞内的定位。

结果 测序结果筛选出 DDX3X 可能是 MYC 的下游, 并且其高表达与 MM 患者不良预后相关。MYC 能够结合 DDX3X 启动子区域并显著增强其转录活性。MYC 抑制剂 JQ-1 显著降低 MM 细胞中 DDX3X mRNA 和蛋白表达水平。敲低 DDX3X 或使用其抑制剂 RK-33 时, 内质网应激/未折叠蛋白质反应 (ERS/UPR) 信号通路 p-PERK、p-eIF2a、ATF4 和 CHOP 的表达明显升高, 凋亡相关因子 MCL-1、Cleaved-Caspase3 的表达上调。抑制 DDX3X 与蛋白酶体抑制剂 Bortezomib 或 ERS 诱导剂 Thapsigargin 对于 MM 细胞的生长具有协同抑制的作用。Bortezomib 或 Thapsigargin 处理 MM 细胞, DDX3X 可以与 G3BP2 和 PABPC1 形成应激颗粒。此外, 使用 Bortezomib 或脂多糖 Lipopolysaccharides 处理 MM 细胞, 同时抑制 DDX3X, 焦亡通路 NLRP3、N-GSDMD 蛋白表达明显升高, NLRP3 和 ASC 共定位形成炎性小体。

结论 MM 细胞中, MYC 在转录水平调控 DDX3X 的表达。抑制 DDX3X 增强 UPR 及焦亡信号通路的激活, 提高 MM 细胞对 Bortezomib 的敏感性。Bortezomib 和 Thapsigargin 处理, DDX3X 参与形成应激颗粒, 促进 MM 细胞存活。

PO-2849

脂联素受体激动剂 AdipoRon 抑制人骨髓间充质干细胞成脂分化

杨璐、王树娟
郑州大学第一附属医院

目的 探讨脂联素受体激动剂 AdipoRon 对人骨髓间充质干细胞 (hBM-MSC) 成脂分化的影响。

方法 采用实时荧光定量 PCR 方法检测脂联素受体 AdipoR1 和 AdipoR2 在间充质干细胞细胞系 C3H10T1/2 和 M210B4 以及 hBM-MSC 中的表达。采用 CCK8 方法检测 AdipoRon 对 hBM-MSC 细胞增殖的影响。采用油红 O 染色检测 AdipoRon 对 hBM-MSC 成脂分化的影响。采用实时荧光定

量 PCR 方法检测 AdipoRon 对 hBM-MSC 成脂相关基因的影响。

结果 脂联素受体 AdipoR1 和 AdipoR2 在间充质干细胞细胞系 C3H10T1/2 和 M210B4 以及 hBM-MSC 中均表达。脂联素受体激动剂 AdipoRon ($\leq 40 \mu\text{mol/L}$) 对 hBM-MSC 增殖无影响。脂联素受体激动剂 AdipoRon ($\geq 5 \mu\text{mol/L}$) 可显著抑制 hBM-MSC 成脂分化。

结论 脂联素受体激动剂 AdipoRon 可抑制人骨髓间充质干细胞成脂分化。

PO-2850

血液系统恶性肿瘤伴发第二肿瘤的临床特征及预后分析

程淑玉、方美云
大连大学附属中山医院

目的 血液系统恶性肿瘤伴发第二肿瘤患者的临床特征及预后相关危险因素。

方法 通过对大连大学附属中山医院 2013 年 1 月至 2023 年 3 月期间确诊为淋巴瘤、AL、MM 的 1452 例患者进行病例查阅，检索出 94 例患者伴发 MPC。回顾性分析其临床特征。

结果 1. 研究期内 842 例淋巴瘤患者中，54 例患者伴发 MPC。其中，男性少于女性；同时性 MPC 患者 10 例，异时性 MPC 患者 44 例。第一原发肿瘤诊断年龄分布在 23~84 岁；第二原发肿瘤诊断年龄分布在 33~87 岁。最常见的淋巴瘤类型为弥漫大 B 细胞淋巴瘤；最常见的伴发肿瘤为呼吸系统恶性肿瘤，

2. 白血病 371 例患者中，24 例者伴发 MPC。其中，男性少于女性，同时性 MPC 患者 4 例。第一原发肿瘤诊断年龄分布在 38~81 岁；第二原发肿瘤诊断年龄分布在 41~83 岁。最常见的 AL 类型为急性单核细胞白血病 (M5)。伴发肿瘤中，第一位为乳腺恶性肿瘤；其次为消化系统恶性肿瘤。

3. 同期确诊为 MM 的 239 例患者中，16 例患者伴发 MPC。其中，男性少于女性；同时性 MPC 患者 2 例，异时性 MPC 患者 14 例。第一原发肿瘤诊断年龄分布在 48~75 岁；第二原发肿瘤诊断年龄分布在 53~84 岁。最常见的 MM 分型为 IgG 型。常见的伴发肿瘤类型为呼吸系统恶性肿瘤。

结论 1. 淋巴瘤伴发 MPC 患者中，性别男性和 LDH 升高是影响患者预后的独立危险因素。

2. AL 伴发 MPC 患者中，以治疗相关性急性髓系白血病为主。第二原发肿瘤诊断年龄以及 AL 伴发的肿瘤类型与患者预后相关。

3. MM 伴发 MPC 患者中，吸烟史、MM 所伴发的肿瘤类型及 DS 分期与患者预后相关。

4. 三种不同血液系统恶性肿瘤伴发 MPC 患者中，女性均多于男性，异时性 MPC 均多于同时性 MPC，伴发肿瘤均以实体瘤为主。

5. 不同血液系统恶性肿瘤伴发 MPC 的预后存在差异，其中，AL 伴发 MPC 者预后最差。

PO-2851

肠道微生物代谢产物-异丁酸通过 PKM2/NLRP3 途径诱导树突状细胞焦亡可能是重型再生障碍性贫血发病的重要因素

仲丛蔚、宋囡、梁晓炜、赵晓宇、刘春燕、付蓉
天津医科大学总医院

目的 本研究检测 SAA 患者 PKM2 调控 NLRP3 对 mDC 细胞焦亡状态及其激活免疫炎症反应的影响，同时探索 mDC 上游的脂肪酸对 SAA 患者 mDC 焦亡影响的具体机制，为完善 SAA 免疫发病机制提供实验依据。

方法 检测 SAA 患者 mDC 中 PKM2 及 NLRP3 介导的焦亡相关因子表达水平，干扰 PKM2/NLRP3 途径检测 mDC 的焦亡炎症性反应及下游 CD4+T 细胞分化趋势、CTL 细胞功能水平。进而对 SAA

患者粪便微生物进行宏基因组学分析，对外周血浆和骨髓上清进行脂质代谢组学分析，并在 SAA 小鼠模型上验证异丁酸对 PKM2/NLRP3 途径的影响。

结果 SAA 患者 mDC 中存在 PKM2 引发的 NLRP3 依赖性焦亡反应。干扰 PKM2 /NLRP3 途径后减少了 mDC 的焦亡水平，同时下游 CD4+T 细胞分化趋势改变、对 CTL 细胞功能的激活作用减弱。因此，mDC 焦亡后释放大量炎性信号，激活异常免疫，可能是 SAA 发病的重要的致病因素。接下来，通过比较骨髓上清和外周血浆中脂质含量差异并寻找其与粪便微生物丰度之间的相关性，发现肠道微生物代谢产物——异丁酸表达具有明显的差异性。在此基础上，我们构建了细胞焦亡模型及 SAA 小鼠模型，进一步验证了异丁酸通过 PKM2/NLRP3 途径影响细胞焦亡促进 SAA 发生。

结论 肠道微生物代谢产物-异丁酸通过 PKM2/NLRP3 途径诱导 mDC 焦亡可能是 SAA 发病的重要因素。

PO-2852

重型再生障碍性贫血 PRMT5 介导 PKM2 甲基化调控巨噬细胞焦亡的作用机制研究

仲丛蔚、宋囡、刘春燕、付蓉
天津医科大学总医院

目的 探索巨噬细胞中 PKM2 互作蛋白 PRMT5 调节的相关作用机制以及对细胞焦亡反应的影响，为进一步揭示 SAA 免疫发病机制提供新的实验基础。

方法 通过免疫亲和纯化银染及免疫共沉淀等技术明确与 PKM2 相互作用的蛋白 PRMT5，并寻找与 PKM2 互作的 PRMT5 蛋白结构域。探索 SAA 患者骨髓巨噬细胞中 PRMT5 与 PKM2 表达水平及与临床特征的相关性。进而探究 PRMT5 通过介导 PKM2 的甲基化修饰以及核浆分布水平及对巨噬细胞焦亡途径产生的影响。最后在 SAA 小鼠模型体内干预 PRMT5，明确其对骨髓巨噬细胞焦亡的调控以及对骨髓衰竭和免疫失衡的作用。

结果 SAA 患者骨髓巨噬细胞中高表达的 PRMT5 与血细胞减少存在相关性。PRMT5 可介导 PKM2 对称性双甲基化，抑制 PRMT5 继而改变巨噬细胞中 PKM2 蛋白核浆的分布以及对称性双甲基化水平，从而降低 NLRP3 引发的细胞焦亡水平。同时，抑制 PRMT5 可以改善 SAA 小鼠的骨髓巨噬细胞焦亡状态以及在一定程度上恢复骨髓造血、改善 T 细胞免疫失衡、降低 CTL 杀伤功能，并且与 CsA 联合治疗效果更佳。

结论 PRMT5 可介导 PKM2 对称性双甲基化从而影响 NLRP3 引发的细胞焦亡水平，抑制 PRMT5 对 SAA 小鼠具有一定的治疗效果，且与 CsA 联合效果更佳。

PO-2853

鞘脂代谢与单核型急性髓系白血病对维奈克拉的耐药性有关

吴侯、赵磊、杨晋军、向昕蓉
四川大学华西医院

目的 维奈克拉 (VEN) 为基础的治疗在成人急性髓性白血病 (AML) 中表现出良好的效果，但既往研究表明具有单核亚型的 AML 相较于非单核表型对治疗耐药，但这个结论仍有争议且影响单核 AML 对 VEN 耐药的潜在原因尚不清楚。考虑到代谢变化在 AML 对 VEN 药敏存在影响但尚未有研究分析代谢变化在单核 AML 对 VEN 耐药中的作用，我们意在阐释三者之间的联系。

方法 临床研究部分回顾性纳入 2019-2023 年内就诊于华西医院血液科的 143 例接受 VEN 治疗疗效数据可得且具有 FAB 分型的新诊断 AML。

分子机制部分通过分析来自 GEO 和 TCGA 公共数据库中 10 个 Bulk-seq 数据集；接受 VEN 治疗的 PDXs 模型单细胞数据；原代谢体外药敏结果的 beat AML 数据集。结合体外诱导的对 VEN 耐药的 Molm13 细胞系的细胞表面标记、脂质组学测序、蛋白印迹实验进行全面探索。

结果 143 例患者疗效结果表现为 FAB 分型 M4/M5 复合缓解率显著低于 M0/M1/M2 组。

Bulk-seq 结果表明 M4/M5 表型鞘脂代谢通路上调；beatAML 体外药敏结果表明 CD14 表达水平与维奈克拉耐药相关；体外 PDXs 模型表明单核样 AML 细胞在 VEN 治疗中存活且鞘脂评分最高；对 VEN 耐药的 Molm13 相较于亲本细胞检测到显著的鞘脂代谢谱紊乱、更高水平的 CD14 表达、更低水平的 BCL2/BAX 表达。

结论 以上发现表明 FAB 分型 M4/M5 与 VEN 耐药有关，CD14 是更好的单核表型标记，鞘脂代谢是单核表型 AML 对维奈克拉耐药的原因之一，可能是单核 AML 通过上调鞘氨醇水平裂解 BCL2 和 BAX 发挥耐药效果。

PO-2854

贝利尤单抗对 ITP 患者 T 细胞的功能学改变

冯志惠、周泽平、谢东梅
昆明医科大学

目的 考虑到 ITP 中 T 细胞表现出显著的表型变化，且 BLYS 表达水平升高，因此本研究的目的是分析贝利尤单抗对 ITP 患者 T 细胞的功能学改变。

方法 通过 CCK8 检测贝利尤单抗对 CD3+T 细胞的增殖改变。通过流式细胞术测定贝利尤单抗对 CD4+和 CD8+T 细胞的凋亡，Treg 细胞。选择了 17 名活动性 ITP 患者，15 名健康对照者 (HCs)。分析了贝利尤单抗对这些细胞亚群频率的变化。

结果 我们发现，贝利尤单抗可以抑制 CD3+T 细胞的增殖，逆转 Treg 细胞的比例 ($P=0.0426, P=0.0204$)，但遗憾的是，其对 CD4+T，CD8+T 细胞的凋亡改变无统计学意义。

结论 贝利尤单抗对 ITP 的 T 细胞具有一定的积极作用，或为 ITP 患者提供一种新的治疗方法，尚需进一步的临床试验验证。

PO-2855

Oncolytic vaccinia virus armed with anti-CD47 nanobody elicit potent antitumor effects on multiple tumor models via enhancing innate and adoptive immunity

Shibing Wang¹, Liu Yang¹, WenBin Qian²
1. Zhejiang Provincial People's Hospital
2. The Second Affiliated Hospital, Zhejiang University School of Medicine

Objective Targeting CD47 for cancer immunotherapy has been studied in many clinical trials for treatment of patients with advanced tumors. However, this therapeutic approach is often hampered by on-target side effects, physical barriers, and immunosuppressive tumor microenvironment (TME). To improve therapeutic efficacy while minimizing toxicities.

Methods we engineered an oncolytic vaccinia virus (OVV) encoding an anti-CD47 nanobody (OVV-aCD47nb). We demonstrated the specific binding activity of aCD47nb secreted from the virus-infected cells to CD47 and that both secreted aCD47nb and OVV-aCD47nb blocked the "don't eat me" signal of macrophages.

Results Intratumorally injected OVV-aCD47nb continuously releases the aCD47nb in tumor tissues, thereby conferring superior systemic activity against breast and colon tumor cells and

prolonging survival compared to OVV and anti-CD47 nonobody treatment alone. Furthermore, treatment with OVV-aCD47nb also remodeled the TME, as shown by increased CD3+ T-cell infiltration in intratumoral regions, decreased exhaust T-cell and Treg phenotype, and up-regulated markers of T cell activation (Granzyme B and IFN γ). In addition, aCD47nb producing OVV also induced an increased population of mononuclear phagocytes and CD80+ macrophages within tumor tissues, while inhibiting CD206 positive M2 macrophages.

Conclusion Overall, our findings highlight the therapeutic potential of OVV-aCD47nb for breast and colon cancer, and demonstrate its ability to modulate the immune cells profiles within tumors. This has established a rationale for further exploring OVV-aCD47nb as a potential therapy in clinic.

PO-2856

HMGB2 Downregulation of PI3KIP1 Promotes PI3K Signaling to Enhance NK Cell-Mediated Tumor Cytotoxicity

Sanxiu He, Yi Liu, Huihui Fu, Liuyue Zhai, Yifeng Tang, Qing Xiao, Xiaoqin Xie, Jun Li, Xiaomei Zhang, Yao Liu
Chongqing University Cancer Hospital

Objective The ability of natural killer (NK) cells to kill tumor cells without prior sensitization makes them emerging players in immunotherapy. A deeper understanding of NK cell function will enhance their clinical applications. High Mobility Group Box 2 (HMGB2) is a member of the high mobility group box (HMGB) family of non-histone chromosomal proteins, playing crucial roles in regulating chromatin structure and gene transcription. Previous RNA sequencing analyses have shown upregulation of HMGB2 expression in activated NK cells, yet its specific role in NK cell cytotoxicity remains unclear. This study aims to explore the impact of HMGB2 on NK cell function and its potential mechanisms.

Methods We established models of cutaneous and metastatic DLBCL, injecting NK92-MI-Vector or NK92-MI-HMGB2-sh cell lines via tail vein. Tumor growth was monitored using in vivo imaging, and NK cell migration was assessed by flow cytometry. NK cell cytotoxicity against DLBCL cells was evaluated via LDH release and apoptosis assays. qPCR and WB were used to measure cytotoxicity-related molecule expression. Migration assays assessed NK cell migration capacity. Flow cytometry with CD107a staining evaluated NK cell degranulation, while Granzyme B staining assessed granule polarization. Transcriptome sequencing explored relevant mechanisms.

Results In in vivo experiments, compared to the NK92-MI-Vector group, the tumors in the NK92-MI-HMGB2-sh group of mice exhibited faster growth rates, and a lower proportion of NK92-MI cells was observed in the tumor tissues. Similarly, in vitro experiments demonstrated that knocking down HMGB2 weakened the cytotoxicity and migratory capacity of NK cells against tumor cells. Under conditions without tumor cell activation, knocking down HMGB2 did not affect the generation, degranulation, or polarization of granzyme B in NK cells. However, under tumor cell activation conditions, knocking down HMGB2 inhibited the degranulation and polarization of granzyme B in NK cells. Transcriptome sequencing revealed an increase in the transcription levels of the negative regulator of the PI3K signaling pathway, PIK3IP1, in the HMGB2-sh group compared to the Vector group. The killing of tumor cells by NK cells requires activation of the PI3K signaling pathway, but knocking down HMGB2 suppressed the transmission of PI3K pathway signals. The use of a PI3K signaling agonist in NK92-MI-HMGB2-sh cells reversed the decreased degranulation and polarization of granzyme B in NK cells under stimulation by tumor cells.

Conclusion Our research elucidates the crucial role of the PI3K signaling pathway in NK cell cytotoxicity against tumor cells. HMGB2 enhances the signaling transmission of this pathway by suppressing the expression of PIK3IP1, thereby promoting the release of granzyme B. This finding not only deepens our understanding of the cytotoxic mechanisms of NK cells but also provides a novel avenue for the development of immunotherapy strategies.

PO-2857

ipsc 重编程

王柏铮
郑大一附院

目的 研究诱导多能干细胞 (iPSCs) 在血液系统疾病中的潜在应用, 特别是白血病、淋巴瘤、骨髓瘤及其他血液疾病, 通过重编程患者体细胞生成 iPSCs, 并评估其在细胞治疗的效果。

方法 通过重编程技术将患者的体细胞转化为 iPSCs, 并进一步分化为造血干细胞。对这些 iPSCs 及其衍生的细胞进行体外及体内实验, 评估其功能特性、免疫原性及安全性。

结果 成功重编程获得患者来源的 iPSCs, 并进一步分化为具有造血功能的干细胞。体外实验表明, 这些细胞具有正常的造血功能标志物表达, 并在模拟的血液微环境中表现出优良的分化和增殖能力。

结论 iPSCs 作为一种新兴的细胞治疗技术, 在血液系统疾病的治疗中展现出巨大的潜力。通过重编程患者自体细胞生成的 iPSCs 不仅可以避免免疫排斥反应, 还能提供个性化的治疗方案。

PO-2858

血液肿瘤中的代谢重编程以及铁死亡

郭荣群、李晋
郑州大学第一附属医院

目的 恶性血液病是血液系统中最常见的疾病之一, 并且已成为一个重大的公共卫生问题。尽管如此, 髓系肿瘤的潜在机制仍然充满挑战, 这主要是因为它们涉及复杂的基因突变和多样化的克隆进化模式之间的相互作用, 这些因素共同导致了我们对理解其困难的。通过分析患者血液中的不同细胞类型, 并结合衍生的组学数据, 科研人员能够绘制出血液病的单细胞图谱。这项工作不仅为个性化组合靶向治疗提供了新的机会, 还有助于减少不必要的化疗毒性, 从而改善患者的治疗体验和疗效。在本研究中, 我们采用了单细胞 RNA 测序 (scRNA-seq) 技术, 结合针对血液疾病的靶向致癌基因的转录组测序分析, 有效克服了传统检测方法在识别致癌突变方面的局限。此外, 我们在患者样本中观察到, 不同细胞类型中致癌基因 IDH1、IDH2 和 KRAS 的变异情况各异。这些发现揭示了铁死亡和代谢重编程可能在肿瘤发展过程中扮演的角色, 为未来的治疗方法提供了新的视角和策略。

方法 我们的研究计划将通过多组学分析, 结合细胞层面的技术手段, 如荧光定量检测、蛋白印记分析、质谱分析, 以及动物实验, 来验证我们的发现。这些综合方法将为我们提供更深入的生物学见解, 确保我们的结论具有高度的可靠性和科学性。"

结果 我们推测它们可能通过代谢重编程参与肿瘤的发生与发展。通过对红系细胞代谢基因与 IDH/KRAS 之间的关联进行分析, 我们发现在携带 IDH/KRAS 突变的造血干细胞样亚群 (HSPC 样亚群) 中, 细胞代谢活动增强。此外, 我们还观察到 IDH/KRAS 突变与红系谱系中的戊糖磷酸途径 (PPP)、糖酵解、有氧糖酵解、TCA 循环和谷氨酰胺分解等代谢途径相关基因的表达存在显著正相关。这些代谢途径可能与铁死亡过程相联系, 通过代谢产物增强 T 细胞对肿瘤细胞的杀伤能力。"

结论 "在血液肿瘤的发生和发展过程中, 铁死亡和代谢重编程可能在肿瘤的形成以及携带癌基因突变细胞的化疗耐药性中发挥了作用。具体来说, IDH1、IDH2 和 KRAS 的突变可能通过干扰正常的造血过程来阻止造血细胞的成熟。因此, 深入研究血液肿瘤的代谢重编程机制和铁死亡过程, 对于开发新的治疗策略和提高血液系统肿瘤治疗效果具有重要意义。"

PO-2859

ScAAV-DJ/8-LP1-hFIXco 载体介导的基因治疗在幼年小鼠中的实验研究

卜梓斌、楼金吐、徐卫群、张玲燕、汤永民
浙江大学医学院附属儿童医院

目的 本研究旨在通过 scAAV-DJ/8-LP1-hFIXco 载体，探索幼年小鼠血友病乙基因治疗的有效性和安全性，为开展儿童血友病乙的基因治疗提供的试验制剂。

方法 自行设计制备装载人精 FIX (hFIXco) 的腺相关病毒载体 ScAAV-DJ/8-LP1-hFIXco。采用一期凝固法检测活体内凝血因子 IX 的活性，以未转导 HL7702、转导 CHO 及 HL 细胞作为阴性对照，以标准 FIX 蛋白作为阳性对照。用 PCR 及 Western blot 方法分别检测 FIX 的 RNA 及蛋白的表达。在 NSG 和 F9-KO 实验小鼠研究中，FIX 活性测定观察 NSG 动物体内的表达，凝固时间用来评估 F9-KO 实验小鼠接受治疗后的出血情况。HE 染色评估动物接受治疗后的细胞克隆性增生的状况。

结果 以剂量为 1×10^{11} vg/kg 尾静脉注射 scAAV-DJ/8-LP1-hFIXco 载体介导的基因治疗能在活体内持续稳定地分泌 hFIXco。与成年小鼠（剂量为 1×10^{11} vg/kg 尾静脉注射，活性为 $103.95 \pm 0.94\% \sim 57.3 \pm 3.3\%$ ）相比，幼年小鼠 hFIXco 分泌的量相对较少（ $93.2 \pm 1.24\%$ to $31.21 \pm 0.72\%$ ）（ $P < 0.05$ ），但仍然可以对小鼠创伤性出血发挥保护作用。在为期 5 个月的动物实验中，未发现接受治疗的幼鼠肝、肺、脾、脑等脏器的毒副作用，也未发现接受治疗的幼鼠出现细胞克隆性增生的现象。

结论 scAAV-DJ/8-LP1-hFIXco 载体作为高效载体在血友病乙基因治疗中具有潜在的优势，为儿童血友病乙基因治疗的研究提供新实验材料。

PO-2860

构建兔软骨脱细胞支架复合 BMSCs 的实验研究

徐菊菊、闫振宇
华北理工大学附属医院

目的 评估基质浓度为 50% 的兔软骨脱细胞支架的理化性能，软骨脱细胞支架与胶原海绵分别与 BMSCs 复合一周培养，比较两种支架上细胞生长的适应性，进而推进软骨修复的进展。

方法 从兔膝关节切取软骨片后进行脱细胞，用 PBS 将细胞外基质浓度稀释为 50%，放在聚四氟乙烯模具中冷冻干燥消毒处理并检测支架的理化性能。将 PKH26 示踪的 BMSCs 植入到软骨脱细胞及胶原海绵支架培养一周，观察并比较细胞附着生长情况。

结果 1 软骨脱细胞支架经甲苯胺蓝染色可见支架细胞基质微丝相互连结，支架上未观察到清晰的细胞形态。DNA 定量分析结果显示，软骨脱细胞基质支架较未脱细胞基质支架的 DNA 浓度均值降低，有显著性差异（ $P < 0.05$ ）。软骨脱细胞基质支架测得的糖胺聚糖含量较正常值稍偏低。软骨脱细胞支架的吸水膨胀率、孔隙率适合 BMSCs 的生长，其杨氏模量接近正常关节软骨力学范围。2 将 PKH26 标记的 BMSCs 接种至软骨脱细胞支架及胶原海绵上，可观察到细胞在软骨脱细胞基质支架较胶原海绵的细胞附着率高。

结论 1 软骨脱细胞支架（50%）脱细胞较彻底并且具有较好的吸水率、孔隙率，同时杨氏模量也接近于正常关节软骨的力学性能，可作为在体内或体外构建组织工程软骨修复的最适支架。2 体外培养的 BMSCs 在软骨脱细胞基质支架环境更为合适生长。

PO-2861

血小板激活肝癌细胞 TLR4/ADAM10/CX3CL1 轴促进肝癌转移

明章银、高嘉慧、陆濛、郭亚伟、曾祥彬、龚雪、张好敏、罗琪
华中科技大学

目的 肝细胞癌（HCC）肺转移是导致癌症相关死亡的主要原因，血小板能促进肝癌细胞增殖，但其促进 HCC 转移的机制仍有待阐明。

方法 采用 TCGA 数据库和我校附属同济医院肝脏外科 HCC 患者肝癌组织样本分析肝癌组织 ADAM10 的表达水平。开展体外研究，通过 Western blotting、RT-qPCR、双荧光素酶报告基因和染色质免疫共沉淀实验检测血小板与肝癌细胞共培养后肝癌细胞的 ADAM10 表达。通过敲低肝癌细胞的 TLR4 表达或使用 ADAM10 抑制剂，检测血小板和肝癌细胞共培养对肝癌细胞迁移和侵袭、内皮细胞通透性的影响。开展体内研究，将血小板与肝癌细胞共培养，通过尾静脉注射肝癌细胞建立 C57/BL6J 小鼠的肺转移模型，探究血小板与肝癌细胞共培养对小鼠肺转移的影响。

结果 与癌旁组织相比，肝癌组织的 ADAM10 表达水平升高，与患者血小板数量和肝癌组织的 TLR4 表达呈显著正相关。敲低肝癌细胞的 TLR4 减弱血小板所促进的肝癌细胞 ADAM10 表达，减弱血小板-肝癌细胞共培养所促进的肝癌细胞迁移和侵袭。在体研究中敲低肝癌细胞的 TLR4 表达后再与血小板共培养，小鼠肺部转移灶减少。

结论 血小板通过激活肝癌细胞 TLR4/NF- κ B 信号通路上调 ADAM10 的表达。ADAM10 促进 CX3CL1 分泌，CX3CL1 结合 CX3CR1，促进 EMT 和 RhoA 信号活化，增强肝癌细胞的迁移和侵袭。因此，靶向 TLR4/ADAM10/CX3CL1 轴有望成为抑制血小板促 HCC 转移的新途径。

PO-2862

α -酮戊二酸(α -KG)通过 JAK1/STAT3 通路 诱导多发性骨髓瘤(MM)自噬

马娜丫、李琼、黄德智、李析楠、刘帮洞、夏菁、饶军、张曦
陆军军医大学第二附属医院

目的 证实 α -KG 调控 MM 的增殖及侵袭能力，解析 α -KG 通过 JAK1/STAT3 途径参与调节 MM 抗肿瘤作用的分子机制，为 MM 的治疗提供新的有效策略及思路。

方法 Elisa 方法检测 MM 患者血清 α -KG 水平，分析临床特征。体外培养骨髓瘤细胞系 U266B1 和 NCI-H929，利用不同浓度 α -酮戊二酸对细胞进行不同时间的处理，CCK8 方法检测 MM 细胞系的生物学特征变化，流式细胞技术检测细胞周期的分布和细胞凋亡的比率，JC-1 染色及 H2DCFDA 染色评估线粒体膜电位和细胞内活性氧（ROS）水平，电镜观察线粒体形态，免疫荧光检测细胞自噬，Western blot 检测相关蛋白水平变化。

结果 血清 α -KG 水平与 MM 患者 ISS 分期、受累/非受累游离轻链比率呈负相关。 α -KG 抑制骨髓瘤细胞 U266B1 和 NCI-H929 的增殖，促进细胞凋亡，抑制细胞周期 G0/G1 期向 S 期转换。 α -KG 使 ATP 及 NADH 产生减少，抑制线粒体膜电位变化，促进 ROS 水平。 α -KG 使磷酸化的 JAK1 和 STAT3 蛋白水平降低，而自噬相关蛋白的水平升高。

结论 α -KG 调控 MM 的增殖及侵袭能力，通过 JAK1/STAT3 通路诱导 MM 自噬。

PO-2863

Low-dose Epirubicin as a Novel HDAC1 Inhibitor Exerts Anti-tumor Effect on Leukemia Cells by Inducing Cell Ferroptosis

杨官翠、蒋佩洁、李佳润、刘金宜、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 This study intends to screen out potential leukemia therapeutic targets and drugs through anti-tumor activity screening combined with bioinformatics analysis.

方法 The anti-tumor efficiency and safety of Epirubicin (Epi), the candidate drug will be evaluated both in vivo and in vitro, and the underlying mechanism of low-dose Epi to induce ferroptosis will be preliminarily discussed.

结果 We found low-dose Epi exerted strongly anti-tumor effect. Further studies found that low-dose Epi effectively induced leukemia cells ferroptosis in vitro and in vivo and was reversed by synergy with ferroptosis inhibitors. Mechanistically, low-dose Epi inhibited SLC7A11/GPX4 signaling pathway, which promoted the accumulation L-ROS. On the other hand, low-dose Epi decreased the expression of IRP2 and FTH1, increasing the LIP, and eventually leading to ferroptosis.

结论 Collectively, our findings reveal Epi, as a novel HDAC1 inhibitor, induce ferroptosis in vitro and in vivo, provide a valuable target for leukemia therapy.

PO-2864

青蒿琥酯通过 HDAC2 诱导急性髓系白血病细胞凋亡的机制研究

刘翠
遵义医科大学附属医院

目的 寻找急性髓系白血病 (Acute myeloid leukemia, AML) 药物和新的治疗靶点并探讨 AML 的发病机制。

方法 1. 用 25 μ M 青蒿琥酯 (artesunate, ART) 处理 AML 细胞 72 小时, Western Blot 检测 HDAC2 蛋白表达。

2. 分别构建 HDAC2 过表达及敲减的慢病毒载体, 构建稳转细胞株, CCK-8 检测细胞增殖; 流式细胞术检测细胞凋亡率。

3. 用不同浓度的 ART 分别处理 AML 细胞 72 小时, CCK-8 检测细胞 IC50。RT-PCR 及 Western Blot 分别检测 HDAC2 mRNA 及蛋白的表达; 流式细胞术检测细胞凋亡率。

结果 与对照组相比, ART 处理组的 HDAC2 蛋白表达升高 ($P < 0.05$)。

2. 与对照组比, 过表达组的细胞 OD450 值明显减少、细胞凋亡率明显增加 ($P < 0.05$)。与对照组比, 敲减组的细胞 OD450 值明显增加、细胞凋亡率明显减少 ($P < 0.05$)。

3. 与对照组比, ART+过表达组的 HDAC2 mRNA 和蛋白表达均升高、IC50 降低、细胞凋亡率增加 ($P < 0.05$); 与对照组比, ART+敲减组的 HDAC2 mRNA 和蛋白表达均升高、IC50 亦降低、细胞凋亡率增加 ($P < 0.05$)。

结论 ART 具有促进 AML 细胞凋亡作用, ART 通过 HDAC2 诱导 AML 细胞凋亡。

PO-2865

STAT3 联合青蒿琥酯诱导急性髓系白血病细胞凋亡的研究

刘翠

遵义医科大学附属医院

目的 寻找急性髓系白血病 (Acute myeloid leukemia, AML) 药物和新的治疗靶点并探讨 AML 的发病机制。

方法 1. 用 25 μ M ART 处理 AML 细胞 72 小时, 流式细胞术检测细胞凋亡率、CCK-8 检测细胞增殖能力。

2. 用 25 μ M ART 处理 AML 细胞 72 小时, Western Blot 检测 STAT3 蛋白表达。

3. 构建 STAT3 过表达的慢病毒载体, 构建稳转细胞株。

4. 用 25 μ M ART 处理 STAT3 过表达 AML 细胞 72 小时, 流式细胞术检测细胞凋亡率、CCK-8 检测细胞增殖能力。

结果 1. 用 25 μ M ART 处理 THP-1 及 MV4-11 细胞 72 小时, 结果显示: 与未经 ART 处理组相比, ART 处理 THP-1 及 MV4-11 细胞后凋亡率明显增高、OD450nm 明显减少 ($P < 0.05$)。

2. 用 25 μ M ART 处理 THP-1 及 MV4-11 细胞 72 小时, 结果显示: 与未经 ART 处理组相比, ART 处理 THP-1 及 MV4-11 细胞后 STAT3 蛋白表达减少 ($P < 0.05$)。

3. 用 25 μ M ART 处理 STAT3 过表达 THP-1 及 MV4-11 细胞 72 小时, 结果显示: 与空转组 (对照组) 相比, STAT3 过表达组细胞凋亡增加、增殖减少 ($P < 0.05$)。

结论 1. ART 具有促进 AML 细胞凋亡、抑制细胞增殖作用; ART 可下调 STAT3 表达。

2. STAT3 具有促进 AML 细胞增殖、抑制凋亡的作用。

PO-2866

AA 髓系和淋巴系细胞的凋亡和免疫程序变化

Yaoyao Chen

Zhengzhou University

Objective 探究 AA 髓系和淋巴系细胞的凋亡和免疫程序变化。

To investigate the changes of apoptosis and immune program of myeloid and lymphoid cells in AA.

Methods 通过 scRNA-seq 从 AA 和 PNH 以及 HD 的骨髓血液或外周血单个核细胞数据集中剔除 CD4+T 细胞和 CD8+T 细胞, 并确定 NK、NKT 和 T 细胞三个细胞簇。使用 $\delta 1$ 和 $\delta 2$ 基因列表评估 $\delta 1/\delta 2$ 的偏态, 并用流式细胞术进一步鉴定细胞表面标记。流式分析 NK 和 NKT 亚群在 AA 和 HD 之间的差异。从 scRNA-seq 数据集中提取 B 细胞和浆细胞的数据矩阵, 并将 BM 红系谱系分为四个阶段, 对比 AA 和 HD 之间的不同。scRNA-seq 显示异常的基因如凋亡免疫相关基因, 利用 RT-Qpcr 进一步验证分析。

CD4+T cells and CD8+T cells were depleted from the data sets of bone marrow blood or peripheral blood mononuclear cells of AA and PNH patients and HD by scRNA-seq, and three cell clusters of NK, NKT, and T cells were identified. Skewness of $\delta 1/\delta 2$ was assessed using $\delta 1$ and $\delta 2$ gene lists, and cell surface markers were further identified by flow cytometry. The differences of NK and NKT subsets between AA and HD were analyzed by flow cytometry. The data matrices of B cells and plasma cells were extracted from the scRNA-seq dataset, and the BM red lineage was divided into four stages to contrast the differences between AA and HD. scRNA-seq showed abnormal genes such as apoptosis immune-related genes, and RT-Qpcr was used to further verify the analysis.

Results AA 患者中 NK、NKT 和 NKT δ T-cells 的比例发生了变化, 表明免疫亚群也参与了病理状

态；模块评分和流式均显示 $\delta 1$ -like T 而不是 $\delta 2$ -like T 细胞在 AA 中占主导地位；流式发现 AA 组和 HD 组的 CD56hiCD16-亚群和 CD56intCD16+亚群之间无明显差异。scRNA-seq 显示质母细胞更易受到 fas 介导的凋亡，红系谱系 AA 患者 BM 红细胞生成的早期比例可能有所下降，终末期比例显著增加。MC 分析和流式显示 AA BM 中 ncMono 和 iMono 的频率高于 HD 组。AA BM 中 pDC 的频率降低，提示 pDC 可能参与 AA 的病理过程。此外，早期红系祖细胞高水平表达 FAS、TNFRSF1A 和 TNFRSF12A。AA 患者的 DC、单核细胞促炎状态会导致相关基因上调或下调。

The proportion of NK, NKT and NKT δ T cells changed in AA patients, indicating that immune subsets were also involved in the pathological state. Module scores and streaming 1 - like all showed the delta T, rather than the delta 2 - like T cells in AA dominant; Flow cytometry analysis showed that there was no significant difference between the CD56hiCD16- and CD56intCD16+ subsets in AA and HD groups. scRNA-seq showed that plasmablastic cells were more susceptible to Fas-mediated apoptosis, and the proportion of early erythropoiesis in BM of AA patients in erythroid lineage may be decreased, and the proportion of terminal erythropoiesis may be significantly increased. MC analysis and flow showed a higher frequency of ncMono and iMono in AA BM than in HD. The decreased frequency of PDCS in AA BM suggests that PDCS may be involved in the pathological process of AA. In addition, early erythroid progenitors expressed FAS, TNFRSF1A, and TNFRSF12A at high levels. The proinflammatory state of DC and monocytes in AA patients can lead to the up-regulation or down-regulation of related genes.

Conclusion AA 患者的病理性 V δ 1 T 细胞增加；AA 患者 B 系和红系祖细胞凋亡增加，髓系细胞促炎作用上调。

The pathological V δ 1 T cells are increased in AA patients. AA patients have increased apoptosis of B-lineage and erythroid progenitor cells, and up-regulated proinflammatory effects of myeloid cells.

PO-2867

通过乳酸化依赖性基因表达分析揭示 MLL-AML 的新型治疗靶点

刘丹¹、李晓莉¹、白丽云¹、姜家乐¹、陈苏宁^{1,2,3,4}、马骁^{1,2,3,4}

1. 苏州弘慈血液病医院

2. 苏州大学附属第一医院

3. 江苏省血液研究所

4. 国家血液系统疾病临床医学研究中心

目的 急性髓性白血病（AML）中混合谱系白血病（MLL）重排亚型具有高度侵袭性和较差的预后。近年来，对表观遗传修饰特别是乳酸化修饰的深入研究，为探索 and 解决这一特定亚型提供了新的机遇。乳酸化修饰在癌症、炎症和再生过程中起着重要作用，然而其具体机制尚未完全明了。

方法 本研究通过收集公共数据库进行生物信息分析，利用 R 语言进行机器学习和聚类分析。

结果 我们确定了六个关键的乳酸化修饰相关基因（PFN1、S100A6、CBR1、LDHB、LGALS1、PRDX1），这些基因在预后和疾病通路中起重要作用。此外，研究强调了这六个基因在调节免疫细胞浸润中的重要性，并提出 PI3K 抑制剂和 Pevonedistat 作为潜在的治疗策略。在 MLL-AML 样本中，各种免疫细胞群体的比例显著升高，包括 CD56dim 自然杀伤细胞、嗜酸性粒细胞、 $\gamma\delta$ T 细胞、MDSCs、巨噬细胞、单核细胞、自然杀伤细胞和中性粒细胞。MDSCs 在 MLL-AML 和 CN-AML 中均表现出较高水平。

GSEA 分析显示，CBR1 主要与线粒体功能和能量代谢相关，LDHB 与蛋白质合成途径显著正相关，PRDX1 与多个生物过程（包括线粒体功能、能量代谢、翻译、蛋白质合成、细胞周期调控和 DNA 复制途径）表现出强正相关。蛋白-蛋白相互作用分析显示，乳酸化关键基因与多个 miRNA（如 hsa-miR-361-3p、hsa-miR-548b-5p）和转录因子（如 CLEC5A、E2F4、MYC、TP53）存在相互作用，其中 LDHB 与 NPM1 表现出最强的正相关。

在 MLL-AML 中识别出两种乳酸化亚型：Cluster A（PFN1 和 S100A6 高表达）和 Cluster B

(LDHB、LGALS1 和 PRDX1 高表达)。途径分析显示, Cluster A 与 KEGG 内吞作用和 Notch 信号通路相关, 而 Cluster B 与蛋白酶体活性、帕金森病、蛋白质出口等途径相关。我们筛选了 198 种化合物, 确定 43 种对 MLL-AML 具有显著敏感性, 尤其是 PI3K 抑制剂(如 Dactolisib 和 GNE-317)。前五种最敏感的药物分别是 Sepantronium 溴化物(CDK9 抑制剂)、Luminespib、Dactolisib 和 Epirubicin。qPCR 实验结果显示, MLL-AML 组中 S100A6、CBR1、LDHB、LGALS1、PFN1 和 PRDX1 的 mRNA 表达水平显著升高, 特别是 LDHB 差异最为显著, 验证了生物信息学分析结果的可靠性。

结论 研究揭示了乳酸化修饰在 MLL-AML 中的重要性, 确定了新的生物标志物和潜在的治疗靶点。这表明, 基于全面分子理解的个性化治疗方法在癌症治疗中具有重要前景。随着对表观遗传变化如乳酸化修饰的深入研究, 癌症治疗将越来越趋向于根据患者个体的特定基因和表观遗传谱进行精准治疗。

PO-2868

过表达 CRISPLD2 提高人脐带间充质干细胞 对急性移植物抗宿主病的治疗效果

徐晴^{1,2}、周亚^{1,2}、许玉溪^{1,2}、王瑞^{1,2}、王筱淇^{1,2}、杨世杰^{1,2}、宋清晓^{1,2}、张曦^{1,2}

1. 中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

2. 金凤实验室

目的 间充质干细胞(MSCs)由于其低免疫原性和免疫调节特性, 已成为急性移植物抗宿主病(aGVHD)的潜在细胞治疗方法。然而 MSCs 的异质性显著影响其治疗效果。因此迫切需要减少其异质性并增强其免疫调节功能。在此研究中, 我们通过过表达脐带来源间充质干细胞(HUC-MSCs)的 CRISPLD2 蛋白来提升其免疫调节作用, 以期改善 aGVHD 的防治效果。

方法 构建以 C57BL/6 为供鼠, BALB/c 为受鼠的 MHC 全不相合的 aGVHD 模型。在骨髓移植(HCT)后, 分别输注 1×10^6 NC-HUC-MSCs 或 CRISPLD2 过表达的 HUC-MSCs, 并监测受鼠的 aGVHD 的体征。通过 HE 染色检测靶器官(肝脏、小肠、结肠)的病理变化。使用慢病毒转染 48 小时后, 对 CRISPLD2 过表达的 HUC-MSCs 和 NC-HUC-MSCs 进行 RNA 测序。在 T 细胞与肝类器官共培养体系中加入 IL-10, 观察肝类器官的损伤情况。将 T 细胞与 HUC-MSCs 在体外共培养和体系加入 P2Y 受体拮抗剂, 以检测 HUC-MSCs 的免疫抑制功能。

结果 过表达 CRISPLD2 的 HUC-MSCs 通过抑制 CD4⁺ T 细胞向 Th1 和 Th17 分化, 增加调节性 T 细胞(Treg)的比例而未影响 Tc 细胞的功能, 从而在减轻 aGVHD 的同时保留移植物抗白血病效应(GVL)。q-PCR 及 T 细胞与肝类器官共培养结果显示, 过表达 CRISPLD2 可增强 HUC-MSCs 分泌 IL-10, 增强其免疫抑制功能, 并减少 aGVHD 靶器官肝的损伤。RNA 测序结果表明, CRISPLD2 过表达可下调 HUC-MSCs 的 P2Y₁₁ 受体表达, 进一步增强其免疫抑制功能。此外, 分泌型的 CRISPLD2 通过下调 T 细胞细胞膜上的 P2Y 受体表达, 抑制 T 细胞的增殖及分化。

结论 通过过表达 CRISPLD2, HUC-MSCs 的免疫抑制功能得到了显著增强。输注 CRISPLD2 过表达的 HUC-MSCs 促进 IL-10 分泌并下调 P2Y₁₁ 受体信号通路介导的 T 细胞活化分化, 从而减轻 aGVHD。这些数据为 CRISPLD2 修饰的 HUC-MSCs 在 aGVHD 的临床治疗中的应用提供了有力的科学依据。

PO-2869

再生障碍性贫血中免疫系统过度激活诱导造血干细胞凋亡导致造血失败

王笑乾、岳保红、郭荣群
郑州大学第一附属医院

目的 探索骨髓造血环境免疫紊乱导致再生障碍性贫血的机制

方法 通过单细胞测序，构建 AA 患者的骨髓/外周血单个核细胞的 scRNA-seq 图谱；通过基础实验验证相关机制。

结果 与 HD 相比，AA 患者的 PBMC 或 BMMC 中 CD8+T 表达更高水平的细胞毒性和细胞因子基因同时处于静息 CD8+T 细胞比例降低。我们发现调节性 CD8+T 细胞亚群（KIR+CD8+T 细胞）存在于 AA 患者而且细胞比例显著高于 HD 患者，通过流式细胞术也证实了 KIR+CD8+T 细胞在 AA 患者中增加的趋势。以上说明 AA 患者骨髓造血微环境中 CD8+T 细胞处于高度活化的状态。AA 患者 CD8+T 细胞 TNF 和 TNFSF12 的上调而流式细胞术显示 CD120a（TNFR1）和 FAS 在 AA 患者的骨髓 CD34+HSPCs 中上调表明 TNF-TNFR1 轴介导的细胞死亡与 HSPCs 的破坏有关。GSDME 在 AA HSPCs 中的上调表明，活化的 CD8+T 细胞分泌颗粒酶 B 和穿孔素，从而触发 HSPCs 的细胞焦亡。将从外周血分离的 CD8+T 体外活化后收集培养上清与从 AA 患者和 HD 骨髓中分离 CD34+ HSPCs 共培养一段时间后，AA 患者细胞焦亡相关指标增加更显著。

结论 再生障碍性贫血患者骨髓造血微环境中 CD8+T 细胞的过度活化，以及调节性 CD8+T 细胞的失衡，造成造血干/祖细胞的异常破坏，这个过程可能是由 TNF-TNFR1 轴和细胞焦亡共同作用的结果。

PO-2870

EZH2 抑制剂在治疗慢性移植物抗宿主病中的疗效及作用机制研究

徐晴^{1,2}、周亚^{1,2}、许玉溪^{1,2}、王瑞^{1,2}、王筱淇^{1,2}、杨世杰^{1,2}、宋清晓^{1,2}、张曦^{1,2}

1. 中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

2. 金凤实验室

目的 慢性移植物抗宿主病（cGVHD）是异基因造血干细胞移植后（allo-HSCT）非复发死亡最主要的原因，影响患者生存及生活质量。本研究旨在探究一种新型的 EZH2 抑制剂对 cGVHD 的治疗效果及功能机制。

方法 为了评估 EZH2 抑制剂治疗 cGVHD 的效用和功能机制，构建以 B10.D2 为供鼠，BALB/c 为受鼠的 Scl-cGVHD 小鼠模型。采用 HE 染色和 Masson 染色检测皮肤和肺的病理变化及胶原沉积。小鼠肺部进行免疫荧光染色，观察 IgG 沉积。提取组织的免疫细胞，使用流式细胞术进行分析。对肺浸润的中性粒细胞进行单细胞测序分析。

结果 1. EZH2 抑制剂治疗显著减轻 cGVHD 症状，减轻皮肤和肺的纤维化，提高小鼠生存率和改善预后。

2. 病理分析显示 EZH2 抑制剂减轻肺和皮肤结构损伤，减少免疫细胞浸润和胶原及自身抗体沉积。

3. EZH2 抑制剂通过重塑器官的免疫微环境减轻 cGVHD，抑制 CD4+ T 细胞分化，并促进 pTreg 细胞产生。同时，抑制 MMP-9 基因启动子 h3k27me3 甲基化促使促炎中性粒细胞向免疫抑制型转变。

结论 本研究表明，EZH2 抑制剂作为表观遗传修饰因子的小分子抑制剂能通过调节免疫微环境减轻

cGVHD。该研究为进一步开发 EZH2 作为治疗 cGVHD 的潜在靶点提供了重要理论基础。

PO-2871

过表达 KRT8 提高人脐带间充质干细胞 对急性移植物抗宿主病的治疗效果

周亚^{1,2}、徐晴¹、许玉溪¹、王瑞¹、王筱淇¹、杨世杰¹、宋清晓^{1,2}、张曦^{1,2}

1. 中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

2. 金凤实验室

目的 本研究旨在探究过表达 KRT8 的脐带间充质干细胞是否可以增强对急性移植物抗宿主病的预防作用，并揭示其机制。

方法 首先，使用人脐带来源的间充质干细胞进行急性移植物抗宿主病动物模型的体内实验，观察过表达 KRT8 对急性移植物抗宿主病的影响。体外实验，将过表达 KRT8 的脐带间充质干细胞与 T 细胞共培养，测定 HGF 表达水平并评估其对间充质干细胞本身衰老的影响。最后，进行人外周血来源 T 细胞与人肝脏类器官共培养实验，评估 HGF 在减轻 T 细胞对肝脏类器官免疫损伤方面的作用。

结果 体内实验显示，过表达 KRT8 的间充质干细胞可以有效提高预防急性移植物抗宿主病的效果，但不影响移植物抗白血病效应。机制研究发现，过表达 KRT8 的间充质干细胞可通过上调 h3k27me3 抑制间充质干细胞衰老，促进 HGF 的表达，增强对 T 细胞增殖的抑制。体外实验结果进一步证实，过表达 KRT8 的间充质干细胞分泌的 HGF 可减轻活化 T 细胞对肝脏类器官的免疫损伤。

结论 综上所述，过表达 KRT8 的间充质干细胞通过对 h3k27me3 的调控上调 HGF 的表达，增强对 T 细胞的免疫抑制从而减轻急性移植物抗宿主病。因此，通过过表达间充质干细胞的 KRT8 增强间充质干细胞的免疫调控可能成为一种潜在的急性移植物抗宿主病预防策略。

PO-2872

Engineering a Controllable and Reversible Switch for CAR-T Cell Immunotherapy via a Genetic Code Expansion System

Yue Liu, Lingna An, Yueyu Dai, Xi Zhang

新桥医院

Objective As one of the most promising adoptive cell therapies, CAR-T therapy has achieved notable clinical effects in patients with hematological tumors. However, several obstacles remain in CAR-T therapy, such as low killing effects for some tumor targets, high-frequency recurrence, and cytokine release syndrome. These obstacles severely limit the long-term effects and the further application of CAR-T therapy. Therefore, the optimization of CAR-T cells for increased controllability and safety is urgently needed.

Methods In this study, we engineered a genetic code expansion-based therapeutic system to achieve rapid CAR protein regulation in response to cognate unnatural amino acid at the translational level, in which the termination codon TAG was inserted into the CAR coding region. When the unnatural amino acid, N-ε-((tert-butoxy) carbonyl)-l-lysine (BOCK) is absent, the CAR protein cannot be completely translated, and CAR-T is "closed". When BOCK is present, it recognizes and combines with the TAG, the whole CAR protein is translated, and CAR-T is

“open”. Based on these findings, we subsequently investigated whether BOCK can control CAR protein expression and regulate CAR-T cell function via a series of in vitro experiments and a xenograft mouse tumor model.

Results First, we verified that the BOCK-induced genetic code expansion system enables regulate protein expression as a controllable switch. Subsequently, we demonstrated that BOCK effectively and precisely controlled CAR protein expression and induced the activation of CAR signaling, the expression of activation markers, CD69 and CD25, and cytokine secretion. When incubated with tumor cells, BOCK regulated CAR-T cell cytotoxicity in a dose-dependent manner. Finally, a NOG mouse model analysis showed that BOCK can control CAR-T cell function and anti-tumor effect in vivo.

Conclusion We systematically demonstrated that the BOCK-induced genetic code expansion system can effectively and precisely regulate CAR protein expression and control CAR-T cell anti-tumor effects in vitro and in vivo. We conclude that this controllable and reversible switch has a potential for more effective, secure, and clinically available CAR-based cellular immunotherapies.

PO-2873

SLC25A39 在造血干细胞功能调控中的作用及机制研究

关东伟^{1,2,3}、杨世杰^{1,2,3}、吉锐^{1,2,3}、张曦^{1,2,3}

1. 中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

2. 创伤与化学中毒全国重点实验室

3. 血液病与微环境重庆市重点实验室

目的 探究线粒体谷胱甘肽转运蛋白 SLC25A39 在造血干细胞中的作用及机制。

方法 通过 Vav-Cre/LoxP 重组系统构建 Slc25a39 基因造血系统条件性敲除小鼠，采用实时荧光定量 PCR 检测骨髓 LSK 细胞中 Slc25a39 mRNA 的表达水平，鉴定敲除效率。流式细胞术检测外周血中 T 淋巴细胞 (CD3⁺)、B 淋巴细胞 (B220⁺)、髓系细胞 (Mac1+Gr1⁺) 的比例以及骨髓造血干细胞、造血祖细胞的比例与数量。

结果 Slc25a39flox/flox; Vav-Cre 小鼠骨髓 LSK 细胞中 Slc25a39 mRNA 表达水平显著低于对照小鼠，证实 Slc25a39 基因已在血液系统成功敲除。Slc25a39flox/flox; Vav-Cre 小鼠外周血 T 淋巴细胞、B 淋巴细胞以及髓系细胞比例无显著变化，骨髓造血干/祖细胞数量降低。

结论 造血系统 Slc25a39 基因敲除影响骨髓造血干/祖细胞数量，提示造血功能受损。

PO-2874

VDAC2 promotes rituximab resistance in diffuse large B-cell lymphoma

Qiong Li, Jun Rao
新桥医院

Objective The underlying mechanisms of rituximab resistance remain elusive, highlighting the importance of exploring novel therapeutic targets to enhance patient outcomes. In this study, we aimed to elucidate the role of VDAC2 in conferring rituximab resistance and to assess its potential as a therapeutic target in diffuse large B-cell lymphoma (DLBCL).

Methods The prognostic value of VDAC2 was evaluated in GEO database. Cellular proliferation and sensitivity to rituximab were via the CCK-8 assay. Flow cytometry was utilized to analyze cell cycle distribution and lipid ROS levels. The measure of extracellular acidification rate (ECAR) was

investigated by seahorse XF analyzers. The impact of VDAC2 on therapeutic efficacy was further evaluated in a xenograft mouse model.

Results Our transcriptome and proteome sequencing analysis of rituximab-resistance versus control DLBCL cells revealed that VDAC2 is highly upregulated in resistant cells. We found that VDAC2 could predict the prognosis of patients treated with RCHOP regimens, but not CHOP alone. Knockdown of VDAC2 significantly inhibited cell proliferation, induced cell cycle arrest at S phase, and enhanced the sensitivity of cells to rituximab. Additionally, we discovered that VDAC2 knockdown substantially reduced lactate production and the extracellular acidification rate; these effects were reversed by the supplementation of exogenous lactate. Furthermore, we determined that ferroptosis is a key mechanism behind VDAC2-mediated rituximab resistance. VDAC2 knockdown increased lipid ROS and malondialdehyde (MDA) levels, while decreasing glutathione (GSH) levels and suppressing the expression of SLC7A11 and Gpx4, which are critical for ferroptosis resistance. Importantly, lactate administration was able to rescue the cells from the ferroptosis and restore sensitivity to rituximab induced by VDAC2 knockdown. Meanwhile, knockdown expression of VDAC2 inhibited the tumor growth and obtain benefit therapeutic effect in vivo.

Conclusion Our study has uncovered a novel mechanism of rituximab resistance in DLBCL patients, mediated by VDAC2 through the inhibition of ferroptosis. This discovery positions ferroptosis as a promising therapeutic target for overcoming rituximab resistance.

PO-2875

Afatinib boosts CAR-T cell antitumor therapeutic efficacy via metabolism and fate reprogramming

Yueyu Dai^{1,2}, Liu Yue¹, An Lingna¹, Zhong Fangyuan³, Zhang Xi¹, Lou Shifeng²

1. 新桥医院

2. 重庆医科大学附属第二医院血液科

3. 成都市妇女儿童中心医院

Objective Chimeric antigen receptor T (CAR-T) therapy is particularly effective in the treatment of hematological malignancies. However, the insufficient persistence of CAR-T cells is the major reason to tumor relapse. Many researchers are developing multiple strategies to enhance the long-term antitumor effects of CAR-T cells. In this study, we screen the tyrosine kinase inhibitors (TKIs) to modulate CAR-T cell differentiation, aiming to boost the persistence of CAR-T cells by promoting the generation of more naïve or memory phenotypes, thereby enhancing the antitumor efficacy.

Methods We co-cultured Afatinib (AFA) with CAR-T cells to produce intervention-modified CAR-T cells. Through rational modification of the differentiation and exhaustion phenotypes, CAR-T cells were functionally optimized for superior substantial persistence and cytotoxic activity against Nalm-6-luc cells in vitro and in vivo.

Results The AFA inhibits TCR and PI3K-AKT-mTOR signaling pathways, altering cellular metabolism and inducing metabolic reprogramming of CAR-T cells. Additionally, assessments conducted by flow cytometry, RNA sequencing, and metabolic profiling revealed that functionally optimized CAR-T cells exhibit improved differentiation and reduced exhaustion phenotypes, resulting in more enhanced antitumor effects.

Conclusion The CAR-T cells modified by AFA represent a novel optimization strategy to provide potent, durable, and antitumor activity.

PO-2876

基于单细胞 ATAC-seq 数据解析 子宫内膜癌微环境中 MSCs 的恶变机制

肖岳敏、张曦

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 深入研究癌症进展过程中 MSCs 的状态变化，探究其恶变机制和如何降低其致癌特性。

方法 运用单细胞 ATAC-seq 测序和生物信息学分析技术，对子宫内膜癌患者和子宫肌瘤患者的子宫内膜 MSCs 样本进行分析。

结果 子宫内膜癌微环境中存在细胞外基质重塑、高增殖能力、血管生成及炎性等 MSCs 亚群。血管生成 MSCs 亚群存在一条恶变轨迹，该轨迹从非恶性 MSCs 开始，经历细胞外基质重塑 MSCs、高增殖能力 MSCs 的阶段，最终演变为血管生成 MSCs。其中，上皮间充质转换和 TNFA signaling via NFkB 等通路与该恶变过程有关，该过程中，ATF3、COL1A1、RUNX1、KLF6 和 PLAU 等基因的表达量持续升高。另外炎性 MSCs 高表达炎性和干性基因，该亚群中 PPARD、ESR1 和 MITF 等转录因子的启动子区域可及性下降。

结论 子宫内膜癌微环境中存在血管生成及炎性两个恶性 MSCs 亚群。其中，血管生成 MSCs 的形成与 EMT 和 TNFA signaling via NFkB 两个通路相关。炎性 MSCs 高表达炎性和干性基因，其恶变过程与 PPARD、ESR1 和 MITF 等转录因子的启动子区域可及性的下降相关。

PO-2877

MSCsDB：间充质干细胞单细胞转录组学图谱 和综合分析数据库

余苗、张曦

陆军军医大学第二附属医院

目的 间充质干细胞 (Mesenchymal Stem Cells, MSCs) 是一种在免疫调节和再生医学中具有治疗潜力的多能干细胞。MSCs 的异质性被认为是其基础和转化研究以及 MSCs 疗法发展中的主要障碍，其异质性表现在多层次多水平，例如：供者间 (Donor-to-donor)、组织间 (Inter-tissue)、组织内 (Intra-tissue)、克隆间 (Interclone) 和个体细胞间 (Individual cells) 等。单细胞转录组测序技术 (scRNA-seq) 的发展推动了对 MSCs 异质性的全面剖析，目前迫切需要一个专业的平台来系统地挖掘已发表的 MSCscRNA-seq 数据集。

方法 在这里，我们介绍 MSCsDB，一个基于所有已发表的 MSCscRNA-seq 数据集构建的高质量交互式数据库。MSCsDB 收录了临床治疗最常用的 5 种组织 (骨髓 (n=5)、脂肪组织 (n=9)、脐带 (n=3)、子宫内膜 (n=6) 和真皮 (n=3)) 来源的 MSCs 单细胞数据集。经过 Scanpy 软件包严格质量控制 (QC) 后，最终收录约 47 万个高质量 MSCs 单细胞数据。MSCsDB 提供广泛的表型概述和数据查询，包括细胞类型构成、基因表达水平分析、细胞通路富集分析、细胞质量控制评估、细胞轨迹推断、转录因子调控分析等结果。

结果 MSCsDB 生成了当前最全面的 MSC 图谱及具有相应分析功能的便捷交互式平台，方便用户上传个人 MSCs 单细胞数据分析、注释 MSC 亚群，以及上传任意 scRNA-seq 数据进行细胞通路富集、细胞拷贝数变异、细胞轨迹推断、转录因子调控等分析，MSCsDB 开发了通过电子邮件下载功能，长时耗的任务用户无需在线等待，待分析完成后结果可自动发送用户至邮件。

结论 总之，MSCsDB 作为目前最全面的 Human MSCs 数据资源及交互式分析平台，为储存、分析和分享 MSCs 数据及相关研究提供一个公共平台，这对推进 MSCs 研究及临床应用至关重要。

PO-2878

红细胞载阿霉素治疗急性髓系白血病的应用研究

陈梦然^{1,2}、吴昊^{1,2}

1. 四川大学华西医院血液科
2. 四川大学华西医院血液学研究所

目的 我们将具有生物活性的红细胞包载阿霉素 (Dox@RBC) 来治疗 AML, 期望改善体内的药物分布并延长药物作用时间, 提高疗效并减轻副作用。

方法 利用低渗-高渗法制备 Dox@RBC。对制备的 Dox@RBC 进行表观学及包载率测定。体外实验检测肿瘤细胞对 Dox@RBC 的摄取能力及体系的细胞杀伤、凋亡能力, 考察对肿瘤细胞的抑制效果。体内进行药物代谢动力学及药物示踪检测。对 AML 小鼠设置对照组、RBC 组、Dox 组和 Dox@RBC 组并进行相应治疗, 监测肿瘤负荷变并观察生存期, 观察疗效及毒副作用。

结果 本研究制备的 Dox@RBC 最大程度保留了红细胞形态, 细胞蛋白特别是 CD47 表达与正常 RBC 相比差别不大。体系包载率高达 80%。肿瘤细胞对 Dox@RBC 的药物摄取能力提高, 早调细胞增多且肿瘤细胞活性氧产生增多。体系延长阿霉素半衰期至 30.31h; 且该体系在体内 48h 后仍可观察到荧光信号。AML 小鼠经 Dox@RBC 治疗后肿瘤进展减缓, 生存期延长。肝肾功及 HE 切片分析 Dox@RBC 具有良好的生物安全性, 并且缓解了 Dox 的心脏毒性。

结论 本研究探索出制备 Dox@RBC 的最适方案, 成功制备保留完整形态及生理功能的 RBC 递送载体。该体系显著延长药物作用时间的效果, 对 AML 小鼠有良好的肿瘤抑制作用, 并具有生物安全性, 减少了化疗药物对脏器的毒性。

PO-2879

MUC4 基因突变促进补体沉积并增加阵发性夜间血红蛋白尿患者血栓事件的风险

陈颖莹、付蓉
天津医科大学总医院

目的 背景: 血栓形成是阵发性夜间血红蛋白尿(PNH)患者最常见的并发症和主要死亡原因, 而终末补体的激活是导致血栓形成倾向的主要因素。我们前期研究发现, 与细胞抗粘附功能密切相关的 MUC4 基因在 PNH 血栓患者中突变率显著升高。

目的: 证明 MUC4 突变通过促进终末补体沉积而增加 PNH 患者血栓形成的风险。

方法 采用 ELISA 和终末补体沉积实验证实 PNH 急性血栓患者终末补体的异常活化。采用 qRT-PCR 检测 MUC4 的表达水平, 并分析其与临床指标的相关性。然后, 利用 siRNA 敲低野生型 K562 细胞 (K562 WT) 和 PIGA 敲除的 K562 (K562 KO) 细胞中 MUC4 的表达水平, 检测 C5b-9 沉积水平的变化。最后, 我们构建了下肢深静脉血栓形成模型, 比较了不同种类小鼠血栓形成的重量和长度。获得局部血管进行 H&E 染色和 C5b-9 免疫组化染色。

结果 1. 急性血栓组(PT)血清 C5b-9 水平明显高于正常对照组(NC)和无血栓组(P)(图 1A)。终末补体沉积实验也证实了 PNH 急性血栓患者的终末补体过度活化(图 1B)。2. PT 组 MUC4 mRNA 表达水平显著低于 P 组(图 1C), 且与血浆 D-二聚体水平呈负相关(图 1D)。此外, 我们发现 MUC4 敲低后, 细胞表面补体沉积显著增加(图 1E)。这些发现表明, MUC4 表达下调可促进补体沉积, 并可能增加 PNH 患者血栓形成事件的风险。3. 血管结扎 48 小时后, 血栓牢固附着于局部血管壁上(图 1F), HE 染色显示血栓阻塞血管腔(图 1G)。Muc4 全基因组敲除小鼠(M)和造血系统特异性 Piga 基因敲除小鼠(P)的血栓重量和长度均高于正常 C57BL 小鼠(NC)组, 而造血系统特异性 Muc4 和 Piga 双

敲除小鼠(MP)组的血栓最长、最重、密度最大(图 1H)。此外, MP 组血栓组织中局部补体 C5b-9 的沉积增加。

结论 MUC4 基因突变促进补体沉积, 增加 PNH 患者血栓形成事件的风险。我们建议对未接受补体抑制治疗的 MUC4 突变 PNH 患者进行预防性抗凝治疗。

PO-2880

1 例血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤合并双肺感染 导致右臂大片带状疱疹的护理体会

李莎莎

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 总结 1 例血管免疫母细胞性 T 细胞淋巴瘤患者因化疗后骨髓抑制, 并发双肺感染(细菌+真菌), 导致左臂出现大面积散在黄豆大小水疱, 合并红白色糜烂面, 可见较多渗出物, 部分表面结痂, 痂底可见脓性腐臭味分泌物, 创面分泌物细菌培养为铜绿假单胞菌, 经过医疗、护理团队分析讨论采取相对应的护理措施的护理体会。

方法 本例患者在全身抗感染的前提下, 根据带状疱疹患者感染伤口的特点及难点, ①通过成立多学科协作小组团队(成员包括主治医师、护士长、责任组长、责任护士, 伤口门诊, 营养科、皮肤科、感染科、药剂科、心理科), 对该患者建立一套完整地个性化地护理措施, 其护理要点包括: 患者入住层流无菌病床, 采取保护性隔离措施, 并加用空气消毒机器人对空气消毒, 保证空气及物品的洁净; ②根据皮损情况分为红斑期、水疱期、溃烂期、结痂期, 主要以局部消炎、收敛、保护创面、避免感染为原则, 不同时期予以不同的护理。③每次进行创面换药时评估伤口面积, 创面基底颜色, 渗液情况, 愈合程度, 疼痛评分, 为判断创面情况及调整局部伤口换药方法提供依据。每次伤口处理前用伤口尺测量创面的大小(长×宽), 动态评估伤口愈合情况。④定期对患者进行环境耐药监测, 联合院感控科及时监控, 早期干预。⑤患者因化疗后粒细胞缺乏, 血小板低下, 我科请伤口门诊联合皮肤科会诊后, 在清创期, 首次清创前留取伤口处分泌物培养, 再予以 0.05% 聚维酮碘溶液, 湿敷换药 2 次/d, 生理盐水清洗, 氩氛激光照射, 百克瑞无菌创面纱布包扎。在修复期, 加用重组人表皮生长因子, 局部湿敷 2 次/d, 伤口内予以百克瑞纱布湿敷及重组人表皮生长因子生长因子湿敷局部涂抹。每天给予换药 2 次/d, 根据患者每天伤口情况, 动态综合评估结果, 共同制定更新清创目标。⑥加强宣教, 了解患者心理, 建立信任感, 向患者及家属讲解疾病的治疗过程, 使患者积极配合治疗。做好个人卫生, 防止交叉感染, 减少活动防止出血等并发症的发生。⑦营养支持方面, 对患者实施全面营养评估及分期营养管理, 采用营养风险筛查表进行风险评估, 营养科会诊后, 配合该科的营养方案, 对患者实施肠外营养, 有特殊情况随时监测。在患者耐受及有效维持营养状况前提下, 逐步过渡到普通饮食。⑧采用认知干预, 加强带状疱疹的知识教育。给予个体化心理干预, 了解患者在护理阶段的心理需求, 倾听其主诉, 全程化给予患者心理疏导。

结果 左臂创面大量疱疹已结痂且痂皮自行脱落, 基底湿润、潮红, 伤口周围肉眼可见明显的新生上皮。经多学科协助治疗后, 患者顺利完成化疗, 感染得到有效地控制, 未再出现发热等其他严重感染并发症, 伤口愈合, 长出新鲜肉芽组织。

结论 在护理过程中, 根据患者带状疱疹的病程、分期针对性的护理干预明显改善患者疱疹感染症状, 对其皮肤损伤的愈合起了良好的积极作用。同时与患者及时有效沟通、交流, 更是改善护患关系, 减轻患者痛苦, 加强了患者康复的进程, 提高了护理质量, 最终患者康复出院, 值得借鉴。

PO-2881

护理干预在提高再生障碍性贫血治疗依从性的应用效果。

彭靖华

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 再生障碍性贫血是一种骨髓造血功能衰竭性疾病，其发病机制复杂，治疗方法多样。治疗依从性作为影响患者预后的关键因素，其提升一直是再生障碍性贫血治疗中的重要问题。本研究主要探讨护理干预在提高再生障碍性贫血患者治疗依从性方面的应用效果。

方法 抽取本院于 2023 年 1 月至 2023 年 12 月收治的再生障碍性贫血患者共 60 例，将其依照双盲随机法分为对照组(30 例,实施一般化护理方式)与观察组(30 例,额外实施护理干预),研究比对患者的治疗依从性、生活质量变化。

结果 观察组的治疗依从率为 99.00%,对照组的依从率为 86.00%。与对照组对比,观察组再生障碍性贫血患者的治疗依从率更高($P<0.05$)。

结论 采用系统性、个体化、全程化的护理干预策略可以有效提高再生障碍性贫血患者的治疗依从性，进而改善其预后。未来，应继续加强多学科合作，共同推进再生障碍性贫血治疗领域的发展。

PO-2882

1 例 ALL 合并深静脉血栓形成患儿的护理

刘丽萍

广州医科大学附属妇女儿童医疗中心

目的 通过护理 1 例 Ph+ALL 合并多处深静脉血栓形成的患儿来探讨相关疾病的观察要点与护理措施。

方法 总结分析该患儿的临床表现、实验室检查、影像学改变及病理特点，结合国内外报道，提高对该疾病的护理水平。

结果 患儿目前按计划予抗凝治疗，复查血栓较前消退，未出现全身出血症状。

结论 该患儿及其家属治疗时依从性较好、配合度高，使得深静脉血栓的治疗进展较顺利，药物方面的干预措施也起到了重要作用，目前临床应用最广泛的治疗药物主要有低分子肝素、维生素 K 拮抗剂等。

PO-2883

1 例高危神经母细胞瘤患儿应用那西妥单抗免疫治疗的个案护理

刘丽萍

广州医科大学附属妇女儿童医疗中心

目的 总结 1 例高危神经母细胞瘤患儿应用那西妥单抗免疫治疗的护理经验。

方法 运用五维度方法动态评估患儿，采用预见性护理思维，梳理出患儿行那西妥单抗免疫治疗护理的重点和难点：药物输注不良反应的有效管理和预防，如支气管痉挛、低血压、荨麻疹、发热、疼痛等反应的预防、观察及处理，以及心理护理，制定有效的不良反应防治护理方案，完善那西妥单抗的输注流程。

结果 患儿经过精细化和预见性的护理管理，顺利完成第一个治疗周期，安全度过那西妥单抗输注

时发生的不良反应，恢复良好而顺利出院。

结论 通过预见性护理的运用及精细化的护理，即使发生了药物输注不良反应也能得到及时的对症处理，提高输注安全性，为门诊化输注奠定基础，减轻患儿及其家庭的负担，从而提高患儿的生存率。

PO-2884

中西医结合治疗下基于加压疗法和康复锻炼的护理方案 对化疗所致周围神经病变的影响研究

陈云
襄阳市中心医院

目的 本研究旨在评估中西医结合治疗下，基于加压疗法和康复锻炼的护理方案对化疗所致周围神经病变（CIPN）患者的影响，探讨其在缓解症状、促进神经康复和提高生活质量方面的效果，为临床实践提供循证依据。

方法 计算机检索中国知网，万方，维普，CBM，PubMed，Embase，CINAHL，Cochrane library，Web of science 9 个数据库，收集与肿瘤患者化疗所致周围神经病变采用加压疗法和康复锻炼干预的随机对照研究，检索时限从建库至 2022 年 7 月 20 日。由 2 名研究者独立进行文献筛选和提取文献信息。使用 Review Manager 5.4 中的偏倚风险评价工具对文献进行质量评价和 Meta 分析。

结果 共纳入 22 项随机对照试验；非药物治疗包括加压疗法和康复锻炼等。主要结局指标涉及 CIPN 所致的疼痛、功能、神经毒性和生活质量评价。Meta 分析结果表明，康复锻炼疗法不仅可提高 CIPN 病人的生活质量，而且可降低神经毒性；加压疗法可改善 CIPN 病人在感觉和运动方面的症状，降低神经毒性。

结论 中西医结合治疗下基于加压疗法和康复锻炼的护理方案对 CIPN 患者具有明显的积极影响。该疗法不仅有效缓解了症状，也在提高患者整体生活质量方面取得了良好的效果。这一研究为 CIPN 的临床治疗提供新的指导，并为中西医结合护理在神经病变管理中的应用提供科学依据。

PO-2885

25 例淋巴瘤合并噬血细胞综合征患者护理经验总结及策略探讨

陈云
襄阳市中心医院

目的 总结 25 例淋巴瘤合并噬血细胞综合征(HLH)患者的护理经验，探讨护理重点及难点，为临床护理提供参考。

方法 收集我科 2023 年 1 月至 7 月收治的 25 例淋巴瘤合并噬血细胞综合征患者，进行回顾性分析。主要护理要点：早期识别和诊断，全面评估，紧急处理和救治，免疫监测，支持性治疗，密切监测肝、肾、心脏等器官功能，多学科合作，包括血液科医生、免疫学家、放射科医生、护理人员等，共同制定治疗和护理方案，精神支持，定期随访，并采用欧洲癌症研究与治疗组织生命质量测定量表(EORTC QLQ-C30)评估其生活质量。

结果 25 例淋巴瘤合并 HLH 患者经过全程治疗和专科护理，患者血清铁蛋白、白介素-6 等炎症因子水平下降，肝功能、凝血功能得到好转，噬血细胞综合征得到有效控制，患者躯体功能、情绪功能、社会功能、认知功能、角色功能评分均高于治疗前，差异均有统计学意义($P < 0.05$)。

结论 针对淋巴瘤合并 HLH 患者进行系统性的监测与并发症的防护, 准确的评估和观察病情, 采取有针对性的防护措施, 是降低系统性损害、并发症发生和护理成功的关键。本研究为淋巴瘤合并 HLH 患者的护理提供了有益的经验与策略。

PO-2886

预见性护理在重型再生障碍性贫血患者并发症中的应用

刘晶晶

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 观察预见性护理的效果, 研究该护理方法在重型再生障碍性贫血患者并发症中的价值。

方法

方法选择医院 2023 年 2 月—2023 年 8 月 1 年内收治的重型再生障碍性贫血患者 60 例, 随机将其分为对照组(30 例, 常规护理), 研究组(30 例, 预见性护理), 对两组患者进行全面的风险评估, 包括病情严重程度、免疫功能状态、心理状态等方面。

结果 研究组生活质量各项指标评分高于对照组, 病情严重程度、心理状态等发生率低于常规组, 组间差异呈统计学意义($P < 0.05$)。

结论 预见性护理在重型再生障碍性贫血患者并发症管理中具有重要地位和广阔应用前景。通过不断完善护理策略与方法, 预见性护理将在减少患者并发症、提高生活质量方面发挥更大作用。

PO-2887

预见性护理在血液科患者并发症发生率和护理满意度的中的应用效果

王含

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 本文旨在探讨预见性护理在血液科患者中的应用及其对并发症发生率和护理满意度的影响。预见性护理作为一种前瞻性的护理模式, 强调对患者潜在风险进行预测和干预, 以改善患者的治疗体验和减少不良事件的发生。

方法 选取我院血液科患者 60 例, 采用随机数字表法随机分为对照组和观察组, 各 30 例。对照组患者采取常规护理, 观察组患者采取预见性护理。

结果 观察组患者并发症发生率低于对照组, 护理满意度评分优于对照组, 差异具有统计学意义($P < 0.05$)。

结论 预见性护理通过提前识别患者潜在风险并采取相应干预措施, 有效地减少了并发症的发生。同时, 个性化护理计划的制定和实施, 使得护理服务更加符合患者的需求, 从而提高了患者的满意度。

PO-2888

渐进性肌肉放松训练对血液肿瘤患者化疗相关性恶心呕吐及睡眠质量的影响

尹爽爽
武汉市中心医院

目的 探讨渐进性肌肉放松训练对血液肿瘤患者化疗相关的恶心呕吐及睡眠质量的影响

方法 随机将 2023 年 1 月~2024 年 1 月的 42 例在我院血液内科接受化学治疗的患者分为对照组和观察组各 21 例。针对患者化疗期间的恶心呕吐的预防：对照组采用单独使用止吐药物，观察组采用联合药物预防及渐进性肌肉放松训练干预。将两组患者恶心呕吐的频次、恶心呕吐的缓解情况及患者睡眠质量进行比较。

结果 干预后，相较于对照组患者，观察组患者延迟期恶心呕吐的缓解率高、匹兹堡睡眠质量指数（PSQI）评分低，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；两组患者预期性、急性期恶心呕吐的控制率比较无差异（ $P>0.05$ ）

结论 渐进性肌肉放松训练可缓解血液肿瘤化疗患者延迟期的恶心呕吐情况，使患者化疗期间的睡眠质量得以改善

PO-2889

血液肿瘤患者普通病房输液连接器细菌定植情况分析对策探讨

肖楚千、杜欣
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 了解血液肿瘤患者普通病房输液连接器细菌定植情况和消毒去污效果，为血液肿瘤患者输液安全管理提供临床参考。

方法 选取血液肿瘤患者留置的 59 个输液连接器作为对照组；同期消毒后的 52 个输液连接器作为观察 A 组，并观察护士消毒连接器的时间和消毒方法；针对输液连接器消毒方法进行培训，再选取 50 个消毒后的输液连接器作为观察 B 组；对所有输液连接器进行采样并送培养。

结果 对照组共 41 个接头检出细菌，检出率 69.5%，其中，30 个接头各检出 1 株细菌，10 个接头检出 2 株细菌，1 个接头检出 3 株细菌；观察 A 组共 8 个接头检出细菌，检出率 15.3%；观察 B 组共 4 个接头检出细菌，检出率 8.0%；培训前后细菌培养检出率比较，差异有统计学意义。

结论 输液器连接装置易污染，有效消毒可显著减少细菌定植。血液肿瘤患者免疫力低下，极易造成感染。医务人员应认识到输液相关感染风险，规范输液操作，加大对输液装置的管理，并进一步探索更有效的消毒方法。

PO-2890

运用 cinas 表格的静脉输液港功能分级评估与干预流程在临床中的运用

肖楚千、杜欣
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 护士利用 cinas 评估表将输液港功能进行分级，便于临床准确区分输液港的不同功能状态。制

定干预流程,对输液港功能障碍者采用障碍分级处理方法恢复输液港功能。

方法 采用便利取样法,选取 2022 年 11 月-12 月的 20 例携输液港患者,共计观察评估 143 例次作为对照组,2023 年 1 月-2 月的 21 例携输液港患者,共计观察 147 例次作为观察组,对照组实施常规评估处理,观察组通过输液港功能分级评估表评估输液港功能情况,并对其进行分级,功能异常的患者及时采取有效护理对策。从两组患者的输液港功能情况,以及护士临床处理输液港功能障碍问题时的能力进行效果评价。

结果 患者的输液港功能情况:对照组有 9 例次出现不同程度的功能障碍,2 级 3 例次,3 级 5 例次,4 级 1 例次。2 例次通过冲洗后恢复正常;1 例次蝶翼针外移,插入后恢复正常,6 例次使用 5000U/ml 尿激酶生理盐水溶栓后输液港功能恢复 1 级。观察组有 8 例次有不同程度的功能异常,2 级 6 例次,3 级 2 例次,6 例次通过冲洗后恢复正常;1 例次通过活动上肢后恢复功能;1 例次使用 5000U/ml 尿激酶生理盐水溶栓后输液港功能恢复 1 级。护士临床处理能力:护士评估患者输液港功能障碍的准确率和处理措施的正确率:观察组均高于对照组。

结论 使用 cinas 评估表对输液港功能分级,可以帮助护士使用统一的术语描述导管功能,且标准化的导管功能评估能获得准确的数据和结果。另外,持续动态地对输液港进行功能分级评估,还可以帮助护士及时发现输液港功能异常的高危人群。防止输液港功能状态的进一步下降,避免非计划拔管的发生。

PO-2891

舒适护理在 PICC 置管血液肿瘤患者中的应用效果分析

杨鹏、杜欣

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨在经外周静脉穿刺中心静脉置管(PICC)血液肿瘤患者中舒适护理方法所取得的临床应用效果。

方法 选取 60 例在陆军军医大学新桥医院血液病医学中心四病区进行 PICC 置管的患者,随机分成对照组和观察组,每组 30 例。对照组给予常规护理方法,观察组给予舒适护理方法。

结果 观察组并发症发生率 10.00%低于对照组的 36.67%,差异有统计学意义($P<0.05$)。观察组护理舒适度 93.33%高于对照组的 70.00%,差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 PICC 血液肿瘤患者置管中应用舒适护理方法,有助于降低患者并发症发生率,改善身体舒适度。

PO-2892

低温疗法在美法仑所致口腔黏膜炎防治中的疗效观察

刘丹

中国人民解放军空军军医大学第二附属医院

目的 探讨低温疗法应用于美法仑预处理方案的自体造血干细胞移植口腔黏膜炎的时机及效果

方法 回顾性分析 40 例行自体造血干细胞移植的多发性骨髓瘤患者作为对照组,观察组选择 40 例行自体造血干细胞移植的多发性骨髓瘤患者,对照组给予常规口腔护理,观察组患者在使用大剂量美法仑预处理方案时给予口腔低温疗法。观察并记录两组患者口腔黏膜炎的发生率及临床特征,比较干预前后两组患者口腔黏膜炎的发生率及分级程度。

结果 观察组口腔黏膜炎 III 度、IV 度发生率(10%)明显低于对照组(30%)

结论 口腔低温疗法可降低美法仑所致黏膜炎的发生率及严重程度,此方法简便易行、安全性高。

PO-2893

全环境保护护理在异体骨髓移植术后患者中的应用效果

沈聪聪

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 将全环境保护护理运用于异体骨髓移植术后的患者，探讨其对患者的影响。

方法 研究对象选自 2023 年 1 月至 2023 年 6 月我院收治的行异体骨髓移植术的患者 100 例，将其随机分为对照组 50 例和观察组 50 例。通过收集患者的临床资料，对比分析实施全环境保护护理前后患者的恢复情况及心理状态等指标。

结果 观察组并发症的总发生率明显低于对照组($P<0.05$);护理前两组均存在负性情绪，护理后观察组的负性情绪得分低于对照组($P<0.001$);观察组的生活质量评分高于对照组($P<0.05$ 或 $P<0.001$)。全环境保护护理能够显著降低术后患者的感染风险，提高患者的生活质量和心理健康水平。

结论 全环境保护护理在异体骨髓移植术后患者的应用效果显著，对于提高患者的康复效果和生活质量具有重要意义。本研究成果可为临床护理工作提供有价值的参考和借鉴。

PO-2894

连续性血液透析疗法治疗儿童急性肾损伤效果比较

惠彬彬

西安交通大学第一附属医院

目的 目的探讨连续性血液透析滤过（continuous veno-venous hemodiafiltration, CVVHDF）治疗危重病儿童合并急性肾损伤（acute kidney injury, AKI）的作用并评估其疗效。

方法 2019 年 11 月至 2021 年 11 月,对收入我院重症监护室的 30 例合并 AKI 的患儿进行 CVVHDF 治疗,观察治疗前及治疗后 6、12、24、48、72 h 血肌酐（creatinine, Cr）、尿素氮（blood urea nitrogen, BUN）、 K^+ 、 Na^+ 、 HCO_3^- 水平的变化,统计住院后 28 d 病死率。

结果 结果 30 例患儿均顺利置管并完成 CVVHDF 治疗,平均持续时间为 46 h（16~142 h）。CVVHDF 治疗前血 Cr、BUN 水平分别为（ 340.6 ± 298.2 ） $\mu\text{mol/L}$ 、（ 31.6 ± 11.3 ） mmol/L ,治疗 6 h 后 Cr、BUN 明显下降[（ 196.3 ± 112.4 ） $\mu\text{mol/L}$ 、（ 13.3 ± 8.5 ） mmol/L]（ $P<0.05$, $P<0.01$ ）;12 h 后下降更明显[（ 106.1 ± 84.2 ） $\mu\text{mol/L}$ 、（ 10.2 ± 9.7 ） mmol/L]（ $P<0.01$ ）;48 h 后恢复正常水平。CVVHDF 治疗 6 h 后血 K^+ 、 Na^+ 、 HCO_3^- 紊乱状态好转,至 24 h 时恢复至该年龄正常水平。28 d 病死率为 29.2%（7/24）,死亡者均为合并多器官功能障碍综合征的患儿。

结论 CVVHDF 治疗儿童 AKI 可以迅速清除 Cr、BUN 及多余水分,改善肾功能,纠正体液电解质紊乱

PO-2895

肾性贫血和透析频次的对比

惠彬彬

西安交通大学第一附属医院

目的 背景 随着慢性肾脏病患者人数的不断攀升，目前已成为全球关注的健康问题之一，而肾性贫血又是慢性肾脏病最为常见的并发症。肾性贫血近来倾向称为慢性肾脏病相关性贫血，是终末期肾脏病重要且严重的并发症，其主要原因是肾脏减少了促红细胞生成素的生成，而且随着慢性肾

脏病的病情发展逐渐加重，贫血对终末期肾病患者生活质量造成了巨大的影响，导致血液透析患者心血管事件的增多以及死亡风险的增加，并且患者的住院风险以及并发症的增多与贫血程度呈正相关，肾性贫血在维持性血液透析患者中有高达 98.2% 的发病率，肾性贫血对于慢性肾脏病患者危害巨大，治疗肾性贫血成为慢性肾脏病管理中的重要一环，尤其是针对维持性血液透析患者。中国作为一个人口大国，慢性肾脏病患者人数众多，据估算，有 1.2 亿之多，其中终末期肾病患者中维持性血液透析和腹透透析患者约为 40 多万，而作为慢性肾脏病最常见并发症之一的肾性贫血，在透析患者中患病率极高，因此肾性贫血患者数量越来越多，治疗需求越来越大。影响肾性贫血治疗效果的因素众多，本文在补充重组人促红素和铁剂以及叶酸、维生素 B12 等的前提下，就血液透析频次对肾性贫血治疗效果影响做一简单分析

目的:观察每周不同血液透析频次对维持性血液透析患者贫血的影响。

方法 方法:2019 年 2 月-2021 年 2 月收治维持性血液透析患者 60 例,根据每周规律血液透析频次分为两组,分别为每周规律血液透析 3 次组及每周规律血液透析 2 次组。比较两组患者红细胞、血红蛋白、血细胞比容等指标水平。

结果 结果:两组治疗前红细胞、血红蛋白及血细胞比容水平比较,差异无统计学意义($P>0.05$);治疗 3 个月后,两组红细胞、血红蛋白、血细胞比容均较治疗前升高,差异有统计学意义($P<0.05$);但是每周透析 3 次组各项指标水平高于每周透析 2 次组,差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 结论:对于维持性血液透析患者,每周血液透析 3 次,可以更好地改善肾性贫血,提高治疗效果。

PO-2896

医护患一体化管理对患者管理水平的影响

惠彬彬

西安交通大学第一附属医院

目的 观察医护患一体化管理对血液透析患者自我管理水平的影响

方法 选取 2021 年 5 月-2022 年 5 月在西安交通大学第一附属医院医院就诊的血液透析患者 100 例作为研究对象。根据患者入院时间顺序分组,2021 年 5-11 月收治的 50 例常规护理管理患者为对照组,2021 年 11 月-2021 年 5 月收治的 50 例医护患一体化管理患者为研究组。比较两组管理前后用药、饮食、运动、生活、治疗依从性,对维持性血液透析相关知识掌握评分与生活质量评分及相关干预的满意度比较。

结果 研究组管理后用药、饮食、运动、生活、治疗依从性均高于对照组($P<0.05$)。管理后,两组对维持性血液透析相关知识掌握评分较管理前均提高,且研究组均高于对照组,差异均有统计学意义($P<0.05$)。管理后,两组生活质量评分较管理前均提高,且研究组均高于对照组,差异均有统计学意义($P<0.05$)。研究组对相关管理的总满意度高于对照组($P<0.05$)。

结论 血液透析患者实施以医护患一体化管理,可明显提高患者对用药、饮食、运动、生活、治疗依从性,提升维持性血液透析相关知识掌握情况,改善生活质量,获得更高的满意度,效果较为理想

PO-2897

白血病化疗患者相关性口腔黏膜炎风险预测模型的构建

杨燕澜

深圳市儿童医院

目的 探讨白血病化疗患者相关性口腔黏膜炎发生的风险因素,并且构建风险预测模型,为白血病

化疗患者的临床治疗提供参考依据。

方法 选取了 2022 年 5 月-2023 年 9 月收治的白血病患者 264 例作为研究对象，其中患者化疗后出现相关性口腔黏膜炎为 109 例设为观察组，未发生相关性口腔黏膜炎的患者为 155 例设为对照组，采用多因素 Logistic 分析影响白血病化疗患者相关性口腔黏膜炎的因素，并采用 R 软件构建列线图，采用工作曲线（ROC）和校准模型进行验证。

结果 白血病化疗患者相关性口腔黏膜炎的发生率为 41.29%，多因素 Logistic 回归分析显示影响白血病化疗患者相关性口腔黏膜炎的因素有年龄、口腔卫生差、白细胞计数 $\geq 20 \times 10^9$ 、临床分期。基于白血病化疗患者相关性口腔黏膜炎的高危因素构建列线图模型，其 ROC 曲线下面积为 0.963，灵敏度为 91.7%，特异度 96.0%，说明本模型具有较好的风险预测能力。

结论 年龄、口腔卫生差、白细胞计数 $\geq 20 \times 10^9$ 、临床分期是白血病化疗患者相关性口腔黏膜炎的独立风险因素。构建的风险预测模型可以为临床医生提供参加价值，采取针对性的干预措施，降低白血病化疗患者相关性口腔黏膜炎的发生率。

PO-2898

Application of a modified novel ice cap technique in patients with high fever for hematological malignancy

Shasha Li
护理

Objective Objective To observe the current situation of patients after chemotherapy and high fever, develop a new improved ice cap, compare with the traditional ordinary ice cap cooling method, and explore the application effect of improved new ice cap intervention in the care of patients with high fever.

Methods Any selected 20 chemotherapy patients hospitalized in our department from September 2023 to December 2023, In two groups of patients with body temperature greater than 38.5 after chemotherapy, Ten severely febrile patients were randomized to the trial group, The test group was treated with a modified new ice cap, The improved new ice cap uses the elastic design of pull-down pants, While meeting the wearing needs of patients with different head types, Avoid the ice caps from falling off by themselves, Meanwhile, before the use, Break the ice from the ice cap inlet, Change the overall structure of the traditional ice cap; Open the counterflow device, To prevent ice water, The inner layer is made of soft gel material, And adding body temperature to the ice cap forehead, To observe the patient's brain temperature, Ensure that the brain cooling effect is accurate, Eye-designed observation holes, Always observe the pupil size and the response to light, Top with pressure ulcer prevention design, To prevent the occurrence of the crushing phenomenon. Another 10 cases of fever patients as a control group, control group of conventional ice cap cooling, using traditional ice cap technology, wear ice cap before responsibility nurse should be cotton pad or gauze for direct contact with the ice cap ear, forehead, eyes, cheek, jaw, neck skin protection, to prevent frostbite, and then put homemade ice into the ice cap, for patients to wear. The changes in axillary body temperature between the two groups were compared, measured 1 hour before and after treatment, and the adverse reactions including occipital blue and pressure ulcers were observed, and the efficacy of the two groups was compared.

Results Comparing the body temperature between the two groups, the difference in body temperature reduction ($P > 0.05$); after treatment, the body temperature reduction was significantly lower than that of the control group, and the difference was statistically significant ($P < 0.05$); comparing the occurrence of adverse reactions, the occipital blue or pressure ulcer, and the occipital blue in the control group, and the incidence of adverse reactions in the experimental group was lower than that of the control group.

Conclusion The improvement of the new ice cap can play a better cooling effect, reduce the occurrence of complications, play a certain positive role in preventing skin frostbite and cooling, safe and reliable, and the effect on the brain protection of patients is more ideal.

PO-2899

基于智能护理平台的药物医嘱闭环管理系统在造血干细胞移植术后患者中的应用效果研究

刘程渝、杜欣

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 构建药物医嘱闭环系统，对造血干细胞移植术后患者特殊药物医嘱进行闭环式管理，实现医嘱执行过程中各环节的质量控制，提高患者正确、准时的服药率，并探讨其应用效果。

方法 建设移动护理智能系统和院内无线网络，医院血液内科自 2023 年 01 月起基于条码识别技术、PDA 和智能床头卡的智能识别，构建医嘱闭环系统，2022 年 6~12 月为实施前，2023 年 1 月~2023 年 6 月为实施后，实施前血液内科收治患者 5428 例，实施后血液内科收治患者 6569 例，通过问卷调查、面对面访问、抽取测量血液中药物浓度的形式分析药物医嘱闭环管理的应用效果、管理效果。

结果 规范了护理工作流程、减少了护理差错、提高了医护效率。实施后患者的医嘱平均执行时间，显著短于实施前（ $P < 0.05$ ）。实施后患者发生医嘱执行错误率、药物准备错误率，显著低于实施前（ $P < 0.05$ ）。实施后患者的满意度，显著高于实施前（ $P < 0.05$ ）。

结论 通过构建和应用药物医嘱闭环系统，可以减少护理不良事件和提高工作效率，确保患者用药安全。

PO-2900

人性化护理在急性鼻出血白血病患者中的干预效果研究

刘程渝、杜欣

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 观察、分析白血病患者急性鼻出血采取人性化护理的实践效果。

方法 选取 2022 年 1 月~2023 年 1 月于我院血液科住院期间的急性鼻出血白血病患者进行研究，总计 210 例，按随机数字表法分组，等分为对照组、观察组，接受常规护理者纳入对照组，接受人性化护理者纳入观察组，比较 2 组指标，如不良情绪、健康教育知识掌握度、生活质量、疼痛程度、患者满意度、鼻出血停止时间等。

结果 临床指标：观察组鼻出血停止、住院时间及总出血量，较对照组低，差异显著（ $P > 0.05$ ）；不良情绪：观察组焦虑、抑郁改善效果高于对照组，差异显著（ $P < 0.05$ ）；生活质量：生活质量较对照组评分高，差异显著（ $P < 0.05$ ）；疼痛程度：疼痛程度较对照组轻，差异显著（ $P < 0.05$ ）；患者满意度：患者满意度高于对照组，差异显著（ $P < 0.05$ ）。

结论 对急性鼻出血白血病患者实施人性化护理，护理效果确切，有效改善患者的病情，改善患者不良情绪，增强止血效果，减轻患者疼痛，提高患者生活质量，降低再出血率，利于患者预后，值得推广。

PO-2901

基于集束化护理在预防血液肿瘤患者呼吸机面罩所致不良反应的应用效果研究

刘程渝、杜欣

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨集束化护理在预防血液肿瘤患者呼吸机面罩不良反应中的应用效果。

方法 选取我院血液科 2022 年 1 月~2023 年 1 月于我院血液科住院期间收治的使用呼吸机辅助通气的血液病患者 50 例为研究对象，随机分为观察组和对照组，各 25 例。对照组采用常规护理，观察组采用集束化护理。比较 2 组呼吸机的使用情况、面部皮肤不良反应以及压力性损伤的发生情况。

结果 2 组在每日呼吸机使用时间以及累计使用时间方面的差异无统计学意义 ($P > 0.05$)；观察组皮肤压红、潮湿、灼热感等不适症状少于对照组 ($P < 0.05$)；观察组的面部压力性损伤的发生率低于对照组，严重程度轻于对照组 ($P < 0.05$)。

结论 集束化护理能够有效降低呼吸机面罩对血液病患者面部的损伤，降低压力性损伤的发生率。

PO-2902

血液恶性肿瘤患者在嵌合抗原受体 T 细胞治疗期间生活质量的变化及其影响因素研究

严佳丽、丁淑怡、黄丽华、胡永仙

浙江大学医学院附属第一医院

目的 探索血液恶性肿瘤患者在嵌合抗原受体 T 细胞 (Chimeric Antigen Receptor T-cell, CAR-T) 免疫疗法期间的三个不同时间点的生活质量水平及其影响因素。

方法：采用便利抽样法，选取 2022 年 4 月~2023 年 1 月杭州市某三级甲等医院行 CAR-T 细胞治疗的血液恶性肿瘤患者作为调查对象，在患者嵌合抗原受体 T 细胞回输前 (T1)、回输后 28 天 (T2) 和回输后 3 个月 (T3) 采用癌症患者生活质量测定量表 (EORTC QLQ-C30)、社会支持评定量表开展调查。

方法 采用便利抽样法，选取 2022 年 4 月~2023 年 1 月杭州市某三级甲等医院行 CAR-T 细胞治疗的血液恶性肿瘤患者作为调查对象，在患者嵌合抗原受体 T 细胞回输前 (T1)、回输后 28 天 (T2) 和回输后 3 个月 (T3) 采用癌症患者生活质量测定量表 (EORTC QLQ-C30)、社会支持评定量表开展调查。

结果 血液恶性肿瘤患者总体健康水平呈先下降后上升趋势，T1 和 T3 时间点总体健康水平得分、T2 和 T3 时间点总体健康水平得分的差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)。功能领域、躯体功能和角色功能维度的得分与总体健康水平得分变化轨迹基本一致，而情绪功能、认知功能及社会功能维度的得分在细胞回输后呈逐渐上升趋势。症状领域、疲倦和气促维度的得分均呈先上升后下降趋势。恶心与呕吐、疼痛、食欲丧失、便秘、腹泻、经济困难维度的得分呈持续下降趋势。多重线性回归分析结果显示，重度 CRS ($\beta = -0.278$, $P = 0.005$)、既往抗肿瘤治疗线数 ≤ 3 线 ($\beta = 0.260$, $P = 0.008$) 及 ADL 总分 ($\beta = 0.325$, $P = 0.001$) 是影响患者 T3 时总体健康水平的主要因素。

结论 血液恶性肿瘤患者在行 CAR-T 细胞治疗过程中，总体健康水平呈先下降后上升趋势，以 T2 时的总体健康水平为最低，护理人员需要通过患者生活质量的变化情况实施预见性护理，根据影响因素构建科学、可行的干预方案，从而为患者提供高质量护理服务，进一步加强患者的临床安全。

PO-2903

造血干细胞移植患者 PICC 相关血流感染预防方案的构建及应用

徐慧菊、彭映、于姗姗
吉林大学第一医院

目的 构建造血干细胞移植患者 PICC 相关血流感染预防方案并评价其应用效果。

方法 以 Donabedian 的“结构-过程-结果”质量管理理论为基础，在文献回顾、证据总结后，于 2021 年 3 月—4 月进行 2 轮专家咨询，构建造血干细胞移植患者 PICC 相关血流感染预防方案。采用便利抽样法，选取 2022 年 2 月—4 月在吉林省某三级甲等医院造血干细胞移植病房（hematopoietic stem cell transplantation, HSCT）中接受 PICC 置管的造血干细胞移植患者作为试验组，2021 年 7 月—9 月接受 PICC 置管的作为对照组。试验组应用造血干细胞移植患者 PICC 相关血流感染预防方案，对照组接受常规预防措施。比较两组医护人员对 PICC 相关血流感染常规预防措施的执行率以及患者 PICC 相关血流感染发生率、导管相关不良事件发生率、HSCT 住院时间。

结果 共进行 2 轮专家咨询，有效问卷回收率均为 100%，专家的权威系数分别为 0.79、0.93。在第 2 轮专家咨询中，各条目重要性评分的变异系数为 0-0.152，肯德尔和谐系数为 0.363（ $P<0.001$ ）；可行性评分的变异系数为 0-0.139，肯德尔和谐系数为 0.496（ $P<0.001$ ）。最终构建的造血干细胞移植患者 PICC 相关血流感染预防方案包括 3 个一级条目、12 个二级条目和 21 个三级条目。应用结果显示，试验组手卫生及无菌非接触技术执行率、评估穿刺处皮肤及敷料异常的时机正确率、无针密闭输液接头正确应用率、健康教育的依从率均高于对照组，PICC 相关血流感染发生率低于对照组，HSCT 住院时间少于对照组，差异均具有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

结论 该研究构建的造血干细胞移植患者 PICC 相关血流感染预防方案具有科学性、实用性。实施该方案可提高护理人员对常规预防措施的执行率，降低造血干细胞移植患者 PICC 相关血流感染的发生率，减少患者住院时间。

PO-2904

一例以阴茎持续异常勃起为表现的慢性粒细胞白血病护理体会

李雪雪、兰大华
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨以阴茎持续异常勃起为首发症状的慢性粒细胞白血病的治疗及护理体会。

方法 采用单采下白细胞去除术，同时联合氟马替尼、羟基脲等药物化疗；对阴茎异常勃起长时间不能缓解者，全麻下行阴茎海绵体分流术；护理上加强心理护理、伤口护理。

结果 患者经过白细胞去除术及阴茎海绵体分流术伤口的护理、高热护理、药物护理、心理护理，阴茎持续异常勃起症状较前减轻，病情稳定。

结论 以阴茎异常勃起的慢性粒细胞性白血病患者的治疗选择白细胞去除术联合氟马替尼靶向治疗，羟基脲降低白细胞，效果明显；对阴茎异常勃起长时间不能缓解者行阴茎海绵体分流术，可最大限度地保留患者的勃起功能，避免阴茎海绵体纤维化，勃起功能障碍和阴茎畸形。

PO-2905

基于循证及 RCA2 分析的 1 例 PICC 非计划拔管改进

李青青、王欣、句明珠
香港大学深圳医院

目的 探讨在根本原因分析法基础上采用循证护理，改进预防 PICC 非计划拔管措施的效果。

方法 成立专家团队,根据 RCA2 实施步骤进行分析改进,采用鱼骨图分析法、风险优先值寻找根本原因,选择风险值最高的要因，应用循证护理步骤获取证据制定改善措施并行动。

结果 改进后 PICC 非计划拔管发生率优于改进前 ($P < 0.05$)。

结论 本例 PICC 非计划性拔管的诱因为使用阿昔洛韦引起幻觉导致患者认知障碍。认知障碍是 PICC 非计划拔管高风险因素，以改良 PICC 固定方式为主的预防措施，可有效降低 PICC 非计划拔管发生率。

PO-2906

**以症状管理为核心的 1 例系统性硬化症
行自体造血干细胞移植护理**

李青青、王欣、光晓春
香港大学深圳医院

目的 本个案总结 1 例难治性系统性硬化症患者行自体造血干细胞移植过程以症状管理为核心的护理。

方法 护理要点包括：症状评估、疼痛管理、预防手指溃疡、睡眠日志、移植规律作息表、放松训练、康复指导。

结果 经过积极治疗与精心护理，患者病情稳定出院，电话随访 7 个月，状况良好。

结论 统性硬化症 (systemic sclerosis, SSc) 因临床表现引起一系列慢性症状，包括身体活动受限、疼痛、皮肤瘙痒、疲劳和睡眠障碍等，使患者生活质量大大下降。同时造血干细胞移植的治疗风险性极高，患者易产生负面情绪，如抑郁、焦虑等。制定针对性症状管理策略，可有效促进患者症状改善，提高生存质量。

PO-2907

骨髓及造血干细胞移植患者置入中心静脉导管的护理

曹剑波
山西白求恩医院 (山西医学科学院)

目的 总结行骨髓及造血干细胞移植患者置入中心静脉导管的护理经验。

方法 通过对进行骨髓及造血干细胞移植的患者置入中心静脉导管期间进行正确维护、健康宣教、科学指导，有效延长导管寿命，积极预防导管静脉炎、堵塞、断裂、血栓及血流感染等相关并发症发生。

结果 骨髓及造血干细胞移植后患者导管保留时间最短 10d，最长 180d，平均带管时间 110d。

结论 中心静脉导管在患者造血干细胞移植期间建立了安全、可靠的静脉通路，可有效减少患者移植期间的不适，提高患者生存质量。

PO-2908

ADOPT 模式护理干预在预防血液病患者化疗期间胃肠道症状中的应用

罗健

山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 探究 ADOPT 模式护理干预在缓解血液病患者化疗期间胃肠道症状方面所发挥的积极影响，以期达到提升患者生活质量并改善治疗效果的目的。

方法 采用 ADOPT 模式作为全面而结构化的护理策略，涵盖评估、诊断、计划、执行以及再次评估五个核心环节。在此模式的引导下，护理团队对血液病患者在化疗过程中的病情进行了详尽的评估，包括但不限于症状表现、病情发展、生活习惯等方面。基于评估结果，护理团队为患者制定了个性化和针对性的护理计划，内容涵盖饮食调整、心理支持、药物管理等多元化措施。在执行护理计划的过程中，团队始终保持对患者的严密关注，并根据病情的变化及时调整护理策略。同时，通过定期进行的评估与总结，确保护理效果的持续优化。

结果 经过实施 ADOPT 模式护理干预，血液病患者在化疗期间的胃肠道症状得到了显著改善，生活质量得到了明显提高。此外，患者对于所提供的护理服务表示出更高的满意度，验证 ADOPT 模式提升治疗效果与患者满意度。

结论 ADOPT 模式在血液病患者化疗期间的护理干预中展现出显著的效果，能够有效缓解患者的胃肠道症状，提高患者的生活质量和满意度。

PO-2909

8 例嵌合抗原受体 T 细胞治疗复发难治性淋巴瘤病例报告及护理

曾荔、杜欣、冯雪、饶军、高力

陆军军医大学第二附属医院（新桥医院）

目的 探讨嵌合抗原受体 T 细胞治疗复发难治性淋巴瘤的临床特征及全程护理。

方法 回顾性分析 8 例复发难治性淋巴瘤患者接受嵌合抗原受体 T 细胞治疗后的临床表现及护理过程，并文献复习。护理重点措施有：关注细胞因子释放综合征症状、神经系统症状和体征，并早期识别；准备患者细胞因子综合征及神经系统症状护理预案及用药等急救护理措施，保证患者安全；关注患者的心理状况及时给与心理支持。

结果 8 例患者回输后均出现乏力、发热等 1 级 CRS 反应，持续时间 3-5 天；2 例患者发生严重 ICANS。8 例患者 SAS 评分均为轻度焦虑，采用正念减压疗法进行心理干预，患者 SAS 评分结果显示焦虑状况缓解。CAR-T 细胞体内增值良好，最终患者病情缓解出院。

结论 嵌合抗原受体 T 细胞费用昂贵，患者及家属心理预期较高，对护理人员技术、护理质量要求高。前期对患者的身体、心理评估和准备工作应充分；回输后严密观察细胞因子释放综合征症状、神经系统症状等并发症的发生；加强护患沟通，进行有针对性的心理干预。对提高护理质量、保障患者安全起到至关重要的作用。

PO-2910

23 例异基因造血干细胞移植治疗老年恶性血液病患者的护理

张秋会、徐丽、解文君
中国医学科学院血液病医院

目的 探讨异基因造血干细胞移植治疗老年恶性血液病患者的护理及临床疗效。

方法 回顾性总结 2017 年 1 月至 2023 年 2 月天津市某三级甲等医院行异基因造血干细胞移植的 23 例老年恶性血液病患者治疗期间的护理经验。针对老年患者，移植前做好体力状况评估及心理护理。移植中做好全环境保护，积极预防口腔、肛周、皮肤、呼吸道感染，指导患者手卫生的管理，减少耐药菌感染及败血症的发生；动态评估老年患者自理能力情况，必要时家属陪床，并做好家属管理；给予安全宣教及皮肤保护，避免跌倒坠床及压疮的发生；监测体重、BNP 等心功能指标，严格限制输液速度，维持出量大于入量，预防心衰；针对患者出现的口腔黏膜炎、胃肠道反应、疼痛、发热等症状给予相应的药物应用、饮食指导及心理安慰。移植后做好并发症监测、感染预防及饮食护理。

结果 23 例老年患者中 10 例为白血病，13 例为骨髓增生异常综合征，其中 19 例（82.61%）患者合并其他系统（中枢神经、心血管、消化、内分泌等）基础疾病，平均年龄（61.40±1.89）岁；移植前微小残留病（MRD）阳性者 12 例（52.17%）；所有患者均采用清髓性预处理方案，移植物抗宿主病（GVHD）的预防采用环孢素（CsA）或他克莫司（FK506）+霉酚酸酯（MMF）+甲氨蝶呤（MTX）。8 例（34.78%）患者出现 I~II 级口腔黏膜炎；22 例（95.65%）患者出现不同程度的恶心、呕吐，20 例（86.95%）患者出现 I~II 级腹泻伴腹痛，9 例（39.13%）患者出现肛周疼痛；6 例（26.08%）患者出现心功能异常。回输后患者均实现粒系及巨核系造血重建，中位重建时间分别为 13d（11~21d）、19d（11~42d）；12 例（52.17%）患者出现 II~IV 度急性 GVHD，2 例（8.69%）患者出现慢性 GVHD；11 例（47.83%）患者出现巨细胞病毒血症，其中 6 例（26.09%）患者合并出血性膀胱炎；截止到 2023 年 6 月 30 日，中位随访时间为 220d（72~1825d），13 例患者生存，10 例死亡，移植后 100d 总生存率 86.95%。

结论 老年患者基础疾病多，胃肠道功能减退，移植期间应重点关注患者的胃肠道反应，予以饮食及药物指导，以减少后期肠道排异发生的风险；同时通过针对性的预防、护理及治疗，提高移植成功率。

PO-2911

共享决策理念支持下护患互动干预在急性白血病造血干细胞移植术后患者中的应用

贾玉
山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 探讨共享决策理念支持下护患互动干预在急性白血病患者造血干细胞移植术后患者中的应用效果。

方法 以 2023 年 1 月 1 日~12 月 31 日在山西白求恩医院接受造血干细胞移植的 70 例急性白血病患者为研究对象，按住院号借助随机数字表法分为观察组和对照组各 35 例；对照组接受常规造血干细胞移植术护理干预，观察组接受共享决策理念支持下护患互动干预。观察两组社会支持[采用社会支持评定表(SSRS)]、心理痛苦[采用心理痛苦管理筛查工具(DMSM)]、睡眠质量[采用匹兹堡睡眠质量指数(PSQI)]、营养状态[采用病人自评主观评定量表(PG-SGA)]、生活质量[采用癌症患者生活质量核心量表(QLQ-C30)]、GVHD 严重程度等情况。

结果 护理后, 两组 SSRS 得分均高于护理前($P<0.05$), 且观察组高于对照组($P<0.01$); 观察组心理痛苦阳性率低于对照组($P<0.05$); 护理后, 两组 DMSM、PSQI 得分及 QLQ-C30 除外观因子外各维度得分、总分均低于护理前($P<0.05$), 且观察组低于对照组($P<0.05, P<0.01$); 护理后, 观察组 PG-SGA 得分低于护理前($P<0.05$), 且低于对照组($P<0.05$); 移植期间, 两组 GVHD 发生率比较差异无统计学意义($P>0.05$)。

结论 共享决策理念支持下护患互动干预在造血干细胞移植术后患者护理中的应用效果较好, 能通过给予患者社会支持减轻其心理痛苦, 通过改善睡眠质量和营养状态, 提升患者生活质量。

PO-2912

“互联网+延续护理居家服务” 在造血干细胞移植术后患者中的应用

贾玉、杜金叶

山西白求恩医院 (山西医学科学院)

目的 探讨“互联网+延续护理居家服务”在造血干细胞移植术后患者中的应用

方法 将 100 例造血干细胞移植术后患者按照随机数表法分为对照组和研究组, 各 50 例。对照组患者给予常规护理干预, 研究组在对照组基础上采用“互联网+延续护理居家服务”。采用自我护理能力测定量表 (ESCA)、癌症治疗功能评价系统-骨髓移植生命质量测评量表 (FACT-BMT)、医院设置的护理工作满意度调查表评估患者自我管理能力和生活质量、满意度。

结果 研究组患者干预 6 个月后自我护理能力测定量表 (ESCA)、癌症治疗功能评价系统-骨髓移植生命质量测评量表 (FACT-BMT) 评分均较干预前升高, 且研究组高于对照组, 差异有统计学意义 ($P<0.05$); 研究组患者对护理服务的总满意度高于对照组, 差异有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 对造血干细胞移植术后患者采取“互联网+延续护理居家服务”, 可有效提高患者的自我管理能力, 提高生活质量和护理满意度。

PO-2913

个案管理模式在恶性血液病 PICC 带管患者 全程管理中的应用研究

张琼

十堰市太和医院

目的 探讨个案管理模式在恶性血液病 PICC 带管患者全程管理中的应用成效。

方法 2022 年 2 月以有 PICC 专科护士资质的个案管理师为主导组建恶性血液病 PICC 个案管理多学科团队, 实施个案全程管理, 科室成立个案管理小组, 制定个案管理计划及实施方案, 个案管理师全程参与, 从确认化疗的评估阶段介入至拔管结案, 置管前据血液病存在的风险进行评估, 置管中、置管后及院外延续护理全程闭环式管理, 各环节实施预见性护理, 全程监测记录, 比较对照组 (实施前 2020 年 6 月至 2022 年 1 月行常规护理) 与实施后患者并发症、生活质量及患者满意率。研究组采取个案全程管理 (2022 年 2 月至 2023 年 9 月)。比较 sf-36 评分等指标。

结果 针对并发症发生率, 研究组 2.94%, 比对照组 26.47% 低, $P<0.05$ 。针对 sf-36 评分, 研究组干预后 (74.16±4.26) 分, 比对照组 (65.73±5.04) 分高, $P<0.05$ 。针对满意度, 研究组 97.06%, 比对照组 76.47% 高, $P<0.05$ 。

结论 个案管理模式应用于恶性血液病 PICC 带管患者全程管理, 利于并发症的预防, 生活质量的改

善，及满意度的提升。

PO-2914

延续护理在成人血液肿瘤患者中的应用效果评价

张慧弟

郑州大学第一附属医院

目的 评价基于延续护理有助于改善成人血液肿瘤患者生理症状，如疼痛管理、恶心呕吐控制等，减轻化疗副作用带来的不适。另一方面有助于改善患者的心理状态，增强治疗依从性。从而优化医疗资源，减少成人血液肿瘤患者急诊和再入院次数。

方法 本研究采用混合研究设计，结合定量与定性方法，以期全方位评估延续护理在成人血液肿瘤患者中的应用效果。首先，通过随机抽样选取接受延续护理的成人血液肿瘤患者作为研究对象，设立对照组进行同期比较。其次，运用结构化问卷收集患者生理症状、心理状态、生活质量等量化数据，采用 SPSS 软件进行统计分析。同时，深度访谈患者及家属，收集他们对延续护理的主观感受和建议，以质性研究方法进行内容分析。

结果 数据分析结果显示，接受延续护理的成人血液肿瘤患者在生理症状控制、心理状态改善、生活质量提升等方面均优于对照组，差异具有统计学意义 ($p < 0.05$)。具体表现为：（1）生理症状方面，延续护理组患者的疼痛、恶心呕吐等症状评分显著低于对照组；（2）心理状态方面，延续护理组患者的抑郁、焦虑评分较低，自我效能感、治疗信心较高；（3）生活质量方面，延续护理组患者在生理功能、角色功能、情绪功能、社会功能等方面得分均高于对照组。定性研究中，患者及家属普遍反映延续护理增强了他们对疾病的认识和应对能力，提高了治疗满意度，降低了恐惧和无助感。他们认为，延续护理不仅是医疗服务的延伸，更是情感支持和生活指导的重要来源。

结论 综合定量与定性研究结果，可以明确延续护理在成人血液肿瘤患者中具有显著的应用效果。它不仅有助于改善患者生理状况，舒缓心理压力，提升生活质量，还能够优化医疗资源配置，节约医疗成本。然而，如何进一步完善延续护理模式，提高服务效率与质量，满足患者个体化需求，仍是未来研究与实践的重点。本研究为成人血液肿瘤患者延续护理的推广提供了有力的实证支持，对我国护理改革具有重要启示意义。

PO-2915

重型再障患者半相合骨髓移植术后急性肠道排异期心理护理研究

张慧弟

郑州大学第一附属医院

目的 探讨重型再生障碍性贫血（重型再障）患者接受半相合骨髓移植术后急性肠道排异期的心理护理策略。

方法 本研究采用定性定量相结合的研究方法。首先，通过文献分析，总结重型再障患者半相合骨髓移植术后急性肠道排异期的心理特征；其次，采用问卷调查和访谈的方式，收集患者的心理状况数据；最后，运用统计学方法对数据进行分析，探讨心理护理对患者心理状况的影响。本研究共收集 2021 年 11 月-2023 年 12 月期间在我院血液科住院并进行半相合骨髓移植术的 38 名重型再障患者的数据，其中 19 名为接受心理护理的患者，19 名为未接受心理护理的患者。数据分析结果显示，接受心理护理的患者在焦虑、抑郁等心理指标的得分上显著低于未接受心理护理的患者，生活质量得分则显著高于后者。此外，接受心理护理的患者在术后康复时间上也短于未接受心理护理的患者。

结果 心理护理在重型再障患者半相合骨髓移植术后急性肠道排异期的康复过程中具有重要的作用。通过有效的心理护理，可以显著减轻患者的心理压力，提高生活质量，进而促进患者的康复。因此，在临床实践中，应重视心理护理在重型再障患者移植术后护理中的应用。

结论 本研究通过文献综述、研究方法及数据分析，探讨了重型再障患者半相合骨髓移植术后急性肠道排异期的心理护理策略。结果显示，心理护理对于改善患者的心理状态、提高生活质量及促进康复具有显著效果。因此，建议在临床实践中加强心理护理的应用，以促进重型再障患者的全面康复。

PO-2916

系统性护理干预在降低成人急性髓系白血病化疗期间口腔黏膜炎发生率中的应用

王瑞

郑州大学第一附属医院

目的 本研究旨在评估系统性护理干预在降低成人急性髓系白血病（AML）患者化疗期间口腔黏膜炎（OM）发生率的有效性。鉴于化疗引起的 OM 可导致疼痛、吞咽困难及营养不良，严重影响患者的生活质量和治疗依从性，本研究致力于开发和验证一套综合性护理方案，以减轻这一常见但可管理的并发症。

方法 采用随机对照试验设计，将接受化疗的成人 AML 患者随机分为试验组和对照组。试验组接受包括口腔卫生指导、营养支持、药物预防和治疗、心理社会支持等在内的系统性护理干预。对照组接受常规护理。主要观察指标为 OM 的发生率和严重程度，使用 OM 评估量表进行评定。同时收集两组患者的生活质量数据、化疗依从性和整体满意度。

结果 统计护理后口腔黏膜炎发生率的情况：试验组的护理后口腔黏膜炎发生率为 5.88%，低于对照组（47.06%），两组差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；试验组的总并发症发生情况为 17.55%，低于对照组（81.69%），两组差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。此外，干预组报告的生活质量评分高于对照组，表明系统性护理干预有助于改善患者的生活质量；干预组患者的化疗依从性更高，对护理服务的满意度也更好。结果显示，实验组口腔黏膜炎及并发症发生情况明显减少。

结论 系统性护理干预强调患者自身的重要性，医护人员通过评估患者的身体状况，加强疾病相关知识宣贯和心理干预，能全面掌握患者具体情况，缓解患者疑惑与不安，帮助他们提升对疾病的认知和战胜疾病的信心，主动自觉配合医护人员工作，积极接受治疗，可以大大减少化疗期间口腔黏膜炎的发生，提高治疗效果和成功率，减少在院治疗周期。本试验及相关研究表明，对成人急性髓系白血病患者采取系统性护理干预，能大大降低化疗期间口腔黏膜炎发生率，该护理方案值得在临床实践中推广应用，以优化 AML 患者的化疗管理和护理质量。

PO-2917

基于护理质量反馈理论构建的延续性护理模式应用于多发性骨髓瘤患者中的效果

李雪雪、兰大华

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探究基于护理质量反馈理论构建的延续性护理模式应用于多发性骨髓瘤患者中的效果。

方法 选取 2022 年 1 月至 2022 年 12 月我院收治的 200 例多发性骨髓瘤患者为研究对象，按照随机数字表法将其分为对照组和观察组，每组 100 例。对照组给予常规护理模式，观察组给予基于护

理质量反馈理论构建的延续性护理模式。比较两组的护理质量评分、护理总有效率、焦虑和抑郁情况、日常生活自理能力及护理满意度。

结果 观察组的护理质量各项评分、护理总有效率、护理满意度及护理后的 Barthel 指数评分均高于对照组，护理后的 HAMA、HAMD 评分均低于对照组 ($P<0.05$)。

结论 在多发性骨髓瘤患者中应用基于护理质量反馈理论构建的延续性护理模式效果显著，能有效减轻负性情绪，提高就医依从性及其日常生活自理能力和护理满意度。

PO-2918

自我管理教育对白血病患者父母心理状况、 疾病家庭管理情况的影响

赵航

郑州大学第一附属医院

目的 目的：探究自我管理教育对白血病患者父母心理状况、疾病家庭管理情况的影响。

方法 2018年3月至2019年6月，将76例白血病患者父母共152人（父母双方均参与）随机分为对照组和观察组，各76例，观察组采用自我管理教育干预，对照组进行常规健康教育；采用症状自评量表（SCL-90）、应付方式问卷（CSQ）和幸福指数量表评价患儿父母干预前后心理状况，采用家庭管理测量量表评价干预前后疾病家庭管理情况。

结果 SCL-90 评分显示干预后，观察组总分为（ 141.36 ± 18.52 ）分显著低于对照组（ 148.28 ± 21.49 ）分（ $t/P=3.585/0.001$ ），躯体化评分为（ 1.85 ± 0.47 ）分显著低于对照组（ 2.23 ± 0.43 ）分（ $t/P=5.200/0.000$ ），强迫评分为（ 2.85 ± 0.63 ）分显著低于对照组（ 3.12 ± 0.48 ）分（ $t/P=2.972/0.003$ ），人际关系评分为（ 2.17 ± 0.54 ）分显著低于对照组（ 2.57 ± 0.69 ）分（ $t/P=3.980/0.000$ ），抑郁评分为（ 2.16 ± 0.61 ）分显著低于对照组（ 2.45 ± 0.76 ）分（ $t/P=2.594/0.010$ ），焦虑评分为（ 2.52 ± 0.75 ）分显著低于对照组（ 2.98 ± 0.83 ）分（ $t/P=3.585/0.001$ ），敌对评分为（ 1.54 ± 0.38 ）分显著低于对照组（ 1.82 ± 0.47 ）分（ $t/P=4.039/0.000$ ），恐怖评分为（ 2.37 ± 0.59 ）分显著低于对照组（ 2.74 ± 0.65 ）分（ $t/P=3.674/0.000$ ），偏执评分为（ 1.52 ± 0.33 ）分显著低于对照组（ 1.71 ± 0.41 ）分（ $t/P=3.147/0.002$ ），精神病性评分为（ 1.42 ± 0.27 ）分显著低于对照组（ 1.58 ± 0.35 ）分（ $t/P=3.155/0.019$ ）；CSQ 评分显示干预后，观察组退避评分为（ 0.28 ± 0.21 ）分显著低于对照组（ 0.36 ± 0.22 ）分（ $t/P=2.293/0.023$ ），幻想评分为（ 0.34 ± 0.19 ）分显著低于对照组（ 0.42 ± 0.26 ）分（ $t/P=2.166/0.032$ ），自责评分为（ 0.36 ± 0.25 ）分显著低于对照组（ 0.45 ± 0.28 ）分（ $t/P=2.090/0.038$ ），求助评分为（ 0.59 ± 0.35 ）分显著高于对照组（ 0.48 ± 0.31 ）分（ $t/P=2.051/0.042$ ），合理化评分为（ 0.63 ± 0.39 ）分显著高于对照组（ 0.51 ± 0.35 ）分（ $t/P=1.996/0.048$ ），解决问题评分为（ 0.75 ± 0.38 ）分显著高于对照组（ 0.63 ± 0.35 ）分（ $t/P=2.025/0.045$ ）。

结论 自我管理教育可提升白血病患者父母心理健康水平、应对能力、幸福感和家庭管理能力，可为患儿提供良好的家庭氛围，帮助患儿早日康复。

PO-2919

成人急性髓系白血病患者血清 HIF-1 α 、HO-1、TPO 水平 对患者短期预后的预测价值

金唤然

郑州大学第一附属医院

目的 探讨成人急性髓系白血病（AML）患者血清缺氧诱导因子 1 α （HIF-1 α ）、血红素加氧酶-1（HO-1）、血小板生成素（TPO）水平对患者短期预后的预测价值。

方法 将本院 2020 年 1 月-2022 年 8 月住院治疗的 86 例 AML 患者纳入研究，即 AML 组，另招募同期 90 例体检健康受试者作为对照组，ELISA 检测 AML 组和对照组受试者血清 HIF-1 α 、HO-1、TPO 的水平；根据患者的治疗效果分为完全缓解（n=52）、部分缓解（n=14）、无缓解（n=20）组；随访患者预后并分为生存组（n=63）和死亡组（n=23），多因素 Cox 回归分析影响 AML 患者发生死亡的因素；受试者工作特征（ROC）曲线分析血清 HIF-1 α 、HO-1、TPO 对 AML 患者发生死亡的预测价值。

结果 AML 组较对照组血清 HIF-1 α 、TPO 水平升高，HO-1 水平降低（ $P<0.05$ ）；部分缓解、无缓解患者较完全缓解患者血清 HIF-1 α 、TPO 水平升高，HO-1 水平降低（ $P<0.05$ ）；无缓解患者较部分缓解患者血清 HIF-1 α 、TPO 水平升高，HO-1 水平降低（ $P<0.05$ ）；生存组和死亡组年龄、性别、血红蛋白、血小板计数、白细胞计数水平比较，差异无统计学意义（ $P<0.05$ ）；与生存组比较，死亡组骨髓原始细胞/幼稚细胞、中高风险、FAB M4/M5 型、无缓解患者比例以及血清 HIF-1 α 、TPO 水平升高，HO-1 水平降低（ $P<0.05$ ）；HIF-1 α 、TPO 是 AML 患者发生死亡的危险因素，HO-1 是保护因素（ $P<0.05$ ）；血清 HIF-1 α 、HO-1、TPO 及联合预测患者发生死亡的 AUC 分别为 0.893、0.822、0.870、0.985，三者联合诊断的 AUC 优于各自单独检测（ $Z=2.453$ 、 3.406 、 2.189 ， $P<0.05$ ）。

结论 AML 患者血清 HIF-1 α 、TPO 水平升高，HO-1 水平降低，三者对患者的短期预后具有一定的预测价值。

PO-2920

积极心理学视角下造血干细胞移植术后患者 癌症复发恐惧现状及其影响因素分析

谢小艳

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 讨论积极心理学视角下造血干细胞移植术后患者癌症复发恐惧现状及其影响因素，旨在寻求有效的心理护理方法，帮助造血干细胞移植术治疗的患者摆脱负面情绪的影响。

方法 将我院在 2022 年 1 月至 2023 年 12 月，收治的 36 例造血干细胞移植术治疗患者当作观察对象，随机分组各 18 例，观察参照组（施以常规护理）、研究组（接受癌症复发恐惧的积极心理护理）干预成效，比较两组的癌症复发恐惧得分与应对方式等指标

结果 干预前两组的 FoP-Q-SF 评分比较相匹配， $P>0.05$ 。干预后的 FoP-Q-SF 评分比干预前低， $P<0.05$ 。干预后研究组的 FoP-Q-SF 评分比参照组低， $P<0.05$ 。经过单因素分析，发现年龄、学历、家属支持度、自我效能、应对方式是造血干细胞移植术后患者癌症复发恐惧的相关因素。经过多因素 logistic 回归分析，发现家属支持度低、回避或屈服的应对方式、自我效能低是影响造血干细胞移植术后患者癌症复发恐惧的独立危险因素， $P<0.05$ 。

结论 基于积极心理学的护理干预，满足了造血干细胞移植术后患者的认知宣教需求、社会支持需

求、情感支持需求等护理服务需要，可规避负面情绪与认知度低等造血干细胞移植术后患者癌症复发恐惧危险因素的影响，改善造血干细胞移植术后患者的心理状态与应对方式，利于加速预后改善。

PO-2921

单倍体造血干细胞移植患者并发真菌感染的相关因素分析及护理

黄颖

郑州大学第一附属医院

目的 探讨单倍体造血干细胞移植患者并发真菌感染的临床特点、相关危险因素及护理。

方法 回顾性分析郑州大学第一附属医院血液科 2021 年 1 月至 2022 年 12 月 36 例单倍体造血干细胞移植患者并发真菌感染的临床资料。

结果 ① 感染部位以呼吸道为主，分别是肺(19 例，52.78%)、口腔(11 例，30.55%)，肠道(5 例，13.89%)，泌尿系(1 例，2.78%);② 致病菌以白色念珠菌为主(47.22%)，其次是曲霉菌感染(41.67%);③ 易感因素是原发病、广谱抗生素的长期反复使用，大量免疫抑制剂和激素的应用、免疫力低下的人群、单倍体造血干细胞移植患者。

结论 单倍体造血干细胞移植患者真菌感染发病率高，与多种因素有关，针对相关危险因素应采取综合性治疗及护理措施，从而提高单倍体造血干细胞移植并发真菌感染患者的治疗效果和生活质量。

PO-2922

基于症状管理理论的护理干预对老年白血病患者生活质量的影响

石丽鹃、兰大华

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨基于症状管理理论的护理干预对老年白血病患者生活质量的影响。

方法 选取我中心 2023 年 6 月—2023 年 12 月收治的 128 例老年白血病患者作为研究对象，采用随机数字表法分为对照组和研究组，每组 64 例。对照组采用常规护理干预，研究组采用基于症状管理理论的护理干预，通过问卷星收集患者自我报告临床症状管理结局指标，比较 2 组患者入院第 1 天及干预 1 个月后患者临床症状改善情况及欧洲癌症研究与治疗组织生命质量量表(quality of life questionnaire-core 30,EORTC QLQ-C30)评分。

结果 干预前，对照组和研究组患者临床症状改善情况差异有统计学意义，研究组恶心、呕吐、食欲不振、疲乏、疼痛等症状明显较对照组较前好转；EORTC QLQ-C30 评分比较，差异无统计学意义($P>0.05$)；干预 1 个月后，研究组功能领域及总体健康状况评分均高于对照组($P<0.05$)，症状领域评分以及失眠、食欲丧失 2 个单项条目评分均低于对照组($P<0.05$)。

结论 基于症状管理理论的护理干预能有效提高老年白血病患者生活质量。

PO-2923

基于循证护理实践在预防血液肿瘤化疗患者口腔黏膜炎中的应用

朱红平、潘娟

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 将预防血液肿瘤化疗患者发生口腔黏膜炎的最佳证据应用于临床实践并评价其效果。

方法 运用循证护理方法，构建血液科临床行动操作指导，选取 2023 年 6 月-2023 年 10 月武汉市某三甲医院收治的 220 患者纳入对照组，2023 年 11 月-2024 年 3 月收治的 200 名患者纳入实验组，同时在血液科病房工作的 16 名护士作为研究对象，对照组患者接受常规口腔黏膜炎预防护理措施，实验组患者接受最佳证据总结构建的口腔黏膜炎预防护理措施。比较两组患者口腔黏膜炎的发生率，证据应用前后护士在预防口腔黏膜炎相关知识的掌握情况得分。

结果 实验组患者口腔黏膜炎发生率 15%低于对照组发生率 27.7%，差异有统计学意义。证据应用前，护士在预防患者口腔黏膜炎相关知识掌握得分为（72.52±11.03±11.03）分低于证据应用后得分（98.21±5.03）分，差异有统计学意义。

结论 通过循证护理实践，对血液肿瘤化疗患者进行口腔黏膜炎的干预护理，可以有效的降低患者口腔黏膜炎的发生率，提高护士对预防口腔黏膜炎知识的掌握水平。

PO-2924

健康教育在血液病住院患者 VTE 防治中的作用

王亚妮

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 在整体责任制护理基础上辅以强化健康教育在血液病住院患者静脉血栓栓塞症（venous thrombosis, VTE）防治中的可行性和有效性。

方法：200 例住院患者随机分为观察和对照各 100 例，对照组给予常规护理，观察组在整体责任制护理基础上给予强化健康教育。观察 2 组患者住院时间、VTE 发生率以及患者 VTE 知识掌握情况和自理能力。

结果 结果：观察组患者住院时间、VTE 发生率低于对照组（ $P < 0.05$ ），患者 VTE 知识掌握情况及自理能力高于对照组（ $P < 0.05$ ）。

结论：在整体责任制护理基础上辅以强化健康教育可降低血液病住院患者 VTE 发生率并改善患者预后。

PO-2925

造血干细胞移植患者耐药菌感染预防护理质量评价体系的构建

张秋会、范炯同、徐丽、张玲、赵娜、刘玉秋、张会娟、刘贵英、解文君

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 构建造血干细胞移植患者耐药菌感染预防护理质量评价体系，为临床全面评估耐药菌感染预防护理质量，制定科学有效的预防和干预措施提供依据。

方法 检索造血干细胞移植患者耐药菌感染预防护理相关的国内外文献、指南和行业标准，提取风险因素；结合文献检索结果和课题组人员有关耐药菌感染预防的工作经验，初步拟定造血干细胞移植患者耐药菌感染预防护理质量评价体系初稿，邀请 16 名多学科专家对上述拟定的风险指标进行德尔菲专家函询，最终形成造血干细胞移植患者耐药菌感染预防护理质量评价体系。

结果 造血干细胞移植患者耐药菌感染预防护理质量评价体系初稿共包含一级指标 3 个、二级指标 13 个和三级指标 70 个。两轮德尔菲专家函询中，专家积极系数分别为 100%（16/16）、87.50%（14/16）；专家权威系数分别为 0.888 和 0.910；Kendall's W 系数分别为 0.196 和 0.205；两轮专家函询中，各指标重要性均值在 3.688~5.000 和 3.786~5.000；变异系数在 0.000~0.367 和 0.000~0.231，最终形成包含一级指标 3 个，二级指标 12 个，三级指标 59 个的造血干细胞移植患者耐药菌感染预防护理质量评价体系。

结论 应用德尔菲专家函询法构建的造血干细胞移植患者耐药菌感染预防护理质量评价体系具有较高的权威性和科学性，可作为临床上全面评估造血干细胞移植患者耐药菌感染预防护理质量的依据。

PO-2926

智慧输液系统在造血干细胞移植病房的应用

张秋会、徐丽、张玲、范炯同、赵娜、解文君
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 通过利用中央监控系统与输液信息采集系统，结合造血干细胞移植层流病房专科护理工作模式，实现智慧输液远程监控，提高层流病房护理工作的效率和质量。

方法 基于迈瑞中央监护系统-BeneVision CMSII，借助互联网技术，将遥测监护仪、迈瑞 BeneFusion 系列泵组与中央站有效结合，并与移动护理系统、PDA 等无缝连结，对患者在接受造血干细胞移植期间的治疗完成实时生命体征的监控记录及临床液体输注信息实时反馈。根据输注药物设置预置量，可从中央站及 PDA 端随时查看液体输注种类、输注速度、输注量、累及输液量、输注时间等。当剩余液体接近预置量时，中央站及 PDA 系统发出报警声，提醒护士及时换液，实现输液数据化管理。比较该系统应用前后护士的换液时间、病房输液响铃率及患者的满意度。

结果 使用该系统后护士的换液时间由（100.10±25.06）s 降至（65.28±20.85）s，病房输液响铃率由 68.31% 降至 40.36%，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）；患者的满意度提升至 98.75%。

结论 借助智慧输液系统可提高临床护理工作效率，打造安静病房，促进临床安全用药，提升了患者的就医体验。

PO-2927

老年白血病患者经济毒性现状及其对生存质量的影响

潘娟
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 调查老年白血病患者经济毒性现状及主要影响因素，及其对生存质量的影响。

方法 采用便利抽样法，选取 2022 年 3 月至 2023 年 2 月收治于华中科技大学同济医学院附属协和医院的 186 例患者作为研究对象。采用一般资料调查表、中文版经济毒性综合评分量表、社会支持评定量表、白血病生活质量评估量表(FACT-Leu)对其进行调查。

结果 老年白血病患者经济毒性总分为（21.72±7.88）分，65.7% 的患者存在经济毒性，社会支持评定量表得分为（40.42±6.50）分，白血病病人生活质量总分为（111.93±23.47）分。单因素分析显示，不同年龄、文化程度、居住地、工作状况、医疗支付方式、家庭人均月收入、疾病分期、是否行造血干细胞移植的患者经济毒性得分比较，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。老年白血病患者经济毒性得分与社会支持总分和各维度得分均呈正相关（ $P<0.05$ ），Spearman 相关分析显示，经济毒性总分与生存质量总分呈正相关（ $r=0.567$ ， $P<0.01$ ）。多元线性回归分析显示，家庭人均月收入、年龄、疾病分期、客观支持、是否行造血干细胞移植、文化程度进入回归方程（ $P<0.05$ ），可解释总变异的 49.1%。

结论 所调查的老年白血病患者经济毒性评分较高，家庭人均月收入、年龄、疾病分期、客观支持、是否行造血干细胞移植、文化程度是老年白血病患者经济毒性主要影响因素，经济毒性可以显著预测其生存质量。医务人员应全程、全面评估老年白血病患者经济毒性水平，鼓励患者及家属参与治疗方案成本的讨论，帮助其积极寻求社会支持，以降低患者因治疗相关经济负担产生的痛苦。

PO-2928

恶性血液病患者化疗致周围神经炎现状调查及影响因素分析

陈梅华、张枫清、陈玉莎
福建医科大学附属协和医院

目的 调查恶性血液病患者化疗致周围神经炎现状及影响因素，对化疗致周围神经炎的症状分布特点以及对日常生活的影响进行分析。结。

方法 采用横断面调查法收集恶性血液病患者一般资料、疾病相关资料，化疗致周围神经炎症状体验及其对日常生活的影响调查，分析恶性血液病患者化疗致周围神经炎的相关影响因素。

结果 共调查 245 份恶性血液病患者，最终收集有效问卷 227 份，有效率为 92.7%。化疗致周围神经炎症状的总发生率为 51.5%，其中前三位分别为：手指 / 手麻木（42.7%）、胳膊 / 腿无力（40.2%）、脚趾 / 脚麻木（38.5%）。恶性血液病化疗患者自我报告化疗致周围神经炎对日常生活影响排名前三位分别是走路、享受生活、睡眠。

结论 化疗致周围神经炎对恶性血液病患者的日常生活可产生不良影响，临床工作中，医务人员应加强对恶性血液病患者 CIPN 症状的评估及管理，在关注患者本病治疗的同时应重视并发化疗致周围神经炎症状对患者日常生活的影响，并进一步积极探索安全有效的干预措施，提高患者生活质量。

PO-2929

**一次性使用压力延长管在 allo-HSCT III-IV 度
出血性膀胱炎尿管堵塞中的应用**

胡正红
北京市博仁医院

目的 探讨异基因造血干细胞移植患者留置三腔尿管持续生理盐水行膀胱冲洗频繁尿管堵塞的护理方法。

方法 III-IV 度出血性膀胱炎反复三腔尿管堵塞的通畅方法，使用一次性使用压力延长管连接 20 或 50 毫升注射器反复负压弹吸的方法将引流口处的血块抽吸出。结果 反复抽吸后患者疼痛减轻，尿管引流通畅。

结果 反复抽吸后堵塞在三腔尿管内的血块击碎后，疼痛减轻，尿管引流通畅。

结论 使用一次性使用压力延长管连接注射器反复弹吸的方法，有利于 III-IV 度出血性膀胱炎三腔尿管堵塞的通畅，减轻患者因尿管堵塞引流不畅引发的疼痛。

PO-2930

血液科 PICC 置管患者院外护理现状调查及应对措施

彭冲
郑州大学第一附属医院

目的 调查血液科经外周静脉置入中心静脉导管(PICC)患者院外护理现状并提供规范化指导，促进 PICC 置管的安全、有效使用。方法 对血液科 60 例 PICC 置管患者进行电话随访及问卷调查。结果 患者对提供院外护理知识需求，对开展健康教育的形式依次为一对一教育、专题讲座、发放健康

资料等。结论 血液科 PICC 置管患者对院外护理相关知识了解不够,护理人员应该通过各种形式进行健康教育,提高患者满意度。

方法 自行设计问卷,内容包括病人一般情况、对 PICC 相关知识的了解,以及需要的健康教育形式。另设开放性问题,带管出院后对 PICC 的院外护理知识了解吗?你需要提供住处就近维护的联络电话吗?你对 PICC 并发症了解多少?患者经调查者说明后自愿填写。发放问卷 60 份,回收 60 份,回收率 100%。

结果 结果 对调查内容进行分析, PICC 是一项侵入性操作,为细菌入侵提供了门户。国外资料感染率 0.06%~0.4890%。这与血液病患者粒细胞质和量的下降、免疫功能的低下及化疗后骨髓抑制极易发生感染有关。其中 1 例穿刺处发红伴瘙痒,在严格消毒后好转;1 例出现导管移位;2 例出现导管堵塞;1 例出现导管脱出;5 例感染患者控制感染后继续带管至治疗结束。出院患者对提供科室联络电话需求最高 100%,对化疗间歇期的知识需求 82%,PICC 并发症需求 45%,对开展健康教育的形式依次为一对一教育 66%,发放健康资料 20%,专题讲座 14%,等。第 1 次置管患者均表示以往不了解 PICC。

结论 对策 根据调查分析,血液肿瘤病人化疗间歇期极易发生骨髓抑制状态,会发生出血、感染等现象,所以护士一定要根据患者和家属的文化程度、医学知识、动手能力、生活环境、性格等进行有针对性的指导。这样才能调动积极性,掌握院外护理的知识,确保 PICC 管道的有效和通畅,以延长导管的使用期限。发生的导管感染患者中,文化水平低、生活环境差、性格比较急躁患者和家属占 3 例。因此对于这类情况要定期电话提醒患者和家属对导管的自我维护[4]。反复强调院外护理时出现哪些问题可在护士的指导下自行处理,哪些问题必须回医院处理。医护人员应充分利用各种健康教育形式,让患者获得信息。采用责任护士维护的时候进行健康教育、图文并茂的小册子、病人现身介绍等方式,使病人充分了解 PICC 的作用及优点、适应证、日常护理和异常情况处理的方法。加强病人 PICC 导管知识宣教至关重要,以延长导管使用寿命,保护病人血管,保证治疗顺利进行。

PO-2931

PDCA 在白血病患者 PICC 护理中的效果研究

肖文静

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 分析并明确 PDCA 护理路径在白血病患者 PICC 置管中的护理效果,同时需要对 PICC 留置后可能引发的一些不良症状予以分析和总结,以期能够在此次研究论证之后,为后续实践以及理论发展提供指导和依据。

方法 此次分析对象是以本院血液科 2018 年 8 月份到 2019 年 7 月的 58 例 PICC 置管白血病患者为主,然后采用随机分组的方式,将 58 例患者分成两组,即对照组和观察组。其中前组患者共 28 例,后组患者 30 例;前者采用常规疗法为其实施置管后续的一系列护理与治疗,而后组患者均需要基于常规护理路径的基础上,结合 PDCA 护理路径和流程进行帮助。对二组患者 PICC 留置周期、不良反应发生情况等系统进行记录和研究。

结果 观察组的 PICC 置管留置周期为(138.4 ± 7.1) d,而对照组患者的 PICC 留置时间是(114.2 ± 4.9) d,所以前者显著高于后者,且最终 P 值处于 0.01 的范畴中。需要对对照组患者以及观察组患者的感染情况进行采集和分析,其中主要是围绕感染性并发症以及非感染性并发症进行采集,而最终结果表明,观察组无论是在感染率方面,还是不良反应方面,均显著低于对照组患者,且最终的 P 值处于 0.05 的范畴中。

结论 通过 PDCA 护理路径的科学运用,能够让白血病患者 PICC 置管得到有效护理,能够让其不良病症以及感染几率大幅度下降,所以 PDCA 在白血病患者 PICC 护理中的价值值得肯定,并值得推广与实践。

PO-2932

透析患者教育与管理

李婧

天水四零七医院股份有限公司

目的 针对透析前慢性肾脏病患者进行规范化护理管理及教育，可显著提升维持性血液透析治疗的效果，降低并发症的发生率，并提高患者的生活质量[1]。本研究立足于优化血液透析的临床应用，主要侧重于透析前期的患者教育与管理。

方法 为保证研究的准确性与科学性，本研究在设计上采取随机分组方法，以数字表法将患者平均分配至观察组和对照组，确保了实验组间基线数据的一致性。研究过程中研究者遵循严格的数据采集与分析程序，充分保障了研究结果的可靠性和有效性。

结果 透析患者教育与管理对于维持透析患者的长期健康和生活方式至关重要。

结论 在 CAPD 的实施过程中，健康教育对降低并发症风险，提高患者治疗依从性具有显著作用[11]。本研究通过详细的健康教育内容和多种教育方法，达到了预期的教育目标，使患者能够在家庭环境中自主进行透析治疗，增强了自我管理能力和自我控制能力[6]。本研究采用的心理护理、生活护理和药物指导措施，都旨在提高 CAPD 患者的自我护理水平和自我控制能力，减少因操作不当导致的感染等并发症。此外，教育程序旨在与患者建立起更紧密的互动关系，创造出积极乐观的透析治疗氛围，降低了腹膜透析并发症的发生，提高患者的治疗满意度和生活质量[6]。结合干体重控制、血液管路护理等具体措施，本研究的健康教育计划更为全面地提升了患者的整体健康状态。在未来的发展中，建议将信息技术手段如远程教育、智能监测设备等更广泛地应用于 CAPD 健康教育中，以提供更个性化、精细化的健康管理服务。细致的健康教育和周到的健康管理，不仅能有效预防并发症，还能促进患者对治疗的积极配合，从而显著提高透析治疗的成功率和患者的生活满意度。

PO-2933

静疗小组护理模式对血液肿瘤化疗成人 picc 置管成功率及满意度的影响观察

张慧洁

郑州大学第一附属医院

目的 探究静疗小组护理模式对血液肿瘤化疗成人 picc 置管成功率及满意度的影响

方法 选择我院 2022 年 2 月-2023 年 2 月的 60 例血液肿瘤化疗成人作为研究对象，将其按照数字分配法分为研究组（30 例）和对照组（30 例）；对照组成人给予常规护理，研究组成人在对照组的基础上加用静疗小组护理模式，对比两组成人的 PICC 置管成功率及家属满意度。

结果 研究组中 30 例成人的 PICC 置管成功率明显高于对照组成人，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ），研究组中 30 例成人的家属满意度明显高于对照组成人，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 对于血液肿瘤化疗成人来说，采用静疗小组护理模式能够有效提升 PICC 置管成功率及家属满意度，值得广泛应用。

PO-2934

造血干细胞移植后病人皮肤排异反应加强心理护理的必要性

田雨
郑州大学第一附属医院

目的 本文旨在探讨加强心理护理对于造血干细胞移植后病人皮肤排异反应的重要性。

方法 文献综述及案例分析

结果 我们发现加强心理护理可以帮助病人缓解疼痛和不适，减轻焦虑和恐惧，提高生活质量，减少自卑感和压力，促进社交和人际关系的建立。

结论 因此，加强心理护理对于病人的康复和健康至关重要。

PO-2935

危急值报告在血液内科治疗与护理安全管理中的应用与体会分析

姚诗曼
郑州大学第一附属医院

目的 危急值报告在血液内科治疗与护理安全管理中发挥着重要作用。通过及时、准确地报告和处置危急值，可以提高诊断准确性、指导临床用药、优化治疗方案，并加强护理安全管理。本文针对危急值报告在血液内科治疗与护理安全管理中的应用效果进行研究，通过我科在 2023 年 10 月-2024 年 1 月的 120 例血液病患者的诊疗数据，开展关于临床危急值报告的相关的分析观察，现报道如下。

方法 将在 2023 年 10 月-2024 年 1 月于血液内科病区的 60 例血液病患者成为对照组执行常规危急值报告操作，60 例血液病患者成为观察组执行危急值报告制度。对照组中参与人员男 32 例，女 28 例；年龄 14~80 岁，平均（49.50±0.04）岁；其中出血性疾病患者有 32 例，血液恶性肿瘤的患者 28 例。观察组含有参与人员男 30 例，女 30 例；年龄 14~80 岁，平均（49.75±0.06）岁；其中出血性疾病患者有 32 例，血液恶性肿瘤的患者 28 例。两组患者一般资料比较差异无统计学意义（ $P>0.05$ ），具有可比性。

纳入研究标准：①患者在院期间出现危急值指标则纳入研究。②排除研究标准：①患者既往存在重大手术史、外伤感染史以及传染病史，存在重大精神疾病史，无法提前预见发病时段，予以排除。

对照组：患者根据院内执行危急值报告护理安全管理操作执行，实现常规流程安全管理，临床护理操作对于护理人员专业性、护理措施管理易受外界因素影响导致执行力低。

观察组：患者则在出现危急情况时执行精细化闭环危急值报告制度护理规范。①优化危急值报告流程：要明确报告项目，根据血液科纳入研究的临床患者实际病情以及常规临床症状表现特点明确报告项目，规划报告方向，以备不时之需。当医护人员收到危急值通知，要对有疑问的危急值立即进行复核，值班护士接报危急值后 5min 内报告医生，医生在 30min 内处理，医、护均需书写危急值报告及处理记录，并追踪处理效果，患者病情，对留取的样本进行复查。

观察指标

（1）对比两组患者诊疗有效率。

（2）对比两组患者护理满意度。

结果 两组患者诊疗有效率对比情况为两组患者最终结果显示有效率均较高，但比较而言，观察组患者诊疗有效率要高于对照组患者（ $P<0.05$ ）。

结论 精细化闭环式危急值报告措施在血液内科的治疗与护理安全管理中具有正向临床意义，可以帮助医生迅速判断患者的病情，并采取有效的治疗措施，防止病情进一步恶化。其次，危急值报告可以提高护理工作的质量和效率。护理人员可以根据危急值报告，对患者的病情进行重点关注和护

理，护理人员还可以根据报告及时调整护理措施，提高患者的舒适度，减少并发症的发生。此外，精细化闭环式危急值报告还有助于提升整个血液内科的团队协作能力和风险管理，精细化闭环式危急值报告在治疗护理方面应用尤为重要。

PO-2936

嗜血细胞综合症护理

付海霞

郑州大学第一附属医院

目的 本论文旨在探讨嗜血细胞综合症护理的关键问题。

方法 首先，通过文献综述和案例分析，系统总结了目前嗜血细胞综合症的护理方法和策略。其次，在此基础上，提出了一种基于个性化护理的方案，旨在提高患者的生存率和生活质量。然后，通过对实施该方案的患者进行跟踪观察，得出了一系列积极的结果表明，个性化护理在改善患者健康状况方面具有显著效果。

结果 最后，综合分析实验结果，得出结论：嗜血细胞综合症的护理需要个性化护理方案来提高疗效和减少并发症发生率。

结论 这一研究为嗜血细胞综合症护理提供了新的思路和方法，对临床实践具有一定的指导意义。

PO-2937

嗜血细胞综合症

付海霞

郑州大学第一附属医院

目的 本论文旨在探讨嗜血细胞综合症护理的关键问题。

方法 首先，通过文献综述和案例分析，系统总结了目前嗜血细胞综合症的护理方法和策略。其次，在此基础上，提出了一种基于个性化护理的方案，旨在提高患者的生存率和生活质量。然后，通过对实施该方案的患者进行跟踪观察，得出了一系列积极的结果表明，个性化护理在改善患者健康状况方面具有显著效果。

结果 最后，综合分析实验结果，得出结论：嗜血细胞综合症的护理需要个性化护理方案来提高疗效和减少并发症发生率。

结论 这一研究为嗜血细胞综合症护理提供了新的思路和方法，对临床实践具有一定的指导意义。

PO-2938

嗜血细胞综合症的护理

付海霞

郑州大学第一附属医院

目的 本论文旨在探讨嗜血细胞综合症护理的关键问题。

方法 首先，通过文献综述和案例分析，系统总结了目前嗜血细胞综合症的护理方法和策略。其次，在此基础上，提出了一种基于个性化护理的方案，旨在提高患者的生存率和生活质量。然后，通过

对实施该方案的患者进行跟踪观察，得出了一系列积极的结果表明，个性化护理在改善患者健康状况方面具有显著效果。

结果 最后，综合分析实验结果，得出结论：嗜血细胞综合症的护理需要个性化护理方案来提高疗效和减少并发症发生率。

结论 这一研究为嗜血细胞综合症护理提供了新的思路和方法，对临床实践具有一定的指导意义。

PO-2939

白血病癌痛患者的管理

梁庆丰

山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 目的探究规范化癌痛管理策略联合情绪释放疗法(EFT)干预对癌痛患者心理弹性及美国疼痛协会修订版病人疼痛结局问卷(APS-POQ-R)评分的影响。

方法 根据 EFT 干预在该院推行时间，将 2022 年 3 月至 2023 年 2 月收治的 100 例癌痛患者纳入对照组，给予规范化癌痛管理策略干预；将 2023 年 3 月至 2024 年 1 月收治的 80 例癌痛患者纳入观察组，给予规范化癌痛管理策略联合 EFT 干预。比较两组患者的癌痛程度[语言分级评分法（VRS）]、心理状态[修订焦虑自评量表中文版（SASCR）、抑郁自评量表（SDS）]、睡眠质量（匹兹堡睡眠质量指数量表(PSQI)）、希望水平（Herth 希望量表(HHI)）及生活质量（生活质量综合评定问卷 GQOL-74）及出院时的满意度。

结果 结果两组患者疼痛控制满意度、SASCR、HerthGQOL-74 评分均较干预前升高，观察组高于对照组(均 $P<0.05$)；疼痛程度、疼痛信念、疼痛对活动影响均较干预前降低，PSQI 观察组低于对照组(均 $P<0.05$)。

结论 结论规范化癌痛管理策略联合 EFT 干预能够减轻癌痛患者疼痛程度，增强其心理弹性，对提高其睡眠质量、希望水平及生活质量有利

PO-2940

肿瘤住院患者疼痛管理在安宁疗护人文关怀中的实践与效果分析

刘欢、白燕妮

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院（西京医院）

目的 本研究选取 50 例肿瘤患者进行实证研究，深入探究人文关怀实践在肿瘤疼痛安宁疗护中的具体应用及其对疼痛缓解、生活质量提升和心理状态改善等方面的效果。通过这一研究，期望能为临床实践中的人文关怀提供更有力的支持，为患者带来更好的治疗体验和康复效果。

方法 本研究选取了 50 例肿瘤患者作为研究对象，其中男性 28 例，女性 22 例，年龄分布在 35-75 岁之间。在研究方法上，我们采用了问卷调查、访谈和观察等多种方式。首先，通过问卷调查收集患者的基本信息、疼痛程度、生活质量以及心理状态等方面的数据。然后，对患者进行访谈，深入了解他们对人文关怀实践的感受和看法。同时，我们还观察了患者在接受人文关怀实践过程中的表现和变化。在人文关怀实践方面，我们主要实施了以下措施：为患者创建舒适的住院环境，提供心理干预和情绪疏导，加强患者与家属之间的沟通等。

结果 研究结果显示，50 例肿瘤患者中，绝大多数患者存在不同程度的疼痛感。在疼痛管理措施方面，大部分患者接受了药物治疗、物理治疗等非侵入性治疗，但仍有部分患者表示疼痛未得到有效缓解。此外，部分患者还尝试了冥想、深呼吸等放松技巧，以及按摩、热敷等非药物疗法，取得了一定程度的疼痛缓解效果。人文关怀在疼痛管理中的作用：研究发现，人文关怀在肿瘤患者的疼痛

管理中发挥着重要作用。医护人员通过倾听患者的疼痛诉求、关注患者的情绪变化、提供个性化的照护方案等方式,有效减轻了患者的疼痛感受。同时,患者家属的陪伴与支持也对患者的疼痛管理产生了积极影响。此外,医护人员还通过健康教育、心理支持等方式,帮助患者提高疼痛管理的自我效能感,增强了患者的治疗信心。 新颖发现:本研究还发现,在安宁疗护过程中,将疼痛管理与人文关怀相结合,能够显著提高患者的疼痛缓解效果和生活质量。同时,通过引入多种非药物疼痛管理方法,如冥想、深呼吸等,可以进一步丰富疼痛管理的手段,提高疼痛管理的效果。

结论 本研究通过对 50 例肿瘤患者的实证研究,验证了肿瘤住院患者的疼痛管理在安宁疗护过程中至关重要,而人文关怀在其中发挥着不可或缺的作用。通过综合运用药物治疗、非药物疗法以及人文关怀等多种手段,可以有效缓解患者的疼痛程度,提高生活质量,还能改善患者的心理状态,增强治疗信心和康复动力。因此,安宁疗护联合疼痛管理应用于肿瘤住院患者,是现代医学的价值取向与社会文明和进步,是一个被全社会关注的重要民生问题,也是实施“健康中国行动”的一项重要目标。

PO-2941

1 例急性髓系白血病老年患者行二次挽救性单倍体造血干细胞移植的护理

张秋会、徐丽、张玲、赵娜、范炯同

中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 总结 1 例老年急性髓系白血病(MDS 单倍体移植后复发)患者行二次挽救性单倍体造血干细胞移植联合第三方脐血输注的护理经验及体会。

方法 患者入住百级层流病房后给予保护性隔离,根据患者第一次单倍体移植后血型未完全转换(B+型供 A+型)及第二次供者血型不合(A+型供 B+型)的特点,做好回输前后不同血制品输注标识卡,保证患者移植期间的输血安全;针对患者入仓时的右下肢皮肤局部感染,给与抗感染治疗同时每日评估测量红肿硬结的面积、疼痛情况,并做好感染部位的消毒及周身皮肤的管理;针对入仓时患者出凝血异常情况,为改善凝血功能、预防出血及时遵医嘱准确输注新鲜冰冻血浆、纤维蛋白原等血制品,并减少侵入性操作及给予安全宣教;预处理初期,患者出现胸闷、憋气,BNP 指标明显升高(1563.23pg/ml),予以患者严格限制输血量及输液速度,保持出入量负平衡,并抬高床头 30°C,加强利尿后胸闷憋气症状好转;其他护理要点包括化疗药物毒副作用观察、预防及护理;回输第三方脐血后患者出现血压升高,给予对症处理,并定时监测生命体征变化;骨髓抑制期患者先后出现:消化道出血、痔疮疼痛出血、电解质紊乱、胆红素升高及纤维蛋白原过敏等症状,予以对症护理。

结果 经过早发现、早治疗并给予个性化的护理,患者局部皮肤感染硬结缩小;凝血时间明显下降,未在出现消化道及痔疮出血;于+11d 粒系植入,顺利出仓。

结论 针对老年造血干细胞移植患者,应关注患者基础疾病,做好皮肤、用药、输液管理,避免出入量不平衡及感染导致的心衰等症状;同时做好预见性护理,提高患者生存率。

PO-2942

基于 QFD 创新型品管圈构建血液肿瘤患者 CINV 干预体系

陈爱玲、白燕妮

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 准确识别血液肿瘤患者住院期间化疗所致恶心呕吐的需求,通过构建干预体系,降低患者恶心呕吐的发生率,提高患者满意度。

方法 对血液肿瘤患者住院期间进行半结构化访谈,以质量功能展开为基础,挖掘患者需求并进行分析,运用 Kano 模型的方法识别患者魅力需求,运用独立配点法计算质量特性重要度,确定重点改进的质量特性,并通过失效模式与效应分析在攻坚过程中的潜在风险,选出潜在失效原因,提出进行质量优化与最佳的实施方案,决定行动策略,选择建立血液肿瘤患者化疗相关恶心呕吐(CINV)早期筛查预警机制、基于循证理论制定 CINV 分类管理策略、开展 CINV 患者个体化支持性照护等方案。

结果 血液肿瘤患者恶心发生率下降至 23%,呕吐发生率下降至 13%,住院患者满意度提高至 99.2%、医护人员止吐药物掌握率提高至 100%。

结论 运用质量功能展开的 QFD 创新型品管圈活动,能够准确识别影响血液肿瘤患者住院化疗期间恶心呕吐的关键因素,为临床管理改进提供依据,从而提高血液肿瘤患者的服务质量。

PO-2943

血液肿瘤患者心理痛苦、应对方式、希望水平及心理弹性的相关性研究

强鹏雅、白燕妮

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院(西京医院)

目的 探讨血液肿瘤患者心理痛苦、应对方式、希望水平、心理弹性的现状及相关性。方法 随机抽取 2023 年 2 月至 2023 年 11 月空军军医大学第一附属医院住院治疗 100 例血液肿瘤患者进行问卷调查,采用心理痛苦温度计、医学应对方式量表、希望指数水平量表、心理弹性量表进行问卷调查,采用 Pearson 相关及多元线性回归对数据进行分析。

方法 随机抽取 2023 年 2 月至 2023 年 11 月空军军医大学第一附属医院住院治疗 100 例血液肿瘤患者进行问卷调查,采用心理痛苦温度计、医学应对方式量表、希望指数水平量表、心理弹性量表进行问卷调查,采用 Pearson 相关及多元线性回归对数据进行分析。

结果 100 例血液肿瘤患者的 DT 评分为(5.48±1.28)分,中、重度心理痛苦(DT 评分≥4 分)的发生率为 56%,乏力、口腔不适、排泄、排便改变、担忧是血液肿瘤患者心理痛苦的高危因素(均 $P<0.05$)。医学应对方式问卷面对得分为(39.71±6.89)分、回避得分为(32.83±5.88)分、屈服得分为(18.25±5.19)分,Herth 希望量表得分为(38.43±3.82)、心理弹性量表得分为(70.09±17.99)分,心理痛苦、医学应对方式、希望指数水平、心理弹性评分进行比较差异均有统计学意义(均 $P<0.05$),心理痛苦与回避、采取积极行动、与他人保持亲密关系、心理弹性评分均呈正相关(均 $P<0.05$),与面对、屈服、对现实和未来的积极态度得分均呈负相关($r=-0.615$ 、 -0.72 、 -0.549 ,均 $P<0.05$)

结论 血液肿瘤患者以中、重度心理痛苦为主,发生率高,其中身体问题、担忧、排泄是心理痛苦的高危因素;血液肿瘤患者心理痛苦、应对方式、希望水平、心理弹性之间均具有相关性,应尽早关注血液肿瘤患者心理痛苦的状况,鼓励患者采取积极应对方式,提高患病后的希望水平及心理弹性水平,最终减轻患者心理痛苦并提高生活质量。

PO-2944

基于健康信念模型的多发性骨髓瘤患者信息需求影响因素研究

吕文艳、白燕妮

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 基于健康信念理论模型探究不同因素对多发性骨髓瘤患者信息需求的影响，提出满足患者信息需求的有效策略和建议，为临床工作提供参考依据，提高患者生活质量。

方法 应用一般资料问卷，恶性血液病患者信息需求量表，自我效能感量表，疾病感知问卷，对血液科住院的 207 名多发性骨髓瘤患者进行调查，分析多发性骨髓瘤患者信息需求的影响因素。

结果 单因素分析显示，性别、年龄、婚姻状况、病程、是否伴有疼痛及活动障碍、是否伴有其它慢性疾病，疾病感知，差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。多因素 logistic 回归分析显示性别、病程、是否伴有疼痛及活动障碍、疾病感知，是影响多发性骨髓瘤患者信息需求的影响因素 ($P < 0.05$)。

结论 性别、病程、是否伴有疼痛及活动障碍、疾病感知是影响多发性骨髓瘤患者信息需求的重要因素，可以针对以上因素进行干预，以提高患者生活质量，提高护理满意度。

PO-2945

达雷妥尤单抗治疗复发难治性 多发性骨髓瘤不良反应临床特征分析

白燕妮

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 探讨达雷妥尤单抗治疗复发难治性多发性骨髓瘤发生输注不良反应的临床特征及危险因素，为安全有效规范治疗提供依据。

方法 选取 2023 年 1 月至 2023 年 12 月本院收治的 54 例复发难治性多发性骨髓瘤患者进行研究，所有患者均输注达雷妥尤单抗，分析其不良反应发生情况、临床特征及影响因素。

结果 54 例患者总共输注 454 次达雷妥尤单抗，共发生不良反应 39 次，总发生率 9%。其中 1 级不良反应 29 例，发生率 6%，2 级不良反应 6 例，发生率 1%，3 级不良反应 3 例，发生率 1%，无 4 级不良反应。第一次输注发生不良反应 26 例，发生率 48%，第二次输注 13 例，发生率为 3%，主要表现为发冷、寒颤、发热的患者有 10 例，胸闷、气短的患者有 11 例，咽部感觉异常的患者有 4 例，血压升高、头昏的各 1 例，其次腰背部疼痛及皮肤瘙痒 1 例，血小板下降、中性粒细胞和淋巴细胞下降各 1 例。合并肺部疾病和高血压是导致患者出现不良反应的可能因素， $P < 0.05$ 。

结论 多发性骨髓瘤患者在输注达雷妥尤单抗治疗过程中，可产生不同程度的不良反应，尤其在首次输注、合并有肺部疾病和高血压时更易发生，医务人员应做好治疗前患者全面评估，治疗中准确识别并及时干预，治疗后持续随访，保障用药安全和较好的疗效，提高患者生活质量。

PO-2946

基于 QFD 创新性品管圈降低血液肿瘤焦虑患者 CINV 的发生率

白燕妮

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 准确识别血液肿瘤患者住院期间化疗所致恶心呕吐的需求, 构建干预体系, 降低恶心呕吐的发生率, 提高患者满意度。

方法 对血液肿瘤患者住院期间进行半结构化访谈, 以质量功能展开为基础, 挖掘患者需求并进行分析, 运用 Kano 模型识别魅力需求, 运用独立配点法计算质量特性重要度, 确定重点改进质量特性, 并通过失效模式与效应分析进行质量优化与最佳方案选择, 提出建立血液肿瘤患者 CINV 早期筛查预警机制、基于循证理论制定 CINV 分类管理策略、开展 CINV 患者个体化支持性照护等方案。

结果 血液肿瘤患者恶心发生率下降至 23%, 呕吐发生率下降至 13%, 住院患者满意度提高至 99.2%、医护人员止吐药物掌握率提高至 100%。

结论 运用质量功能展开的创新型品管圈活动, 能够准确识别影响血液肿瘤患者住院化疗期间恶心呕吐的关键因素, 为临床管理改进提供依据, 从而提高血液肿瘤患者的服务质量。

PO-2947

血液肿瘤患者疼痛现状调查

白燕妮

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 了解血液肿瘤患者疼痛的现状, 为采取针对性干预措施提供依据。

方法 收集本院 2022 年 8 月-2023 年 8 月 100 例住院血液肿瘤疼痛患者, 采用一般资料调查表, 视觉模拟评分工具进行调查并分析其影响相关因素。

结果 100 例患者中淋巴瘤患者疼痛数占第 1 位, 发生率 40%, 疼痛分值 5 分, 属于中度疼痛; 白血病患者疼痛数占第 2 位, 发生率 29%, 疼痛分值 4 分, 骨髓瘤患者疼痛数第 3, 发生率 20%, 疼痛分值 4 分, 嗜血细胞综合征 3 例, 发生率 3%, 疼痛分值 3 分, 血友病 1 例, 发生率 1%例, 疼痛分值 3 分, 其他疾病 7 例 7%疼痛分值 2 分。疼痛部位主要为骨痛、腹痛、肢体痛。性别、年龄、疾病种类是引起疼痛发生的主要因素 $P < 0.05$ 。

结论 血液肿瘤患者疼痛发生率高, 且为中度以上疼痛, 护理人员应关注不同疾病、年龄、性别血液肿瘤患者的疼痛状况并给予相应的镇痛方案。

PO-2948

扩皮刀于扩皮针在血液科患者 picc 置管中的应用

刘晶

山西医科大学第二医院

目的 探究破皮针应用于塞丁格制入 PICC 导管后穿刺部位出血及扩皮刀应用于塞丁格制入 PICC 导管后穿刺部位出血的效果。

方法 将 100 例患者随机分为对照组 50 例和观察组 50 例, 对照组使用 PICC 穿刺包自带扩皮刀进行扩皮, 观察组使用 PICC 穿刺包自带扩皮针进行扩皮。对比分析两组患者置管后即刻出血、24 小时后渗血发生率、7d 渗血率、疼痛程度, 操作作用时、送鞘成功率、穿刺部位感染发生率。

结果 观察组置管后即刻出血、置管后 24 小时和置管后 7d 的局部组织出血量、疼痛程度，穿刺部位感染发生率均低于对照组，观察组操作用时更短，一次性送鞘成功率，优于对照组 P 小于 0.05
结论 扩皮针在赛丁格 PICC 置管时可以有效减少穿刺部位的出血疼痛和感染的发生率，而且操作用时更短，一次性送鞘成功率高，值得临床推广。

PO-2949

MDS 患者的护理

夏海霞

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 提高 MDS 患者的护理质量

方法 通过对 MDS 患者的病情学习，从疾病相关知识的介绍、及通过病例的介绍从护理诊断及措施和多维度健康教育多方面来提高我们的护理质量。

结果 通过对疾病知识的深入学习，和护理要点的注意事项的学习，确实提高了患者的护理质量。

结论 通过对 MDS 患者的疾病知识以及护理要点的深入学习，及多维度健康教育的实施。使 MDS 患者的护理质量得到大大的提高。

PO-2950

早期康复护理训练对造血干细胞移植术后患者的疗效观察

梁庆丰

山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 目的:分析早期康复护理干预在造血干细胞移植术后患者临床护理中的作用。

方法 方法:随机选取 2020 年 3 月~2023 年 6 月收治的造血干细胞移植患者。应用随机数字表法将其分为研究组和对照组各 25 例,研究组应用早期康复护理干预,对照组应用常规护理干预。比较两组在护理前后的肺康复、Fugl-Meyer(运动功能)和 ADL(日常生活活动)评分,焦虑自评量表(SAS)、对患者护理满意度进行评分并比较。

结果 结果:护理前,两组之间的肺康复、Fugl-Meyer 和 ADL、SAS 评分无显著差异。护理后,两组评分都有所提高,且研究组上述评分高于对照组(P<0.05),护理满意度评分也高于对照组(P<0.05)。

结论 结论:造血干细胞移植患者早期康复护理可有效促进肺康复、改善运动功能及日常生活能力,提高护理满意度。

PO-2951

不同冲封管间隔对输液港并发症的 Meta 分析

夏启健

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 评估短期和长期不同冲封管间隔对成人癌症患者输液港堵管率的影响，探索最佳的冲封管时间间隔

方法 计算机检索 PubMed, Web of science, MEDLINE, EMBASW, CINAHL, 中国生物医学文献服务系统(SinoMed), 维普中文科技期刊数据库(VIP), 中国知网数据库(CNKI)以及万方

数据库 (Wangfang) 等数据库自建库至 2023.8, 以冲封管时间间隔对输液港堵管 (flushing and locking interval for totally implantable vascular access) 研究的随机对照试验 (RCT) 文献, 筛选及数据提取过程由 2 位研究者独立完成, 对纳入的所有文献根据 Cochrane 的偏倚风险评估工具进行质量评价, 运用 RevMan 5.4 软件进行 Meta 分析。

结果 有 5 篇文献涉及不同冲封管时间间隔对输液港堵管率, 文献为 3 篇英文, 2 篇中文。共纳入 1021 例患者, 冲封管时间间隔 4 周的患者为 472 例, 冲封管时间间隔大于 4 周的患者为 549 例, 堵管发生例数分别发生 25 例和 39 例, $P=0.82$, $I^2=0\%$, 故选用固定效应模型。Meta 分析显示: $OR=1.32$, $95\%CI(0.75-2.34)$, $P=0.82$, 说明冲封管时间间隔 4 周的患者与冲封管时间间隔大于 4 周的患者相比, 堵管率方面没有统计学意义。

结论 与定期维护的月间隔相比, 延长维护间隔是安全可行的。基于现有的研究, 我们建议维持间隔可延长至 8 周, 这不会增加输液港堵管的风险。对于维持时间间隔是否可以延长到 3 个月或更长时间, 目前尚无结论。需要进一步的研究来确定当输液港在治疗间歇期时最佳的冲封管时间间隔。

PO-2952

血液系统恶性肿瘤老年病患的身心特点及综合性护理方法

刘珊

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探析血液系统恶性肿瘤老年患者的身心特点及综合性护理方法。

方法 回顾性分析我院 2022 年 8 月至 2024 年 2 月收治的 50 例老年恶性血液病患者的心理特点。

结果 血液系统恶性肿瘤老年患者生理功能方面出现不同程度的下降, 其对化疗所致的骨髓抑制毒性耐受能力下降; 心理上多表现为焦虑恐惧, 悲观绝望等特点。

结论 对血液系统恶性肿瘤老年患者开展全面的综合性护理服务, 能有效改善患者的身体状况和心理状况, 降低患者的心理障碍, 提高对疾病的认识和接受程度, 促进患者积极参与治疗。

PO-2953

多元化护理在白血病骨髓抑制并发肛周感染治疗中的应用

邓欢

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨多元化护理在白血病骨髓抑制并发肛周感染治疗中的应用效果。

方法 选取 2023 年 6 月~2023 年 12 月收治的 8 例白血病骨髓抑制并发肛周感染患者为研究对象, 随机分为常规组和对照组各 4 例, 常规组采用常规护理模式, 多元组在常规护理模式基础上应用多元化护理模式; 比较两组肛周感染率、中性粒细胞恢复时间 ≥ 14 d、血清白蛋白 < 30 g/L、生活质量[采用癌症患者生命质量测定量表(EORTCQLQ-C30)]、家属护理满意度。

结果 多元组肛周感染率低于常规组($P<0.05, P<0.01$); 中性粒细胞恢复时间、血清白蛋白、EORTCQLQ-C30 各维度评分均高于常规组($P<0.05, P<0.01$); 多元组家属护理满意度各指标评分均高于常规组($P<0.01$)。

结论 白血病骨髓抑制并发肛周感染治疗过程中应用多元化护理模式, 有助于降低并发肛周感染的风险, 改善预后, 提升其生活质量, 提高家属护理满意度。

PO-2954

安宁疗护对恶性血液病患者主要照顾者心理应激及负面情绪的影响

王颖、靳迎、卫晶晶
郑州大学第一附属医院

目的 分析安宁疗护对恶性血液病晚期患者主要照顾者负性情绪及心理应激的影响。

方法 选取收治的 38 例恶性血液病患者的主要照顾者为研究对象,按护理方式不同分为对照组和研究组,各 19 例.对照组照顾的患者采用常规护理,主要照顾者仅做常规宣教;研究组在对照组基础上采用安宁疗护.通过问卷调查的方式,比较两组主要照顾者干预前后抑郁、焦虑评分、家属应激量表评分,以及患者干预前后护理效果满意度。

结果 干预前,两组主要照顾者抑郁、焦虑评分比较,差异无统计学意义($P>0.05$),干预后研究组主要照顾者抑郁、焦虑评分低于对照组($P<0.05$).干预前,两组主要照顾者家属应激量表评分比较,差异无统计学意义($P>0.05$),干预后研究组主要照顾者家属应激量表评分低于对照组($P<0.05$).干预前,两组患者对护理质量和护理满意度比较差异无统计学意义($P>0.05$).干预后研究组患者对护理质量和护理满意度比较低于对照组($P<0.05$).

结论 恶性血液病晚期患者接受安宁疗护,不仅能够对患者的生活质量以及护理满意度起到显著的提升作用,同时可显著改善患者主要照顾者心理应激、负性情绪、改善心理健康状况有重要意义。

PO-2955

住院非霍奇金淋巴瘤患者情绪及心理状态调查

林荣桂
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 调查住院非霍奇金淋巴瘤患者的情绪及心理状态。

方法 采用一般资料调查表、恐惧疾病进展简化量表、焦虑自评量表、抑郁自评量表、创伤后应激障碍检查表对 2021 年 5~12 月上海某三甲医院住院的 308 例非霍奇金淋巴瘤患者进行调查。

结果 308 例非霍奇金淋巴瘤患者癌症复发恐惧得分为 (30.88 ± 8.93), ≥ 34 分的患者 103 例 (33.4%); 焦虑自评量表得分为 (33.75 ± 7.12), 高于国内成人常模 (29.78 ± 0.98), 差异有统计学意义 ($t=9.776, p<0.01$), 21.1% 的患者有焦虑情绪, 其中轻度焦虑 54 例 (17.5%), 中度焦虑 11 例 (3.6%); 抑郁自评量表得分为 (35.65 ± 8.42), 高于国内成人常模 (33.46 ± 8.55), 差异有统计学意义 ($t=4.572, p<0.01$), 23.4% 的患者有抑郁情绪, 其中轻抑郁 47 例 (15.3%), 中度抑郁 23 例 (7.5%), 重度抑郁 2 例 (0.6%); 创伤后应激障碍检查表得分为 (28.0 ± 9.44), ≥ 38 分的患者 45 例 (14.6%)。

结论 住院非霍奇金淋巴瘤患者约 1/3 存在癌症复发恐惧, 约 1/5 存在抑郁和焦虑情绪, 少部分患者处于较高水平的应激状态, 提示临床工作人员需关注住院期间非霍奇金淋巴瘤患者的不同情绪心理状态, 给予有针对性的疏导, 必要时可以联合心理专业人员实施干预措施, 帮助患者恢复良好的情绪和心态, 安心接受治疗, 早日康复。

PO-2956

叙事护理在异基因造血干细胞移植期间的应用观察

刘倩云

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨叙事护理在异基因造血干细胞移植期间的应用效果。

方法 将 68 例异基因造血干细胞移植治疗的血液病患者随机分为叙事护理组和对照组各 34 例，对照组予常规护理，叙事护理组在常规护理基础上给予叙事护理。使用焦虑、抑郁自评量表(SAS、SDS)评估患者干预前后心理状态；应用自评调查问卷从医嘱遵从、饮食依从、服药依从、疾病认知维度评估患者干预后治疗依从性。

结果 干预后叙事护理组 SAS、SDS 评分较干预前显著下降($P<0.05$)并低于常规护理组($P<0.05$)。

叙事护理组患者干预后医嘱依从、饮食依从、服药依从及疾病认知评分均高于常规护理组($P<0.05$)。

结论 叙事护理可有效缓解异基因血液病患者造血干细胞移植期间的不良心理，提高其医嘱遵从性及治疗配合度。

PO-2957

Safety, feasibility, and efficacy of exercise interventions in patients with hematologic malignancy during chemotherapy: a systematic review and meta-analysis

Yuqin Luo, Yingli Wang

West China Hospital of Sichuan University

Objective The objective of this systematic review and meta-analysis was to evaluate the safety, feasibility and efficacy of exercise intervention to improve the physical and/or mental health of patients with hematologic malignancies during chemotherapy.

Methods This systematic review and meta-analysis was conducted according to a protocol registered at the International Prospective Register of Systematic Review (registration number CRD42024518888). We systematically searched 9 electronic databases for studies from their inception up to February 2024. The databases included Cochrane Library, MEDLINE, PubMed, Embase, CINAHL, Web of Science, Scopus, China Wanfang Database, China National Knowledge Infrastructure (CNKI). Ongoing surveillance was conducted to identify major studies published since March 2024 that may have influenced the conclusions. The last surveillance, conducted on March 25, 2024, identified no additional studies. The Cochrane guideline was followed, and a PRISMA checklist for reporting systematic reviews was completed. Sensitivity and subgroup analyses were conducted.

Results 29 studies were included in this systematic review, of which 15 were included in the meta-analysis. There was a significant change in the physical fitness between the exercise group and the control group, in terms of the 6MWT(SMD=-0.458; 95%CI, [-0.859, -0.057]; $p=0.025$)、TUG(SMD=-0.458; 95%CI, [-0.859, -0.057]; $p=0.025$)、VO₂peak(SMD=0.532; 95%CI, [0.261, 0.804]; $p<0.001$) and Strength(SMD=0.461; 95%CI, [0.157, 0.766]; $p=0.003$). The subgroup analysis showed that exercise intervention had no effect on fatigue、QOL、anxiety and depression, regardless of the type of exercise intervention. However the results of the within-group analyses showed that the combination exercise intervention could effectively improve anxiety(SMD=-0.686; 95%CI, [-1.027, -0.345]; $p<0.001$), depression(SMD=-0.551; 95%CI, [-0.863, -0.239]; $p<0.001$) and QOL(SMD=0.556; 95%CI, [0.303, 0.809]; $p<0.001$).

Conclusion The exercise intervention appear safe and feasible and can improve physical fitness in adult patients with hematologic malignancies during chemotherapy. The combination exercise intervention including aerobic exercise has the potential to relieve anxiety and depression and improve the quality of life.

PO-2958

血液科患者 ICU 后综合征症状体验和心理感受的质性研究

张慧玲、靳迎、卫晶晶
郑州大学第一附属医院

目的 探讨血液科 ICU 后综合征患者症状体验及心理感受，为改善该患者人群心理状态及及时提供相应的干预措施提供参考依据。

方法 采用目的抽样法，选取 2023 年 6 月-2024 年 3 月河南省某三级甲等医院血液科 ICU 转出患者 12 例进行半结构化深入访谈，采用 Colaizzi 7 步分析法进行分析。

结果 血液科患者 ICU 后综合征患者症状体验和心理感受可归纳为 3 个方面主题：患者性情改变和认知障碍；患者对照顾者的付出认同性提高；患者对配合治疗积极性存在个体差异。

结论 血液科 ICU 后综合征患者面临生理、心理、社会等诸多方面的改变，医务人员应及时关注患者心理状态的改变，并实施针对性干预措施，以促进患者身心健康，提高其生活质量。

PO-2959

血液系统疾病患者健康信息需求现状及影响因素分析

梁桃云、王颖莉
四川大学华西医院

目的 调查血液系统疾病患者健康相关信息需求（Information Need）现状，并分析影响因素，为后续医护人员更好识别和满足患者信息需求、提供优质护理服务、促进患者康复提供参考。

方法 采用便利抽样法，于 2023 年 3 月-2023 年 11 月选取四川大学华西医院血液内科的 409 名患者做为调查对象。采用一般资料调查表、血液病患者信息需求量表、中文版全面健康素养测量量表、多维健康量表进行调查，采用单因素分析及多重线性回归分析探讨血液系统疾病患者信息需求的影响因素。

结果 回收有效问卷 403 份。血液系统疾病患者信息需求总得分为 255.60 ± 55.545 ，均分为 4.12 ± 0.896 ，其中，均分排名前三的信息需求分别为自我护理（ 4.28 ± 0.872 ）、治疗（ 4.24 ± 0.90 ）、医学检查和预后（ 4.19 ± 0.93 ）的需求。多重线性回归分析结果显示，患者的健康素养、与医疗保健提供者的沟通能力、健康信息评价和应用能力、患者焦虑或沮丧，以及是否具有医学背景知识，是其健康信息需求的影响因素（ $P < 0.05$ ）。

结论 血液系统疾病患者的健康相关信息需求处于较高水平，这强调了在此患者群体中，提供健康相关信息的重要性。临床护理人员应评估患者身体状态、信息接受与应用能力，采用丰富且合适的方式提供信息获取途径和信息支持，提高其健康素养水平，促进患者与医护团队之间的有效沟通，满足患者的信息需求，从而患者的改善治疗效果和整体健康状况。

PO-2960

PICC 应用于 68 例恶性血液系统疾病化疗患者的护理体会

惠晓培

郑州大学第一附属医院

目的 研究 PICC 应用于恶性血液系统疾病化疗患者的护理。

方法 本次研究中选择 2020 年 1 月至 2021 年 12 月期间我院收治的 68 例恶性血液系统疾病化疗患者，患者均接受 PICC 置管，以此为基础对患者的 PICC 置管并发症进行分析和总结，以此为基础对护理心得进行总结。

结果 在本次研究的过程中发现，PICC 置管患者常见的并发症主要可以归纳为静脉炎、导管堵塞、肢体肿胀、穿刺点渗血、穿刺点感染、导管异位、导管脱出等一系列并发症，自行分析发现，患者并发症发生均存在一定的原因，需要护理人员针对性的开展服务。

结论 通过提升 PICC 置管的成功率，不但可以有效的控制患者的并发症，避免患者在治疗的过程中承受过多的痛苦，同时也可以提升护理人员的工作效率和质量，因此值得大力推广。

PO-2961

疼痛管理在多发性骨髓瘤患者中的应用效果观察 及其对患者自我管理能力的影

朱冬梅

遂宁市中心医院

目的 探讨疼痛管理在 MM 患者中的应用效果及其对患者自我管理能力的影

方法 将 96 例 MM 患者随机分为研究组与对照组，每组 48 例，对照组采用常规管理，研究组采用多学科合作的疼痛管理。比较 2 组干预前后疼痛（采用数字评分法 NRs 进行评估、服药依从性、心理状况（采用焦虑/抑郁自评量表 sAs/sDs 进行评估及自我管理能力的变化。

结果 与对照组比较，研究组干预后 NRs、sAs、sDs 评分显著降低，服药依从性、自我管理能力的评分显著升高，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）

结论 在 MM 患者中采用疼痛管理，可有效缓解患者疼痛，提高服药依从性与自我管理能力，改善心理状况

PO-2962

低温疗法在美法仑所致自体造血干细胞移植患者 口腔黏膜炎防治中的疗效观察

刘丹

中国人民解放军空军军医大学第二附属医院

目的 探讨低温疗法应用于美法仑预处理方案的自体造血干细胞移植患者口腔黏膜炎的时机及效果

方法 回顾性分析 40 例已行美法仑预处理方案的自体造血干细胞移植患者作为对照组，观察组选择 40 例行美法仑预处理方案的自体造血干细胞移植患者作为观察组，对照组给与常规口腔护理，观察组患者在常规口腔护理的基础上，在使用美法仑预处理前 30 分钟至美法仑治疗结束 3 小时给予

口腔低温疗法。观察并记录两组患者口腔黏膜炎的发生率及临床特征，比较干预前后两组患者口腔黏膜炎的发生率及分级程度。

结果 观察组患者口腔黏膜炎较对照组推迟 3.2 ± 1.6 天，III、IV度口腔黏膜炎发生率（10%）明显低于对照组（32%）。

结论 口气低温疗法可推迟美法仑所致口腔黏膜炎的发生，降低发生率及严重程度，此方法简便易行、安全性高。

PO-2963

1 例骨髓增生异常综合征合并假性高钾血症患者的护理

张英
绍兴市人民医院

总结 1 例骨髓增生异常综合征合并假性高钾血症患者的护理。护理要点是严密病情监测及早识别假性高钾血症、预防医源性低血钾、静脉血栓及出血的预防、加强血细胞分离血小板去除术的护理、心理护理及健康指导。经过 24 天的治疗及护理，患者病情稳定出院。

PO-2964

新型一次性使用防针刺防逆流静脉采血器应用体会

欧剑锋、张静
中国人民解放军联勤保障部队第 940 医院

目的 评价新型一次性使用防针刺防逆流静脉采血器在临床应用中的效果。该产品是近两年应用于临床的实用新型专利产品，拥有多项发明专利和实用新型专利及海外国家专利授权

方法 采用与普通型一次性使用静脉采血针进行对照观察并回顾分析，分别收集了 536 人次观察结果，观察指标包括：针刺伤，穿刺疼痛感，血液逆流，采血几率，操作方便性

结果 针刺伤较普通采血针降低 3.0%，95.0% 患者穿刺疼痛明显减轻，血液逆流下降 7.0%，96.0% 医务人员认为操作灵活、方便，操作时长无明显差异

结论 对比普通型一次性使用静脉采血针，所有观察指标显示新型一次性使用防针刺防逆流静脉采血器优势明显，得到普遍认可，适合在医院广泛使用，医务人员和患者双方均较大获益，主要体现在大大降低了针刺伤和血流感染风险及减轻了穿刺疼痛

PO-2965

Pender 健康促进理论干预在急性白血病患者化疗期间的应用效果

杨艳、靳迎、卫晶晶
郑州大学第一附属医院

目的 探讨 Pender 健康促进理论在急性白血病患者化疗期间的应用效果。

方法 选取 2022 年 1 月 1 日~12 月 31 日接收的 90 例急性白血病化疗患者为研究对象，按照干预方式的不同分为对照组（传统健康教育模式）45 例和观察组（PENDER 健康促进理论模式）45 例；对比两

组患者的遵医行为(依从性调查表)、自我管理效能[癌症患者自我管理效能量表(SUPPH)]、生活质量[欧洲癌症研究与治疗组织生命质量测定量表(EORTC QLQ-C30)]、心理状态[病人健康问卷抑郁自评量表(PHQ-9)、焦虑自评量表(SAS)]

结果 观察组患者运动、饮食、心理、药物评分及遵医行为总分均明显高于对照组,差异均有统计学意义($P < 0.01$).干预后,两组患者自我决策、正性态度、自我减压评分及总分均较干预前升高,且观察组患者自我决策、正性态度、自我减压评分及总分均高于对照组,差异均有统计学意义($P < 0.05$).干预后,两组患者 EORTC QLQ-C30 评分均较干预前升高,且观察组患者 EORTC QLQ-C30 评分高于对照组,差异均有统计学意义($P < 0.05$).干预后,两组患者 PHQ-9、SAS 评分均较干预前降低,且观察组患者 PHQ-9、SAS 评分均低于对照组,差异均有统计学意义($P < 0.05$)

结论 在急性白血病患者化疗期间应用 Pender 健康促进理论模式干预,可提高患者的遵医行为及自我管理效能,缓解其不良心理状态,改善生活质量.

PO-2966

PICC 置管健康教育效果和影响因素分析

徐梦琦

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 1. 了解成人 PICC 置管健康教育的效果;

2. 分析影响 PICC 健康教育效果的影响因素。

方法 研究方法: 采用问卷调查法。问卷调查表包括一般情况调查表和 PICC 置管患者健康教育效果评价量表。一般情况调查表包括性别、年龄、文化程度、婚姻状况、职业、居住地、照护者、肿瘤类型、付费方式和置管时间(天)。PICC 置管患者健康教育效果评价量表采用山东大学孙媛媛在《PICC 置管患者健康教育效果评价现状及之指标体系的构建》硕士学位论文中的 PICC 置管患者健康教育效果评价量表,该量表权威系数(Cr) 0.88,量表可信度高。

结果 1. PICC 插管健康教育效果评价总分为(147.84±16.54)分, >144 分的患者占 62.4%; 108~144 分的患者占 36.0%; <108 分的患者占 1.6%。

2. 利用单因素方差分析一般资料对健康效果的影响有无差异,结果显示年龄($P=0.014$)、文化程度($P=0.00$)二个因素的健康教育效果得分差异具有统计学意义($P<0.05$)。性别、婚姻状况、职业、居住地、照护者、疾病种类、医疗付费方式和置管时间不具有统计学意义($P>0.05$)。

结论 1.60 名 PICC 患者健康教育效果评分总体较好, 62.4%患者得分处于高水平。

2.年龄、文化程度是影响健康效果评价的因素,得分差异具有统计学意义($P<0.05$)。性别、婚姻状况、职业、居住地、照护者、疾病种类、医疗付费方式和置管时间不具有统计学意义($P>0.05$)。

PO-2967

自我调节理论指导健康教育在急性白血病患者护理中的应用 及对疾病感知的影响

卫晶晶、靳迎、杨艳

郑州大学第一附属医院

目的 分析基于自我调节理论为指导健康教育在急性白血病患者护理中的应用及对疾病感知的影响

方法 选取 2022 年 1 月 1 日-12 月 31 日 90 例急性白血病患者为对象,根据电脑数字表法随机分为对照组和观察组各 45 例.对照组予以常规护理干预,观察组予以基于自我调节理论指导的健康教育,

对两组的健康知识掌握情况、疾病感知、健康促进行为及认知功能进行比较

结果 护理后,观察组的健康知识掌握度评分为(91.57±7.45)分,高于对照组的(79.63±9.65)分,差异有统计学意义($P < 0.05$);观察组的疾病感知问卷简化版(BIPQ)评分为(36.15±5.07)分,低于对照组的(43.17±4.22)分,差异有统计学意义($P < 0.05$);观察组的健康促进生活方式量表(HPLP)评分为(127.47±22.34)分,高于对照组的(109.01±22.04)分,差异有统计学意义($P < 0.05$);观察组的蒙特利尔认知评估量表(MoCA)评分、Loewenstein 认知功能评定表(LOTCA)评分均高于对照组,差异有统计学意义($P < 0.05$)

结论 基于自我调节理论指导健康教育在急性白血病患者护理中的应用可增强健康知识掌握程度,改善疾病感知水平与健康促进行为,并且促进患者认知功能恢复。

PO-2968

四化护理管理对老年急性髓系白血病患者癌因性疲乏的影响分析

张晓

中国人民解放军空军军医大学第二附属医院

目的 分析四化护理管理对老年急性髓系白血病患者癌因性疲乏的影响, 以为癌因性疲乏的临床护理提供新方向。

方法 选取 2023 年 7 月~2023 年 12 月选取就诊于院内的 104 例老年 AML 癌因性疲乏患者作为研究对象, 随机分为干预组与对照组, 对照组接受常规护理, 干预组在在此基础上接受四化护理管理, 针对两组患者护理前后的 CFS、PSQI 和 SF-36 评分进行对比和分析, 探讨四化护理管理的护理价值。

结果 通过对两组患者的不同护理方案干预, 发现与护理前相比较, 所有患者 CFS 各维度评分、总分以及 PSQI 总分均有所降低 ($P < 0.05$), 但两组患者护理之前的各项评分相比较并无明显的差异 ($P > 0.05$), 而护理后相比干预组明显低于对照组 ($P < 0.05$); 护理后, 两组患者的躯体和 精神维度得分均高于护理前 ($P < 0.05$), 两组患者护理前的躯体和 精神维度得分相比并无显著差异 ($P > 0.05$), 但干预组护理后明显高于对照组 ($P < 0.05$)。

结论 通过对老年急性髓系白血病患者实施四化护理管理, 本研究发现患者的癌因性疲乏程度、睡眠质量得到明显改善, 生活质量得到提高。这为临床护理提供了新的方向, 有助于提高老年急性髓系白血病患者护理质量, 减轻患者的痛苦。

PO-2969

多发性骨髓瘤患者骨病管理的护理策略研究

张晓

中国人民解放军空军军医大学第二附属医院

目的 本研究旨在探讨针对多发性骨髓瘤 (MM) 患者的骨病管理护理策略, 以减少骨相关事件的发生, 提高患者的生活质量和生存期。

方法 采用随机对照试验 (RCT) 方法, 选取 2022 年至 2024 年间确诊为多发性骨髓瘤并伴有骨病的患者 120 例。将患者随机分为常规护理组和干预护理组, 每组 60 例。干预护理组在接受标准治疗的同时, 实施了包括骨密度监测、骨保护药物管理、物理治疗指导、营养支持和生活方式调整等在内的综合性护理干预。通过比较两组患者的骨相关事件发生率、疼痛评分、生活质量评分和生存期等指标。

结果 干预护理组的骨相关事件发生率显著低于常规护理组 ($P < 0.01$), 平均疼痛评分降低 ($P <$

0.05)，生活质量评分提高（ $P < 0.05$ ），且中位生存期较常规护理组有所延长（ $P < 0.05$ ）。

结论 针对多发性骨髓瘤患者的骨病管理护理策略能够有效降低骨相关事件的发生，减轻疼痛，提高患者的生活质量，并可能延长生存期。建议在多发性骨髓瘤患者的护理实践中，加强骨病管理的护理措施，以改善患者的整体预后。

PO-2970

基于精细化护理的成人和儿童 R/R B-ALL 患者 贝林妥欧单抗治疗的全面护理方案分析

张晓

中国人民解放军空军军医大学第二附属医院

目的 总结并分析基于精细化护理成人和儿童复发或难治性前体 B 细胞急性淋巴细胞白血病（R/R B-ALL）患者贝林妥欧单抗治疗的全面护理方案。

方法 回顾性分析于本院接受贝林妥欧单抗治疗的 10 例成人和儿童 R/R B-ALL 患者的临床资料，对患者治疗过程中的用药情况、不良反应发生情况及治疗结局，并就此过程的护理方案进行全面分析。

结果 10 例患者中，9 例患者完成一个治疗周期，1 例患者出现 3 级及以上的不良反应用药。9 例接受一个治疗周期的患者中，8 例患者达到完全缓解。

结论 精细化护理模式下护理工作者能够及时识别治疗期间的不良反应并予以干预，有助于提升患者依从性及治疗效果。

PO-2971

医院焦虑抑郁量表在淋巴瘤患者中应用信效度分析

吕静、蒋翠婷、刘婷婷、胡重灵、周秀君

重庆大学附属肿瘤医院

目的 分析医院焦虑抑郁量表中文版在淋巴瘤患者中应用的信度效度，评估其适用性。

方法 应用医院焦虑抑郁量表中文版对某三级甲等肿瘤专科医院 217 例淋巴瘤患者进行调查，采用 Cronbach's α 系数和重测信度进行信度分析，采用验证性因子分析进行结构效度分析。

结果 217 例淋巴瘤患者中共检出焦虑抑郁者 41 例，发病率为 18.89%，其中单纯焦虑患者 21 例（9.68%），单纯抑郁患者 27 例（12.44%），焦虑抑郁共病患者 7 例（3.23%）。年龄 ≥ 60 岁、非霍奇金淋巴瘤、化疗疗程 > 6 月的患者焦虑抑郁发生率较高，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。淋巴瘤患者的焦虑抑郁发生与患者的性别、婚姻状况、职业、医保类型、文化水平、有无结外受累、有无 B 症状、是否进行干细胞移植或 Car-T 治疗无关。HADS、HADS-A 和 HADS-D 的 Cronbach's α 系数分别是 0.948、0.892、0.930，均大于 0.7，该量表及分量表具有较高的内部一致性。因子分析适宜性检验结果显示，总表 KMO 值为 0.833，Bartlett 球型检验的 χ^2 为 3341.241（ $P < 0.001$ ），适合做因子分析。采用主成分分析法进行因子分析，按特征根值 > 1 提取 3 个公因子，共解释总变异的 79.821%。

结论 医院焦虑抑郁量表在淋巴瘤患者中测评具有良好的信度和效度，可作为临床评估淋巴瘤患者心理状态的工具，应结合淋巴瘤病人心理特点，在工作中全面、尽早开展心理筛查，有针对性地进行心理护理和治疗。

PO-2972

血液科肿瘤患者外周中心静脉导管并发症的处理及预防

耿丽萍

中国人民解放军联勤保障部队第九八〇医院

目的 预防减少中心静脉导管(Ptcc)输液治疗过程中各种并发症的发生。

方法 对 150 例 PICC 导管的肿瘤病人并发症原因进行分析。

结果 PICC 导管 1 个月内静脉炎发生率较其他各时间段静脉炎发生率高,有统计学意义。

结论 加强置管前后病人的健康教育,严格遵守 PICC 插管操作规程,正确的冲管、封管方法,可有效减少 PICC 临床应用并发症的发生。

PO-2973

血液肿瘤病人中心静脉导管感染的相关因素分析及护理对策

耿丽萍

中国人民解放军联勤保障部队第九八〇医院

目的 血液肿瘤病人中心静脉置管相关感染因素,并提出相应的护理对策。

方法 回顾性分析 2023 年 1 月至 2023 年 11 月 42 例锁骨下中心静脉置管感染的患者住院资料进行调查,分析引起置管感染的相关因素。

结果 我科经中心静脉置管的感染率为 9.29%。中心静脉置管相关感染主要包括:患者导管留置时间、疾病损伤程度、血糖水平、置管人员技术水平及置管时机等。42 例感染患者中总计培养菌株 69 株,其中革兰阳性菌 38 株(55.07%),革兰阴性菌 26 株(37.68%),真菌 5 株(7.25%)。发生导管相关感染的患者预后情况较未发生导管相关感染的患者差($P < 0.05$)。

结论 严格控制中心静脉导管留置时间,严格无菌操作,针对中心静脉置管感染的相关因素,制定合理的预防和护理措施对减少中心静脉置管相关感染的发生具有重要临床意义。

PO-2974

多发性骨髓瘤患者运动干预的最佳证据总结

韩世钰、褚红、应秀华、王莉慧

南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 总结国内外多发性骨髓瘤患者运动干预的相关证据,为医护人员制定运动干预方案提供循证依据。

方法 通过循证护理的方法,系统检索国内外相关指南网站、专业协会网站以及数据库中与多发性骨髓瘤患者运动干预相关的文献,包括最佳实践、推荐实践、指南、专家共识、证据总结、系统评价等。检索时限为截至 2024 年 4 月 16 日。由 2 名研究者对文献进行质量评价并提取资料。采用 JBI 证据预分级及证据推荐级别系统(2014 版)确定证据条目等级和推荐等级。

结果 最终纳入文献 15 篇,其中临床决策 1 篇、指南 4 篇、系统评价 8 篇、专家共识 1 篇、证据总结 1 篇。汇总证据共 25 条,包括适用人群、运动评估、运动方案、运动注意事项和运动管理 5 个方面。

结论 该研究为临床进行多发性骨髓瘤患者运动干预提供循证证据,医护人员可根据具体临床情景

和患者生活习惯制定个性化的运动管理方案。

PO-2975

结构化皮肤管理模式在重症造血干细胞术后 并发肠道排异患者失禁性皮炎预防管理的效果

陈雪梅

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨 46 例重症造血干细胞移植术后并发肠道排异患者失禁性皮炎的临床预防管理效果。

方法 选取湖北省某三级甲等医院 2022 年 8 月--2024 年 2 月收治的 46 例重症造血干细胞术后肠道 GVHD 患者作为调查对象。观察组采用随机数表法分为对照组和观察组，每组各 23 例。对照组给予常规管理模式，观察组给予结构化皮肤管理模式，比较两组患者失禁性皮炎的发生率、严重程度及满意度。

结果 观察组失禁性皮炎的发生率显著低于对照组 ($P<0.05$)；观察组患者的失禁性皮炎严重程度较对照组轻 ($P<0.05$)，观察组患者满意度明显高于对照组 ($P<0.05$)。

结论 对重症造血干细胞术后并发肠道排异患者实施结构化皮肤管理模式，能有效预防失禁性皮炎的发生，减少了并发症对于患者日常生活的困扰，提高患者满意度及生活质量。

PO-2976

1 例极重型再生障碍性贫血伴真菌感染患者 行异基因造血干细胞移植的护理

赵钰杰¹、刘玉秋²、彭复聪²、张丽雪²、杜越冰¹、张倩倩²、孙婷婷²、杨惠尧¹、解文君²

1. 天津中医药大学

2. 中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 异基因造血干细胞移植 (allogeneic hematopoietic stem cell transplantation, allo-HSCT) 是极重型再生障碍性贫血患者的一线治疗方案，但由于肺部感染、有真菌感染病史的患者在行 allo-HSCT 会出现病灶的再次激活，使得患者进行 allo-HSCT 存在很大风险。本研究旨在总结 1 例极重型再生障碍性贫血伴真菌感染的患者行 allo-HSCT 的护理经验。

方法 患者入仓时存在发热、肺部感染、鼻感染，重度贫血貌，心功能不全，血 NGS 回报为人苍白杆菌、黄曲霉、分枝横梗霉。科室迅速成立多学科治疗团队，以定向评价的全程管理模式控制感染蔓延：①采用真菌二级预防，通过抗感染治疗、加强口腔及肛周护理控制感染；②实施全环境保护护理，采用单间百级层流病房进行保护性隔离，在确保无菌的情况下允许 1 名护士及 1 名照顾者参与照护，每日对病房环境消毒，定期行细菌培养；③加强评估，精准对症护理；④密切监测生命体征，警惕心衰发生。

结果 通过精心治疗与护理，患者中性粒细胞 $>0.5 \times 10^9/L$ ，成功达到造血重建，移植后+16d 出仓，随访至移植后+93d，患者情况良好。

结论 采用定向评价的全程管理模式能从不同方面及时查找风险因素，建立 allo-HSCT 期间的有效护理措施，降低患者感染风险，提高临床治疗效果。

PO-2977

罗伊适应模式在造血干细胞移植护理中的应用

李娅婷

郑州大学第一附属医院

目的 分析罗伊适应模式在造血干细胞移植护理中的应用。

方法 2023年1月至2023年12月间我院收治的造血干细胞移植患者40例作为本次研究的对象，根据患者治疗时间将患者分为对照组（20例，常规护理：采用常规护理干预办法，在患者入院后协助患者完善对应的检查工作活动，做好常规健康教育宣传，通过口头讲解的方式，告知患者造血干细胞移植相关注意事项，确保患者能够积极的进行配合与干预，全面监测患者生命体征的变化情况，保障护理安全）与观察组（20例，罗伊适应模式护理：以患者为中心，全面做好患者护理评估干预工作活动根据造血干细胞移植患者的实际情况，展开综合性的分析，评估患者在护理管理过程中的问题，制定科学合理的护理干预计划；以强化患者正确认知为目的，及时向患者讲解有关于造血干细胞移植相关的知识，强化患者的正确认知，协助患者做好对应的基础检查工作活动；移植后监测患者生命体征的变化情况，遵医嘱给予患者对应的用药护理、安全护理、饮食护理等多方面的工（作。）

结果 观察组患者在造血干细胞移植护理过程中，护理质量评分优于对照组，观察组患者护理满意度为94.15%高于对照组82.13%。

结论 在造血干细胞移植护理过程中，通过采用罗伊适应模式有利于提升护理干预的效果，保障护理安全，提升患者护理满意度，在护理中值得推广。

PO-2978

造血干细胞移植患者多组中心静脉通路的安全管理

管伟

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 评估和改进造血干细胞移植患者多组中心静脉通路的安全管理策略，减少相关并发症风险并提高患者安全。

方法 对2019年至2023年间在我病区接受造血干细胞移植并置入多组中心静脉通路（包括同时置入2根PICC、PICC+CVC、输液港+PICC）的256名患者进行了回顾性研究。安全管理措施包括但不限于：选择适当的静脉通路类型，严格的无菌操作、定期的中心静脉通路监测评估、并发症的早期识别和处理，以及导管相关知识的健康教育。主要的观察指标包括血管通路相关感染、静脉炎、血栓、导管异位、移位、导管堵塞等。

结果 实施系统化的安全管理措施后，中心静脉通路相关感染率发生为0%，血栓形成率从1.3%降低至0.2%，静脉炎从2.0%降低至0.6%。但继发性导管异位发生率较之前有所上升，由1.9%上升至3.6%，分析原因可能与导管数量增多、移植期间久卧，以及预处理期间恶心呕吐造成的胸腔内压力增加有关。

结论 通过实施系统化的管理策略，可以显著降低中心静脉通路相关并发症，提高移植期间的导管安全。这些结果表明，在造血干细胞移植期间实行中心静脉通路安全管理方案的重要性。

PO-2979

集束化护理在造血干细胞移植术后 并发皮肤移植抗宿主病中的应用效果

构婕娣

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨造血干细胞移植术后患者发生皮肤移植抗宿主病应用集束化护理的效果。

方法 选我院血液科在 2023 年 1 月—2024 年 1 月行造血干细胞移植术后发生皮肤移植抗宿主病的 60 例患者为本次研究对象,采用随机数字表法,分为对照组与观察组,每组各 30 例。其中对照组采用常规护理干预,观察组采用常规护理外,给予集束化护理,干预 15 天后,比较两组患者疼痛评分(NRS)、生活质量[采用疾病治疗功能评价量表(FACT-G)]、护理满意度。

结果 干预后,观察组疼痛评分低于干预前,且观察组低于对照组,差异有统计学意义($P < 0.05$)。对照组干预前后生活质量评分比较,差异有统计学意义($P < 0.05$)。观察组护理满意度高于对照组,差异有统计学意义($P < 0.05$)。

结论 集束化护理在造血干细胞移植术后并发皮肤移植抗宿主病中具有良好的效果,值得临床推广。

PO-2980

造血干细胞移植术后皮肤排异相关护理综述

陈颖

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 整合出造血干细胞移植术后皮肤排异护理的相关证据、目前临床常用护理手段,旨在给临床 GVHD 皮肤护理提供一些新的思路与方法。

方法 通过在各大数据库查阅自 2018-2024 年在国内发表的皮肤 GVHD 护理相关文献,包括专家共识、相关证据、临床决策等,对其进行归纳整理。

结果 通过相关文献查阅,能够整合出各研究一些结论相似的证据,包括预防紫外线做好皮肤保护、皮肤外用药物的选择等,归纳出的内容具有临床实践意义。

结论 系统整合了造血干细胞移植并发移植物抗宿主病患者皮肤护理的相关文献内容,可为临床皮肤护理提供一定的参考价值,但在应用相关护理措施时,建议护理人员综合考虑临床实际情况及患者意愿,审慎地选择。

PO-2981

恶性淋巴瘤伴梅毒患者行异基因造血干细胞移植发生 严重生殖器疱疹病毒感染的护理

张娜、胡凯、克晓燕

北京高博医院有限公司

目的 总结 1 例恶性淋巴瘤伴梅毒患者行异基因造血干细胞移植发生严重生殖器疱疹病毒感染的护理方法。

方法 患者,女,50 岁,诊断:T 淋巴母细胞白血病/淋巴瘤,梅毒抗体阳性。清髓预处理化疗方案:

BU+FLU+Ara-C+替尼泊苷。第 0 天输注供者干细胞。移植后第 9 天,中性粒细胞 $0.62 \times 10^9/L$,血小板 $59 \times 10^9/L$,肛周出现疱疹,NGS 病原学检测疱疹病毒感染,遵医嘱给予阿昔洛韦外用,伐昔洛韦抗病毒。未见好转,且出现皮损,面积约 $2.5 \times 3 \text{cm}$,伴大量脓性分泌物,患者诉疼痛。制定换药计划,每日 3 次,具体如下:盐水清洁创面;康复新湿敷 5-10 分钟;红外线烤灯照射 20 分钟;局部涂抹百多邦抗感染;保持肛周创面清洁;保持大便通畅;每晚稀释碘伏水坐浴;睡前将藻酸盐敷料覆盖于创面吸收渗液;换药过程中,护士做好防护,佩戴面屏,避免分泌物飞溅发生职业暴露。**结果** 中性粒细胞+9 天植活,血小板+9 天植活,治疗过程顺利,生殖器疱疹皮损创面完全愈合,顺利出院。

结论 恶性淋巴瘤患者行异基因造血干细胞移植过程中,免疫功能低下,极易发生感染,尤其是肛周等特殊部位。且此例患者伴梅毒,换药过程中易发生职业暴露,此时制定周密的换药计划,有助于创面愈合,降低职业暴露风险。

PO-2982

基于时机理论的 CAR-T 细胞免疫治疗患者的身心体验 及支持性照顾需求的研究进展

李辉

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 以期为细胞免疫治疗患者提供系统,科学的护理

方法 介绍支持性照顾需求的定义,综述 car-t 患者细胞免疫治疗患者的身心体验及支持性照顾需求

结果 了解患者各个阶段的身心体验及支持需求特点,并以此给予不同的支持

结论 了解患者各个阶段的身心体验及支持需求特点,并以此给予不同的支持,有助于 CAR-T 细胞免疫治疗患者的康复

PO-2983

异基因造血干细胞移植联合异体嵌合 抗原受体 T 细胞治疗复发难治血液病患者的护理

张娜、胡凯、克晓燕

北京高博医院

目的 总结 23 例异基因造血干细胞移植联合异体嵌合抗原受体 T 细胞治疗难治复发血液病患者的护理方法。

方法 回顾性总结我科 2020 年 6 月至 2023 年 10 月 23 例行异基因造血干细胞移植联合异体嵌合抗原受体 T 细胞治疗的难治复发血液病患者,其中,男性 13 例,女性 10 例,中位年龄 44 岁(19-64 岁)。诊断分别是:淋巴瘤(CI=16),多发性骨髓瘤(CI=7)。移植前,8 例患者评估疾病状态为 PD 及 SD 状态。所有患者在输注细胞前给予预处理化疗,在第-7 天至-9 天输注供者外周血淋巴细胞,中位数 $1.87 \times 10^6/L$ ($0.2-4.88 \times 10^6/L$),第 0 天输注供者外周造血干细胞,单个核细胞中位数 $2.59 \times 10^9/L$ ($1.36-4.62 \times 10^9/L$),CD34 细胞中位数 $6 \times 10^9/L$ ($1.86-8.19 \times 10^9/L$)。给予的护理措施包括:患者细胞输注后,持续监测体温,血压、心率、血氧饱和度的变化,早期识别细胞因子释放综合征(CRS)的发生及其严重程度;预防感染,做好环境管理、饮食护理及基础护理;监测血常规、血清 CRP、IL-6、铁蛋白水平等血标本;观察患者的意识,神经系统症状和体征,早期识别免疫效应细胞相关神经毒性综合征(ICANS)的发生及严重程度;观察患者皮肤,排便,排尿情况,早期

识别移植物抗宿主病(GVHD)的发生及其严重程度。

结果 20例患者移植成功,3例患者死亡。22例患者发生CRS反应,发生率为95.7%,其中,17人发生1-2级CRS,4人发生3级CRS反应,1人发生4级CRS反应。3例患者发生ICANS反应,发生率为13.0%,其中1人发生1级ICANS,3-4级ICANS各1人。6人发生排异反应,2例肠道排异,4例皮肤排异。

结论 患者行异基因造血干细胞移植联合异体嵌合抗原受体T细胞治疗,监测生命体征,早期识别CRS、ICANS、GVHD不良反应,有效预防感染等综合护理措施,使患者顺利完成治疗。

PO-2984

血液恶性肿瘤患者癌因性疲乏护理的实证研究

常春艳、崔岩

中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 实证研究健康行动过程取向(Health Action Process Approach, HAPA)护理模式在降低血液恶性肿瘤患者癌因性疲乏的临床价值。

方法 选取2023年9月至2024年3月本院收治的60例血液恶性肿瘤患者作为研究对象,使用随机数表法分为实验组和对照组两组,每组各30例。对照组实施血液病常规护理,包括饮食指导、心理护理、日常生活指导等。实验组在对照组基础上采用HAPA护理模式,该模式包括前意向阶段、意向阶段和行动阶段,共干预6周,每周一次。比较两组患者的干预前后癌因性疲乏量表(Cancer Fatigue Scale,CFS)、医院焦虑抑郁量表(Hospital Anxiety and Depression Scale,HADS)及生活质量核心问卷量表(EORTC QLQ-C30)评分变化。

结果 干预前两组的癌因性疲乏、焦虑抑郁及生活质量评分比较,差异无统计学意义($P>0.05$)。干预后实验组患者的生活质量5个功能维度及总分均高于对照组($P<0.05$),干预后实验组患者的焦虑、抑郁评分和癌因性疲乏躯体、情感、认知及总分均低于对照组($P<0.05$),差异均具统计学意义。

结论 HAPA护理模式通过教育、心理支持、锻炼与康复等干预措施,帮助患者建立积极的行为意向,更有利于减轻血液恶性肿瘤患者癌因性疲乏程度,可显著改善患者情绪状态;该模式通过制定个性化的饮食、运动和休息计划,帮助患者建立良好的生活习惯,提高患者的生活质量,在临床上具有较高的应用价值,值得在临床推广。

PO-2985

导尿管的改良式在血小板低且凝血指标异常的应用效果观察

郭苏玲、魏艳荣

解放军总医院第八医学中心

目的 使用导尿管的改良式为解决血液病患者堵管创建了一种快速、简单易行、无创、经济的膀胱血块消除办法。

方法 将2021年2月—2024年2月98例患者随机分为观察组和对照组各49例,观察组使用改良的装置,对照组使用传统的一次性硅胶尿管。将两组患者堵管例数、感染例数、出血和疼痛等并发症情况分别进行统计学处理比较。结果:改良组未发生堵管成功率为100%,7d无再堵管及并发症病例;对照组堵管率为50%,7d堵管及并发症发生30例(61%)。

结果 改良组一次性堵管成功率、7d再堵管率及并发症比较差异有统计学意义($P<0.05$),对照组一次性堵管成功率、7d再堵管率及并发症发生率明显高于改良组($P>0.05$)。

结论 导尿管的改良式可以快速解决血小板低、凝血异常患者堵管现象及其他并发症发生,提高了患者满意度,具有很好的临床使用价值。

PO-2986

冷疗凝血酶冻干粉微填塞技术在白血病患者 难治性鼻出血中的疗效观察

胡丹、杜欣、饶军、冯雪
陆军军医大学第二附属医院全军血液病中心

目的 探讨冷疗凝血酶冻干粉微填塞技术与常规填塞止血在白血病患者难治性鼻出血中的疗效。

方法 回顾性分析 2023 年 1 月-2023 年 12 月我中心收治的白血病伴鼻腔难治性鼻出血的 98 例患者为研究对象,按照治疗方法不同分为观察组和对照组,每组 49 人。观察组采用冷疗凝血酶冻干粉微填塞技术,用 5ml 生理盐水溶解 2000 单位凝血酶冻干粉,将无菌纱布剪成 1x6cm 大小纱布条再放入溶解后的凝血酶冻干粉中(纱布条大小根据患者鼻腔大小决定),再放进-18℃冰箱冰冻 8 分钟,冰冻后的纱布条开始时很硬,以后很快溶化变软,可与鼻腔充分贴合,利用冰冻纱布条的承载性将凝血酶冻干粉溶液均匀地运送至鼻腔进行微填塞,对照组采用常规棉球填塞。观察 2 组临床疗效,止血时间,鼻通气恢复时间,疼痛评分,同时分析失血量及再出血率。

结果 观察组临床总有效率为 97.96%(48/49)高于对照组的 65.30%(32/49)($P<0.05$)。观察组治疗失血量、止血时间、鼻腔通气恢复时间、疼痛评分,鼻出血复发例数均小于对照组($P<0.01$)。治疗后,观察组再出血率及并发症总发生率低于对照组($P<0.05$)。

结论 冷疗凝血酶冻干粉微填塞技术能加速实现血液凝固,从而形成对止血效果的双重保障,以达到在减少填塞物用量的情况下仍可安全、高效地实现鼻腔止血,能有效提高白血病患者难治性鼻出血的临床疗效,降低患者鼻腔手术止血风险,减少患者鼻腔出血量,缩短鼻腔通气时间,降低再出血及并发症发生风险,治疗安全性较高。

PO-2987

2 例成人造血干细胞移植后并发皮肤移植物 抗宿主病Ⅳ度皮肤排异的护理

石爱娟、潘娟
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 为进一步提高异基因造血干细胞移植术后移植物抗宿主病Ⅳ度皮肤损伤的护理质量。

方法 分析在我科行异基因造血干细胞移植术后移植物抗宿主病Ⅳ度皮肤损伤 2 例患者的护理情况。

结果 2 个病例经过我们精心的护理及恰当的治疗,住院治疗时间 55-75 天,均治愈出院,无并发症发生。

结论 采取有效的治疗及护理措施是降低移植相关病死率的关键。

PO-2988

延续性护理对老年慢病患者用药安全及生活质量的影响探究

郭侠
山西白求恩医院(山西医学科学院)

目的 探讨延续性护理对老年慢病患者出院后用药安全及生活质量的影响。

方法 随机选取 2023 年在血液科住院接受治疗后出院的 98 例老年慢性病患者作为研究对象,根据

其住院时间随机分为对照组和研究组, 每组各 49 例。对照组只对患者进行常规住院指导, 出院时仅给予患者出院指导, 出院后不加干预。研究组对患者进行常规住院指导, 出院后实施延续性护理, 定期电话随访。比较两组患者出院后用药依从性、安全性、生活质量、护理满意度。

结果 研究组患者家庭用药依从性、安全性、生活质量、护理满意度均显著高于对照组, 差异均有统计学意义($P<0.05$)。

结论 延续性护理可提高患者出院后用药的依从性、安全性, 提升其生活质量, 使疾病得到不同程度的有效控制, 提升了患者满意度, 延续性护理用于老年慢病患者护理中效果显著, 值得推广应用。

PO-2989

异基因造血干细胞移植前具身体验 360 度知识类短视频的移植患者抑郁情绪和生活质量的研究

吴承萍、兰大华

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨异基因造血干细胞移植前具身体验 360 度知识类短视频的移植患者抑郁情绪和生活质量的影响。

方法 选择 2022 年 6 月--2023 年 12 月在我院确诊血液肿瘤并进行准备行异基因造血干细胞移植的患者 80 例, 按照随机表分为对照组 40 例和实验组 40 例, 对照组采用常规移植前宣教; 实验组实施具身体验 360 度知识类短视频, 2 组于干预前及干预后分别采用汉密尔顿抑郁量表 (HAMD) 和生活质量评价量表 SF-36 进行抑郁情绪和生活质量的评定。

结果 2 组干预前 HAMD 和 SF-36 评分比较, 差异无统计学意义 ($P>0.05$), 实验组干预后 HAMD 评分明显低于干预前评分 [(12.12±3.06)分 vs (19.27±3.56)分, $P<0.01$], 且明显低于对照组 HAMD 评分 [(12.12±3.06)分 vs (16.34±3.02)分, $P<0.01$]; 2 组干预后 SF-36 评分明显高于干预前评分 [(85.16±6.74)分 vs (72.58±7.23)分, $P<0.01$], 且实验组干预后 SF-36 评分高于对照组干预后 SF-36 评分 [(85.16±6.74)分 vs (77.38±5.34)分, $P<0.01$], 差异有统计学意义 ($P<0.01$)。

结论 异基因造血干细胞移植前具身体验 360 度知识类短视频可以缓解移植患者的抑郁情绪, 还能提高生活质量, 值得广泛的推广应用。

PO-2990

复方黄柏液联合德湿银敷料促进白血病患者肛周脓肿及肛瘘术后创面愈合的临床研究

吴承萍、兰大华

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探究复方黄柏液联合德湿银敷料在白血病患者肛周脓肿及肛瘘术后创面愈合促进过程中的临床疗效。

方法 选择 2022 年 1 月至 2024 年 3 月收治的白血病患者并伴有肛周脓肿或 (和) 肛瘘术后患者 40 例作为研究对象。采用随机数字表法分成对照组 (康复新, $n=20$) 和试验组 (复方黄柏液联合德湿银敷料, $n=20$), 比较临床疗效、创面愈合时间, 同时比较创面疼痛、红肿症状评分。

结果 试验组临床疗效比对照组差异有统计学意义 ($P<0.05$), 试验组创面腐肉脱落时间、创面上皮出现时间、创面愈合时间与对照组比较均有明显缩短, 差异有统计学意义 ($P<0.05$)。治疗前两组患者创面疼痛、红肿症状评分比较差异无统计学意义 ($P>0.05$), 治疗后两组患者创面疼痛、红肿症状评分

均明显少于治疗前,差异有统计学意义($P<0.05$)。试验组治疗后创面疼痛、红肿症状评分均少于对照组,差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 复方黄柏液联合德湿银敷料在白血病患者肛周脓肿及肛瘘术后创面愈合治疗中应用,可以促进创面愈合,减轻创面疼痛、红肿症状,提高生活质量。

PO-2991

浅谈个性化心理护理在血液科患者护理中的重要性

王艳玲、余梦婷
成都医学院第一附属医院

目的 研究个性化心理护理在血液科患者护理中的重要性。

方法 将一段时间内同一天入院的血液科患者随机分为观察组及对照组,每组各 40 人,对照组患者行常规临床护理,观察组患者在常规临床护理的基础上进行个性化心理护理,等待患者出院时对观察组及对照组的患者进行心理评估,并对评分结果进行统计分析。

结果 观察组的 40 人出院时心理评分明显高于对照组 40 人的心理评分。

结论 个性化心理护理在血液科患者的护理中具有重要意义,其能改善血液科患者的心理状态,提高血液科患者生活的积极性,改善血液科患者的生活质量。

PO-2992

循证护理预防白血液病经外周静脉穿刺置入中心静脉导管后持续渗血的效果观察

谭倩
中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 本文主要讨论了循证护理预防血液病经外周静脉穿刺植入中心静脉导管后的持续渗血效果观察

方法 随机选取我院从 2020 年 12 月到 2022 年 12 月期间所收治的 40 例血液病患者作为研究对象,采用数字随机计算法划分两组,分别为对照组与实验组。对照组患者 20 例,实验组患者 20 例。其中我院对对照组患者采用一般延续性护理方法,对实验组患者采用一般延续性护理方法,再在该基础上采用循证护理预防方法,护理后对比两组患者的干预后持续渗血情况。

结果 我院对两组患者的循证护理预防后经外周静脉穿刺置入中心静脉导管后的持续渗血效果情况进行对比分析,其中实验组患者置管后渗血情况发生率明显低于对照组,差异显著,具有统计学意义($P<0.05$)。

结论 血液病患者通过循证护理预防,经外周静脉穿刺置入中心静脉导管可以有效减少渗血情况发生,非常值得在临床上广泛推广应用。

PO-2993

1 例白血病移植后复发患者实施临终关怀的体会分析

刘娜

郑州大学第一附属医院

目的 对收治晚期的移植后复发的白血病患者实施临终关怀,对减轻和消除患者精神上 and 肉体上的痛苦起到了积极作用。

方法 2.1 提供舒适护理

2.2 环境安排根据患者生活习惯、性格、爱好,合理布置房间,并适当摆放绿色植物,让房间更人性化并充满自然气息,有利于患者心情舒畅,减轻心理压力。

2.3 日常生活护理尊重患者的自主权,尽可能达到其想要的生活方式,协助寻找最适合的照顾模式,是此阶段的重要护理目标。

2.4 并发症和对症护理晚期患者会出现各种并发症:疼痛、呼吸困难、倦怠、恶心呕吐等。

2.4.1 疼痛护理

2.5 尽量满足患者合理需求

2.6 鼓励患者乐观向上,激发生存愿望

结果 使患者真正感到护理人员在千方百计地为延长她的生命而努力,体现了现代社会的人道主义精神,提高了疗效,延长了生存期。

结论 在临终护理中,医护人员不仅要有过硬的技术本领,还要有一颗真诚、善良的心,能做到急患者之所急,想患者之所想,对待患者要热情而不冷漠,温和而不生硬,亲切而自然,尽最大努力满足他们的最后愿望,帮助他们平静、安详、无憾地度过人生的最后一刻,真正体现临终关怀的价值。

PO-2994

针对初治白血病患者系统性心理护理干预

马园园

郑州大学第一附属医院

目的 深入了解白血病患者在诊断、治疗、康复过程中的真实心理感受及需求,为临床护理人员对患者进行优质心理护理提供参考。

方法 以访谈形式对 6 例白血病患者进行深度访问,将获得的资料运用 Colaizzi 分析法进行分析、整理,提出主题。

结果 白血病患者情绪反应强烈,由最初的震惊、否认和绝望逐渐转变为平静、理性地接受自己患病事实;其获得疾病治疗相关信息的愿望强烈,对医疗护理水平及经济援助方面的需求较高;而其在治疗过程中承受的压力较大,自我概念的改变使其社会过应力降低。

结论 在常规治疗护理白血病患者时,应关注患者的身心健康,提供医疗、信息、情感支持,提供经济支援途径,以减轻患者心理反应,提高其生活质量。

PO-2995

循证护理对淋巴瘤化疗患者生活质量 和心理情绪的影响评价

张志红
安徽医科大学第一附属医院

目的 探究循证护理应用于淋巴瘤化疗患者后, 对患者的生活质量和心理情绪的影响情况。

方法 研究对象来源于我科 2022 年 1 月~2022 年 7 月接受化疗的 61 例淋巴瘤患者, 采用随机数字分组法分成两组, 常规护理的患者定义为对照组, 纳入 30 例, 循证护理的患者定义为干预组, 纳入 31 例, 针对两组患者心理情绪评分、生活质量评分及对整体护理的满意程度进行综合分析。纳入标准: ①入组所有患者均已确诊为淋巴瘤且符合临床特征, ②处于化疗阶段, ③患者与家属知情同意, ④神志清楚, 能够正常沟通。排除标准: ①拒绝参加实验, ②处于随访阶段的惰性淋巴瘤患者, ③终末期患者, ④精神及行为异常, 沟通障碍。

结果 干预组在汉密尔顿焦虑量表 (HAMA) 评分与汉密尔顿抑郁量表 (HAMD) 评分方面对比对照组下降更明显, 在各项生活质量方面评分均高于对照组, 对整体护理的满意程度明显优于对照组, $P<0.05$, 组间数值符合统计学意义。

结论 循证护理应用于淋巴瘤化疗患者的护理中能调节其焦虑、抑郁等不良情绪, 促使患者的生活质量有所提升, 取得令患者满意的护理效果, 可在临床广泛应用。

PO-2996

互动式患者参与在造血干细胞移植术后康复中的研究进展

陈舒柳
山西白求恩医院 (山西医学科学院)

目的 探讨互动式患者参与造血干细胞移植术后康复中的应用研究。旨在为造血干细胞移植患者术后的院内院外护理提供指导意义, 同时为未来开展造血干细胞移植术后康复护理提供理论和实践参考依据。

方法 选择血液内科病区行造血干细胞移植的患者作为研究对象。严格按照纳排标准筛选, 最终纳入符合要求的研究对象 50 例。将研究对象随机分组, 对照组和试验组各 25 人。对照组患者接受术后常规护理及出院随访, 试验组患者采取术后常规护理+互动式参与(包括住院期间以及出院后的相关护理), 评估患者的术后康复情况、生活质量及其对医护人员满意度状况。

结果 试验组的术后康复情况、生活质量及其对医护人员满意度状况明显高于对照组($P<0.05$)。

结论 互动式患者参与可促进造血干细胞移植患者术后机体的康复, 有效缓解患者的负性情绪, 缩短住院时间, 提高患者日常活动自理能力, 同时提升其生存质量及满意度。

PO-2997

**集束化干预对预防移植患者耐高压双 PICC 置管后
并发机械性静脉炎及疼痛应用**

乔娟琼、刘艳、周芮
中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 探讨集束化干预对预防耐高压双腔 PICC 置管后并发机械性静脉炎及疼痛的预防作用。

方法 选取 2019 年 12 月-2020 年 6 月集束化策略干预前耐高压双腔 PICC 造血干细胞移植患者 46 例，2020 年 7 月-2021 年 1 月开展集束化策略，金黄散敷贴干预后耐高压双腔 PICC 造血干细胞移植患者 48 例，比较集束化干预前后耐高压双腔 PICC 后并发机械性静脉炎及疼痛发生率差异。

结果 观察组静脉炎发生率（0.41）显著低于对照组（26.0），差异显著 $P < 0.05$ 。对照组置管后静脉炎期间 VAS 疼痛评分为（8.25±0.28）分，观察组为（3.54±0.71）分，组间差异 $P < 0.05$ 。

结论 实施集束化干预策略能减少耐高压双腔 PICC 置管后并发机械性静脉炎及疼痛的发生，有助于耐高压双腔 PICC 使用安全性。

PO-2998

1 例急性白血病经同一血管重复 CVC 置管后发生感染伴血栓形成的护理体会

景婷

成都医学院第一附属医院

目的 总结 1 例急性白血病患者经右侧颈内静脉重复置管发生感染伴深静脉血栓形成的原因分析及护理对策。

方法 对该患者此次血栓形成的风险因素进行分析，包括急性白血病疾病本身、血红蛋白水平低、D-二聚体高、反复化疗、重组人粒细胞刺激因子的使用、经同一血管第 4 次重复置管等多因素综合导致，各因素之间相互影响、互相叠加。护理方面：从导管处理、用药护理、血栓形成后的护理、出院后的延续性护理 4 个方面综合护理。在整个治疗过程中，我们始终坚持医护患一体化工作模式，做好出院后的延续护理服务，根据患者的症状，通过查阅文献、咨询专家意见等，权衡利弊，不断调整治疗方案，同时做好患者的心理疏导工作，使得患者能够积极地面对疾病，同时也取得了不错的疗效。因此，在置管前要全面充分评估并发症的高危因素，置管后，对存在高危因素病人要积极采取针对性的综合预防措施，加强病情观察。一旦深静脉血栓形成，我们应根据个体化差异采取相应的护理措施，不断调整治疗方案。

结果 依诺肝素全身抗凝，辅以多磺酸粘多糖乳膏局部抗血栓，二者结合取得不错的临床效果。复方多粘菌素 B 软膏抗感染效果更突出。经过积极的治疗，最终控制了感染和血栓症状。

结论 最终得出结论为：对比实体肿瘤，血液肿瘤患者在使用中心静脉置管时更易形成静脉血栓。在置管前要全面充分评估并发症的高危因素。虽然目前未见有关经同一静脉再次置管的安全时间间隔的报道，但考虑到该病人多种高风险因素，在患者下一次入院化疗置管时应尽量避免选择同一血管。置管后，对存在高危因素病人要积极采取针对性的综合预防措施，加强病情观察。一旦深静脉血栓形成，我们应根据个体化差异采取相应的护理措施，不断调整治疗方案。依诺肝素全身抗凝，辅以多磺酸粘多糖乳膏局部抗血栓，二者结合取得不错的临床效果。复方多粘菌素 B 软膏抗感染效果更突出。

PO-2999

提升成人造血干细胞移植患者营养管理质量的探讨

张志娟

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 探讨提升成人造血干细胞移植患者营养管理质量的有效措施。

方法 选择 2018 年 1 月至 2019 年 10 月期间在本院行造血干细胞移植的 52 例成人患者，根据其营养管理模式分为强化组（26 例）和常规组（26 例）。常规组患者实施常规营养管理；强化组在常

规组基础上增加强化营养质量管理措施，对比两组干预后营养状况。

结果 强化组化疗期间（11.54%）、移植后营养不良发生率（26.92%）及总发生率（38.46%）均显著低于常规组（38.46%、53.85%、92.31%），差异具有统计学意义（ $p < 0.05$ ）。

结论 成人造血干细胞移植期间及时进行营养筛查与评估，采取强化性的营养管理措施，可有效降低营养不良发生率，有助于降低不良预后风险。

PO-3000

口腔低温氧气吹拂法在急性白血病患者 化疗后口腔黏膜炎中的应用

张英
绍兴市人民医院

目的 观察口腔低温氧气吹拂法在急性白血病患者化疗后口腔黏膜炎中的应用效果，旨在为血液恶性肿瘤患者化疗后口腔黏膜炎的干预提供依据。

方法 采用便利抽样法，选取 2023 年 1 月—2023 年 12 月在本院血液科急性白血病化疗患者 120 例，随机将患者分为对照组与试验组，各 60 例。由研究小组成员对研究对象进行健康指导，对照组进行常规口腔护理，试验组进行常规口腔护理外，加用低温氧气吹拂法，比较分析两组患者口腔黏膜炎发生情况、口腔溃疡的严重程度及合并感染的发生情况。

结果 最终共 114 例患者完成研究，对照组 58 例，试验组 56 例。两组患者口腔黏膜炎发生率试验组低于对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；口腔黏膜炎的严重程度及合并感染的检出率试验组低于对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；

结论 口腔低温氧气吹拂法能降低急性白血病患者化疗后口腔黏膜炎的发生，减轻口腔黏膜炎的严重程度，减少感染的发生，值得临床推广。

PO-3001

三级预防护理联合干细胞上清液漱口对恶性血液病患者 化疗期间口腔黏膜的干预效果

宗雪莲、刘慧萍
中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 探讨恶性血液病患者化疗期间口腔黏膜应用三级预防护理联合干细胞上清液漱口干预的临床效果。

方法 选择 2021 年 3 月至 2022 年 10 月在本院收治的恶性血液病患者 106 例参与研究，所有患者均进行化学药物进行治疗。根据随机数字法将其分为研究组（ $n=53$ ）与对照组（ $n=53$ ）。对照组采用常规护理联合干细胞上清液漱口进行干预，研究组采用三级预防护理联合干细胞上清液漱口干预。比较 2 组治疗前后口腔黏膜炎的发生、真菌感染、下呼吸道真菌感染情况，并对 2 组化疗前、化疗后 3 天、化疗结束当天和化疗 14 天后的疼痛、口腔、生活质量的影响。

结果 对照组口腔黏膜发生 0 级 40 例（75.47%），I 级 8 例（15.09%），II 级 3 例（5.66%），III 级 2 例（3.77%），IV 级 0 例；研究组口腔黏膜发生 0 级 50 例（94.34%），I 级 3 例（5.66%），II 级、III 级、IV 级各 0 例，对照组发生口腔黏膜的发生率高于研究组，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；对照组引发口腔真菌感染 14 例（26.42%），下呼吸真菌感染 12 例（22.64%）；研究组引发口腔真菌感染 4 例（7.55%），下呼吸真菌感染 3 例（5.66%），对照组

引发口腔真菌感染和下呼吸真菌感染发生率高于研究组，差异具有统计意义 ($P < 0.05$)；对照组在化疗 3 天、化疗结束当天、化疗 14 天后的 VAS 评分高于研究组 ($P < 0.05$)；对照组在化疗 3 天、化疗结束当天、化疗 14 天后的口腔情况评分高于研究组 ($P < 0.05$)；对照组在化疗 3 天、化疗结束当天、化疗 14 天后的口腔生活质量高于研究组 ($P < 0.05$)。

结论 在恶性血液病患者的化疗中，使用三级预防护理模式联合干细胞上清液漱口，对患者的口腔黏膜炎的发病率、疼痛感具有一定的改善作用，能提高患者的口腔状况和相关生活质量。

PO-3002

如何从透析护理上改善尿毒症患者生活质量

蒋密
成都市第六人民医院

目的 血液透析护理能够提升尿毒症患者的生活质量

方法 选折我科室 2024 年 4 月及之前在我院透析的总患者人数共计 120 人尿毒症血液透析患者，按照是否规律透析分成 A.B.两组，每组 60 人进行对比，观察组男 80 人，女 40 人。平均年龄 56.5~68 岁

结果 一般资料对比后显示 $P > 0.05$ OA 组并未规律透析，B 组患者均规透析，对比两组 PTH,营养指标 WHO/QOL-26 生命质量评分，规律透析的观察组 B 组 ABL.PA.HB 及生命质量评分提升情况显著高于对照组。

结论 规律透析的患者，能够显著改善尿毒症血液透析的营养状态，提升生命质量。

PO-3003

“互联网+”4C 延续护理对造血干细胞移植出舱患者负性情绪及自我效能的影响研究

庞颖颖
郑州大学第一附属医院

目的 研究“互联网+”4C 延续护理对造血干细胞移植患者负性情绪及自我效能的影响

方法 选取 2023 年 1 月-2023 年 6 月在我中心行造血干细胞移植的患者 94 例，将其随机分为对照组(n=42)和干预组(n=42)，对照组采用出院健康宣教、发放纸质宣教册等，干预组在对照组基础上通过网络微信平台开展“互联网+”4C 延续护理，干预前及干预 3 个月后,采用汉密尔顿焦虑量表(HAMA)和汉密尔顿抑郁量表(HAMD)评估两组患者焦虑、抑郁水平，采用自我护理能力测定量表评估患者的自我护理能力。

结果 “互联网+”4C 延续护理干预 3 个月后，观察组 HAMA 和 HAMD 评分明显低于对照组，差异有统计学意义($P < 0.05$)；观察组出舱后自我效能水平平均高于对照组,差异有统计学意义($P < 0.05$)。

结论 “互联网+”4C 延续护理可有效改善造血干细胞移植出舱患者负性情绪，提高造血干细胞移植出舱患者的自我效能感水平，提高其生活质量和护理满意度，值得进一步推广。

PO-3004

一例异基因造血干细胞移植术后患儿并发肠道移植物抗宿主病联合输注脐带间充质干细胞（MSC）的护理

刘娜、王丽娟、胡伟
北京大学人民医院

目的 总结一例范可尼贫血导致的骨髓衰竭患者，经行异基因造血干细胞移植术后，并发急性肠道移植物抗宿主病 IV 级的护理。

方法 给予患者口腔护理、预防感染的护理、MSC 输注护理、肛周皮肤护理、营养支持护理、心理等护理措施。

结果 患者+141d（天）精神状态良好，生命体征平稳，进食能力正常，住院期间 BMI 维持在 13kg/m²，肠道移植物抗宿主病 IV 级得到缓解成功出院。

结论 通过本次实践证明该方法对急性肠道移植物抗宿主病具有有效的临床应用价值。

PO-3005

造血干细胞移植术后患者体能恢复现状及影响因素研究

胡伟
北京大学人民医院

目的 研究造血干细胞移植（HSCT）后患者体能恢复的现状，分析其影响因素，为制定造血干细胞移植后患者身体康复计划和干预措施提供依据。

方法 选取北京大学血液病研究所门诊及住院部规律随访治疗的患者，通过方便抽样法抽样 106 例造血干细胞移植术后患者为研究对象，使用自设问题、医院焦虑抑郁量表、恐动症评估简表、国际体力活动问卷简表对患者进行评估

结果 本研究 61 例（57.55%）HSCT 术后患者体能恢复不足，34 例（32.08%）HSCT 术后患者体能恢复适中，11 例（10.38%）HSCT 术后患者体能恢复活跃。有序多分类 Logistic 回归分析显示：血红蛋白值、运动恐惧使 HSCT 术后患者体能恢复的影响因素（ $P < 0.05$ ）

结论 HSCT 术后患者体能恢复水平较低，有待提高，建议根据影响因素对患者提出更适宜、更个性化的康复运动计划，提高对体力活动的参与的和计划的依从性，从而提高患者体能恢复水平。

PO-3006

Nursing management of a case presenting with reactivation of SARS-COV-2 concurrent with fungal haemophilic lymphohistiocytosis.

Na An, Ailing Wei, Qiong Liu, Na An
940th Hospital, Joint Logistic Support Force

Objective This study focused on a case of hemophilic lymphohistiocytosis after SARS-CoV-2 infection, focusing on the correlation between the reactivation of the disease and the basic characteristics of the virus and its influence on the mechanism of fungal infection.

Methods The characteristics, clinical manifestations and diagnostic procedures of hemophilic

lymphohistiocytosis were analyzed in detail, and the corresponding nursing strategies were proposed. At the same time, the practical effects of these nursing measures were evaluated.

Results The highlight of this study is to reveal the potential association between SARS-CoV-2 and secondary fungal infection, and the important role of targeted nursing measures in disease control and improvement of patient outcomes.

Conclusion The results of case review and nursing intervention show that fine individualized nursing has positive significance for improving patients' quality of life and promoting disease management.

PO-3007

血浆置换的时机对发热伴血小板减少综合征合并噬血细胞综合征的护理措施与疗效观察。

刘海叶¹、苏梅芳¹、吴耀辉²、胡俊斌²

1. 黄冈市中心医院(原:黄州区第一医院)

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 探讨血浆置换的治疗对发热伴血小板减少综合征(SFTS)合并噬血细胞综合征(HLH)患者的护理措施及对疗效影响。

方法 对比2例血浆置换的SFTS合并HLH患者与3例未行血浆置换的SFTS合并HLH患者的临床症状与实验室与检查特征(血常规、肝肾功能、凝血功能、铁蛋白测定以及血清病毒核酸检测和炎症因子水平测定等)。

结果 综合评估病情后2例及时行血浆置换的患者置换后肝肾功能、铁蛋白测定等呈下降趋势,血常规中白细胞计数、血小板计数、中性粒细胞数趋于正常,症状好转。3例未行血浆置换治疗的患者在住院观察期间未见指标呈波动状态或好转状态,症状也无自发好转。

结论 血浆置换在某些类型的HLH中显示出积极的治疗效果,但在SFTS合并HLH的治疗中,其应用仍然处于探索阶段。因此护理在进行此操作时需要密切监测生命体征和病情变化,及时发现并处理异常情况。同时,发热伴血小板减少综合征是我国2009年发现的新发病毒性传染病,而人群是普遍易感,所以护士在落实此类的患者护理时尤其需注意个人防护,避免职业暴露和感染风险。

PO-3008

基于根因分析法的预见性防范管理在血液肿瘤并发感知觉障碍引起药物外渗的效果观察

全晓荣、白燕妮

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 研究基于根因分析法的预见性管理在血液肿瘤并发感知觉障碍引起药物外渗中的效果观察。

方法 选取我院2018年01月至2022年4月收治的120例感知觉障碍的血液肿瘤患者为研究对象,将研究对象分为对照组与观察组各60例;对照组采用常规护理模式,观察组在对照组的基础上采用根因分析护理模式,调查两组研究对象住院期间患者外渗发生率、置管率及满意度。

结果 观察组患者外渗发生率(1.7%)明显低于对照组(20%),观察组患者置管率(38.3%)明显高于对照组(15.0%),观察组患者满意度(99.5%)明显高于对照组(95.0%),差异具有统计学意义($P<0.05$)。

结论 基于根因分析法的预见性防范管理对感知觉障碍的血液肿瘤患者制定一系列安全输注的防预

措施,使用输液评估表评估患者药物外渗发生的风险,推荐感知觉下降患者行深静脉置管,选取更加安全的输液工具,对不具备行深静脉置管患者,签署外周静脉输液外渗告知书,在风险告知的同时,增加预防及干预措施,综上所述措施实施后显著降低患者外渗发生率,提高深静脉置管率及患者满意度同时增强了医护协作精神、促进医护团队的脑力开发、提高了与患者及辅诊部门沟通协调能力,增加集体荣誉感,体现自身价值,使工作责任心、创新性与凝聚力均得到提高,推进了护理质量的持续改进。

PO-3009

一例外周 T 细胞淋巴瘤合并气管切开患者的临终照护

全晓荣

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 回顾性总结分析 1 例外周 T 细胞淋巴瘤颈部巨大包块患者在经历肿瘤细胞溶解综合征、噬血细胞综合征、心脏衰竭、呼吸衰竭、低蛋白血症、大量心包及胸腔积液等并发症,经专科护理、化疗、放疗、气管切开、插管,呼吸机辅助呼吸、多学科联合诊疗等治疗护理基础上、针对患者疾病进展对其在面临死亡时给予个性化护理,进行全方位的照护,提高患者终末期生活质量,减轻患者及家属临终恐惧、忧郁、悲伤心理,使患者能平静面对死亡,有尊严的逝世。

方法 回顾患者治疗护理全过程,针对患者疾病凶险,预后差,患者和家属预感性悲哀,心理压力过大采取灵性关爱,共享决策,哀伤辅导,死亡教育等方式,在生命的最后时光鼓励患者执行人生最后的道谢、道爱、道歉、道别的“四道”需求,使患者从容面对死亡,正确认识死亡,减轻对死亡的恐惧。

结果 在常规治疗护理基础上,经过专科护理,综合护理干预,心灵照护,临终关怀,减轻患者痛苦,减轻家属伤痛,共同陪伴患者安详,平静,有尊严的离世。

结论 不是所有患者都能在经过有效治疗和精心护理后最终痊愈,特别是恶性肿瘤患者,他们往往在经受疾病的各种折磨后不幸离世,在患者生命的最后时光里,除了细致、专业的护理操作之外更需要护理人员投入更多的关怀和耐心,将人文关怀临终护理运用到患者临终护理中,提升患者舒适感与生活质量,减轻患者痛苦,减轻家属伤痛,同家属共同陪伴患者走完人生最后旅程。

PO-3010

CINV 全程管理在淋巴瘤患者化疗的中应用

安娜、魏爱玲、侯舒严

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 CINV 全程管理将不断优化和改进治疗流程,让医、护、患三方重视止吐规范化化疗,提高止吐规范化治疗水平,保障完成全程治疗。让更多的患者不会因为呕吐终止化疗,获得更多的生存获益,提高生活质量,科普宣教止吐知识,推动肿瘤姑息与止吐治疗。

方法 淋巴瘤已成为发病率增长最快的恶性血液系统肿瘤之一。初治患者完成 1 次全程治疗通常需要接受至少 6 个周期的化疗,由于多种原因,患者住院化疗时间通常为 3~5 d,化疗间歇期为 2 周,治疗期间患者存在明显的症状负担,缺乏系统随访及症状干预指导,严重影响生活质量。淋巴瘤兼具慢性病和肿瘤两个特征,因此给予全程管理尤为重要。根据临床流程对化疗前、化疗中、化疗后、化疗间隙期对 CINV 的全程管理,可有效减少和控制患者 CINV 的发生。采用通俗易懂、形式活泼的宣教会精准宣教,讲解了防治恶心、呕吐的药物治疗、饮食要点和护理对策,不同类别的止吐药物可以联合应用。患者在开始肿瘤治疗前先要做出全面评估,包括患者的疾病情况、身体

状况、心理状态、具体的肿瘤治疗方案等，在全面评估的基础上，为患者制定个体化的止吐方案，注重患者的全程管理。

结果 切实提高化疗患者对恶心呕吐的认识，帮助患者解决恶心呕吐所带来的痛苦，增强患者战胜肿瘤的信心，结合最新治疗理念及技术，合理规范用药，对肿瘤患者化疗进行全程管理，真正实现化疗无呕，让患者轻松完成治疗。

结论 CINV 全程管理在淋巴瘤患者中可以有效减少恶心呕吐，提高化疗依存性。CINV 全程管理则是淋巴瘤患者疗效及预后的有力保障。

PO-3011

白血病终末期患者实施安宁疗护研究

安娜、魏爱玲、刘琼

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 分析安宁疗护干预对白血病终末期患者的临床效果。

方法 选择我院在 2022 年 1 月-2023 年 11 月期间收治的 60 白血病终末期患者作为研究对象，使用抽签法平均分为对照组和干预组，每组 30 例，对照组采用常规护理模式，及干预组采取安宁疗护干预。对比两组患者的生活质量、护理满意度以及心理状态情况。

结果 两组患者护理前后的生活质量、满意度指标、心理状态差异明显 ($P<0.05$)，有统计学意义。

结论 安宁疗护干预能够有效提高白血病终末期患者临床护理效果，改善其生活质量、满意度以及心理状态，值得在临床护理中进行广泛的推广。

PO-3012

KTH 整合护理用于恶性淋巴瘤患者化疗期间 对患者负性情绪及心理弹性的影响

杜雪、白燕妮

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 分析 KTH 整合护理用于恶性淋巴瘤患者化疗期间对患者负性情绪及心理弹性的影响。

方法 选择 2022 年 5 月~2023 年 5 月在我院接受治疗的 90 例恶性淋巴瘤患者，随机数字表法分为观察组及对照组，各 45 例。对照组给予常规护理，观察组在对照组基础上给予 KTH 整合护理干预，KTH 整合护理是一种将知信行模式 (K)、跨理论模式 (T) 及健康信念模式 (H) 三种现代护理模式相结合的新型健康干预模式，通过多方位、针对性的干预措施，提高患者治疗积极性，进而提高治疗效果。干预 1 个月后比较两组干预前后负性情绪评分、心理弹性评分 (CD-RISC)、生活质量、自我效能评分。

结果 干预后两组负性情绪评分均降低，观察组负性情绪评分低于对照组 ($P<0.05$)；干预后两组心理弹性评分上升，观察组心理弹性评分高于对照组 ($P<0.05$)；干预后两组生活质量上升，观察组生活质量评分高于对照组 ($P<0.05$)；干预后两组自我效能各项评分均上升，观察组自我效能各项评分高于对照组 ($P<0.05$)。

结论 KTH 整合护理可明显降低恶性淋巴瘤患者化疗期间的抑郁、焦虑情绪，提高其心理弹性、生活质量及自我效能，为提高患者治疗效果提供有利条件。

PO-3013

个案管理的延伸护理服务对慢性粒细胞白血病患者自我管理能力及生活质量的影响

安娜

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 慢性粒细胞白血病（CML）是一种常见的血液系统恶性肿瘤，患者需要进行长期的治疗和管理。在过去的研究中，个案管理被认为是一种有效的护理模式，可以提高患者的自我管理能力和生活质量。然而，延伸护理服务作为个案管理的一种延伸，其在 CML 患者中的作用和效果尚未得到充分研究和探讨。本研究旨在探讨延伸护理服务对 CML 患者自我管理能力及生活质量的影响。

方法 通过对延伸护理服务在个案管理中的应用进行临床实践，研究人员观察到了一系列积极的结果。

结果 延伸护理服务可以有效提高患者对疾病的认知水平，帮助他们更好地理解疾病的发展和治疗方案。增强患者的自我管理能力和自我管理能力，使他们能够更好地控制疾病的进展和管理治疗过程。此外，延伸护理服务还能够改善患者的生活质量，减轻他们的身心负担，提高生活的幸福感和满意度。通过定期的护理评估、个性化的护理计划制定和持续的护理指导，可以更好地满足患者的个性化护理需求，提高护理的针对性和有效性。此外，护士作为延伸护理服务的主要实施者，也需要具备较高的专业素养和护理技能，以确保服务的质量和效果。

结论 延伸护理服务对 CML 患者的自我管理能力及生活质量具有积极的影响。未来的研究可以进一步探讨延伸护理服务的具体实施方式和效果评价方法，为该护理模式在临床实践中的推广和应用提供更多的依据。同时，也需要重视护士的培训和团队合作，加强护理服务的质量管理和持续改进，以更好地服务于 CML 患者的护理需求，提高他们的生活质量和健康水平。

PO-3014

淋巴瘤化疗患者应用优质护理服务的价值探析

侯舒严、杨婷、魏爱玲

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 讨论淋巴瘤化疗患者应用优质护理服务的价值。

方法 选择我院 2022 年 4 月至 2023 年 4 月收治的淋巴瘤化疗患者 40 例进行随机分组，20 例对照组接受常规护理，20 例研究组施以优质护理服务，观察干预结果。

结果 研究组的化疗不良反应率(5.00%)低于对照组(30.00%)， $P < 0.05$ 。研究组的舒适度评分高于对照组， $P < 0.05$ 。

结论 优质护理模式可提高整体舒适度，降低化疗不良反应率。

PO-3015

音乐疗法联合理性情绪疗法对恶性血液病患者化疗后不良情绪和生活质量的影响

杜雪、白燕妮

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 探讨音乐疗法联合理性情绪疗法对恶性血液病患者化疗后不良情绪和生活质量的影响。

方法 选取 2023 年 6 月至 2023 年 12 月本院收治的 90 例恶性血液病化疗患者作为研究对象，按照随机数字表法分为研究组与对照组，各 45 例。根据干预管理方案不同将患者分为对照组（n=45，行常规护理干预）和研究组（n=45，在常规护理干预基础上行音乐疗法联合理性情绪疗法干预）。比较两组患者干预前后焦虑自评量表（SAS）和抑郁自评量表（SDS）评分，采用世界卫生组织生存质量测定量表简表（WHOQOL-BREF）评估患者干预前后生活质量状态，以 Morisky 量表评估患者治疗依从性。

结果 观察组患者化疗不良反应较对照组显著减轻，并发症发生率较对照组显著降低（ $P<0.05$ ）。干预后观察组抑郁自评量表（SDS）和焦虑自评量表（SAS）评分低于对照组，世界卫生组织生存质量测定量表简表（WHOQOL-BREF）各项评分高于对照组（ $P<0.05$ ）。干预后观察组患者治疗依从性优于对照组（ $P<0.05$ ）。

结论 音乐疗法联合理性情绪疗法有助于提高患者治疗依从性，纠正不良情绪，减少化疗不良反应，改善患者生活质量，具有较高临床应用价值。

PO-3016

将集束化护理如何应用于贫血患者的跌倒中

景莹

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 如何更好的将集束化护理应用于贫血患者跌倒护理中。

方法 收集贫血患者共 20 例，通过区组随机化分为对照组（10 例）和观察组（10 例），对照组接常规跌倒护理，观察组行集束化预防跌倒护理，从跌倒的健康宣教内容、护理措施以及陪护等内容进行。

结果 应用适合贫血患者跌倒风险评估，重视高危患者动态评估，加强患者健康宣教，重视陪护、病情变化及措施的运用，强化效果评价。

结论 进行全面评估、重点管理，可防范贫血患者跌倒事件的发生。

PO-3017

互联网健康平台在淋巴瘤患者健康教育中的应用

李雪娇、魏爱玲、席婧菲、魏丽霞

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 研讨淋巴瘤患者对其采取互联网健康平台健康教育的应用价值。

方法 研究纳入了在 2022 年 11 月至 2023 年 11 月时间段内，自行前往我院的淋巴瘤患者，共计有 70 例，分组方式为抽签法，各 35 例，对比组实行常规护理，干预组实行互联网健康平台健康教育，

干预组与对比组的护理前后知信行评分实施组间对照。

结果 淋巴瘤患者护理前知信行评分 P 值 >0.05 , 无差异。干预组淋巴瘤患者护理后知识、信念、行为评分高于对比组患者, $P < 0.05$, 有差异。

结论 随着互联网技术的快速发展, 互联网健康平台在全球范围内迅速兴起和普及, 这些平台通过提供健康资讯、在线咨询、健康管理等功能, 为用户提供了更便捷、更个性化的健康服务[5]。患者可以通过互联网健康平台获取医疗知识、寻找医疗资源、进行在线交流等, 极大地方便了人们的健康管理。本研究针对淋巴瘤患者对其采取互联网健康平台健康教育, 结果显示, 淋巴瘤患者护理前知信行评分无差异, 干预组淋巴瘤患者护理后知识、信念、行为评分高于对比组患者。通过阅读文章、观看视频等方式, 患者可以获取更多关于淋巴瘤的知识, 包括病因、症状、诊断、治疗等方面的信息, 有助于患者对疾病有更全面、深入的了解, 提升其对疾病的认知水平。通过参与讨论、在线咨询等方式, 患者可以与其他患者或医疗专家进行交流, 分享经验、获取支持和建议, 能够强化患者对治疗方案的信心, 增强其积极应对疾病的信念。互联网健康平台可以帮助患者建立良好的健康管理习惯, 如记录健康数据、参与健康活动等, 通过这些行为, 患者可以更好地管理自己的健康状况, 提高治疗效果和生活质量。

PO-3018

护理干预对血液病科患者生活质量的影响研究

李雪娇、魏爱玲、席婧菲、魏丽霞、邹彩祖
中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 血液病科患者的生活质量受到多方面因素的影响, 其中护理干预是一个重要的环节。本文主要研究护理干预对血液病科患者生活质量的影响。

方法 选取某三级甲等医院血液病科患者为研究对象, 采用分层随机抽样的方式, 抽取近一年内入院治疗的血液病患者 200 例, 作为研究样本。数据收集主要通过患者的病历和相关的护理文档, 结合问卷调查的方式, 获取患者的基本情况、疾病状况、护理干预情况以及生活质量等信息。使用世卫组织的工具评估血液病患者的生活质量。共 26 项指标分为四个领域评分, 总分高表示生活质量好。每个患者在接受常规护理和干预后进行两次评估[7]。用 SPSS 进行数据分析, 包括描述性统计和差异性分析。研究旨在了解现状, 评估干预效果, 为护理提供建议[8]。通过这样的方法, 提升患者生活质量和医疗服务质量, 帮助更多患者获得专业护理。

结果 在所选取的血液病科患者样本中, 进行护理干预实验, 经过一段时间的观察及数据收集和分

析, 研究结果十分明显, 显示护理干预对于血液病患者的生活质量具有显著的提升作用。
结论 经过护理干预, 患者的生活质量得到了明显的提高, 语言能力、日常生活活动能力、心理健康状况, 都有不同程度的改善。其中, 心理健康改善最为明显, 这可能与护理干预中的心理疏导环节有关。本研究表明, 针对血液病科患者的生活质量问题, 护理干预是一种有效的改善途径。此研究结果为临床护理实践提供了有益的参考, 有助于进一步提升血液病科患者的生活质量, 改善其疾病状况。

PO-3019

1 例手臂输液港置管后血栓形成原因分析及预防

刘琼、安娜
中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 1 例手臂输液港置管后血栓形成的原因分析及预防, 我科 2021 年收治的因为治疗需求已经安

置了输液港患者，置管侧上肢肿胀加剧，彩超检查示置管侧肱静脉至腋静脉、右侧锁骨下静脉形成大面积血栓。

方法 本文通过临床资料，相关讨论，对输液港置管后血栓形成的危险因素加以分析,最后得出血栓形成的原因。

结果 指导临床护理工作针对性的给予血栓形成前的干预，避免静脉血栓的发生，并探讨相应的预防措施。

结论 癌症化疗患者完全植入性静脉输液港血栓形成概率较大,如果治疗过程中将其作为主要的静脉通路时需给予对应的预防及监督措施,提升使用安全性,确保患者化疗顺利进行。

PO-3020

基于罗伊适应模式下构建血液肿瘤患者生活功能筛查表的应用探索

魏爱玲、邹彩祖

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 研究探索基于罗伊适应模式下构建设计的针对血液病恶性肿瘤患者生活功能筛查表的应用效果。

方法 选取本院 2022 年 10 月至 2023 年 10 月的 148 例明确诊断为血液病恶性肿瘤患者，抽签随机分为对照组和观察组，每组 79 例，对照组给予常规入院治疗护理宣教，观察组以罗伊适应模式为引导[1]，应用血液病恶性肿瘤患者生活功能筛查表所体现出来的弱点，制定针对性的个案护理方式进行住院期间全程护理措施和宣教重点以及心理疏导，邀请家属全程参与，观察患者家属满意度和生活质量提高度。

结果 观察组患者的生活质量、满意度、自理能力、疾病心理接受程度明显高于对照组。差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 将基于罗伊适应模式下构建设计的针对血液病恶性肿瘤患者生活功能筛查表应用于血液病恶性肿瘤患者能够提高患者家属满意度和生活质量、自理能力减轻护士基础护理工作量。

PO-3021

慢性疾病轨迹模式应用于多发性骨髓瘤患者的全程管理效果观察

魏爱玲、邹彩祖、刘琼、李雪娇、景莹

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 分析慢性疾病轨迹模式护理对多发性骨髓瘤患者全程管理效果观察。

方法 将 2022 年 10 月～2024 年 3 月我院接受治疗的多发性骨髓瘤患者 60 例，采用随机数字表法分为两组，每组各 30 例。对照组采用一般护理，观察组在对照组基础上给予慢性疾病轨迹模式护理。比较两组患者治疗的依从性、生活质量评分。

结果 干预后治疗依从性，观察组 90%（27/30），对照组 70%（21/30）差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；干预后，两组社会功能、心理功能、物质功能及物体功能评分均高于干预前，且观察组高于对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 多发性骨髓瘤患者给予慢性疾病轨迹模式护理可大大提高患者的依从性，改善生活质量。

PO-3022

个性化护理对缓解造血干细胞移植患者焦虑心理的影响

蒋丽娟

中国人民解放军西部战区总医院

目的 造血干细胞移植（HSCT）是一种治疗恶性血液病、遗传性疾病及恶性肿瘤等严重疾病的有效手段。然而，患者在移植过程中常面临极大的心理压力，特别是焦虑心理，这不仅影响患者的生活质量，还可能对治疗效果产生负面影响。个性化护理作为一种针对性强、适应患者个体差异的护理方式，已被证实在缓解 HSCT 患者焦虑心理方面具有显著效果

方法 本研究选取了 2022 年 1 月至 11 月期间我院层流病房接受 HSCT 的 40 例患者作为研究对象。根据随机数字表法，将患者分为对照组和试验组，每组 20 例。对照组接受常规护理，而试验组在常规护理基础上接受个性化心理护理干预。通过评估两组患者在接受护理前后的焦虑水平和满意度得分，对比分析个性化护理干预的效果

结果 实验结果显示，试验组在接受个性化护理干预后，焦虑水平得分显著低于对照组，且焦虑水平减分率明显高于对照组。同时，试验组的满意度得分也显著高于对照组，表明个性化护理能有效降低 HSCT 患者的焦虑水平，并提升患者的满意度。

结论 个性化护理通过评估患者个体的心理状态，制定针对性的心理干预计划，能有效缓解 HSCT 患者的焦虑心理。此外，个性化护理还包括疾病知识教育、家庭社会支持、积极心理激发等多方面内容，这些综合措施有助于提高患者的生活质量，增强对治疗的信心和配合度，从而为 HSCT 的成功提供支持。

PO-3023

基于视频回授法联合行为回放对院外 PICC 携带患者的延续性护理研究

魏爱玲、邹彩祖、侯舒严、席婧菲

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 基于视频回授法联合行为回放对院外 PICC 携带患者的延续性护理研究。

方法 将 90 例新置入 PICC 导管的患者按入院时间顺序分为干预组和对照组各 45 例。对照组实施常规健康教育和延续护理，干预组在其基础上应用视频回授法联合行为回放管理。比较两组自我效能感，并发症的发生、满意度评分情况。

结果 干预组出院时及出院后自我效能感及满意度评分情况显著高于对照组，并发症的发生显著低于对照组。差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 视频回授法联合行为回放对院外 PICC 携带患者的延续性护理研究效果显著，提高 PICC 植入后患者自我效能及功能锻炼的依从性，降低并发症和额外经济数，提升护理满意度。

PO-3024

三维质量结构模式在 PICC 置管患者非计划性拔管中的管理研究

魏爱玲、安娜、魏丽霞、刘琼
中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 基于三维质量结构模式在 PICC 置管患者非计划性拔管中的管理研究，实现对 PICC 置管后的安全管理，达到导管使用寿命。

方法 本研究以三维质量结构模式为基本框架，设定一级指标 3 个，二级指标 8 个，三级指标 26 个，将 98 例置入 PICC 导管的患者按入院时间顺序分为干预组和对照组各 49 例。对照组实施常规的路径管理模式和健康宣教，干预组在其基础上建立三维质量结构模式，10 个月后比较两组带管患者的非计划性拔管率、满意度、预防导管非计划性拔管关键监测指标落实情况。

结果 基于三维质量结构模式的管理方式在患者的非计划性拔管率、满意度、预防导管非计划性拔管关键监测指标落实率方面均优于对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 三维质量结构模式在 PICC 置管患者非计划性拔管中的应用有利于针对非计划性拔管的高风险因素进行过程控制，实施有效干预措施，降低非计划性拔管率发生率，保障带管治疗安全性。

PO-3025

叙事护理“3554”四叶草模型应用于血液恶性肿瘤患者的效果观察

魏爱玲、席婧菲、邹彩祖、李雪娇
中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 分析叙事护理“3554”四叶草模型应用于血液恶性肿瘤患者的效果观察。

方法 2024 年 1 月～2024 年 4 月我院接受治疗的诊断为血液恶性肿瘤的患者 50 例，采用随机数字表法分为两组，每组各 30 例。对照组采用一般护理，观察组在对照组基础上给予叙事护理“3554”四叶草模型护理。比较两组患者治疗的依从性、生活质量评分。

结果 干预后治疗依从性，观察组 92%（23/25），对照组 80%（20/25）差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；干预后，两组社会功能、心理功能评分均高于干预前，且观察组高于对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 血液恶性肿瘤患者应用叙事护理“3554”四叶草模型护理可大大提高患者的依从性，改善生活质量。

PO-3026

护理干预在血液病科患者预防感染和并发症中的应用研究

魏芙蓉
中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 感染和并发症是血液病科患者主要的致死因素之一。针对此问题，采用护理干预的策略进行预防是非常有必要的。

方法 通过实施一系列的护理干预措施，包括提高患者和家属的护理知识、技能，加强感染控制管理，优化临床路径，及时处理可能的并发症等。

结果 研究表明，这些护理干预措施能够显著降低血液病科患者的感染率和并发症发生率，提高患

者的生活质量和总体生存率。

结论 这项研究的结果证明护理干预在预防血液病科患者感染和并发症中的重要性，并为血液病科的临床护理实践提供了有益的参考。

PO-3027

静脉输液并发症的护理干预对血液病患者疼痛控制的影响研究

魏芙蓉

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 我国血液病患者数量庞大，其治疗过程中难以避免的需要进行长期静脉输液，而输液并发症的发生往往会增加患者的疼痛感。

方法 本研究就此问题，探查了护理干预对血液病患者输液并发症疼痛控制的影响。首先构建血液病患者静脉输液并发症模型，随机对照组和实验组进行护理干预和疼痛控制评估。研究结果显示，实验组在接受专门化护理干预后，其静脉输液并发症发生率显著降低，实验组患者的疼痛程度显著低于对照组。此外，结合药物治疗法，实验组患者的疼痛控制效果更佳。

结果 这些结果表明，针对性的护理干预在预防和控制血液病患者静脉输液并发症疼痛方面具有积极效果，为患者的康复治疗提供了重要参考。

结论 最后，依据研究结果，提出了针对血液病患者的静脉输液并发症疼痛的个性化护理策略，以期更有效地改善患者的生活质量。

PO-3028

氯己定漱口水联合口腔护理在预防造血干细胞移植口腔溃疡中的效果观察

李芳芳

中国人民解放军西部战区总医院

目的 本研究旨在探讨预防造血干细胞移植过程中口腔溃疡的有效措施，以减轻放、化疗引起口腔溃疡。

方法 选取 2022 年 1 月至 2022 年 12 月期间，在我科拟行 HSCT 的患者进行回顾分析，其中 B 组患者（30 人）每日两次使用牙膏和月子软毛牙刷清洁口腔，而 A 组患者（30 人）在 B 组基础上，每次含漱 10ml 氯己定漱口水，每日含漱 6 次。

结果 氯己定漱口水含漱能有效预防 HSCT 链球菌菌血症的发生。此外，氯己定联合口腔护理方案还能降低 HSCT-OM 的严重程度和持续时间。

结论 此研究表明，氯己定漱口水联合口腔护理是一种有效的预防措施，可降低造血干细胞移植患者口腔溃疡的发生率。

PO-3029

循证护理在缓解恶性淋巴瘤患者化疗期间焦虑情绪的效果观察

魏芙蓉

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 本研究旨在探讨循证护理在缓解恶性淋巴瘤患者化疗期间焦虑情绪的效果。

方法 采用随机对照研究设计, 选取 2022 年 1 月-2023 年 1 月收治的 60 例恶性淋巴瘤化疗患者, 分为对照组和实验组, 每组 30 例。对照组采用常规护理, 实验组采用循证护理。通过焦虑自评量表 (SAS) 和生活质量评分 (QOL) 评估患者的焦虑情绪和生活质量。

结果 实验组患者化疗期间焦虑情绪得到缓解, SAS 评分低于对照组, QOL 评分高于对照组。

结论 循证护理能有效缓解恶性淋巴瘤患者化疗期间的焦虑情绪, 提高患者的生活质量和护理满意度。本研究为恶性淋巴瘤患者化疗期间的护理提供了新的思路和方法。

PO-3030

**芬太尼透皮贴剂治疗异基因造血干细胞移植相关性
口腔粘膜炎疼痛的镇痛效果及安全性研究**

李芳芳

中国人民解放军西部战区总医院

目的 探讨芬太尼透皮贴剂治疗造血干细胞移植相关性口腔粘膜炎疼痛的镇痛疗效及安全性。

方法 回顾性分析 2022 年 1 月--2024 年 5 月在本院接受大剂量化疗联合异基因造血干细胞移植术后出现 1-4 级口腔粘膜炎伴疼痛患者共 30 例, 治疗前后的疼痛评分采用数字疼痛评分法 (RNS) 计为 0-10 分, 入组前疼痛状况评估均为中及重度疼痛(RNS>4 分)。生活质量标准评估治疗前后的生活质量, 同时根据通用毒副作用评分标准评估治疗相关的不良反应。

结果 治疗前 RNS 中位评分为 6 分(4~9 分), 治疗后第 2、4、6、8 天的 VAS 中位评分降至 4.5 分 (3-6 分)、3 分 (2-5 分)、2 分(1-4 分)、0 分(0~3 分), 治疗后疼痛程度均显著减轻(P<0.05, 治疗后患者生活质量明显改善(P<0.05)。芬太尼的不良反应多为头晕不适、嗜睡、排尿困难、轻度恶心、呕吐、胃部不适等, 经处理均能缓解。未发现严重危及生命的不良反应和停药后药物依赖现象。

结论 芬太尼透皮贴剂治疗造血干细胞移植相关性口腔粘膜炎疼痛镇痛效果良好, 且副作用轻微、使用方便、只需将贴剂贴患者胸口柄处即可, 不需要频繁的注射或口服药物, 能显著改善患者疼痛及生活质量。

PO-3031

中心静脉导管相关性血栓形成的原因及危险因素的分析

席婧菲、魏爱玲

联勤保障部队第 940 医院

目的 了解临床护士对中心静脉导管 (CVC) 相关性血栓形成的原因等方面相关知识和行为现状, 并探讨其形成的相关危险因素, 并针对临床高危人群坐哈预防措施。

方法 外周置入中心静脉导管是静脉治疗过程中常用的一种方法，这种方法简便易操作，可以长时间留置在血管中，安全性高，患者接受度高，临床中应用广泛但据相关临床研究显示。

结果 在使用该方法的过程中容易引注入导管破裂、堵塞或者移位等情况，尤其是 PICC 导管引起的相关性静脉血栓这类并发症备受关注。为使患者治疗时间得以缩减，加之为避免以上情况及并发症的发生，势必要采取有效的预防血栓的护理方法。

结论 基于此，本文就 PICC 导管相关性静脉血栓的危险因素及预防护理进展展开综述，并给出相关护理建议。

PO-3032

预见性护理干预对白血病化疗患者便秘发生率及生活质量的效果观察

赵远霞、安娜

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 观察预见性护理干预对白血病化疗患者便秘发生率及生活质量的疗效。

方法 选取我科接受化疗的白血病患者 200 例，随机将所有患者分为 A、B 组两组，每组的样本容量均等分为 100 例进行研究，两组的化疗方法相同。对 A 组患者施以常规护理，对 B 组患者施以预见性护理干预。针对两组护理满意评分、便秘发生率及生活质量的效果进行比较及观察。

结果 B 组护理满意评分、便秘发生率及生活质量的效果与 A 组作出比较后，发现两组结果之间具有显著差异性（ $P < 0.05$ ）。

结论 针对进行化疗的白血病患者施以预见性护理干预手段，应用到白血病化疗患者便秘防治工作中，可有效减少便秘的发生率，最大化提高患者生活质量，且有利于增进治疗效果，故值得推广应用。

PO-3033

肿瘤患者康复护理的临床应用

邹彩祖

中国人民解放军联勤保障部队第九四〇医院

目的 肿瘤是机体细胞在各种致癌因素的长期作用下过度增生和异常分化所形成的新生物。它不受正常生理机制的调节，破坏正常的组织器官，对人体的危害极大。肿瘤是常见病、多发病，其中恶性肿瘤已成为目前最常见死亡原因之一。肿瘤的病因迄今尚未完全了解。目前认为其发生原因是致癌因素和促癌因素长期共同作用的结果。

方法 近年恶性肿瘤已成为我国居民的主要死亡原因，且发病还有低龄化和年轻化的趋势，可见癌症的防治任务任重道远，需要全社会共同努力战胜这一严重危害人类生命健康的病魔。多数病人在疾病初期生活质量普遍极差，都需要一段很长的心理康复过程。康复护理是康复医学的重要组成部分，它不但能提高患者战胜疾病的信心，而且可使患者积极配合医生进行治疗，改变患者的心理状态和行为，促使其康复。

结果 疾病会改变一个人的心理状态和生活模式，而癌症患者的心理变化尤为明显。

结论 通过对肿瘤患者的康复护理，使患者的心理反应状态和认知程度会有明显改变，负性情绪得到缓解，改善了患者的无助、绝望、焦虑和抑郁状态，增强了病人与疾病作斗争的精神，又进一步促进了病人对治疗的依从性，加强了病人战胜疾病的信心，使其积极配合治疗，从而提高疾病的缓解率和治愈率。

PO-3034

思维导图在异基因造血干细胞移植患者自服药物中的应用效果

喻新容

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨思维导图在异基因造血干细胞移植患者自服药物中的应用效果。

方法 选取 2022 年 10 月~2023 年 10 月在我科行异基因造血干细胞移植术的 156 例患者，随机分为对照组 78 例，观察组 78 例。对照组采用传统的口头宣教法，观察组在口头宣教的基础上结合思维导图进行宣教。宣教内容的制定：根据异基因造血干细胞移植患者常用药物的特点，查阅相关文献进行内容制定。并组织护理人员进行讨论，逐条补充完善。口头宣教内容与思维导图宣教内容一致。发药人员根据药物的种类、规格、服药时间、不良反应、注意事项等对患者进行详细讲解。其中，思维导图宣教内容以“自助服药”为关键词，将抗排异、抗菌素、抗病毒、激素、保护胃肠道粘膜、降压、降糖及特殊药物 8 个板块，再从药品规格、计量、用法、用量、不良反应、用药注意事项、保存方法等板块进行归纳总结，每个板块具体分出下一级分支，再将内容通过图文并茂的形式结合，对重点、高频询问内容进行关键词、图片、线条、颜色区分标识，利用 Mindmaster 软件绘制思维导图。将思维导图制作成宣教图片，每位移植患者发放一张，并打印宣教单置于宣传栏，便于患者、家属随时查看。科室对自服药宣教内容进行统一化、标准化，并要求护理人员熟练掌握宣教内容。对于年龄较大、受教育程度较低、过于焦虑紧张的患者者，进行宣教时可加强肢体语言、耐心呵护等人文护理关怀。比较两组患者安全用药知识知晓率和用药宣教满意度。

结果 观察组患者安全用药知识掌握率为 95.4% 高于对照组的 78%，观察组患者对药物宣教满意度为 98.1% 高于对照组的 89.2%，差异有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 结论：思维导图在异基因造血干细胞移植患者自服药物临床宣教应用中能有效提高住院患者安全用药知识掌握率，提升住院患者对用药宣教满意度。

PO-3035

指引式重点护理质控项目表对血液科护理质量管理的影响

喻新容

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨指引式重点护理质控项目表对血液科护理质量管理的影响。

方法 选择我院血液科 2022 年 6-2023 年 6 月收治的 626 例患者为研究对象，将 2022 年 6-12 月的 313 例设为对照组；将 2023 年 1-6 月的 313 例设为观察组。对照组：采用常规护理管控，护理质量控制管理成员每日采用自制的《临床护理质量检查表》对科室的护理质量进行检查，再由当日值班护理二线以随机检查方式完成质控。观察组：在对照组的基础上应用《指引式重点护理质控项目表》进行质控管理。由护士长为组长建立质控管理小组，编制重点护理质控项目表，项目表分类细化，从护理记录、实际操作、安全管理、病房管理和服务态度五个方面展开。护士长召开会议对护理人员展开培训，讲解目的、意义及内容，明确各级护理人员质控的职责和填写细节。一级质控：责任护士下班前逐项落实完成情况，并与交班护士签字确认，保证护理工作的连续性。二级质控：值班护理二线根据一级质控的完成情况随机抽查护理结果，再根据抽查结果填写质控表并签字。三级质控：护士长不定期抽查监控的整体环节，记录各级质控存在的问题，针对问题提出合理化建议，制订应对措施。护理质量管理成员每日根据科室日常工作和医院临床护理质量检查标准，分别记录各级质控情况，并标注姓名和日期，另以图片加文字形式发送至微信群供大家知晓。对反复出现相同问题者列入下月考核重点，并与绩效挂钩。对比两组护理质量、不良事件和满意度。

结果 观察组护理质量评分均高于对照组 ($P < 0.05$)；观察组不良事件发生率显著少于对照组

($P < 0.05$)；观察组患者满意度高于对照组 ($P < 0.05$)。

结论 在血液科护理质量管理上应用指引式重点护理质控项目表，可有效改善护理质量，改善质控行为，有效提高患者满意度，让患者得到优质护理，预防护理不良事件，推广应用有助于促进患者康复。

PO-3036

自我同情在血液肿瘤患者医学应对方式 与恐惧疾病进展间的中介效应

徐静^{1,2}、于潇^{1,2}、李丽云^{1,2}、刘燕杰^{1,2}、王为为^{1,2}、赵婧余^{1,2}、匡哲湘^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所），血液与健康全国重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室，天津，300020
2. 天津医学健康研究院，天津，301600

目的 了解血液肿瘤患者恐惧疾病进展(fear of progression, FoP)现状，探讨患者自我同情在医学应对方式与恐惧疾病进展间的中介效应。

方法 采用便利抽样法，于2023年4月—2024年4月选取某血液病医院收治的105例血液肿瘤患者作为研究对象，采用一般资料调查表、中文版恐惧疾病进展简化量表、自我同情量表、医学应对量表对血液肿瘤患者进行问卷调查。

结果 血液肿瘤患者恐惧疾病进展总分为(30.238±9.575)分，FoP心理功能失调(34分)发生率为45.71%，总体属于中等水平；自我同情总分为(89.486±10.025)分；医学应对方式总分为(42.343±5.472)分，其中面对方式维度得分最高为(19.019±3.613)分。应对方式中屈服与血液肿瘤患者的FoP呈正相关($P < 0.01$)，自我同情中的过度认同、孤独感与血液肿瘤患者的FoP呈负相关(均 $P < 0.01$)。过度认同与孤独感在屈服与恐惧疾病进展中起部分中介作用，间接效应分别为0.116与0.144，占总效应的27.17%与33.72%。

结论 血液肿瘤患者FoP心理失调发生率较高，多数患者可正视疾病并采取积极应对措施。血液肿瘤患者自我同情是医学应对方式与恐惧疾病进展的中介变量，医护人员应重视血液肿瘤患者的自我同情状况，促进患者积极应对疾病，进而降低其恐惧疾病进展水平。

PO-3037

造血干细胞移植后患者营养支持与饮食护理的研究

力桂君

中国人民解放军西部战区总医院

目的 本研究旨在探讨造血干细胞移植后患者的营养支持与饮食护理策略，以优化患者的营养状态，促进康复过程，并减少并发症的发生。

方法 研究采用文献回顾和实证调查相结合的方法，对造血干细胞移植患者的营养需求、营养风险评估、营养支持方式以及饮食护理措施进行了深入研究。研究利用营养风险评估工具(NRS-2002量表)，对移植后患者的营养状况进行了量化评估，并分析了不同营养状态下患者的预后差异。我们对70名造血干细胞移植后的患者进行了营养风险评估(NRS-2002量表)，结果显示，其中35%的患者存在中度营养风险，20%的患者存在重度营养风险。随后，我们根据患者的营养风险评估结果，结合其个体化的营养需求，设计了针对性的饮食护理方案。在实施营养支持后的一个月，我们再次进行了营养评估，发现中度营养风险患者的比例下降至20%，重度营养风险患者的比例也降至10%。

结果 本研究总结了造血干细胞移植后患者营养支持与饮食护理的实践经验，证明个性化的营养支持与饮食护理对改善患者营养状况有显著效果。

结论 通过科学合理的营养支持和饮食护理，可以有效改善造血干细胞移植患者的营养状况，提高生活质量，降低并发症发生率。

PO-3038

基于 Donabedian 理论的血液肿瘤患者 肛周感染护理质量评价指标体系构建

杜欣、唐露、王雪、冯雪、曾荔、吴芳芳、陶俊、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 构建血液肿瘤患者肛周感染护理质量评价指标体系，以期为血液肿瘤患者肛周感染护理的同质化、标准化提供参考依据。

方法 以 Donabedian 的“结构-过程-结果”三维质量框架为理论基础，通过文献循证分析、专家会议讨论制订血液肿瘤患者肛周感染护理质量评价指标体系初稿，采用专家函询法确定血液肿瘤患者肛周感染护理质量评价指标体系，并通过层次分析法得出各指标权重。

结果 共进行两轮专家函询，专家积极系数分别为 100.00%、96.30%，专家权威系数分别为 0.874、0.881，肯德尔协调系数为 0.234、0.219 ($P < 0.05$)。最终构建的血液肿瘤患者肛周感染护理质量评价指标体系包括一级指标 3 个，二级指标 12 个，三级指标 48 个。其中，结构质量指标的权重为 0.143，过程质量指标和结果质量指标的权重均为 0.429，在过程质量中，最重要的指标是肛周感染危险因素评估落实率，其次为营养风险评估准确率。在结果质量中，最重要的指标是免疫抑制合并感染性休克和脓毒血症发生率，其次为肛周感染严重程度。

结论 血液肿瘤患者肛周感染护理质量评价指标体系构建方法科学，结果可靠，指标内容全面且具有针对性，可为血液肿瘤患者肛周感染护理质量评价提供参考依据。

PO-3039

化疗相关性膀胱炎的预防与护理措施

张德香
中国人民解放军西部战区总医院

目的 探讨化疗相关性膀胱炎的有效预防与护理措施。通过深入分析化疗药物对膀胱的影响机制，结合临床实践，制定了一系列针对性的预防和护理策略。

方法 首先梳理了现有的文献资料，总结了化疗相关性膀胱炎的发生原因、临床表现及预防措施。随后，结合临床实践，设计并实施了一系列干预措施，包括调整化疗药物剂量、加强水化利尿、保护尿路预防感染、提供营养支持、实施疼痛管理、提供心理支持以及定期进行复查等。

结果 经过一系列干预措施的实施，化疗相关性膀胱炎的发生率明显降低，患者的生活质量得到显著改善。同时，患者的疼痛感和焦虑情绪也得到有效缓解，对治疗的信心明显增强。

结论 通过针对性的预防和护理措施，可以有效降低化疗相关性膀胱炎的发生率，减轻患者的痛苦，提高生活质量。

PO-3040

血液内科老年患者化疗后基础护理研究

高敏伟
山西白求恩医院

目的 本文旨在探讨血液内科老年患者化疗后的基础护理策略及其实践效果。

方法 研究选取了我院血液内科接受化疗的老年患者作为研究对象，通过临床实践探讨不同护理方案对患者康复情况的影响

结果 研究结果表明，科学的基础护理能够显著减少化疗后并发症的发生，促进患者康复。同时，本研究还发现，护理人员的专业素质和人文关怀对患者的康复同样具有重要影响。

结论 血液内科老年患者化疗后的基础护理是一项系统而复杂的工作，需要护理人员具备扎实的专业知识和人文关怀精神。本研究为临床实践提供了有益的参考，有助于临床为血液内科化疗后老年患者的基础护理提供参考

PO-3041

血液病患者营养风险评估及干预措施研究

蒋丽全
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨血液病患者的营养不良风险，并评估针对性干预措施的有效性。

方法 选取 2020 年 1 月至 2021 年 1 月在我院血液科住院治疗的患者，采用营养风险筛查 2002 (NRS 2002) 工具对患者进行营养风险评估。根据评估结果，将患者分为高风险组和低风险组，并对高风险组患者实施个体化营养干预措施，包括营养教育、饮食调整、口服营养补充 (ONS) 和肠内营养 (EN) 等。通过比较干预前后患者的营养状况、生活质量和临床结局，评估干预效果。

结果 共纳入患者 120 例，其中高风险组 80 例，低风险组 40 例。干预后，高风险组患者的体重 ($P<0.01$)、血清白蛋白 ($P<0.05$) 和血红蛋白水平均有所提高 ($P<0.05$)，而低风险组患者则无显著变化。此外，高风险组患者的生活质量评分显著提高 ($P<0.01$)，住院时间缩短 ($P<0.05$)，并发症发生率降低 ($P<0.05$)。

结论 营养风险评估是血液病患者营养管理的重要组成部分。针对高营养风险患者实施的个体化营养干预措施可以改善患者的营养状况和生活质量，减少住院时间，降低并发症发生率。因此，应重视血液病患者的营养风险评估和干预，以提高治疗效果。

PO-3042

精细化层级管理在血液科护理实习生教学查房中的应用探讨

何先娥
四川大学华西医院上锦院区

目的 探讨精细化层级管理在血液科护理实习生教学查房中的应用效果

方法 采用整群抽样法，将医院血液科 2023 届 68 名护理实习生作为研究对象，分别作为对照组和观察组，其中对照组采用常规讨论模式查房，观察组采用精细化层级教学查房模式，最后采用问卷调查比较两组的教學满意度

结果 试验组实习护士的教学满意度平均分为 90.24 ± 3.71 ，对照组实习护士的教学满意度平均分为 83.49 ± 5.31 ，观察组实习护士对教学满意度高于对照组，两组比较差异有统计学意义($P<0.05$)。结果显示试验组中查阅文献资料的能力、团队协作能力、沟通交流能力、总结分析能力、对专科理论知识的掌握、动态学习能力、学习兴趣及学习效率有明显差异，而逻辑思维能力方面无明显差异

结论 精细化层级管理应用于血液科护理实习生教学查房中，能有效逐步提高护理实习生学习兴趣、护理实习生教学满意度、查房参与的积极性及专业素养，适用于血液科护理实习生教学查房中

PO-3043

造血干细胞移植患者术前逆境商调查及影响因素分析

姜燕、宋成丹

中国人民解放军陆军军医大学第一附属医院

目的 调查造血干细胞移植患者术前逆境商状况并分析影响因素，从而采取应对措施，提高造血干细胞移植的成功率。

方法 选用逆境商量表、逆境反应量表、心理弹性量表和焦虑自评量表等对 2023 年 1 月至 2024 年 1 月我院收治的 126 例造血干细胞移植患者进行调查。

结果 造血干细胞移植患者的逆境商低，多重线性回归结果显示，对造血干细胞移植术的恐惧、担心移植后的效果差、担心移植费用过高对家庭造成的负担，是造血干细胞移植患者逆境商水平的影响因素(P<0.05)。

结论 造血干细胞移植患者逆境商低，应当在移植术前重点关注患者的心理问题，通过制定综合干预措施，提高患者的逆境商水平，提高患者治疗的配合度、减少移植过程中的并发症，提高移植的成功率。

PO-3044

1 例下肢深静脉血栓患者的护理体会

宋丽娜

郑大一附院

目的 静脉血栓栓塞症(venous thromboembolism,VTE)包括深静脉血栓形成(deep vein thrombosis, DVT)与肺血栓栓塞症(pulmonary thromboembolism, PE)。DVT 和 PE 是同一疾病的两个不同阶段。下肢深静脉血栓形成(DVT)是指血液在深静脉腔内异常凝结,阻塞静脉腔,导致静脉回流障碍,进而引起一系列的临床症状,好发于下肢。静脉血流淤滞、内膜损伤和血液高凝状态是发生 DVT 的三大要素。临床上主要表现为下肢肿胀、疼痛、浅静脉怒张。目前治疗方法主要为抗凝、溶栓和手术治疗。

方法 2022 年 5 月我科收治一例下肢静脉血栓患者,经积极治疗及护理,患者病情好转出院。

结果 由于患者白细胞高、血小板高,血液粘稠度增高,血流速度减慢,使血小板附着在血管壁上极易形成血栓,该患者高龄且有脑梗塞病史,血液极易处于高凝状态,为血栓形成的高危患者。患者介入术后,应重点观察患肢肿胀程度、性质、疼痛改变情况及皮肤颜色、温度变化;有无牙龈出血、内脏出血、颅内出血等并发症;预防及识别肺栓塞,一旦发生,及时报告医师,做好抢救处理。

结论 下肢静脉血栓是临床常见病,多发病,发病率逐年增高如果不及时治疗或护理不恰当,即有可能导致患者的患肢出现部分功能丧失,轻者可以致残,丧失劳动力,重者可以发生肺栓塞,严重影响预后和生活质量,有效的护理对减轻患者的痛苦和促进康复非常重要。由于下肢深静脉血栓形成的临床表现及治疗的特殊性而决定了护理的特殊性,护理中应特别注意取患肢抬高位,给予低脂高纤维素饮食,仔细观察肢体情况,尤其应警惕肺栓塞的发生,在临床工作中,护士应提高对栓塞

预防的认知和护理能力，定期培训，使护理人员掌握 DVT 的相关知识，及早识别 DVT 的临床特征和危险因素，学会应用风险评估工具，提前对有血栓发生可能的患者进行血栓风险评估，早期识别不同患者发生血栓的不同程度，并采取相应的预防措施，避免和减少血栓发生，提高患者生活质量。

PO-3045

DRGs 支付政策下护士的经济效力在血液肿瘤日住一体化全病程管理模式中的应用效果分析

陈斌
绵阳市中心医院

目的 分析某地市级三甲医院血液内科在 DRGs 支付政策下，开展以护士为主导的日住一体化全病程管理，对该科室运行效率的影响及护士所体现的经济效力。

方法 该科室在 2023 年实施 DRGs 医保支付后，建立以护士为主导的日住一体化全病程管理模式，将血液肿瘤患者从住院到日间有序分流，实施了从门诊、住院、日间到居家的全程规范化治疗及管理，并将 2023 年度科室运行效率指标与 2022 年进行对比分析。

结果 该科室 2023 年在护理人力资源与 2022 年相比无显著差异的情况下，2023 年日间患者诊疗人次达到 12647 人次，增长 46.79%，住院患者月均出院 175 人次，增长 6.06%，平均住院日 11.4 天，缩短 7.32%，年度患者满意度平均分 96.08 分，提高 1.37%，患者意见投诉减少 100%，不良事件发生例次降低 66.66%。

结论 血液肿瘤因疾病的异质性和治疗方案的高度个体化，导致治疗费用差异极大，在按病种付费的 DRGs 支付模式下，疑难危重住院患者易发生支付亏损，日住一体化全病程管理模式有效实现了血液肿瘤患者从住院治疗到日间治疗的平稳过渡，满足了患者不同阶段的诊疗需求，在提高诊疗效率、缓解患者经济负担的同时，降低了科室 DRGs 支付亏损风险，促进了科室的正常运行和专业发展，体现了护士的经济效力，具有重要的意义和价值。

PO-3046

预见性护理在间充质膀胱冲洗患者的应用效果评价

韩学军
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨预见性护理在间充质膀胱冲洗患者中应用效果评价

方法 选取 2021 年 1-4 月 5 例异基因造血干细胞移植后出血性膀胱炎运用间充质膀胱冲洗的患者作为对照组，2020 年 5-9 月 5 例异基因造血干细胞移植后出血性膀胱炎运用间充质膀胱冲洗的患者作为实验组。对照组采用传统膀胱冲洗方法，实验组按照预见性护理的要求进行膀胱冲洗。比较 2 组患者尿管堵塞、膀胱痉挛发生情况，间充质在膀胱保留时间，患者满意率。

结果 实验组患者的尿管堵塞情况，膀胱痉挛发生率均小于对照组，间充质在膀胱保留时间、患者满意率大于对照组。

结论 预见性护理在间充质膀胱冲洗患者的应用，减轻了患者痛苦，提高了间充质膀胱冲洗的效果，值得临床广泛推广。

PO-3047

潜在剖面分析血液病患者住院饮食模式与营养状况变化的轨迹

于潇¹、赵婧余^{1,2}、徐静^{1,2}、李丽云^{1,2}、董瑾^{1,2}、匡哲湘^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所），血液与健康全国重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室，天津，300020
2. 天津医学健康研究院，天津，301600

目的 潜在剖面分析血液病患者的住院饮食模式与营养状况变化轨迹的关联性。

方法 纳入 159 例接受免疫抑制治疗或者化疗的血液病患者。使用营养风险筛查 2002（NRS2002）和营养不良通用筛查工具（MUST）对患者进行治疗前后的营养状况进行风险筛查。在整个治疗过程中，研究护士每日实时记录患者每顿摄入的食物种类和重量。将摄入的食物分为六类，包括谷薯类食物、蔬菜、水果、乳制品、肉类、蛋类，进行潜在剖面分析，并通过多元 logistic 回归分析潜在饮食分类与营养状况变化轨迹的关联。

结果 血液病患者治疗期间的饮食根据日均摄入量记为多食物种类的低摄入、中等摄入和高摄入 3 种饮食模式。NRS2002 筛查发现三种饮食模式与营养风险变化轨迹无统计学关联；经控制潜在混杂因素后，MUST 筛查发现多食物种类低摄入组饮食模式与营养不良变化轨迹有统计学关联（OR=3.14, 95%CI: 1.11-8.90）。多食物种类的中等摄入组和高摄入组之间营养不良变化轨迹没有统计学差异（OR=1.57, 95%CI: 0.66-3.74）。

结论 治疗期间饮食模式会影响血液病患者营养状况变化轨迹，其中低摄入饮食模式（食物种类和摄入量均较少）为营养不良变化轨迹的危险因素。

PO-3048

基因治疗对输血依赖型 β -地中海贫血患儿及主要照护者的影响: 纵向研究

匡哲湘^{1,2}、王安妮^{1,2}、于潇^{1,2}、徐静^{1,2}、王为为^{1,2}、许纯^{1,2}、何鑫彤^{1,2}、徐丽^{1,2}、解文君^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所），血液与健康全国重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室
2. 天津医学健康研究院

目的 调查基因治疗对输血依赖型 β -地中海贫血(TDT)患儿生活质量的影响，及治疗期间主要照护者的焦虑、抑郁情绪变化。

方法 通过前瞻性纵向队列研究，选取 2020 年 7 月-2023 年 7 月在天津市某三级甲等血液病专科医院接受基因治疗的 9 例 TDT 患儿及主要照护者为研究对象。采用中文版儿童生活质量普通适用核心量表 4.0 版(PedsQL4.0)比较患儿治疗前后 6 个月的生活质量变化;采用汉密尔顿焦虑量表(HAMA)和汉密尔顿抑郁量表(HAMD)评估主要照护者在患儿治疗前后的焦虑、抑郁情绪。

结果 TDT 患儿男 3 例，女 6 例，中位年龄 12(5-16)岁。患儿基因治疗后 PedsQL4.0 总分(90.46±11.42)高于治疗前(76.45±10.48)，差异有统计学意义($t=7.79$, $P<0.001$)。治疗后 6 个月的生理功能和学校表现维度得分均高于治疗前 ($t=7.17$, $t=-5.36$, 均 $P<0.001$)。在接受基因治疗前主要照护者 3 例存在轻度焦虑;7 例存在轻中度抑郁;治疗后，存在轻度焦虑和抑郁的照护者各 1 例;基因治疗后 HAMD 评分 4(2-8)低于治疗前 9(4-15)，差异有统计学意义($t=3.98$, $P=0.004$)。

结论 基因治疗后 TDT 患儿生活质量提高，主要照护者焦虑、抑郁情绪减轻，改善了患儿及家庭的健康结局。

PO-3049

微血管鞘钝性分离联合小切口在恶性血液病化疗患者改良赛丁格技术 PICC 置管中的应用

邓巧玲

十堰市太和医院

目的 探讨微血管鞘钝性分离联合小切口在恶性血液病患者改良赛丁格技术经外周静脉置入中心静脉导管（PICC）置管中的应用效果。

方法 选择我院 2022 年 5 月至 2023 年 5 月血液科收治的恶性血液病化疗行 PICC 置管的患者 100 例，随机分为观察组和对照组，每组 50 例。2 组均采用超声引导下改良塞丁格技术进行 PICC 置管，观察组采用微血管鞘钝性分离联合小切口技术，即在 B 超引导下穿刺针进入血管后，沿穿刺针送入导丝后，拔出针头，使用 2%利多卡因 0.1-0.3ml 局部皮肤麻醉，后用微血管鞘钝性分离皮肤及皮下组织，进入 1cm-2cm 左右后缓慢退出微血管鞘，露出微血管鞘白色部分，再用扩皮刀沿微血管鞘纵向扩皮 1mm 小切口，最后将微血管鞘推进血管行钝性分离。对照组采用传统扩皮刀纵向扩张穿刺点后推进微血管鞘的方法。比较 2 组患者一次送鞘成功率、送鞘完成时间、置管后并发症发生率和 1 周内维护次数等。

结果 观察组的局部出血量、渗血发生率、1 周内维护次数均明显低于对照组($P<0.05$)；2 组间病人均一次送扩皮送鞘成功，成功率为 100%；送鞘完成时间两组患者差异均无统计学意义($P>0.05$)。

结论 采用微血管鞘钝性分离联合小切口钝性分离送鞘技术，不仅送鞘成功率高，而且可减少血液病患者 PCC 置管后的穿刺点局部出血情况，值得临床推广。

PO-3050

基于患者旅程地图的全程护理在血液病患者中的应用研究

匡哲湘^{1,2}、于潇^{1,2}、王安妮^{1,2}、徐静^{1,2}、赵婧余^{1,2}、李昕砾^{1,2}、吴桂彬^{1,2}、徐丽^{1,2}、解文君^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)，血液与健康全国重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室

2. 天津医学健康研究院

目的 探讨基于患者旅程地图的全程护理在血液病患者中的应用效果。

方法 选取 2023 年 1 月-12 月天津市某三级甲等血液病专科医院住院的 268 例血液病患者作为调查对象，在常规血液病护理的基础上均使用基于患者旅程地图的全程护理模式进行“就诊-诊断-治疗-康复-随访”5 阶段干预，干预周期为 4 周。采用营养风险筛查、汉密尔顿焦虑量表、汉密尔顿抑郁量表、匹兹堡睡眠质量指数量表、自我护理能力量表分别在患者初次就诊时及再次计划入院时进行评估。

结果 最终 260 例血液病患者完成追踪调查。干预前后，营养风险筛查评分分别为 (2.07±0.48)分、(2.04±0.46)分，差异具有统计学意义($P=0.008$)；汉密尔顿焦虑量表评分分别为(8.30±4.43)分、(7.78±3.67)分，汉密尔顿抑郁量表评分为(11.01±5.30)分、(10.17±4.26)分，匹兹堡睡眠质量指数评分为(8.47±2.47)分、(6.97±2.05)分，自我护理能力量表评分为(55.28±15.33)、(114.21±20.04)，差异均具有统计学意义(均 $P<0.001$)。

结论 基于患者旅程地图的全程护理可改善血液病患者的营养状态和睡眠质量，提高自我护理能力水平，缓解负性情绪，进一步提升了患者的就医体验。

PO-3051

不同血细胞分离机采集程序对健康供者造血干细胞采集物细胞成分的影响

王斐
郑州大学第一附属医院

目的 观察费森尤斯血细胞分离机 AutoMNC 程序以及 Spectra Optia 血细胞分离机 MNC 程序对采集的健康供者外周血造血干细胞成分的影响。

方法 2023 年 1 月至 2023 年 7 月期间对 80 例供者随机应用费森尤斯血细胞分离机 AutoMNC 程序以及 Spectra Optia 血细胞分离机 MNC 程序进行外周血造血干细胞采集，观察应用不同采集程序获得的采集物中单个核细胞、CD34+细胞、粒细胞、淋巴细胞、血小板数的差异。

结果 两种血细胞分离机的采集程序在循环血量、采集时间及抗凝剂使用量方面无显著差异。费森尤斯血细胞分离机 AutoMNC 程序采集物体积及单个核细胞计数均低于 Spectra Optia 血细胞分离机 MNC 程序的采集物体积及单个核细胞计数。Spectra Optia 血细胞分离机 MNC 程序采集的 CD34+细胞计数、单个核细胞百分比高于费森尤斯血细胞分离机 AutoMNC 程序采集的 CD34+细胞计数和单个核细胞百分比。费森尤斯 AutoMNC 程序采集物中混入的淋巴细胞及血小板较 Spectra Optia 血细胞分离机 MNC 程序中多，其差异均有统计学意义($P<0.05$)。

结论 与费森尤斯血细胞分离机 AutoMNC 程序相比，Spectra Optia 血细胞分离机 MNC 程序采集的造血干细胞数量多，单个核细胞占比更高。

PO-3052

慢性粒细胞白血病智慧化规范管理成效

刘敏杰、方云、潘娟、杨海丽、黎纬明
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 分析三位一体智能联动慢性粒细胞白血病（Chronic Myelocytic Leukemia, CML）患者规范化管理项目的的方法和效果。

方法 采用历史对照，选取 2021 年 7 月~12 月确诊为 CML 的 60 例患者为对照组，2023 年 7 月~2023 年 12 月的 60 例 CML 患者为干预组，前者采用传统 CML 规范化管理模式，后者采用三位一体（智慧化多学科小组联动临床诊疗、数字化慢粒学院管理平台、多元化志愿者服务团队）的 CML 智慧化规范管理服务模式。

结果 两组患者服药依从性比较，干预前和干预结束时，差异均无统计学意义（ $\chi^2=0.996$, $P=0.802$; $\chi^2=2.763$, $P=0.430$ ）；干预结束后 6 个月，干预组服药依从性优于对照组，差异有统计学意义（ $\chi^2=17.117$, $P=0.000$ ）。复查依从比较，干预前和干预结束时，两组患者差异无统计学意义（ $\chi^2=0.051$, $P=0.500$; $\chi^2=0.519$, $P=0.316$ ）；干预结束后 6 个月，干预组复查依从性优于对照组，差异有统计学意义（ $\chi^2=4.615$, $P=0.029$ ）。生活质量比较，干预前时，两组患者生活质量比较，差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）；干预结束时，干预组在社交生活满意度、获得照顾/信息满意度以及精神负担以及日常生活影响方面优于对照组；干预结束后 6 个月，干预组在社交生活满意度、获得照顾/信息满意度以及精神负担方面优于对照组，差异均有统计学意义（ $P<0.001$ ）。

结论 将 CML 患者规范化管理实践经验转化为人工智能驱动的 CML 患者“三位一体”全程规范化智能管理模式，提高了医护人员的工作效率，有效改善患者远期服药依从性、复查依从性和健康相关生活质量。

PO-3053

一例 T 淋巴母细胞白血病伴 CNSL、放射治疗致肌无力合并糖调节受损患者行异基因干细胞移植的护理

于晓雯

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨 T 淋巴母细胞白血病伴 CNSL、放射治疗致肌无力患者行异基因干细胞移植护理注意事项，为相关临床护理提供参考。

方法 分析总结肌无力患者干细胞移植病情观察及护理注意事项，予以肌力评分（右上肢肌力 4 级、左上肢肌力 2 级、右下肢肌力 3 级、左下肢肌力 4 级）、触觉评分、自理能力评估，予以家属陪护、无菌药浴、口腔及肛周护理，预防局部感染；予以坠床评估、压疮评估，加双侧床档、应用气垫床、受压部位涂赛肤润、外敷硅酮保护皮肤。予以疼痛评估，适时予以止痛药物；予以心电监护、血氧饱和度监测、监测血心肾功能、观察有无动眼障碍、语言障碍、饮水呛咳、吞咽及呼吸困难、排尿困难等各肌层受累表现。

结果 患者既往有高血压史，注意血压监测；移植前内分泌科诊断：糖调节受损，注意液体配置、监测血糖、饮食宣教，预防低血糖的出现。患者下肢疼痛，予以对症止痛、鼠神经生长因子营养神经治疗，做好疼痛护理。预处理期间出现发热及胃肠道反应、做好发热护理；予以止吐药物对症处理恶心、呕吐，防止窒息或误吸。出现低钾、低钠血症、低蛋白血症、胆红素升高，予以对症补钾、补钠、补蛋白、保肝退黄治疗。**+8d** 出现排尿困难，予以留置导尿，做好导尿管路护理，防止尿路逆行感染；尿管定时夹闭及开放，避免膀胱功能的受损；**+14d** CMV-DNA (+)，注意观察泌尿、神经各系统有无感染征象。**11.13** 患者粒系植活，出移植仓。

结论 适时心理疏导与关爱，减轻患者焦虑、增强移植信心。肌层受累及时予以干预，降低药物副作用系数。进行肌无力相关专项培训，准确判断、处理突发病情。监测心肌自律性，预防房颤、室颤；严格美司钠解救药物时间，降低出血性膀胱炎等泌尿系统上皮毒性损伤。适时予以肌力康复训练相关健康宣教，提高患者生活质量。

PO-3054

PDCA 循环护理对血液净化患者依从性及并发症的影响分析

项阳

吉林大学第一医院

目的 探讨 PDCA 循环护理对血液净化患者依从性及并发症的影响。

方法 将 2022 年 6 月至 2023 年 4 月于我院接受血液净化治疗的 74 例患者随机分为两组各 37 例。对照组实施常规护理。观察组实施 PDCA 循环护理，具体内容如下：开展计划（P）、实施（D）、检查（C）、处理（A）4 个阶段循环护理。两组均持续护理 1 个月。比较两组患者的依从性及并发症发生情况。

结果 观察组用药、运动、复查、饮食、充分透析等依从性各项评分均高于对照组（ $P < 0.05$ ）。

观察组并发症发生率为 5.56%，低于对照组的 22.22%（ $P < 0.05$ ）。

结论 PDCA 循环认为一切有过程的活动均由计划、实施、检查及处理 4 个阶段组成，根据此流程进行规范化与科学化的护理管理，可持续优化护理服务，提高护理质量

PDCA 循环护理可明显提升血液净化患者的依从性，降低并发症发生率。

PO-3055

造血干细胞移植术前护理宣教对护理工作质量与效率的影响

张天琰

四川大学华西医院上锦医院/成都上锦南府医院

目的 探讨血液病患者进入层流病房移植前护理宣教方法的选择是否能影响层流护理工作质量与效率的提升。

方法 传统方式：护士给患者及家属口头讲解层流入室须知及移植期间注意事项，发层流病房入室宣教清单，指导购买生活必备物品。改进方式：制作层流病房 PPT，护士给患者及家属介绍什么是层流病房、层流环境、移植过程、移植期间的护理与饮食、护患配合的重要性等，带领患者及家属实地查看各传递窗口、探视通道，解答患者及家属疑问，减轻患者及家属的对层流病房及移植术的恐惧。

结果 采用传统方式期间：患者心理问题较常见，家属在患者病情变化时较紧张，对护士信任度略低。改进方式后：患者及家属对层流病房与造血干细胞移植期间的不良反应有充分的认识，入室前心理建设已搭建，对工作人员信任度高、配合度高，沟通融洽。2021 年-2023 年期间，我院 350 例造血干细胞移植术患者无自伤、自残、抑郁症、纠纷等问题出现。

结论 在造血干细胞移植术前选择有效的护理宣教可提升护理工作质量与效率，提升患者及家属住院体验与满意度。

PO-3056

精心呵护，移路随行——精细化管理在一例再生障碍性贫血 allo-HSCT 后并发蛛网膜下腔出血护理中的应用

高蕾

空军军医大学第二附属医院

目的 分析再生障碍性贫血患者造血干细胞移植后并发蛛网膜下腔出血的原因及相关护理措施。

方法 通过对骨髓抑制期患者所出现的呕吐、腹泻、口腔黏膜炎、发热等护理问题及蛛网膜下腔出血导致颅内压增高、急性疼痛、合作性问题、自理能力缺陷、焦虑等给予对症的护理措施。

结果 患者于移植后+27 天蛛网膜下腔出血完全吸收，自理能力轻度依赖，病情稳定，造血恢复出院。

结论 通过对异基因造血干细胞移植患者病情观察，蛛网膜下腔出血的对症护理，以及有效的心理护理、密切的生活协助、健康宣教、减少了并发症的发生，缩短了病程，加快了康复进程，提高了生活质量。

PO-3057

超声引导下穿刺在儿童外周静脉困难穿刺中的应用研究

李雪梅、杨燕澜

深圳市儿童医院

目的 本研究旨在解决儿童外周静脉穿刺困难的问题，提供一种更安全、有效的穿刺方法，以提升治疗质量。研究结果将有助于优化相关技术。

方法 本研究设计为前瞻性随机对照试验，分析 2024 年 1 月至今在我院住院静脉困难穿刺患儿 192 例，应用四变量儿童 DIVA 量表评估静脉穿刺难度，包括静脉可视度、触感、年龄及早产史，评分范围 0-10 分，分数越高表明穿刺失败风险越大。选取 DIVA 评分 ≥ 4 的儿童作为研究对象，并随机分为两组：超声引导组 and 传统盲穿组各 96 例。评价指标包括两种方法的成功率、穿刺次数、血肿发生情况及穿刺所需时间。具体步骤如下：

1. 收集患者基线信息，如年龄、性别和体重等
2. 通过随机分配将参与者归入超声引导组或传统盲穿组
3. 实施外周静脉困难穿刺，记录必要的操作数据
4. 使用 SPSS 26.0 软件进行数据分析，采用 χ^2 检验比较两组间的差异

结果 研究显示，超声引导组平均年龄 3.5 ± 0.9 岁，男性 40 位，女性 56 位，盲穿组平均年龄 3.8 ± 1.1 岁，男性 46 位，女性 50 位，两组数据结果分析如下：

1. 在超声引导下进行穿刺的组别中，成功率高达 96.23%，而传统盲穿组的成功率为 55.45%，两组间的差异具有统计学意义 ($P<0.05$)
2. 关于穿刺次数，超声引导组平均仅需 1 ± 0.34 次尝试即可成功穿刺，而盲穿组则需要 2 ± 0.96 次，这一差异同样具有统计学意义 ($P<0.05$)
3. 在血肿的发生率方面，超声引导组的发生率为 11.34%，远低于盲穿组的 32.34%，差异在统计上是显著的 ($P<0.05$)
4. 操作时间上，使用超声引导的组别平均耗时为 13 ± 1.54 分钟，而盲穿组的平均时间为 5 ± 0.67 分钟，表明超声引导需要更长的操作时间，这一差异也达到了统计学上的显著性 ($P<0.05$)

结论 本研究证实，超声引导技术显著降低了穿刺次数和并发症的发生率，尤其在提高儿童外周静脉困难穿刺的成功率方面表现出色，同时减少了相关并发症的发生。此技术还提升了家长的满意度，减少了反复穿刺的次数，有效减轻了患儿的恐惧感，对于促进护患关系发挥了重要作用。综合优势，使其成为值得推广的儿童外周静脉穿刺技术。

PO-3058

健康教育在小儿恶性实体肿瘤化疗期间的应用价值

张媛
深圳市儿童医院

目的 探究对小儿恶性实体肿瘤化疗期间实施健康教育的效果。**方法** 研究时间为 2022 年 6 月至 2023 年 6 月，研究对象均为小儿恶性实体肿瘤患儿，选择例数为 49 例，对患儿及家长在化疗期间进行健康教育，分析应用效果。

方法 研究时间为 2022 年 6 月至 2023 年 6 月，研究对象均为小儿恶性实体肿瘤患儿，选择例数为 49 例，对患儿及家长在化疗期间进行健康教育，分析应用效果。

结果 干预前，家长疾病认知评分为 (85.17 ± 1.27) 分，保健护理知识认知评分为 (86.17 ± 1.35) 分，干预后，家长疾病认知评分为 (96.38 ± 1.81) 分，保健护理知识认知评分为 (94.38 ± 1.48) 分，其中有 1 例患儿出现并发症，发生率为 2.04%，在 49 例患儿家长中，有 21 例表示非常满意，有 27 例表示基本满意，有 1 例表示不满意，护理满意度为 97.96%。

结论 将健康教育应用于小儿恶性实体肿瘤化疗期间，能够发挥重要作用，提高患儿及家长对疾病认知程度，降低并发症发生风险，对整体护理满意度的提升有积极影响，值得推广。

PO-3059

中线导管在儿童造血干细胞移植围手术期静脉输液中的应用

杨燕澜
深圳市儿童医院

目的 评估中线导管在儿童造血干细胞移植围手术期静脉输液中的应用价值。

方法 纳入 2017 年 1 月-2023 年 12 月在深圳市儿童医院血液肿瘤科接受造血干细胞移植围手术期的患儿，这些患儿在移植前均留置经外周置入中心静脉导管（PICC），根据同时留置的其他静脉输液途径的不同，分为中线导管（MC）组和经外周静脉插管（PVC）组。观察两组患儿导管留置时间和并发症发生率、并进行满意度调查。

结果 MC 组共有 127 名患儿，平均年龄 6.606 ± 3.628 岁，其中男性 61 名，女性 66 名；PVC 组则包括 93 名患儿，平均年龄 6.570 ± 3.552 岁，男性 57 名，女性 36 名。MC 的平均导管留置时间为 25.289 ± 9.231 天，明显长于 PVC 的 2.210 ± 1.107 天。在降低穿刺次数、减少并发症、提升家长满意度等方面，MC 组与 PVC 组相比具有显著差异（ $P<0.05$ ）。

结论 MC 组能满足患儿输液需求，减少穿刺次数和组织损伤，延长导管维持时间，降低并发症发生率，增强家长满意度。故在儿童血液肿瘤移植围手术期静脉输液中应推广应用。

PO-3060

大健康人文视角下白血病患者家属哀伤辅导的实践

杨燕澜
深圳市儿童医院

目的 探索大健康人文视角下哀伤辅导对白血病患者家属的哀伤程度和生活质量的影响。

方法 于 2023 年 1 月-10 月入住某三甲医院儿童血液科的 68 例白血病患者家属作为研究对象，随机分为两组。对照组采用常规护理，观察组采用大健康人文视角下的哀伤辅导进行干预。干预前后采用复杂性哀伤量表和中文版儿童生命质量家庭影响模块对患者进行评估。

结果 干预后观察组患者复杂性哀伤量表显著低于对照组，中文版儿童生命质量家庭影响模块得分显著高于对照组（ $P<0.05$ ）。

结论 将大健康人文视角下哀伤辅导应用于白血病患者家属有良好的干预效果，未来可以推广使用。

PO-3061

1 例儿童行造血干细胞移植后并发移植物抗宿主病 IV 度皮肤排异的护理

张媛
儿童医院

目的 为提升对儿童行造血干细胞移植后并发移植物抗宿主病 IV 度皮肤排异的护理服务质量提供有价值的实践经验。

方法 收集整理相关文献资料，总结 1 例儿童行造血干细胞移植后并发移植物抗宿主病 IV 度皮肤排异的护理心得。结果：患儿移植后 67 d，躯干、颜面部等部位皮肤结痂，之后逐渐脱落，并被新鲜表皮覆盖。

结果 患儿移植后 67 d，躯干、颜面部等部位皮肤结痂，之后逐渐脱落，并被新鲜表皮覆盖。

结论 科学的临床护理服务能够有效降低造血干细胞移植后并发移植物抗宿主病Ⅳ度皮肤排异的发病率和复发率。

PO-3062

浅析安宁疗护模式在儿童肿瘤临床护理实践

张媛
儿童医院

目的 对肿瘤患儿采用有效的安宁疗护模式,观察探究肿瘤儿童干预作用,对改善进行一定评估。

方法 我院在 2022 年 3 月至 2023 年 3 月收治患肿瘤的儿童 30 例,为本次试验研究对象,经随机分成两个组,即对照组、护理组,对照组采取常规干预,在此基础上护理组实施安宁疗护模式,评估组间相关指标的差异性,对比分析组间疗效。

结果 干预后,与对照组比,护理组护理的满意水平明显提升,护理组较对照组 SAS 分值呈明显降低,护理组有效性、SF-36 评分明显得到改善,组间指标水平值差异大,组间呈显著性($P<0.05$)。

结论 针对性采用安宁疗护方案能大大改善预后,控制病情发展速度,整体提高疗效,生活质量水平提高,提供一些预防和控制疾病的方案。

PO-3063

以家庭为中心的护理交接班模式在儿童血液肿瘤科的应用效果

尹艳、杨燕澜
深圳市儿童医院

目的 探讨以家庭为中心的护理交接班模式在血液肿瘤科患儿护理中的应用效果。

方法 选取我院血液科 2024 年 1 月至 3 月入院的患儿 100 例为观察组,实施以家庭为中心的护理交接班模式;选取 2023 年 10 至 12 月入院的患儿 100 例为对照组,采用传统护理交接班模式。比较两种交接班模式对护理工作质量和满意度评价,包括院感的发生率、因交接班不清造成的护理缺陷的发生率、责任护士及家长对病情的掌握程度、交接班所需时间以及医生和家长满意度等

结果 实施以家庭为中心的护理交接班模式后,观察组院感的发生率及因交接班不清发生的护理缺陷分别为 7%、1%,低于对照组的 17%、8%,差异有统计学意义 ($\chi^2=4.73、4.19$, 均 $P<0.05$); 责任护士及家长对患儿病情掌握情况评分分别为 $94.53\pm 2.98、90.82\pm 4.53$, 高于对照组的 $78.20\pm 7.36、70.50\pm 9.73$, 差异有统计学意义 ($t=20.98、15.19$, 均 $P<0.01$); 两组交接班总体时间分别为 31.13 ± 3.65 和 $30.53\pm 3.53\text{min}$, 差异无统计学意义 ($t=1.13, P>0.05$); 医生及家长对护理工作的满意度评分分别为 $96.16\pm 2.50、92.83\pm 4.05$, 高于对照组的 $85.82\pm 7.82、83.16\pm 7.77$, 差异有统计学意义 ($t=8.84、7.40$, 均 $P<0.01$)

结论 以家庭为中心的护理交接班模式可以全面提高血液肿瘤科患儿的护理质量,降低院感和护理缺陷发生率,提升医生和家长对护理工作的满意度

PO-3064

中心静脉导管留置时间与血流导管相关性感染之间的关系： 对重型 β -地中海贫血造血干细胞移植患儿的回顾性分析

罗媛、张璐瑒、尹艳、叶芳
深圳市儿童医院

目的 本研究旨在探索中心静脉导管（CVC）留置时间与血流导管相关性感染（CRBSIs）之间的关系，假设 CVC 留置时间与 CRBSIs 的发生率无显著相关，以期为临床实践中的 CVC 管理提供科学依据。

方法 本研究采用回顾性分析方法，对深圳市儿童医院造血干细胞移植中心在 2021 年 1 月至 2024 年 4 月期间的 752 例行锁骨下中心静脉导管置管的地中海贫血行造血干细胞移植（HSCT）患儿进行分析。根据 CVC 留置时间将患者分为 A（15 到 45 天）、B（45 到 60 天）、C（60 到 75 天）、D（75 到 90 天）四组。A、B、C、D 四组组间的 CRBSIs 发生率通过统计分析进行比较，以确定 CVC 留置时间对感染发生率的影响。

结果 研究结果显示，752 例患儿，其中男 415 例(55.2%)，女 337 例(44.8%)，年龄范围为 2-16 岁，平均年龄 8.60 ± 3.38 岁。A 组 (n=407)、B 组 (n=252)、C 组 (n=71)、D 组 (n=20) 组间 CRBSIs 的发生率未发现显著差异：2.45% vs 1.91% vs 1.96% vs 0% (均 $P > 0.05$)。这些结果表明，在本研究观察范围内，CVC 留置时间最长为 90 天的情况下，CRBSIs 的发生率没有显著增加。

结论 本研究支持 CVC 留置时间与 CRBSIs 发生率无显著相关性的假设。在适当的护理和维护下，CVC 可以安全使用长达 90 天，而不会显著增加 CRBSIs 的风险。这对管理接受 HSCT 的地中海贫血儿童患者的 CVC 管理具有重要参考价值。尽管研究结果有助于解释 CVC 留置时间与 CRBSIs 发生率之间的关系，但本研究仅包含 90 天以内的 CVC 留置时间数据，无法评估更长时间对 CRBSIs 发生率的影响。为进一步验证本研究结果的普遍性和可靠性，未来的研究应采用前瞻性研究设计，并延长观察期。此外，选择生存分析方法可能更能准确评估 CVC 留置时间对 CRBSIs 发生率的潜在影响。通过改进研究设计和统计方法，可以更全面地理解 CVC 留置时间与 CRBSIs 发生率之间的关系，从而为临床决策提供科学依据。

PO-3065

血液肿瘤患者治疗负担现状及相关影响因素

王嫋嫋、孙燕飞
中国人民解放军东部战区总医院

目的 本研究旨在了解血液肿瘤患者治疗负担现状，分析其主要影响因素，明确血液肿瘤患者治疗负担与电子健康素养、疾病感知、信息自我效能之间的相关性，探索治疗负担的影响因素。为今后临床工作中制定针对性干预措施，降低患者的治疗负担提供科学依据。

方法 本研究为横断面调查，采用便利抽样方法，选取 2023 年 7 月~2024 年 2 月在南京地区某三甲医院血液科住院的 165 名符合纳排标准的血液肿瘤患者作为研究对象，采用一般资料调查问卷、简体中文版电子健康素养量表（SC-eHEALS）、简化版疾病感知问卷（BIPQ）、信息自我效能量表、治疗负担量表(TBQ)进行调查。应用 SPSS22.0 统计软件进行数据统计分析，采用 Pearson 相关分析及多元线性回归分析进行统计学数据处理。

结果 血液肿瘤患者治疗负担总分为(64.11±11.59)分，电子健康素养总分为(18.11±6.59)分，疾病感知总分为(42.45±4.50)分，信息自我效能总分为(9.61±3.59)分。相关分析显示，血液肿瘤患者疾病

感知与电子健康素养呈负相关 ($r=-0.630$)；疾病感知与治疗负担呈正相关 ($r=0.622$)；电子健康素养及信息自我效能与治疗负担呈负相关 ($r=-0.609$)。

结论 血液肿瘤患者治疗负担较重，疾病感知能力一般，但信息自我效能较低且电子健康素养处于较低水平，有待进一步提高。相关性分析表明，患者信息自我效能越高，治疗负担越轻；疾病感知在电子健康素养和治疗负担间起中介作用。互联网+时代，医护人员应关注患者电子健康素养与疾病感知能力间的交互作用对治疗负担的影响，以此为依据制定适合血液病患者的个性化措施。

PO-3066

造血干细胞移植术期间患者心理问题相关因素分析及护理对策

张天琰

四川大学华西医院上锦医院/成都上锦南府医院

目的 探讨造血干细胞移植术期间患者心理问题的相关因素，提出合理、有效的心理疏导方法。

方法 头脑风暴罗列患者造血干细胞移植术期间的各种心理问题，结合实际，设计调查问卷表。指定两名层流主管护师进行问卷调查，给予必要的解释，患者自行完成问卷。

结果 造血干细胞移植期间患者心理问题主要表现为焦虑、抑郁和恐惧等，与患者年龄层次、文化程度、社会支持、家庭成员性格的影响有相关关系 ($P<0.05$)，与入室前充分宣教、是否曾通过各种渠道自行了解疾病有显著的相关关系 ($P<0.01$)。

结论 对患者进行系统有效的入室宣教及疾病知识讲解，使患者及家属对层流病房与造血干细胞移植术过程有提前的认知，患者做好移植心理准备，家属做好移植支持。在移植期间关注患者情绪变化，鼓励患者说出心中想法，及时反馈，建立护患信任，减少患者心理负担。

PO-3067

不同抗凝剂比例对干细胞采集供者血小板计数的影响

李雪梅、杨燕澜

深圳市儿童医院

目的 探究抗凝剂在外周干细胞采集过程中的作用机制，为临床实践提供参考依据。通过对不同抗凝剂使用比例下供者血小板计数的观察，可以更好地了解抗凝剂对供者体内血小板数量的影响，为外周干细胞采集过程中的抗凝管理提供科学依据。

方法 本研究采用随机对照试验设计，纳入 2023 年 1 月至今在我院行外周干细胞采集的 300 例供者，随机分为三组，分别按照 1:10、1:11 和 1:12 的抗凝剂与全血比例分为 A 组、B 组、C 组进行血细胞分离。评价指标包括终产品的血小板计数以及供者外周血小板计数的变化情况。数据分析使用 SPSS 26.0 软件，通过方差分析和独立样本 t 检验比较三组间的差异。本研究系统地研究了外周干细胞采集对供者外周血小板计数的潜在影响机制，为临床实践提供了重要的理论依据。

结果 实验结果显示，通过对比分析不同抗凝剂使用比例下供者的血小板计数变化，以及终产品中的血小板计数，以评估抗凝剂使用对外周干细胞采集效果的影响。

1.采集前后供者血小板计数变化

A 组采集前外周的血小板计数为 $198\pm 21.2(\times 10^9/L)$ ，C 组采集后外周的血小板计数为 $160\pm 21.2(\times 10^9/L)$ ，采集前后差异具有统计学意义 ($P<0.05$)

B 组采集前外周的血小板计数为 $207\pm 19.9(\times 10^9/L)$ ，B 组采集后外周的血小板计数为 $157\pm 22.3(\times 10^9/L)$ ，采集前后差异具有统计学意义 ($P<0.05$)

C 组采集前外周的血小板计数为 $213\pm 32.8(\times 10^9/L)$ ，A 组采集后外周的血小板计数为 $143\pm 16.8(\times 10^9/L)$ ，采集前后差异具有统计学意义 ($P<0.05$)

具体而言，A 组、B 组和 C 组的血小板计数下降百分比分别为 19.2%、24.1%和 33.2%。此外，三组的终产品血小板计数也存在显著差异 ($P<0.05$)，表明抗凝剂的使用比例对采集效率及终产品质量均有影响。

2. 终产品血小板计数

A 组为 $1124\pm 129(\times 10^9/L)$ ，B 组为 $1422\pm 231(\times 10^9/L)$ ，C 组为 $1565\pm 192(\times 10^9/L)$ 。三组差异有统计学意义 ($P<0.05$)

结论 通过实验发现，在血细胞分离过程中，较低的抗凝剂使用比例会导致抗凝不充分，使得血小板在离心过程中易聚集并分布在外层，从而增加了对血小板的收集，这一发现为临床实践中个性化的抗凝管理提供了新的视角，并为外周干细胞采集中抗凝剂的使用提供了参考依据。未来的研究方向包括进一步探究外周干细胞采集对供者血液系统其他指标的影响，以及优化干细胞采集过程，减少对供者的不良影响。此外，还可以深入研究外周干细胞采集后的恢复机制及相关干预措施，为临床干细胞治疗提供更加全面和准确的指导。

PO-3068

Orem 自护模式结合多元化护理干预对血液恶性肿瘤化疗患者 PICC 置管期间自我护理能力及并发症的影响

余梦婷

成都医学院第一附属医院

目的 探讨 Orem 自护模式结合多元化护理干预对血液恶性肿瘤化疗患者 PICC 置管期间自我护理能力及并发症的影响。

方法 选取 2019 年 6 月至 2023 年 2 月我院收治的血液恶性肿瘤化疗的 PICC 置管患者 96 例为研究对象，采用随机数表法分为观察组和对照组各 48 例，对照组给予常规护理措施，观察组在此基础上根据奥瑞姆自护理论结合多元化护理实施干预措施，比较两组干预前后自我护理能力、生存质量评分变化，观察记录 PICC 相关并发症发生率及护理满意度情况。

结果 干预后护理后，两组自我护理能力评分均明显高于护理前，观察组评分高于对照组，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。护理后观察组生存质量评分均明显高于对照组，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。观察组并发症的发生率 (7.91%) 低于对照组 (33.32%)，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。观察组出现血栓、导管堵塞、静脉炎等并发症发生率 7.56% 明显低于对照组 23.47% ($P<0.05$)。观察组护理满意度 96.56% 明显高于对照组 82.93% ($P<0.05$)。

结论 将 Orem 自护理论结合多元化护理干预应用于血液恶性肿瘤化疗的 PICC 置管患者，可明显提高患者自我护理能力、生存质量，减少血栓等相关并发症的发生。

PO-3069

低温氧气疗法在血液肿瘤化疗后防治口腔粘膜炎的应用研究

蒋立谊

绍兴市人民医院

目的 探讨低温氧气疗法在血液肿瘤患者接受大剂量化疗后防治口腔粘膜炎的应用效果。

方法 选取 2022 年 1 月至 2023 年 12 月该院血液内科病区接受大剂量化疗后的患者 108 例，随机分为观察组和对照组各 54 例，对照组采用常规漱口的防治措施，观察组采用在常规漱口基础上加

用低温氧气疗法的防治措施，比较两组口腔粘膜炎的发生率及严重程度。

结果 口腔粘膜炎的发生率对照组为 85.19%，观察组为 68.52%，口腔粘膜炎的严重程度观察组均明显低于对照组，差异均具有统计学意义($P<0.01$)。

结论 加用低温氧气疗法后，减少了口腔粘膜炎的发生率，减轻了口腔粘膜炎的严重程度，缩短了口腔粘膜炎的愈合时间，提升了口腔粘膜炎的防治效果，值得临床推广应用。

PO-3070

根据抗人 T 细胞猪免疫球蛋白(ALG)皮试 结果调整其输注速度的探讨

刘茜

中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 抗人 T 细胞猪免疫球蛋白(ALG)治疗是无配型骨髓供者的 SAA 患者的首选治疗方案之一，该药物作为异种动物蛋白，容易出现不良反应。ALG 皮试的目的是为了检测个体对该药物是否存在反应，以确保用药的安全性。为保证 ALG 治疗的顺利进行。我中心通过有效调整滴注速度，使患者顺利完成治疗。

方法 收集我科 2023 年 10 月-2023 年 11 月共 28 例 ALG 治疗患者，其中男 14 例，女 14 例，年龄在 14-68 岁，所有患者均符合再生障碍性贫血的诊断标准。所用 ALG 药品均为武汉生物制品，批号 202306001，250mg/支，用药前使用药品原液 0.1ml 加入 0.9%NS 10ml 溶液中，取 0.05ml 进行皮内注射。30min 后观察结果。硬结 1.02cm 以下，（含 1.02cm）12 例。硬结 1.12-1.42cm 11 例，硬结 1.52cm（含 1.52cm）以上 4 例，硬结 2.02 以上 1 例。输注为 ALG 20mg.kg-1.d-1 x5，每日总量分成 2 份，分别加入 0.9%NS 500ml 或 250ml 中使用精滤或营养输液器于中心静脉导管泵入，同时应用激素（氢化可的松琥珀酸钠 2.5mg.kg-1.d-1，地塞米松 0.075mg.kg-1.d-1）连续 5 天。首次输注时外周静脉输入第一组激素液体，30min 后，中心静脉导管输入第一组 ALG 液体。皮试结果为硬结 1.0*1.0cm 以下（含 1.02cm），以 250ml 0.9%NS 溶液配置 ALG 液体为例，开始滴注速度为 20ml/小时，30min 后无超敏反应发生，调至 30ml 合适滴速，根据患者情况逐渐调至 40-45ml/小时泵入与激素同步泵入，维持 6-8 小时。硬结 1.12-1.42cm，开始滴注速度为 10ml/小时，逐渐调至 20-35ml/小时泵入与激素同步泵入。维持 8-12 小时。硬结 1.52cm 以上（含 1.52cm）开始滴注速度为 5-10ml/小时，逐步再调至 15-20ml，与激素同步泵入。需维持 12 小时以上。皮试结果为硬结 22cm 以上的患者不建议使用该药物进行治疗。药物治疗期间全程使用心电监护。药物治疗期间如血小板低于 $10 \times 10^9/L$ 、发热、荨麻疹、血清病反应等暂停用药、症状减轻或消失再继续治疗。

结果 28 例患者中，27 例已完成 ALG 治疗。1 例皮试硬结超过 22cm 以上的患者未完成。

结论 通过分析 ALG 的皮试结果，液体输注期间，综合考虑患者的病情有效控制滴注速度，并采取有效的预防措施及针对性治疗、护理，避免发生或减轻其引起的不良反应，从而保证了 ALG 治疗顺利完成。

PO-3071

心理干预对儿童淋巴瘤化疗后恢复的影响

刘文吉

深圳市儿童医院

目的 研究对淋巴瘤患儿进行一对一的心理分析后进行有针对性的护理从而提高其生活质量以及康

复效果的影响。

方法 选取 2022 年 01 月对至 2024 年 01 月我科收治的 50 例淋巴瘤化疗患儿，随机分为对照组和观察组，每组 25 例。对照组采用常规的护理方法进行基础的心理干预，研究组采用一对一的心理分析对不同的患儿进行特定的心理干预，比较两组患儿的 SCL-90、SDS、SAS、KPS 评分。

结果 观察组患儿 SCL-90、SDS、SAS、KPS 评分优于对照组 ($P<0.05$)。

结论 淋巴瘤化疗患儿进行有针对性的心理干预，可以在很大程度上减少患儿恐惧、绝望等其他负面心理影响，更好使患儿在治疗过程中有一个良好的心理健康条件进而提高生活品质。

PO-3072

造血干细胞移植儿童使用 0.9%生理盐水和淡肝素封管 在预防中心静脉导管堵管方面的随机对照研究

叶芳、尹艳
深圳市儿童医院

目的 本研究旨在评估在接受行造血干细胞移植 (HSCT) 治疗的患儿中，0.9%生理盐水封管与淡肝素封管 (10u/ml) 在中心静脉导管 (CVC) 间歇期的堵管率及堵管程度的差异，旨在为临床封管液的选择提供科学依据。

方法 本研究纳入了 2023 年 5 月至 2023 年 10 月期间在深圳市儿童医院血液肿瘤科造血干细胞移植中心接受 HSCT 并留置 CVC 的 120 例儿童患者。所有患者均使用同一厂家生产的 CVC。根据随机分组原则，将患者分为两组：试验组 (A 组，60 例) 采用 0.9%生理盐水封管，对照组 (B 组，60 例) 采用淡肝素封管 (10u/ml)。通过记录导管堵管发生情况和评估堵管程度，系统分析两种封管液对 CVC 堵管的影响。

方法 本研究纳入了 2023 年 5 月至 2023 年 10 月期间在深圳市儿童医院血液肿瘤科造血干细胞移植中心接受 HSCT 并留置 CVC 的 120 例儿童患者。所有患者均使用同一厂家生产的 CVC。根据随机分组原则，将患者分为两组：试验组 (A 组，60 例) 采用 0.9%生理盐水封管，对照组 (B 组，60 例) 采用淡肝素封管 (10u/ml)。通过记录导管堵管发生情况和评估堵管程度，系统分析两种封管液对 CVC 堵管的影响。

结果 共有 120 例患者被纳入研究，年龄范围 2 至 16 岁。A 组包含男性 33 例 (55%)，女性 27 例 (45%)，平均年龄为 7.2 ± 3.7 岁；B 组包含男性 38 例 (63%)，女性 22 例 (37%)，平均年龄为 8.5 ± 3.5 岁。A 组总封管次数为 1339 次，发生 4 例导管堵管，堵管率为 2.98‰；B 组总封管次数为 1557 次，发生 5 例导管堵管，堵管率为 3.21‰。统计分析表明，两组在堵管率上的差异无显著性 ($P>0.05$)。在堵管程度的评估中，A 组发生 I 级导管堵塞 3 例 (2.24‰)，II 级导管堵塞 1 例 (0.74‰)；B 组分别发生 I 级导管堵塞 4 例 (0.26‰)，II 级导管堵塞 1 例 (0.06‰)，两组均未出现 III 级导管堵塞情况。堵管程度的统计分析显示，两组无显著性差异 ($P>0.05$)。

结论 本研究结果表明，对于接受造血干细胞移植并留置中心静脉导管的儿童患者，0.9%生理盐水封管和淡肝素封管 (10u/ml) 在 CVC 间歇期的堵管率及堵管程度方面无显著差异。两种封管方式在预防 CVC 堵管方面均表现出良好效果，其安全性和可行性在临床应用中得到了验证。使用 0.9%生理盐水封管不会增加 CVC 堵管率或加重堵管程度，且对降低 HSCT 患儿出血风险具有重要意义，值得在临床中推广使用。

PO-3073

成人血液恶性肿瘤患者嵌合抗原受体 T 细胞免疫治疗期间症状管理的研究进展

成荫、严佳丽、程琼、金爱云、周晓瑜、丁淑怡
浙江大学医学院附属第一医院

目的 嵌合抗原受体 T (Chimeric Antigen Receptor T, CAR) 细胞免疫治疗作为癌症领域全新、精准、快速、高效的一种新型肿瘤免疫治疗方法, 通过修饰自体杀伤肿瘤性 T 淋巴细胞, 使其表达可靶向识别肿瘤细胞表面特定分子的受体并加以扩增激活, 从而实现杀伤肿瘤细胞的目的。然而, CAR-T 细胞在抗击肿瘤细胞的同时往往会触发多系统症状, 这些症状间的协同效应会加重患者的症状负担, 更大程度地降低其功能状态和生活质量。通过症状管理能对患有严重疾病的患者进行动态的症状评估, 了解其症状感知和症状反应, 并通过专业管理和自我照护等策略进行针对性症状处置。基于此, 本文将综述成人血液恶性肿瘤患者 CAR-T 治疗期间的主要症状表现形式、症状评估工具、影响因素、干预措施和 CAR-T 治疗期间症状管理的前景, 以促进临床护理人员科学、高效地管理 CAR-T 症状, 提升 CAR-T 护理服务质量。

方法 本文采用普通综述, 全面检索中英文数据库, 总结分析国内外成人血液恶性肿瘤患者嵌合抗原受体 T 细胞免疫治疗期间症状管理的进展, 包括主要症状表现形式、症状评估工具、影响因素、干预措施, 并针对现有的管理现状提出未来展望。

结果 成人血液恶性肿瘤患者在 CAR-T 治疗期间的症状表现形式包括全身症状群、神经精神症状群、循环呼吸症状群、电解质紊乱症状群、营养相症状群、心理相关症状群。主要症状评估工具分为普适性评估工具和特异性评估工具两类, 其中, 患者报告结局测量信息系统-29 和淋巴瘤患者生命质量测量量表属于普适性评估工具, 安德森 CAR 治疗症状评估量表和 CAR-T 治疗患者/照顾者报告的核心症状量表属于特异性评估工具。在影响因素方面, 成人血液恶性肿瘤患者 CAR-T 治疗期间症状群的影响因素涉及人口学因素、疾病因素、心理社会因素和生理生化因素。症状干预措施方面, 关于成人血液恶性肿瘤患者 CAR-T 治疗期间症状群的干预研究多聚焦于症状的对症处理, 关于护理人员对 CAR-T 患者症状群的干预研究较少。张思佳和李宇翔等人通过循证、病例回顾性分析、质性访谈等多种途径制定了 CAR-T 患者的症状护理方案。

结论 首先, 现有的 CAR-T 特异性症状量表仅有两种, 均未通过大样本研究验证其信效度, 并且量表在测量过程中存在不足之处, 未来可以从不同血液肿瘤类型考虑, 研发疾病相关特异性 CAR-T 症状量表; 其次, 虽然国内外研究针对部分 CAR-T 症状提出了初步干预方案, 但缺乏对症状间协同效应的考虑, 且未对症状群展开纵向随访。建议积极挖掘 CAR-T 患者的核心症状, 明确各个症状间的作用关系, 开展多时间点的纵向调查, 构建精准化干预策略; 最后, 血液恶性肿瘤患者症状群与影响因素之间的研究以横断面研究为主, 无法确定二者间的因果关系。未来可针对 CAR-T 患者特征性症状开展发生风险筛查和队列研究, 通过对复杂症状、症状群、症状网络的现状及表型特征、生物行为因素及生物标志物的早期识别。

PO-3074

疼痛护理配合临终关怀对造血干细胞移植后复发患者疼痛程度的影响分析

何露
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 分析疼痛护理配合临终关怀对造血干细胞移植后患者疼痛程度的影响。

方法 选取 2023 年 1 月—2024 年 1 月我院收治的 50 例造血干细胞移植后复发患者，采用随机数表法分为干预组与常规组，各 50 例。常规组患者接受常规护理干预，干预组在常规护理基础上实施疼痛护理配合临终关怀干预，比较两组护理效果。

结果 结果 干预后，两组患者 NRS 评分以及 PFS-R 评分低于干预前，且干预组低于常规组，差异有统计学意义($P<0.05$)。干预组患者干预后的 PSQI 评分低于常规组，差异有统计学意义($P<0.05$)；干预后，两组患者 FACT-G 评分高于干预前，且干预组高于常规组，差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 对造血干细胞移植后患者实施疼痛护理配合临终关怀干预，可减轻患者疼痛程度，缓解其癌因性疲乏，有效改善生存质量。

PO-3075

预防跌倒与坠床护理管理模式在造血干细胞移植后患者中的应用效果

何露

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨预防跌倒与坠床护理管理模式在造血干细胞移植后患者中的应用效果。

方法 研究对象选自 2023 年 1 月—2024 年 1 月于血液科进行造血干细胞移植后的 100 例患者。将患者分为两组，接受传统预防跌倒与坠床护理措施的 50 例患者纳入对照组，接受改良版预防跌倒与坠床护理措施的 50 例患者纳入观察组。比较两组干预前后跌倒与坠床发生率、患者预防跌倒与坠床安全知识掌握率及护理满意度。

结果 结果 观察组患者跌倒与坠床发生率为 0，对照组跌倒与坠床发生率 1.34%，差异有统计学意义 ($P<0.05$)；观察组患者安全知识掌握率为 96.51%，对照组患者安全知识掌握率 73.63%，差异有统计学意义 ($P<0.05$)；观察组患者在住院期间表示对我科护理工作的满意度为 99.33%，对照组护理满意度为 95.00%，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 预防跌倒与坠床护理管理模式能够降低造血干细胞移植后患者跌倒与坠床发生率，提高其安全知识掌握率，能动地减少或消除护理不安全因素，提高患者的护理满意度，减少护患纠纷，是一种实用的管理方法。

PO-3076

基于个体需求的舒适护理对造血干细胞移植后复发患者心理状态、疼痛情况及生存质量的影响

何露

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨基于个体需求的舒适护理对造血干细胞移植后复发患者心理状态、睡眠质量及生存质量的影响。

方法 选取 2023 年 1 月—2024 年 1 月我院血液科收治的 60 例造血干细胞移植后复发患者作为研究对象，按照组间基本特征具有可比性的原则将其分为对照组和观察组，每组 30 例，对照组采用常规护理；观察组采用基于个体需求的舒适护理，两组均干预至出院。比较两组入院时与出院时心理状态、死亡态度、疼痛情况及生存质量。

结果 干预前，两组患者焦虑评分、抑郁评分、死亡态度量表评分、疼痛评分、生存质量评分比较，差异无统计学意义 ($P>0.05$)；干预后观察组抑郁、焦虑量表评分低于对照组，差异有统计学意

义 ($P<0.05$)；干预后，观察组死亡态度量表死亡恐惧、死亡逃避、逃离接受评分低于对照组，中性接受评分高于对照组，差异有统计学意义 ($P<0.05$)；干预后，观察组疼痛评分低于对照组，差异有统计学意义 ($P<0.05$)；干预后，观察组生存质量量表症状模块低于对照组，功能模块、总体健康状况评分高于对照组，差异有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 基于个体需求的舒适护理应用于造血干细胞移植后复发患者中可以有效改善患者抑郁、焦虑心理状态与患者死亡态度，降低患者死亡恐惧，此外，还可以有效缓解患者疼痛，提高其生存质量。

PO-3077

13 例异基因造血干细胞移植患者合并 HSV-1 感染性口炎的护理

张秋会、徐春晖、徐丽、解文君

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨异基因造血干细胞移植患者治疗期间合并 HSV-1 感染性口炎的病例特点及护理，为临床护理工作提供经验。

方法 回顾性总结 2021 年 7 月至 2022 年 8 月天津市某三级甲等医院行异基因造血干细胞移植期间合并 HSV-1 感染性口炎患者的临床表现及护理经验。

结果 13 例患者均在移植后骨髓抑制期间出现不同程度的口腔黏膜炎，首次出现的中位时间为 +7d (+3d~+11d)，伴有或不伴有发热症状，随着粒缺时间的加长，口腔粘液分泌增多，溃疡面融合成片，广泛出现在两颊、上颚、舌下、口唇等部位，疼痛呈进行性加重，伴随进食及服药困难等。经口腔细菌、真菌拭子及 NGS 拭子检测，口腔 NGS 结果回报中患者均存在 HSV-1 高序列，同时合并其他细菌低序列感染等。患者粒系植活后，口腔溃疡仍持续疼痛，部分患者口唇糜烂加重，伴口腔内多发溃疡，中位愈合时间为 39d (10d~60d)。针对此类患者，遵医嘱予以阿昔洛韦抗病毒治疗，同时加强口腔护理，协助患者使用更昔洛韦漱口水、干扰素喷雾等抗病毒，并指导患者加强漱口；针对口腔溃疡疼痛的管理，应采用阶梯式镇痛的方法，首先采用利多卡因漱口水或地塞米松+利多卡因+蒙脱石散溃疡糊涂抹，疼痛难忍者给与布洛芬口服或其他止痛药物应用；针对患者进食困难，指导患者流质饮食，或请营养科会诊，给与相应的肠内或外营养，补充供能；患者溃疡持续时间长，应给与心理指导，鼓励患者，加强亲属间的支持。

结论 患者粒系植活后口腔溃疡疼痛仍加重者应考虑感染性口炎，加强口腔拭子监测，及时送检，针对拭子结果早期联合用药，促进黏膜修复，减轻患者痛苦。

PO-3078

儿童恶性血液肿瘤化疗后粒细胞缺乏伴发热期中心静脉导管 相关并发症的原因分析及护理方法总结

梁银仪、杨燕澜

深圳市儿童医院

目的 通过对儿童恶性血液肿瘤化疗后粒细胞缺乏伴发热期中心静脉导管相关并发症的原因分析及护理方法总结，力争为今后临床预防和护理儿童恶性血液肿瘤患者在规范化化疗后粒细胞缺乏伴发热期中心静脉导管发生相关并发症提供护理参考依据。

方法 回顾分析 2022 年 1 月至 2023 年 12 月深圳市儿童医院血液肿瘤病区收治的恶性血液肿瘤患儿粒细胞缺乏伴发热期患儿的临床资料及出现中心静脉导管相关并发症的情况，总结中心静脉导管的维护方法及相关并发症的护理措施。

结果 得到分析输液港及 PICC 均会出现导管相关性血流感染、静脉血栓、导管堵塞、静脉炎、导管脱出或移位、导管破裂和穿刺点有渗血渗液的情况。

结论 儿童恶性血液肿瘤患者粒细胞缺乏伴发热期中心静脉导管通路容易发生各种相关的并发症，积极采用科学有效的护理方法，及时准确地处理相关并发症可提高导管的使用率及延长使用时间。

PO-3079

造血干细胞移植期间患者心理护理的研究进展

张甜

中国人民解放军空军军医大学第二附属医院

目的 对造血干细胞移植患者在移植期间呈现的主要心理状态及护理干预手段进行综述，为临床工作者识别此类患者的心理状况及解决相关问题提供参考依据。

方法 归纳近年来患者在移植过程中出现的主要心理状态和目前临床主要的心理护理措施。

结果 造血干细胞移植期间患者的心理状态主要表现在焦虑、孤独、担忧、歉疚、希望等，心理护理措施主要是采取积极的心理干预疗法、进行个性化及精细化的护理、加强患者的社会支持及全方位的支持。

结论 对造血干细胞移植期间患者的主要心理问题及现阶段主要的心理护理措施进行了梳理和总结，以期为临床工作者识别和干预患者的心理问题提供一定的理论指导。

PO-3080

预见性护理对淋巴瘤患者自体造血干细胞移植治疗效果与生存质量的影响

黄静

重庆大学附属肿瘤医院

目的 研究并分析预见性护理对淋巴瘤患者自体造血干细胞移植治疗效果于生存质量的影响。

方法 将 2023 年 1 月至 2024 年 5 月在我院治疗的 70 位淋巴瘤患者分为参照组和观察组，给予参照组采用常规性护理干预，而观察组则采用预见性护理干预，观察两组患者的治疗效果和存活质量评分。

结果 采取分组护理，参照组患者的治疗有效率为 74.29% 低于观察组 94.29%，组间差异性存在， $P < 0.05$ ；同时参照患者的躯体、情绪、认知、社会、角色等生存功能质量评分均低于观察组，有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 结论：在淋巴瘤患者采用自体造血干细胞移植治疗的护理中，预见性护理可以有效提高治疗效果，改善生存功能，提升生存质量评分，值得在临床实践中推广。

PO-3081

糖尿病合并肿瘤出现低血糖反应的预防措施及护理对策

黄静

重庆大学附属肿瘤医院

目的 对糖尿病合并肿瘤出现低血糖反应的预防措施及护理对策进行研究。

方法 选取我院 2021 年 9 月-2022 年 9 月收治的糖尿病合并肿瘤出现低血糖反应的患者 60 例，并且随机分为对照组和实验组，每组各 30 例。对照组采用的是常规护理的方式，实验组采用综合护理的方式，然后对两组患者的低血糖反应和护理满意度进行分析。

结果 实验组患者出现低血糖的概率要比对照组低，并且护理满意度要高于对照组，并且差异具有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 采用综合护理的方式进行护理，能够对糖尿病合并肿瘤出现低血糖反应进行预防，并且具有比较好的预后效果，对提高患者生活质量也具有重要意义，因此在临床上有着比较广泛的应用。

PO-3082

血液肿瘤患者化疗后中性粒细胞缺乏真实数据分析 与风险因素研究

雷波

重庆大学附属肿瘤医院

目的 本研究旨在分析血液肿瘤患者在接受化疗后发生中性粒细胞缺乏症的真实数据，探讨中性粒细胞缺乏症的发生率、持续时间以及相关的风险因素。

方法 回顾性收集 2022 年血液肿瘤患者接受化疗后的 100 例中性粒细胞缺乏症的临床数据，包括性别、年龄、教育水平、体能状态、住院患者营养风险筛查 NR2002 评分、化疗方案、住院时间、发热情况、层流床使用情况以及抗感染治疗等。通过描述性统计分析中性粒细胞缺乏的发生情况，并运用逻辑回归模型分析可能的风险因素。

结果 中性粒细胞缺乏时间超过 7 天的患者占比 36%，7 天以内的占比 64%。淋巴瘤、白血病和多发性骨髓瘤为主要病种。使用长效和短效升白针的患者分别为 18 例和 85 例。发热天数超过 7 天的患者有 33 例，7 天以内的有 32 例，未发热的有 35 例。通过统计分析发现，体能状况、住院患者营养风险筛查 NR2002 评分、化疗方案、使用长效升白针以及并发感染是中性粒细胞缺乏的独立风险因素。

结论 在血液肿瘤患者中，化疗后中性粒细胞缺乏的风险受多种因素影响。对这些风险因素的及时识别和管理有助于预防和减少粒细胞缺乏的发生，进而改善患者的预后和生存质量。未来研究应关注于筛选高风险患者群体，制定针对性的预防策略以降低中性粒细胞缺乏的发生率。

PO-3083

坐式八段锦联合抗阻运动对造血干细胞移植后患者早期体能恢复的影响

唐全希、吴芳芳

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨坐式八段锦联合抗阻运动对造血干细胞移植后患者早期体能恢复的影响，为造血干细胞移植患者早期体能恢复指导提供参考。

方法 选取 2023 年 1 月-2023 年 12 月在重庆市某三甲医院血液科造血干细胞移植的患者 100 例为研究对象，成立研究小组，并制定造血干细胞移植患者运动方案。按照随机数字表法分为对照组、抗阻运动组、坐式八段锦组和联合运动组，每组各 20 例，对照组为常规护理，包括饮食、运动、心理等健康指导，有氧运动在对照组基础上增加使用弹力带，病人进行床上下肢运动（屈膝和伸展）和上肢运动（肱二头肌和肱三头肌弯曲伸展），每周三次，每次 20min，坐式八段锦组在对照组基础上增加隔日一次八段锦练习，联合组在对照组基础上增加隔日一次坐式八段锦练习和每周三次的抗阻运动。评估干预前、移植后 14 天、移植后 28 天三个时间点患者疲乏程度（FSS）、肌力、睡眠质量（PSQI）情况，分析坐式八段锦、抗阻运动以及坐式八段锦与抗阻运动的联合运动模式对造血干细胞移植后患者早期体能恢复的影响。

结果 移植后 28 天，联合运动组与对照组匹兹堡睡眠质量指数（PSQI）评分有显著差异（ $P<0.05$ ），其余成对组间 PSQI 评分比较无显著差异（ $P>0.05$ ）

移植后 14 天，对照组与坐式八段锦组、联合运动组 FSS 评分有无显著差异（ $P>0.05$ ），移植后 28 天，联合运动组与对照组、抗阻运动组 FSS 评分有显著差异（ $P<0.05$ ），其余 FSS 评无显著差异（ $P>0.05$ ）

四组患者干预后肌力等级无明显差异（ $P>0.05$ ）

结论 坐式八段锦、坐式八段锦联合抗阻运动能促进造血干细胞移植后患者早期体能恢复、改善疲劳症状和睡眠质量，并且，坐式八段锦与抗阻运动联合干预比单一坐式八段锦或单一抗阻运动干预效果更为显著。

PO-3084

9 例复发难治性多发性骨瘤患者行自体造血干细胞移植联合 CAR-T 细胞治疗并发症的护理

刘鹏、全凤琼、李婧、邓成凤

南充市中心医院

目的 总结某医院 9 例复发难治性多发性骨瘤患者（RRMM）行自体造血干细胞移植（ASCT）联合 CAR-T 细胞治疗并发症的护理经验，为临床护理提供参考。

方法 密切关注 9 例复发难治性多发性骨瘤行 ASCT 联合 CAR-T 细胞治疗的患者，包括密切监测患者生命体征及检验结果，及时评估并处理患者的口腔黏膜炎（OM），准确识别及处理不同级别的细胞因子释放综合征（CRS），早期识别免疫效应细胞相关神经毒性综合征（ICANS），做好患者神经精神症状管理，遵医嘱正确用药等来保证患者安全，以及对患者及家属提供专业的心理支持等。

结果 9 例患者均移植成功，其中发生 OM 4 例，发生 CRS 9 例，发生 ICANS 1 例，经积极治疗症状均得到控制，顺利出院。

结论 自体造血干细胞移植联合 CAR-T 细胞治疗复发难治性多发性骨瘤疗效明显，通过对患者症状的早期识别，有效的症状管理、优化临床护理措施、专业的心理支持等能够降低 CRS 反应和

ICANS 发生风险,提升临床疗效,保证患者安全,有效的疏导患者及家属的不良情绪,促进患者早日康复出院。

PO-3085

血液专科护士应用仿真情境模拟培训方案在疼痛管理中效果

兰大华、邓佳、文钦、张诚、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨仿真情境模拟培训在血液专科护士疼痛管理的应用的效果。

方法 依据国际护理临床模拟教学协会最佳实践标准,基于核心能力模型构建仿真情境模拟的疼痛管理培训方案,并对重庆市某三级甲等综合医院的 113 名血液科护士实施培训。分别于培训前后采用疼痛管理知识和态度调查问卷、评判性思维倾向问卷进行评价。

结果 培训后疼痛管理知识和态度调查问卷平均答对(38.17±2.76)个条目,高于培训前(26.58±3.25)个条目,差异有统计学意义($P<0.001$);培训后评判性思维能力得分(296.15±20.35)高于培训前(235.28±24.13),差异有统计学意义($P<0.001$)。

结论 仿真情境模拟下的疼痛管理有助于提升血液专科护士的疼痛管理知识和态度、评判性思维能力,因血液病患者疼痛的发生差异性,不同亚专科的护士在疼痛临床实践行为特别是远期效果还需在临床实践中固化,以及进一步验证。

PO-3086

基于 4R 危机管理理论的 QC 活动小组在血液肿瘤住院患者院内压力性损伤管理中的价值

郑晓茂
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨基于 4R 危机管理理论的质量控制(QC)活动小组在血液肿瘤住院患者院内压力性损伤管理中的应用价值。

方法 选取 2023 年 1—6 月运用 4R 危机管理理论进行压力性损伤护理管理期间的 50 例住院患者为 A 组,2023 年 7—12 月以常规护理管理进行压力性损伤护理管理期间的 50 例住院患者为 B 组。比较两组患者临床指标(发生率、治愈率、治疗周期),采用压力性损伤愈合评价量表(PUSH)评估比较两组发生压力性损伤患者入院 1 周以及出院时的压力性损伤愈合情况,比较两组患者干预前及干预后的疼痛程度、舒适情况、生活质量。

结果 A 组患者的压力性损伤发生率和治疗周期显著小于 B 组,差异有统计学意义($P<0.05$);入院 1 周时,两组患者 PUSH 量表中的压力性损伤面积、渗液量以及创面组织类型均无显著差异($P>0.05$),出院时,两组患者 PUSH 量表评分均较入院 1 周时显著下降,且 A 组显著低于 B 组,差异有统计学意义($P<0.05$);干预后,两组患者的疼痛程度均较干预前显著下降,且 A 组显著低于 B 组,差异有统计学意义($P<0.05$);两组患者的舒适情况和生活质量均较干预前显著上升,且 A 组显著高于 B 组,差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 采用 4R 危机管理理论的 QC 活动小组进行管理干预,可有效预防住院患者压力性损伤的发生,提高压力性损伤患者的愈合情况,缓解其疼痛程度,并提高舒适情况和生活质量,可在临床上推广使用。

PO-3087

可视化护患协作式出入量记录微信小程序在血液肿瘤患者出入量全程管理中的应用

郑晓茂

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 为了探讨可视化护患协作式出入量记录微信小程序在血液肿瘤患者出入量管理中应用的效果。

方法 将 2014 年入院需要记录出入量的血液患者通过随机分组, 分成实验组及对照组, 通过比较两者在出入量记录准确性、及时性、时效性、患者满意度。排除标准: 年龄 ≥ 65 岁及年龄 ≤ 14 岁、智能手机使用障碍者。实验组注册患者账号, 每日运用小程序对出入量进行记录, 食物含水量自动换算, 注册护理人员账号者通过小程序对数据进行更新及对患者记录出入量查看并登记。

结果 使用协作式记录出入量微信小程序组在食物含水量记录准确度(95.87 \pm 3.11)分、及时性(94.28 \pm 1.54)分、时效性(88.59 \pm 1.94)分优于传统纸质记录出入量食物含水量准确度(77.73 \pm 4.49)分、及时性(91.73 \pm 1.73)分、时效性(82.96 \pm 1.84)分, $P < 0.05$, 差异有统计学意义。调查问卷显示协作式记录出入量微信小程序患者满意度为 98.7% 高于传统的满意度为 92.3%。

结论 实践显示, 微信小程序作为一种移动应用技术, 经与护理业务深度结合后具有获取方便、简单高效等优点, 有效改善患者服务感受、提高护理服务效率, 在医疗信息化中具有相当广泛的应用前景。自主研发的出入量管理程序在血液肿瘤患者全程化管理也有良好的应用价值。

PO-3088

VSD 技术在治疗 1 例儿童恶性血液病人药物外渗所致皮肤溃疡中的护理观察

郑晓茂

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 通过观察负压封闭引流(vacuum sealing drainage, VSD)技术对一例恶性血液病人在粒细胞缺乏期伴药物外渗所致皮肤溃疡治疗的应用, 总结恶性血液病人 VSD 引流术后的疗效和护理体会。

方法 对一例儿童恶性血液病人伴粒细胞缺乏期因留置针输注营养液药物外渗所致皮肤形成(2 \times 3 \times 1.5) cm^2 大小溃疡面后行坏死组织清创术, 术后采用 VSD 技术对创面进行封闭式引流, 同时予以抗感染、营养支持、创面观察、活动指导等对症治疗及护理。观察护理结果。

结果 该患儿药物外渗所致皮肤溃疡使用 VSD 技术治疗 7-14 天后, 创面肉芽组织快速生长, 创面面积为(1 \times 1 \times 0.5) cm^2 较前明显缩小, 创面肉芽填充完毕后院外利用水胶体敷料促进上皮爬行, 随访一个月创面完全愈合疗效满意, 取得良好的护理效果。

结论 VSD 负压吸引可吸除渗液及分泌物, 形成封闭的愈合环境, 快速促进感染创面肉芽生长, 加速创面愈合, 减少病人换药痛苦及经济负担, VSD 技术的应用为恶性血液病人在粒细胞缺乏期药物外渗所致皮肤溃疡提供了新的治疗方法。

PO-3089

军队医院合同制血液内科男护士工作体验的质性研究

陶俊、陈玲

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 了解军队医院合同制血液内科男护士的工作体验，为军队医院管理层管理男护士、培养男护士提供参考解决方案。

方法 采用描述性现象学研究方法，于 2022 年 12 月至 2023 年 6 月对重庆市四所部队医院的 12 名血液内科合同制男护士进行半结构化深度访谈。采用 Colaizzi 七现象学分析方法进行资料分析。

结果 通过访谈提炼出 4 个主题：稳定（职业稳定与文职人员有差别、晋升途径少）、矛盾（年轻男护士离职意愿高、对科室发展有所期待）、迷茫（职业发展规划不清晰、专业知识和专业技能欠缺）、压力（工作中容易受歧视、薪资待遇不如外科男护士高）。

结论 军队医院血液科应拓宽合同制男护士的职业路径，发挥男护士独特的优势，促进男护士个性化、多样性发展，吸引高学历高素质男护士进入军队医院血液内科工作，从而优化医院护理团队。

PO-3090

经鼻高流量湿化氧疗在血液肿瘤 并发急性呼吸衰竭患者中的临床应用

陶俊、饶军、陈玲

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨经鼻高流量湿化氧疗(HFNC)在血液肿瘤患者并发急性呼吸衰竭患者中的应用效果。

方法 按照随机数字表法将 2022 年 7 月 1 日~2023 年 10 月 31 日在重庆市某三甲医院血液病医学中心收治的 50 例并发急性呼吸衰竭的血液肿瘤患者，动脉血气提示 I 型呼吸衰竭。分为观察组和对照组各 25 例，原发病的综合治疗采取统一方案，观察组使用 HFNC,对照组进行无创正压通气；比较两组干预前和干预后 2h,24h 的动脉血氧分压、动脉血二氧化碳分压、氧合指数、及干预前后焦虑情绪，采用汉密顿焦虑量表进行焦虑评分。

结果 干预后 2h、24h,观察组动脉血氧分压高于对照组($P<0.05$)，动脉血二氧化碳分压低于对照组($P<0.05$)；干预后 24h,观察组氧合指数高于对照组($P<0.01$)；干预后，观察组 HAMA 评分低于对照组($P<0.01$)。

结论 结论：与无创正压通气相比，HFNC 可以有效改善了血液肿瘤并发急性呼吸衰竭患者的缺氧症状和焦虑状况，患者配合度更好。

PO-3091

激励式护理联合人文关怀对造血干细胞移植患者 心理状态及治疗依从性的影响

马燕琼

中国人民解放军西部战区总医院

目的 观察激励式护理联合人文关怀对造血干细胞移植患者心理状态及治疗依从性的影响。

方法 选取 2023 年 1 月至 2023 年 12 月在我科行造血干细胞移植的 60 例患者，60 例患者均实施激励式护理联合人文关怀服务，分析总结实施过程中的记录，对比患者心理状态及治疗依从性。

结果 实施激励式护理联合人文关怀服务后，患者心理状态评分显著降低，治疗依从性显著提高。

结论 对造血干细胞移植患者实施激励式护理联合人文关怀服务能够促进其心理状态平稳，提高治疗依从性，改善移植期间睡眠质量，有利于降低心理疾病的发生，整理护理效果更佳。

PO-3092

全程营养管理对改善造血干细胞移植患者营养状况的疗效观察

马燕琼

中国人民解放军西部战区总医院

目的 探讨全程营养管理对造血干细胞移植患者营养状况的评估及疗效观察。

方法 选取 2023 年 6 月至 2023 年 12 月开展全程营养管理的造血干细胞移植患者 30 例进行分析总结

结果 行全程营养管理的造血干细胞移植患者血红蛋白、白蛋白水平及淋巴细胞数均有所提高

结论 全程营养管理可改善造血干细胞移植患者营养状况，提高患者移植成功率，减少并发症的发生。

PO-3093

观察肿瘤患者进行 NRS2002 营养风险筛查后 营养干预护理的效果体会

颜寒、刘婷婷、吕静、王霞、段惠君、余娟

重庆大学附属肿瘤医院

目的 探讨 NRS2002 营养风险筛查在肿瘤患者营养干预护理中的应用效果。

方法 对 2003.2-10 月我院收治的 62 例肿瘤病例进行随机分组，A 组 31 例予以常规营养干预，B 组 31 例应用 NRS2002 工具进行营养风险筛查后开展针对性营养干预。观察两组营养不良发生情况、相关并发症发生情况。

结果 B 组无患者出现营养不良、相关并发症发生率也仅 3.23%，明显少于 A 组 9.68%、12.90%， $P < 0.05$ 。

结论 针对肿瘤病人应用 NRS2002 工具进行营养风险筛查后开展针对性营养干预有助于预防营养不良，降低各种相关并发症风险，值得推广。

PO-3094

护理精准健康视角下恶性血液病患者 多元靶向干预策略构建及实证研究

崔岩、陈明明

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨护理精准健康视角下多元靶向干预策略的构建对恶性血液病患者的干预效果。

方法 选取于 2023 年 2 月至 2023 年 8 月天津市某三级甲等血液病医院接受住院治疗的 106 名恶性血液病患者作为研究对象。按随机抽样法分为对照组和试验组，两组各为 53 例。其中对照组给予常规干预，试验组在常规干预基础上实施多元靶向干预策略，比较两组患者非计划再入院情况、癌症复发恐惧、癌因性疲乏程度以及生活质量。

结果 最终共 106 例患者完成研究，试验组和对照组各 53 例。干预后，试验组非计划再入院发生率(6.98%) 低于对照组(23.26%)；试验组癌症复发恐惧得分(27.16±3.01) 低于对照组(34.21±5.36)；癌因性疲乏得分(18.12±4.75) 均低于对照组(23.72±6.97)；生活质量得分(73.84±13.68) 高于对照组(50.78±23.20)，差异均具有统计学意义(P<0.05)。

结论 相较于常规干预，护理精准健康视角下多元靶向干预策略可有效降低患者的非计划再入院率，改善癌症复发恐惧以及癌因性疲乏水平，提高患者的生活质量。

PO-3095

个性化延续护理在化疗后白细胞降低患者中的应用及效果分析

周秀均、刘婷婷、吕静、蒋翠婷
重庆大学附属肿瘤医院

目的 通过探讨个性化延续护理在化疗后白细胞降低患者中的应用及效果，为采取对策提供相关理论支持，为社会培养更好的专业型护士提供一定的理论基础。

方法 本研究运用随机抽样法选取 2020 年 6 月-2021 年 3 月在我院血液肿瘤中心治疗后出院的 98 例化疗患者作为研究对象进行调查，对对照组实施优质个性化延续护理干预，干预后对比两组患者的护理应用效并随机分为对照组和常规组，两组患者的年龄、性别、基本病情比较，无统计学差异。对常规组实施常规护果有无差别，用自行设计的《护理评价记录表》、《患者满意度调查表》、SAS(焦虑测评量表)和 SDS(抑郁测评量表)进行对比两组治疗效果的评定。

结果 本次调查对象对照组患者各量表评分均优于常规组，对照组用药依从性、定期检查率、发生感染的概率、均优于常规组，对照组患者满意度优于常规组 28.57%；有显著性差异，具统计学意义(P<0.05)。

结论 个性化延续护理干预在化疗后白细胞降低患者中的应用效果显著，可有效减少患者并发症、提高用药和定期检查的依从性、提高患者生活质量，增进护患关系。

PO-3096

异基因造血干细胞移植术后肺部感染行纤维支气管镜下肺泡灌洗术临床护理方案的应用效果

张愉、颜洁、刘洁
中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 探讨异基因造血干细胞移植术后肺部感染并发症明确病原菌诊断，行纤维支气管镜下肺泡灌洗术，制定适合血液病患者临床护理模式实施后的应用效果。

方法 选取 2023 年 11 月至 2024 年 5 月行异基因造血干细胞移植术共 71 例，其中移植后发生肺部感染 24 例，进行纤维支气管镜肺泡灌洗术 5 例，制定临床护理方案实施，从术前患者生命体征的评估，了解血常规、出凝血、电解质化验结果，CT 检查结果，进行患者心理分析，制定患者个人的护理计划，使其全面了解术中如何做到有效配合及术后注意事项，顺利进行纤维支气管镜下肺泡灌洗术。

结果 进行针对患者临床护理方案模式应用后，有效提高患者的依从性，消除内心的焦虑、恐惧的

情绪,达到医生、护士、患者及家属的紧密配合,有效提升纤维支气管镜下肺泡灌洗术前充分准备、术中高效配合及术后病情的观察均起到作用。

结论 异基因造血干细胞移植术后肺部感染致病菌种类很多,严重肺部感染不仅影响患者康复进程,还会导致严重后果。保障纤维支气管镜肺泡灌洗术安全可行,术前给予患者进行临床护理方案实施,提升纤维支气管镜下肺泡灌洗术操作顺利进行,对于明确病原菌诊断,从而达到精准有效的治疗肺部感染的作用具有重要意义。

PO-3097

CAR-T 治疗自身免疫性溶血性贫血的护理管理

王为为^{1,2}、王安妮^{1,2}、董瑾^{1,2}、何鑫彤^{1,2}、赵春婕^{1,2}、匡哲湘^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所),血液与健康国家重点实验室,国家血液系统疾病临床医学研究中心,细胞生态海河实验室

2. 天津医学健康研究院

目的 总结 6 例靶向 CD19 的嵌合抗原受体 T 细胞(chimeric antigen receptor T-cell, CAR-T)免疫疗法治疗难治/复发自身免疫性溶血性贫血(autoimmune hemolytic anemia, AIHA)患者的治疗经过及护理管理要点。

方法 组建 CAR-T 护理专项小组,予 6 例患者实施全流程、个性化、规范化、精细化的护理管理,依据患者治疗阶段,总结护理管理要点,包括 CAR-T 细胞采集管理、清淋化疗药物症状管理、细胞输注安全指导、输注后细胞因子释放综合征(CRS)的早期识别和观察、免疫效应细胞相关神经毒性综合征(ICANS)的观察与护理,以及患者全程的营养支持、感染预防和心理管理。此外,在分阶段实施护理管理中,鼓励患者家属全程参与并指导患者做好居家护理。

结果 CAR-T 细胞输注 2 周内,4 例患者出现不同程度的 CRS,其中 3 例为 I 级,1 例为 II 级,经过全程精细化照护,不良反应均得到有效控制,6 例患者均顺利完成治疗,4 周后血红蛋白可稳定在 90g/L 以上,目前均已回归正常家庭生活。

结论 CAR-T 免疫疗法是 AIHA 治疗领域的一大创新性突破,但其治疗上的特殊性及其毒副作用给护理管理工作带来新的挑战。实施全流程精细化护理管理可早期识别 CAR-T 免疫疗法的毒副作用并及时给予护理干预,减轻患者的临床症状,进一步提高患者的治疗依从性和生活质量,确保患者治疗安全。

PO-3098

老年 MDS 患者合并衰弱的患病体验与应对的质性研究

刘亚婷、赵金影、张倩倩、吉鑫茹、解文君

中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 深入了解老年 MDS 患者合并衰弱的患病体验与应对方式,为医务人员全方位了解衰弱对老年血液肿瘤患者的影响并制订针对性干预方案提供参考。

方法 采用现象学研究方法,对 12 名 MDS 患者进行半结构式深入访谈,运用 Colaizzi 7 步分析法对访谈资料进行分析。

结果 共访谈 12 名患者,其中男性 7 名,女性 5 名,年龄 61~72 岁,平均年龄(64.25±3.70)岁。共提炼出 2 个一级主题和 8 个二级主题。在积极体验与应对方面,本研究提炼出积极情绪、饮食营养均衡、适度体力活动和良好的社会支持 4 个主题。这些感受可以帮助患者在患病期间维持稳定的生活状态,促进积极心理和常态的身体活动,有利于患者在治疗期间衰弱水平的改善。老年 MDS

患者合并衰弱状态的消极体验与应对包括体力不足、症状负担、负性情绪、自我表露和沟通不足。这些感受会从生理、心理和社会方面减弱患者的内在能力，在外界环境刺激下不利于衰弱状态的改善，进而加重衰弱的发生。

结论 老年 MDS 并衰弱的发生时给患者带来了较大困扰，在疾病治疗过程中患者患病体验不容忽视。进行积极的情绪和心态调整、保障合理营养和膳食结构、适度锻炼以及家庭支持能够减缓衰弱进展。但随着年龄增体力不足、疾病症状负担重、负性情绪困扰以及家庭间沟通不足同样会导致老年血液肿瘤患者的消极应对。

PO-3099

补充与替代医学在血液系统疾病中的研究进展

张琳、颜洁

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 通过对在血液系统疾病中的相关研究文献进行综述，阐述其研究进展，旨在对血液病患者应用补充与替代医学疗法时提供依据。

方法 通过文献查阅对补充与替代医学理论基础及在血液系统疾病中的应用现状进行综述。

结果 补充与替代医学（Complementary and Alternative Medicine, CAM）是一种主流医学之外的，能补充主流医学的不足并提供主流医学不能达到的诊断、治疗和预防方法，包括替代医疗体系、心身医学、基于生物学的疗法、基础推拿治疗、能量疗法等方法。有研究显示，世界上约 80% 的人口将补充替代疗法作为基本的卫生保健方式，且补充与替代疗法对人类健康有促进作用。目前 CAM 已广泛应用于腰背颈部疾病、风湿疾病、癌症、妊娠相关疾病的治疗，且已被证实能够减轻患者的焦虑、抑郁情绪以及改善睡眠等。在血液系统疾病治疗的过程中，患者承受着生理、心理等多方面的压力，CAM 中替代医疗体系通过传统中医药的应用，可治疗化疗后引起的口腔溃疡及肛周感染等并发症。心身疗法通过放松催眠、引导意象法、音乐疗法、冥想、心理治疗等方法可降低患者焦虑抑郁等负面情绪，缓解疼痛提高舒适度，改善患者的生存质量等均有促进作用。基于生物学的疗法中最常见的是服用膳食补充剂，包括维生素，矿物质，蛋白质和益生菌等，用于改善血液病患者的营养状况，改善胃肠道功能等方面均有益处。

结论 补充与替代医学疗法可以辅助治疗及预防血液病患者骨髓移植期的并发症，缓解患者的疼痛及改善患者的负面情绪。

PO-3100

42 例异基因造血干细胞移植后并发出血性膀胱炎患者行持续膀胱冲洗的护理

张会娟、孙菲菲、贾崧、岳雅萍

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 分析总结异基因造血干细胞移植后出现出血性膀胱炎患者行持续膀胱冲洗的并发症及其影响因素。

方法 回顾性分析我科 2017 年 1 月至 2024 年 4 月行异基因造血干细胞移植并发出血性膀胱炎且行持续膀胱冲洗患者共计 42 例，从出血性膀胱炎的分级、三腔尿管型号、留置后并发症的表现、是否采取膀胱灌注治疗及其有效性、尿管留置时间及治疗效果进行统计，查找相关影响因素。

结果 42 例患者中，男性 27 例，女性 15 例，平均年龄 40.6 岁；出血性膀胱炎分级 II 度 8 例 III 度

21 例，IV 度 11 例；留置三腔尿管期间并发症主要为疼痛（膀胱痉挛、尿道口疼痛、肾区疼痛为主）、尿管阻塞、漏尿、医用粘胶相关性皮肤损伤；尿管的平均留置时间为 20 天。膀胱痉挛是最常见的并发症，尿管的型号、气囊填充量与膀胱痉挛的发生率及疼痛程度存在相关性；膀胱灌注治疗可在一定程度上缩短患者病程。

结论 持续膀胱冲洗是异基因造血干细胞移植后患者并发出血性膀胱炎重要的治疗方法，但因相关并发症导致患者痛苦感受增加，为最大程度减少并发症发生，护理人员应根据出血性膀胱炎的症状分级选取适合型号的尿管，密切观察患者病情变化及时给予对症处理。

PO-3101

集束化护理管理对第三方脐血输注不良事件的影响

张秋会、范炯同、蒋本佳、张玲、赵娜、徐丽、解文君
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨集束化护理管理对第三方脐血输注过程不良事件的干预效果。

方法 选取 2020 年 1 月至 2021 年 11 月我中心异基因造血干细胞移植联合第三方脐血支持治疗的患者 27 例为对照组，2023 年 3 月至 2023 年 11 月期间通过第三方脐血支持治疗患者 22 例为观察组，对照组采用常规流程进行脐血输注，观察组采用集束化管理，成立集束化管理小组，制定第三方脐血输注集束化管理方案，方案具体措施包括：在输注前做好患者各方面评估；给予抗过敏药物时常规予以患者吸氧；规范冻存脐血解冻和脐血输注健康教育流程；在保证脐血活性的范围内减慢输注的滴速、适当延长脐血输注时间；设计并制作脐血输注观察表并将其应用于临床。比较两组患者不良事件的发生情况。

结果 对脐血输注流程进行集束化管理后，观察组血压升高（59.05%）、腹泻情况（4.50%）、胸闷/憋气症状（9.09%）等发生率明显低于对照组血压升高（85.19%）、腹泻情况（29.63%）、胸闷/憋气症状（33.33%）的发生率，两组之间差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。其他不良事件均有不同程度的改善，恶心呕吐等消化系统的不良反应发生率由实施前 22.22% 降至实施后 4.50%；咽干发痒或轻度呛咳等口咽部不适的发生率由 14.81% 降至 9.09%，但两组之间差异无统计学意义（ $P > 0.05$ ），且规范脐血输注流程后未再发生如过敏性休克、急性左心衰等严重不良事件。

结论 对第三方脐血输注实施集束化护理管理能明显降低脐血输注期间不良事件发生率，提升脐血输注的安全性。

PO-3102

分级防治方案在多发性骨髓瘤患者化疗所致周围神经病变中的应用

李思
德阳市人民医院

目的 探讨分级防治方案在多发性骨髓瘤患者化疗后周围神经损害（Chemotherapy-induced Peripheral Neuropathy, CIPN）中的应用效果。

方法 采用方便抽样法抽取 2020 年 1 月至 2022 年 1 月在德阳某三级甲等医院血液内科行化疗的多发性骨髓瘤患者 107 例为研究对象，按入院时间分为对照组（ $n=53$ ）和干预组（ $n=54$ ），对照组给予 CIPN 常规预防措施，干预组给予 CIPN 分级防治方案，比较两组患者 CIPN 发生率、发生等级、CIPN 相关症状的严重程度及生活质量。

结果 干预组化疗期间及化疗结束后 1 个月 CIPN 发生率及发生等级均低于对照组 ($P<0.05$)，干预组化疗期间 CIPN 发生率 37.96%，化疗结束后 1 个月 CIPN 发生率 37.03%，化疗期间及结束后 1 月 CIPN 相关症状的严重程度得分 (29.35 ± 7.23) 分，生活质量得分 (105.36 ± 13.12) 分，对照组分别为 49.05%、54.71%、(35.32 ± 7.56) 分、(94.23 ± 15.21) 分，两组比较，差异具有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 CIPN 分级防治方案能有效降低多发性骨髓瘤患者 CIPN 发生率及发生等级，并可有效改善患者 CIPN 相关症状，提高多发性骨髓瘤化疗患者的生活质量。

PO-3103

利用 PDCA 方法改进多例异基因造血干细胞移植后皮肤表皮松解症的护理

胡正红、李艳君
北京高博博仁医院

目的 利用 PDCA 的管理方法在异基因造血干细胞移植后患者皮肤表皮松解症的护理持续改进

方法 1、责任护士与护士长、主管医生根据问题制定护理计划；

2、责任护士根据护理计划落实实施并记录皮肤情况，每日拍摄皮肤情况，发至护士微信群中；

3、根据护理效果及时改进护理措施及方法；

4、护士长或责任组长每日查看；

结果 异基因造血干细胞移植后出现表皮松解症的患者，病情危重、长期卧床、被迫卧位、多线治疗，免疫抑制剂、营养差。

利用 PDCA 管理方法，持续观察患者皮肤情况，根据皮肤恢复情况及时调整并修改护理方法，及时修订/改进护理计划

，严格落实，每日跟踪，记录，总结分析，利于松解的皮肤粘膜的恢复。

结论 利用 PDCA 管理方法，医护联合，持续动态观察，经验积累，换药人员固定，每日皮肤观察，细心处理，有利于异基因造血干细胞移植后皮肤松解症的恢复。

PO-3104

饮食因素对异基因造血干细胞移植结局的影响和思考

陈裕平
重庆医科大学附属第一医院

目的 分析每日饮水量和辛辣刺激性食物对异基因造血干细胞移植结局的影响。

方法 回顾性分析 2019 年 8 月~2021 年 12 月在重庆医科大学附属第一医院血液内科进行异基因造血干细胞移植成功出仓并完成随访观察的 104 例患者的病例资料和随访记录。采用卡方检验、单因素和多因素 Logistic 回归分析观察患者性别、年龄、疾病、移植前疾病状态、危险分层，移植类型、干细胞来源、HLA 相合度、血型相合、预处理方案及是否含有 ATG 及 BUCY，长期食用辛辣刺激性食物（如辣椒、花椒、胡椒及其他香辛料）和每日饮水量 ($<1500\text{ml}$, $>1500\text{ml}$) 等与移植结局（造血重建不良、复发、死亡）的关系。

结果 ①本研究显示，79 (76.0%) 例患者结局良好，其中 69 (66.3%) 例患者无事件生存 (EFS) 至少一年，中位生存时间 28 (19~48) 月；25 (24.0%) 例患者死亡，中位生存时间 11 (4~27) 月。发生造血重建不良 26 (25.0%) 例，复发 14 (13.5%) 例，两者皆发生者 2 例。②所有患者中食用辛辣食物 42 例，生存 24 (30.4%) 例，死亡 18 (72%) 例，($X^2=9.069$, $P<0.01$)；饮

水量 $<1500\text{ml}/\text{日}$ 32 例, 生存 18 (22.8%) 例, 死亡 14 (56%) 例, ($X^2=9.835$, $P<0.01$)。③排除非造血重建不良死亡的剩余患者 (88 例) 卡方检验显示, 食用辛辣食物的患者, 造血重建良好 14 (22.6%) 例, 造血重建不良 (72%) 例, ($X^2=6.475$, $P<0.05$); 饮水量 $<1500\text{ml}/\text{日}$, 造血重建良好 21 (33.9%) 例, 造血重建不良 17 (65.4%) 例, ($X^2=7.415$, $P<0.01$)。④排除非复发死亡的剩余患者(88 例) 中食用辛辣食物者, 未复发 19 (25.7%) 例, 复发 8 (57.1%) 例, ($X^2=5.481$, $P<0.05$)。饮水量与复发无显著相关 ($P>0.05$)。⑤其余因素如患者性别、年龄、疾病、移植前疾病状态、危险分层, 移植类型、干细胞来源、预处理方案是否含有 ATG 及 BUCY 等, 在本研究中显示与患者以上生存结局无显著相关($P>0.05$)。⑥二元 Logistic 回归显示, 同时进食刺激饮食和饮水量 $<1000\text{ml}/\text{日}$ 是造血重建、复发和死亡的危险因素, OR (95%CI) 分别是 5.850 (1.640~20.830), 6.308(1,830~28.836), 9.232(2.758~30.905), 均 $P<0.05$ 。单纯的进食刺激饮食或饮水量 $<1500\text{ml}/\text{日}$ 是造血重建的不利因素, OR (95%CI) 分别为 10.400(1.784~60.622), 7.800 (2.019~30.140), 均 $P<0.01$, 但在复发和死亡中不显著($P>0.05$)。

结论 辛辣食物和饮水量 $<1500\text{ml}/\text{日}$ 是异基因造血干细胞移植造血重建不良、复发和早期死亡的危险因素。

PO-3105

老年血液肿瘤患者衰弱现状及其影响因素的研究

赵金影、解文君、刘亚婷、张倩倩、何佳
中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

目的 本研究旨在对老年血液肿瘤患者发生衰弱的现状进行调查, 分析老年血液肿瘤患者衰弱的影响因素, 为医务人员制定科学化干预方案提供依据, 进一步提升老年血液肿瘤患者的生存质量。

方法 便利选取 2023 年 4 月至 2023 年 11 月国内多中心血液病房收治的老年血液肿瘤患者为研究对象进行横断面调查, 根据纳入和排除标准选取包括天津、浙江、江苏、山东、内蒙古、云南、河南、福建、广东、黑龙江、辽宁、安徽、重庆、河北等 14 个省份 17 家医院的 505 例老年血液肿瘤患者。采用一般资料调查表、中文版老年筛查工具-8 问卷、社会支持评定量表、自理能力 Barthel 指数评定量表、老年抑郁量表、简易精神状态筛查量表、匹兹堡睡眠质量指数量表、微型简易营养评估量表为研究工具进行调查。运用 SPSS26.0 软件进行数据分析, 包括描述性分析、独立样本 t 检验、相关性分析及单因素分析, 采用二元 Logistic 回归分析影响老年血液肿瘤患者发生衰弱的影响因素。

结果 本研究共发放问卷 522 份, 回收 505 份, 有效率为 96.7%, 其中 286 例发生衰弱 (56.6%), 无衰弱 219 例 (43.4%), 老年血液肿瘤患者发生衰弱得分 (11.74 ± 2.827) 分, 处于较高水平。衰弱量表得分与自理能力 Barthel 指数评定量表总分、社会支持评定量表总分、微型简易营养评估量表总分、简易精神状态筛查量表总分之间存在正相关关系 ($r=0.476$, $r=0.123$, $r=0.796$, $r=0.796$, $P<0.01$), 与老年抑郁量表总分、匹兹堡睡眠质量指数量表总分之间存在负相关关系 ($r=-0.124$, $r=-0.239$, $P<0.01$)。二分类多因素 Logistic 回归分析结果显示: 化疗次数 1~3 次 (OR=2.133)、自理能力中重度依赖 (OR=17.154)、有营养不良风险和营养不良 (OR=22.666, OR=573.382) 以及血红蛋白水平 (OR=0.990) 是老年血液肿瘤患者发生衰弱的影响因素 ($P<0.05$)。

结论 老年血液肿瘤患者衰弱发生率较高, 与患者心理、生理及社会支持度等相关, 提示医务人员应高度重视影响老年患者发生衰弱的因素。化疗次数 1~3 次、自理能力中重度依赖、营养情况差以及血红蛋白水平是老年血液肿瘤患者发生衰弱的影响因素。医护人员应关注有衰弱发生风险及已经发生衰弱的老年血液肿瘤患者, 从影响因素介入, 制定相应的干预措施以降低患者的衰弱发生。

PO-3106

造血干细胞移植护士职业压力的现状及对策

任晓旭、刘芮宏、吕聪聪、姜尔烈
中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 了解新开科室造血干细胞移植中心临床护士职业压力的现状以及解决对策。

方法 本研究采用问卷调查法，通过中文版压力知觉量表（CPSS）、护士职业倦怠量表、幸福感量表分别对本科室的 18 名护士进行调查，采用 PDCA 的方式，通过认知行为疗法（CBT）加强护士的心理疏导工作、开展对患者移植期间相关知识的培训与考核工作、制定相关工作流程、护士合理分配负责患者等应对方法与措施，有效地减轻护士工作夜里，发挥职能优势。

结果 本科室 18 名护士 CPSS 平均得分为（38.7±5.48）分，对比于同行业压力水平处于中等偏高；处于压力状态的护士 5 人，占 27%；改善前移植护士幸福感占比为 69.18%，改善后为 72.84%；改善前护士职业倦怠得分为 110.69 分，改善后明显降至 81.28 分；改善前护士各项压力源占比分别为病人护理方面的问题（6/18），时间分配及工作量问题（5/18），护理专业及工作方面问题（2/18），余为工作环境及仪器设备问题，改善后护士各项压力源占比分别为护理专业及工作方面（2/18），病人护理方面、时间分配及工作量问题、工作环境及仪器设备方面均占（1/18）；改善后护士 CPSS 得分为 28.61 分，显著降低。

结论 目前造血干细胞移植护士职业压力处于中等偏高水平，通过认知行为疗法（CBT）可以有效地减轻护士的各项压力，明确护士职业压力的来源，并给与相应的对策尤为重要。

PO-3107

对初治白血病化疗后减少口腔粘膜感染健康教育的应用

井露
郑州大学第一附属医院

目的 探究提高护理中减少患者口腔感染的应用效果。

方法 应用回顾性分析方法，解析与归纳了 60 例白血病患者化疗后减少口腔感染的措施与方法。

主要健康教育方法：对初治白血病患者及家属进行口头宣教最佳漱口时机，指导患者调整饮食结构，PPT 演示，制作宣教手册，制作健康教育一面墙，及时了解患者及家属心理动态做好对初治白血病患者减少口腔粘膜感染的健康教育。

结果 通过多种方式加强健康教育促进护患关系，增加病人及家属对疾病的了解，也很好的践行了人文关怀，缓解患者及家属焦虑情绪，病人能积极配合治疗与护理。

结论 要保证初治白血病患者对口腔粘膜感染健康教育的掌握程度，认真做好初治白血病患者心理护理，休息，活动，血象监测，能动态掌握患者病情变化及时准确的补充健康教育。

PO-3108

血液肿瘤患者社会心理适应轨迹的扎根理论研究

闵媛、孙燕飞
中国人民解放军东部战区总医院

目的 血液肿瘤的诊断和治疗会影响身体、社会心理和生存功能。与其他癌症患者相比，免疫系统

受损、卫生和社会限制的长期治疗期对患者的身心健康带来巨大挑战。本研究探索血液肿瘤患者社会心理适应轨迹，了解其经历和支持需求，旨在为该人群社会心理护理方案的制订提供参考依据。

方法 以目的抽样法选取 2023 年南京市某三级甲等医院 12 例血液肿瘤患者，分别在确诊住院期、住院后 6 个月、12 个月 3 个时间点进行半结构式深入访谈，共进行了 36 次访谈，并采用扎根理论研究方法对资料进行三级编码分析，在初始、聚焦、轴向和理论编码的关键阶段之后，通过不断比较对数据进行迭代编码和分析，直到达到饱和。

结果 提炼出 1 个核心类属即血液恶性肿瘤患者社会心理适应轨迹，4 个主要主题及 12 个次要主题，分别为情绪应激（怀疑否定，恐惧焦虑，情感对抗），躯体痛苦（身体衰弱，治疗副作用，疼痛），重建信心（行为认知，多源化支持，应对策略），对未来的感受及期许（复发担忧，规划生活，重返社会）。整个轨迹并非线性递进关系，而是动态演变的情景中相互作用。轨迹的后果包括积极和消极的社会心理适应。

结论 血液肿瘤患者在整个疾病轨迹中遭受了身体，心理和生存的痛苦，探索血液肿瘤患者社会心理适应轨迹，了解其是一个复杂、动态和相互作用的过程。关注血液肿瘤患者社会心理适应轨迹，可以帮助医护人员使用有针对性的策略来帮助及加强患者的适应，并预防不良的心理健康结果，积极干预及减少患者的社会心理适应问题，强化家庭及社会支持，促进和提高其社会心理适应水平，以帮助其重返和适应社会。

PO-3109

骨髓增生异常综合征患者的个案护理管理

吴璠

中国医学科学院血液病医院

目的 研究旨在探讨骨髓增生异常综合征患者进行造血干细胞移植后的护理干预，以提高患者的生存率和生活质量。

方法 我们对一名骨髓增生异常综合征患者进行了造血干细胞移植后的护理干预。护理措施包括术前准备、移植过程中的监护和护理、术后并发症的防治等方面的综合护理干预。

结果 经过护理团队的精心护理，患者顺利完成了造血干细胞移植手术，并在术后恢复良好。患者在术后定期随访中显示出良好的造血功能和免疫功能恢复，生活质量得到明显改善。

结论 通过本次个案的护理干预，我们发现对于骨髓增生异常综合征患者进行造血干细胞移植后的护理干预，能够有效提高患者的生存率和生活质量。因此，护理团队的专业护理干预对于骨髓增生异常综合征患者进行造血干细胞移植后的康复具有重要意义。同时，我们也认识到在未来的临床实践中，需要进一步完善相关护理措施和提高护理团队的专业水平，以进一步提高患者的治疗效果和生活质量。

PO-3110

预见性护理联合短波紫外线治疗仪 对急性白血病患者化疗后 口腔黏膜炎的预防效果观察

靳迎、张慧玲、卫晶晶、杨艳

郑州大学第一附属医院

目的 探究预见性护理联合短波紫外线治疗仪对急性白血病患者化疗后口腔黏膜炎的预防效果

方法 将 2020 年 10 月~2023 年 10 月与我院接受急性白血病化疗的 120 例患者纳入研究。根据患者化疗期间接受的不同护理方式进行分组，将接受常规化疗后口腔黏膜炎预防护理的患者纳入常规

预防组（56例），将接受预见性护理联合短波紫外线治疗仪干预的患者纳入预见性护理组（64例），两组均连续干预1周。对比两组患者口腔黏膜炎发生率（癌症患者口腔黏膜炎评价表）；口腔黏膜状态[口腔黏膜炎每日自评问卷（OMDQ）]；口腔舒适度（简易口腔舒适性量表）；化疗依从性[汉化口服化疗药物依从性量表（OCAS）]和患者的护理满意度

结果 预见性护理组患者的口腔黏膜炎发生率低于常规预防组（ $P < 0.05$ ）；预见性护理组患者 OMDQ 评分低于常规预防组（ $P < 0.05$ ）；预见性护理组患者口腔舒适度高于常规预防组（ $P < 0.05$ ）；预见性护理组患者 OCAS 评分高于常规预防组（ $P < 0.05$ ）；预见性护理组患者的护理满意度高于常规预防组（ $P < 0.05$ ）

结论 预见性护理联合短波紫外线治疗仪对急性白血病患者化疗后口腔黏膜炎的预防效果较好，能够有效改善患者的口腔状态，提高化疗依从性

PO-3111

吉布斯反思循环在血液肿瘤病房新入职护士临床教学中的应用

兰大华、张曦

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨吉布斯反思循环对血液肿瘤病房新入职护士评判性思维能力与自我导向学习能力的干预效果。

方法 采用连续抽样法选取 2023 年 6 月—2024 年 1 月在陆军军医大学第二附属医院血液病医学中心新入职护士的 36 名为研究对象，按照入科时间分成试验组($n=18$)与对照组($n=18$)。对照组采用传统带教模式；试验组在此基础上采取吉布斯反思循环行临床实践教学干预，为期 12 周，新入职护士根据吉布斯反思循环要求完成反思日记，汇报与分享反思结果，整合反思结论。比较干预前后两组的评判性思维能力与自我导向学习能力。

结果 干预后试验组的评判性思维能力得分为(343.25±19.71)，对照组为(295.59±12.39)，两组比较差异有统计学意义($P < 0.001$)；干预后试验组自我导向学习能力得分为(251.69±16.95)，对照组为(176.79±24.36)，两组比较差异有统计学意义($P < 0.001$)。

结论 吉布斯反思循环能够在一定程度上提高血液肿瘤病房新入职护士的评判性思维能力及自我导向学习能力。

PO-3112

基于自我报告的急性白血病患者生活质量现状及照顾者负担的现况调查

兰大华、张曦

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 调查急性白血病患者自我报告生活质量的现状以及照顾者负担。

方法 本研究为横断面调查。应用急性白血病自我报告量表（PRO）及照顾者负担量表（ZBI）采集 2023 年 11 月至 2024 年 3 月在重庆某三甲医院住院的急性白血病患者及照顾者数据。

结果 共纳入 49 例急性白血病患者及照顾者。所有患者均表达了不同程度的症状负荷。最常见的 5 个生理领域症状负荷为感到虚弱、四肢无力（85.7%），畏冷、寒战、发热（63.2%），头晕、头痛（57.14%），胸闷、心悸（46.93%），气短或气促（48.97%），骨骼、关节、肌肉疼痛（44.89%）。最常见的 3 个心理领域症状负荷为焦虑、紧张（91.83%），担心疾病复发（89.79%），苦恼疾病相关问题（87.75%）。最常见的 3 个社会领域症状负荷为遇到烦恼可以向

家人倾诉（95.91%），家人给予治疗的能力（93.87%），获得亲人或朋友的帮助（93.87%）。最常见的 3 个治疗领域症状负荷为认可目前的治疗方案（100%），对目前的生活质量满意（73.46%），对目前的健康状况满意（73.46%）。

结论 患者自我报告的抑郁、焦虑处于较高水平；最常见的的中度症状为虚弱、四肢无力、头晕、胸闷、气短、肌肉疼痛等，为进一步了解急性白血病的治疗策略和护理措施提供了方向和指导。照顾者面临多重负担，社会性负担得分最高表明照顾者在社交和社会参与方面受到了显著影响，未来对于制定灵活的工作安排、提供照顾者休假计划和建立照顾者支持体系提供参考。

PO-3113

淋巴瘤患者化疗期过渡护理干预方案的构建

冯丽娜、贺瑾
天津医科大学肿瘤医院

目的 构建淋巴瘤患者化疗期过渡护理干预方案，为进一步改善淋巴瘤化疗患者过渡护理质量提供参考。

方法 在文献回顾基础上，结合过渡护理最佳实践指南、Connect-Home 过渡护理模式框架、半结构式访谈结果及淋巴瘤化疗患者特点制定方案初稿，并通过德尔菲专家咨询进一步修订形成干预方案。

结果 共纳入专家 15 名，2 轮问卷回收率均为 100%；干预方案的专家权威系数为 0.918；专家对条目的重要性评分均数为 4.40~5.00 分，满分为 0.40~1.00；专家对各条目重要性评分的变异系数为 0~0.14；两轮专家意见的肯德尔和谐系数分别为 0.373、0.206（均 $P < 0.01$ ）。护理过渡干预方案共包括 4 个一级条目（出院前、出院后、Connect-Home 服务、过渡护理实施技术支持），19 个二级条目及 45 个三级条目。

结论 淋巴瘤化疗患者过渡护理干预方案科学可靠，能为临床更好的开展淋巴瘤化疗患者过渡护理实践提供参考。

PO-3114

淋巴瘤化疗患者多维症状体验的动态网络演化分析

贺瑾、冯丽娜
天津医科大学肿瘤医院

目的 通过网络分析法建立淋巴瘤化疗患者多维症状体验动态网络，识别不同时间点患者存在的症状群，探索症状网络中的核心症状以及连接不同症状群的桥梁症状。

方法 本研究采用纵向研究设计，采用便利抽样法，选取 2021 年 9 月至 2023 年 12 月期间在某三级甲等肿瘤专科医院淋巴瘤内科收治的淋巴瘤化疗患者作为调查对象，分别在第 1、4、6 周期治疗后调查患者症状体验，并运用 R 软件构建症状动态网络，通过网络聚类算法识别症状群，计算中心性指标强度和桥梁强度确定其核心症状和桥梁症状。

结果 865 例淋巴瘤化疗患者全程跟踪中，疲乏是贯穿淋巴瘤化疗患者治疗全程发生率和严重程度均较高的症状。淋巴瘤化疗患者全程治疗中存在 4 个稳定症状群，分别为胃肠道反应症状群、心理相关症状群、皮肤相关症状群及综合症状群，但各个阶段症状群结构组成有部分差异。食欲下降、疲乏和焦虑症状在第 1、4 周期化疗对患者症状网络影响最大，口干、焦虑和悲伤症状在第 6 周期化疗对患者症状网络影响最大，焦虑是影响淋巴瘤化疗患者动态症状网络的核心症状。桥梁症状分析结果显示，食欲下降（7.26）、焦虑（6.78）、胃胀（6.19）为第 1 周期治疗后症状网络的桥梁症

状, 皮肤改变 (6.84)、疼痛 (6.69)、焦虑 (6.66) 为第 4 周期治疗后症状网络的桥梁症状, 悲伤 (8.53)、焦虑 (8.12)、疼痛 (7.92) 为第 6 周期治疗后症状网络的桥梁症状。其中, 心理相关症状群中的焦虑症状在淋巴瘤化疗患者动态网络中的桥梁作用最大。

结论 淋巴瘤患者在全程治疗中存在 4 个稳定症状群, 焦虑是影响淋巴瘤化疗患者动态症状网络的核心症状, 同时也是不同症状群相互作用的桥梁症状。建议医护人员在治疗过程中尽可能减轻患者的焦虑症状, 以减少其症状负担。

PO-3115

个性化护理在肿瘤患者静脉治疗中心静脉导管维护中的应用效果分析

时晓贞

河南省儿童医院

目的 旨在分析个性化护理在肿瘤患者静脉治疗中心静脉导管维护中的应用效果。

方法 选取 2023 年 3 月-2024 年 3 月期间收诊的 80 例进行静脉治疗的肿瘤患者, 根据护理方案分为常规组与观察组, 各 40 例。常规组给予患者常规导管维护, 给予观察组个性化护理, 研究对比两组患者在不良事件发生率、并发症发生率、自我管理能力和治疗依从性以及护理工作满意度。

结果 观察组出现导管异位、导管脱落、导管渗液、导管堵塞等不良事件与感染、静脉炎、血栓、穿刺点出血等并发症发生率均显著低于常规组。在自我管理能力和治疗依从性方面, 观察组的导管异常情况应对、导管管理信心、信息获取、导管观察、导管维护依从性、日常生活、日常运动等 CPPSM 评分均显著高于常规组。在治疗依从性方面, 观察组在 I、II 级的人数多于常规组, 且整体的治疗依从性较常规组更优。观察组患者的护理工作总满意度高于常规组, 差异有统计学意义 (P 均 <0.05)。

结论 个性化护理方案在肿瘤患者静脉治疗中心静脉导管维护中显著改善了不良事件和并发症的发生率, 提高了患者的自我管理能力和治疗依从性, 增强了患者对护理工作的满意度。

PO-3116

中文版患者报告结局测量信息系统 PROMIS-29 2.1 在恶性血液病患者中的测量学检验

张倩倩、赵金影、刘亚婷、解文君

中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

目的 在恶性血液病患者群体中评价中文版患者报告结局测量信息系统 (Patient-Reported Outcomes Measurement Information System 29-item Profile version 2.1, PROMIS-29 V2.1) 的测量学指标。

方法 经中国医学科学院血液病医院伦理委员会批准 (注册号 QTJC2022002-EC-1), 采用便利抽样的方法, 于 2023 年 6 月至 8 月, 在天津、山东、江苏和安徽四家三级甲等医院抽取符合条件的恶性血液病患者。通过一般资料调查表、PROMIS-29 V2.1 和癌症治疗功能评价表 (FACT-G) 进行横断面资料收集。通过 SPSS 21.0 分析 PROMIS-29 V2.1 的信度、地板效应、天花板效、效标关联效度; 通过 Amos Graphics 26.0 进行验证性因子分析, 测量量表的结构效度、聚合效度及区分效度。

结果 最终纳入了 354 名恶性血液病患者。PROMIS-29 V2.1 在恶性血液病患者群体中的 Cronbach's α 为 0.965, 信度较好。验证性因子分析提示模型拟合较好 ($\chi^2/df = 2.602$, IFI = 0.960,

RMSEA =0.067)。PROMIS-29 V2.1 与 FACT-G 评分呈显著相关 ($p<0.001$)，效标关联效度较好。各个潜变量平均方差变异 (AVE) 均 ≥ 0.5 ，且各潜变量之间有显著相关性 ($p<0.01$)，相关性系数均小于所对应的 AVE 平方根，区分效度理想。但量表存在一定的天花板效应。

结论 中文版 PROMIS-29 V2.1 在恶性血液病患者中的测量学性能总体较好，条目难度分布合理，答题便捷，可用于中国恶性血液病患者健康状况自评。

PO-3117

肺癌化疗患者上肢 PICC-CRT 形成相关因素探究

康超楠、郑婧、刘淼、张国瑞
郑州大学第一附属医院

目的 探究肺癌化疗患者发生 PICC 相关性静脉血栓 (peripherally inserted central catheters related thrombosis PICC-CRT) 相关的危险因素，尝试建立肺癌化疗患者 PICC-CRT 形成的风险评分系统辅助临床应用。

方法 收集郑州大学第一附属医院呼吸与危重症医学科 2022 年 1 月-2022 年 10 月收治的有 PICC 置管并维护史的经病理学确诊的肺癌患者 141 例，回顾性分析年龄、性别、影像学资料、化疗史、放疗史、靶向药物应用史、免疫治疗史、外科手术史、置管史、穿刺史、KPS 评分及血清学相关指标等临床资料，根据有无 PICC-CRT 发生，分为血栓组 ($n=102$) 和无血栓组 ($n=39$)，采用单因素、多因素 Logistic 回归分析筛选出肺癌化疗患者发生 PICC-CRT 相关的危险因素，尝试建立血栓发生风险预测评分系统。

结果 肺癌化疗患者上肢 PICC-CRT 发生率为 27.66% (39/141)。Logistic 回归分析显示，置管肢体、置管前靶向药物应用史、带管期间抗血管药物治疗、置管时病灶脑转移、带管期间疾病转归是肺癌患者发生上肢 PICC-CRT 危险因素 (均 $p<0.05$)，根据多因素分析结果建立的简单血栓发生风险评分量表曲线下面积 ROC 为 0.798，截断点对应的分值为 2.5 分，此时灵敏度 61.50%，特异度 83.30%。

结论 PICC 置管位置位于左上肢、置管前有靶向药物应用史、免疫治疗应用史、病灶脑转移、带管期间疾病进展的肺癌化疗患者容易发生 PICC-CRT，临床护理时应注意监测及预防，另外带管期间应用抗血管治疗药物为肺癌化疗患者发生 PICC-CRT 的保护因素。由此建立的简单评分量表具有较好的应用价值，可以辅助临床应用。

PO-3118

个性化随访与标准化随访在骨髓移植术后患者的应用效果对比

许淑惠
厦门大学附属中山医院

目的 本研究对比了个性化随访和标准化随访在骨髓移植术后患者中的应用效果，旨在评估两种随访方式对患者健康状况的改善程度及成本效益。通过对比分析患者的健康状况指标、成本效益以及患者满意度，为临床实践中随访方式的选择提供参考。

方法 本研究采用随机对照试验设计，将骨髓移植术后出院患者随机分为个性化随访组和标准化随访组。两组患者在随访期间接受相同的医疗服务，但随访方式有所不同。个性化随访组根据患者的具体情况和需求制定随访计划，包括随访频率、内容和方式等；标准化随访组则按照统一的随访标准进行随访。

结果 1. 健康状况改善程度

通过对比分析两组患者的健康状况指标,发现个性化随访组在改善健康状况方面表现出更高的效果。个性化随访组患者的生活质量、症状缓解程度及复发率等方面均优于标准化随访组。

2. 成本效益

从成本效益角度来看,个性化随访的初始投入成本可能较高,因为需要为每位患者制定个性化的随访计划。然而,在长期随访过程中,个性化随访通过降低复发率、减少再入院次数等方式,有望为患者和医疗机构节省更多的成本。标准化随访虽然成本较低,但可能因无法充分满足患者个体差异而导致较高的再入院率和治疗成本。

3. 患者满意度

患者满意度调查显示,个性化随访组患者的满意度普遍较高。患者认为个性化随访更符合他们的需求,能更好地关注到他们的病情变化和心理健康,从而提高了对医疗服务的满意度。

结论 本研究表明,个性化随访在骨髓移植术后出院患者的应用效果优于标准化随访,能够更好地改善患者的健康状况,提高患者的满意度。虽然个性化随访的初始成本可能较高,但从长远来看,其成本效益可能更高。因此,建议在条件允许的情况下,采用个性化随访方式,以提高骨髓移植术后出院患者的康复效果和生活质量。

PO-3119

湿敷法对低血小板患者鼻粘膜出血发生率影响的观察

李帅帅

郑州大学第一附属医院

目的 探讨血液科患者由于血小板低下发生鼻粘膜出血,通过湿敷法达到减少出血发生率的体会和方法。

方法 选择我科血小板低于 $20 \times 10^9/L$ 患者 88 人,其中男性患者 46 例,女性患者 42 例。充分的考虑患者的体质,并进行随机分配。88 例患者的年龄在 18~35 岁,治疗组的平均年龄为 (26. 1 ± 5.8),对照组的平均年龄为 (25. 3 ± 4.3);所有患者在体质上没有明显的差异,将这些患者分为对照组 (n=44) 和观察组 (n=44)。两组患者的一般资料相比, $P > 0.05$,具有可比性。将 4~6 层纱布用生理盐水浸湿,以半干不滴水为宜,将纱布覆盖住口鼻,外层佩戴一次性医用口罩固定,2 小时更换一次,每日 4~6 次。观察鼻粘膜出血发生率。

结果 通过统计学分析显示,湿敷法护理后,观察组鼻粘膜出血发生率低于对照组患者, $P < 0.05$;

结论 湿敷法对降低低血小板患者鼻粘膜出血发生率治疗有效,临床实用价值高,值得推广。

PO-3120

中医经络在血液恶性疾病患者化疗引起恶心呕吐 (CINV) 防治中的应用研究

廖芳、蒋雪梅、力桂君、张倩、陈丹

中国人民解放军西部战区总医院血液科

目的 本研究旨在探讨中医经络在血液恶性疾病患者化疗过程中引起的恶心呕吐 (CINV) 的防治效果。

方法 选取本院血液科诊断为血液恶性疾病,且评估为 CINV 高风险的患者 270 例,随机分为两组。对照组 135 例,采用司琼类联合地塞米松预防 CINV,并实施常规护理方案。实验组 135 例,在对照组基础上加用中医经络护理方案,即通过按揉手太阴肺经、手少阴心经、足太阴脾经、足阳明胃

经上的特定穴位进行干预。统计结果显示，两组患者在化疗周期内的 CINV 发生情况及严重程度存在显著差异 ($P < 0.05$)。

结果 对照组中未出现 CINV 患者 20 例 (14.8%)，出现急性 CINV 患者 68 例 (50.4%)，延迟性 CINV 患者 47 例 (34.8%)。实验组中未出现 CINV 患者 60 例 (44.4%)，急性 CINV 患者 35 例 (25.9%)，延迟性 CINV 患者 30 例 (22.2%)。进一步分析，对照组中轻度 CINV 20 例 (14.8%)，中度 50 例 (37.0%)，重度 35 例 (25.9%)；实验组中轻度 CINV 40 例 (29.6%)，中度 20 例 (14.8%)，重度 5 例 (3.7%)。

结论 在血液恶性疾病患者化疗过程中，中医经络护理方案能有效预防 CINV 的发生，降低 CINV 的发生率及严重程度，提高患者的生活质量 ($P < 0.05$)。

PO-3121

1 例 IV 度骨髓抑制并发鼻-脑-眶毛霉菌病感染患者的护理

殷采翰、罗旭霞
浙江大学医学院附属第一医院

目的 总结 1 例 IV 度骨髓抑制并发鼻-脑-眶毛霉菌病感染患者的护理经验

方法 护理重点包括：多学科协作制定护理方案，运用“三清三洗”法处理感染的眼部，严格落实隔离制度，精准规范抗感染治疗，用药护理，实施预见性护理，控制血糖，加强营养支持，实施心理护理和个性化健康宣教

结果 经过 31d 的精心治疗和护理，患者康复出院。出院后随访 2 个月，患者情况良好

结论 多学科协作为患者制定合适的护理方案，早期有效干预，控制疾病进展，避免挖除眼球，促进患者康复。

PO-3122

集束化护理管理在降低成人急性髓系白血病化疗后 口腔黏膜炎发生率中的应用

苏翥、肖韶连、兰大华
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨集束化护理管理在降低成人急性髓系白血病化疗后口腔黏膜炎发生率中的应用研究。

方法 选取 2023 年 6 月-2023 年 12 月我科收治的 120 例急性髓系白血病患者为研究对象，采用随机数字表法将患者分为观察组和对照组，每组 60 例。对照组行常规护理宣教，观察组患者在常规护理宣教基础上加入集束化护理管理，包括提高患者疾病知晓程度、提升自我护理能力、强化口腔护理等。比较两组患者护理干预后口腔黏膜炎发生情况、疼痛程度以及患者营养评分情况。

结果 干预后，观察组患者口腔黏膜炎发生率低于对照组，且观察组患者的疼痛评分优于对照组患者疼痛评分，差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)；观察组患者营养状况评分高于对照组患者营养状况评分，差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 集束化护理管理有助于缓解化疗后口腔黏膜炎的发生及疼痛程度，改善患者营养状态。

PO-3123

1 例急性淋巴细胞白血病异基因造血干细胞移植术后血栓性微血管病伴下肢坏疽及多重耐药菌感染的护理

罗婷
四川大学华西医院

目的 提高 1 例急性淋巴细胞白血病异基因造血干细胞移植术后血栓性微血管病伴下肢坏疽及多重耐药菌感染的生存率

方法 采取针对性医院感染防控措施, 加强病情的观察, 积极治疗下肢坏疽和多重耐药菌的感染的对症护理。

结果 经过精心的治疗和护理, 患者治疗后 50d 出院, 下肢坏疽伤口好转, 多重耐药菌感染解除。患者出院后 1 个月门诊复查, 下肢坏疽伤口愈合良好

结论 早期诊断并采取积极的治疗及预见性的护理措施是成功救治的关键。

PO-3124

使用冷冻水垫对血液科发热患者的降温效果观察

唐薇婷
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 分析应用冷冻水垫对血液科发热患者的降温效果和满意度情况。

方法 选取 2024 年 1 月~2024 年 5 月在新桥医院血液科行化疗后腋温大于 39℃ 以上的发热患者 100 例, 根据患者的相同疾病诊断分为对照组和研究组, 各 50 例。对照组给予常规冰袋冰敷或温水擦浴行物理降温。研究组在常规物理降温的同时给予水垫冷冻制作成 0℃ 的冰垫后, 在冰垫上方加垫一张干净毛巾置于患者的背部进行物理降温, 时间不超过 30min。比较两组治疗后不同时间段的体温降低值、体温恢复正常时间, 再发热比例、患者满意度和使用冰冻水垫时发生不良问题的比例。

结果 两组治疗后 30min 后体温降低值比较差异无统计学意义($P>0.05$), 研究组治疗后 1h、2h 和 3h 后体温降低值明显高于对照组($P<0.05$); 研究组体温恢复正常时间明显低于对照组($P<0.05$); 研究组患者对降温处理的满意度明显高于对照组($P<0.05$); 两组再发热率比较差异无统计学意义($P>0.05$); 研究组在使用冰垫时未发生寒战和冻伤, 2 例发生床单浸湿, 已及时给与相应处理。

结论 使用水垫冷冻制作成冰垫给予背部物理降温的方法, 操作简单, 经济适用, 明显优于冰袋冰敷或温水擦浴物理降温方法, 为病情改善起到较好效果。操作简单, 经济适用, 能够有效提高发热患者的降温效果, 缩短患者的退热时间, 减少因发热而使用抗生素而产生的费用, 提高了患者的满意度。

PO-3125

采用 5E 模式联合 ACBT 技术对降低血液肿瘤化疗患者肺部感染中的效果分析

郑茜玲、张晶、罗菁
中国人民解放军陆军特色医学中心

目的 采用 5E 模式联合 ACBT 技术在降低血液肿瘤化疗患者肺部感染中的效果分析。

方法 选择我院血液科 2023 年 8 月-2024 年 2 月期间诊治的 60 例血液肿瘤住院化疗患者，随机分为两组，一组为对照组，一组为观察组，对照组采用常规护理干预，观察组采用 5E 模式联合 ACBT 技术给予患者干预，比较两组护理效果。

结果 对比两组患者，干预后，观察组肺部感染发生率显著低于对照组，并且观察组的肺功能指标明显优于对照组，患者呼吸频率正常、氧合指数提高、平均住院时间缩短、减少相关并发症、提高了护理满意度。

结论 血液肿瘤化疗患者早期采用 5E 模式联合 ACBT 技术为患者行肺康复锻炼，可以减少患者肺部感染风险，促进肺功能恢复，缩短平均住院时间，降低医疗费用，提高患者的生活质量。

PO-3126

基于 CiteSpace 的白血病症状群文献计量学可视化分析

杨润瑜

四川大学华西医院

目的 了解白血病症状群研究热点，研究趋势及前言动态，为白血病精准护理提供研究参考。

方法 在知网、万方、维普和 web of science 数据库中以白血病症状群为主题进行检索，利用 CiteSpace 可视化软件对纳入文献进行分析。

结果 共纳入 308 篇中文文献和 400 篇英文文献。中文文献高频关键词有“白血病”、“症状管理”、“生活质量”、“化疗”、“抑郁”，较新的突变关键词有“纵向研究”、“影响因素”、“临床特征”；英文文献高频关键词有“quality of life（生活质量）”、“acute lymphoblastic leukemia（急性淋巴细胞白血病）”、“acute myeloid leukemia（急性髓系白血病）”、“adolescents（青少年）”、“children（儿童）”、“childhood cancer（儿童癌症）”等，较新的突变关键词有“diagnosis risk stratification（诊断风险分层）”、“symptom structure（症状结构）”、“clinicopathological study（临床病理学研究）”等。

结论 国内外症状群研究均与生活质量相关，但国内对白血病患者症状群研究更多关注点在影响因素、症状管理等方面，国际研究热点已由临床症状转向症状群结构与病理、分子细胞学机制相关方向。国内白血病症状群可在症状群结构分类、相关机制等开展研究，以期为白血病患者提供更优质的精准护理。

PO-3127

以生物-心理-社会医学模式为基础的多角度护理对再生障碍性贫血患者自我感受负担及预后的影响分析

皮凌月

郑州大学第一附属医院

目的 探讨再生障碍性贫血（AA）患者中应用以生物-心理-社会医学模式为基础的多角度护理的效果。

方法 在我院 2021 年 1 月-2022 年 6 月收治的 AA 患者中以便利抽样法抽样，按照随机数字表法分为两组，研究组采用以生物-心理-社会医学模式为基础的多角度护理，对照组采用常规多角度护理，对比两组自我感受负担、心理状态、健康水平、预后。

结果 干预后研究组自我感受负担量表（SPBS）中情感、身体得分及总分分别为（7.46±1.06）分、（8.06±1.15）分、（26.15±2.14）分，均低于对照组（9.50±1.38）分、（10.06±1.47）分、（30.05±2.64）分，（ $t=8.122$, $P<0.001$ 、 $t=7.424$, $P<0.001$ 、 $t=$, $P<0.001$ 、 $t=7.951$, $P<$

0.001)；干预后研究组汉密尔顿抑郁量表 (HAMD)、汉密尔顿焦虑量表 (HAMA) H 得分分别为 (42.21±3.14) 分、(23.06±1.45) 分，均低于对照组 (53.16±3.47) 分、(30.14±2.10) 分，(t=16.211, P<0.001、t=19.221, P<0.001)；干预后研究组健康促进生活方式量表 (HPLP-II) 中压力应对、营养、人际关系及总分分别为 (27.85±3.46) 分、(26.20±3.42) 分、(28.06±2.68) 分、(173.12±7.10) 分，均高于对照组 (23.04±3.36) 分、(22.62±2.75) 分、(25.30±2.78) 分、(156.06±6.53) 分，(t=0.830, P<0.001、t=0.750, P<0.001、t=0.651, P<0.001、t=0.667, P<0.001)；研究组并发症发生率 (6.25%) 低于对照组 (22.92%) (P<0.05)。
结论 在 AA 患者中应用以生物-心理-社会医学模式为基础的多角度护理能够降低自我感受负担，改善心理状态及健康行为，预后较好，值得临床应用。

PO-3128

8 例异基因造血干细胞移植后肠道移植物抗宿主病的观察与护理

刘洁、颜洁、张愉、丁维娜、解文君
中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所)

目的 探讨异基因造血干细胞移植后肠道移植物抗宿主病的护理措施。

方法 总结 8 例异基因造血干细胞移植后肠道移植物抗宿主病患者的临床表现和护理措施，并结合相关文献研究。本组共 8 例病人，男 3 例，女 5 例，年龄 21 岁~50 岁。其中急性淋巴细胞白血病 2 例，急性髓系白血病 4 例，杂合白血病 1 例，骨髓异常增生综合征 1 例。8 例病人均给予异基因造血干细胞移植，其中无关供者移植 3 例，亲缘供者移植 5 例。8 例病人移植后均发生不同程度的肠道 GVHD，其中 I 度 4 例；II 度 1 例；III 度 2 例；IV 度 1 例。本组中 2 例患者出现腹泻伴恶心呕吐；1 例患者出现血水样便，伴有肠粘膜脱落。1 例 IV 度肠道 GVHD 患者出现发热。I-II 度 5 例患者，腹泻症状较轻，未禁食；余 3 例患者，临床表现较重，予全肠外营养支持治疗。

结果 8 例患者经治疗后肠道 GVHD 症状均好转。

结论 肠道 GVHD 症状重，病程长，护士应熟练掌握对肠道 GVHD 的病情观察要点，熟悉肠道 GVHD 治疗措施，配合医生做好各项医疗及护理措施，从而尽早阻断病情的发展，利于患者恢复，提高移植的成功率。

PO-3129

输注 ATG 免疫抑制剂的发热护理

马婷
中国人民解放军西部战区总医院

目的 我们知道，异基因移植患者在进行异基因造血干细胞移植过程中，很多患者的预处理方案都会用到 ATG 免疫抑制剂，ATG 的不良反应是发热，发热反应会引起患者生理上的不适，还会迅速消耗和破坏患者的血小板，所以，分析出有效的护理措施，对输注 ATG 免疫抑制剂患者有很大的意义。

方法 选取 2023 年 1-12 月西部战区总医院异基因移植采用 ATG 方案的患者进行研究分析，患者发热率达 77%。给予患者用药前护理，上药前给予甲泼尼龙静脉注射，能有效降低患者的发热；患者发生发热反应后，积极给予物理降温及有效的抗生素治疗，能有效缓解患者的发热症状；患者的发热难以下降时，给予地塞米松静脉注射能有效缓解患者的体温。

结果 患者用药前给予积极干预及发热后及时给予针对性护理措施，能有效缓解患者的发热反应。

结论 输注 ATG 免疫抑制剂患者给予相应的护理措施给予干预能有效降低患者的发热反应，减轻患者生理上的痛苦。

PO-3130

感控措施对血液肿瘤化疗患者感染发生率的影响

郑茜玲、张晶、罗苒
中国人民解放军陆军特色医学中心

目的 探讨感控措施对血液肿瘤化疗患者感染发生率的影响。

方法 选取 2022 年 1 月-2023 年 1 月在我院接受化疗的血液肿瘤患者 110 例，分为观察组和对照组，各 55 例。对照组给予常规护理，观察组在常规护理基础上实施感控措施，比较两组患者感染率。

结果 观察组患者感染发生率显著低于对照组。

结论 感控措施可有效降低血液肿瘤化疗患者感染发生率。

PO-3131

睡眠护理干预在血液移植后患者睡眠障碍中的应用

马婷
中国人民解放军西部战区总医院

目的 探讨睡眠护理干预在血液移植后患者睡眠障碍中的应用。

方法 将 2023 年 1 月至 12 月于血液移植后期合并睡眠障碍的患者随机分为两组，对照组使用常规护理，观察组使用睡眠护理干预，对比两组的护理效果、睡眠的时间、睡眠的质量及睡眠护理满意度。

结果 观察组使用睡眠护理干预后的睡眠时间明显长于对照组，睡眠质量高于对照组，睡眠护理满意度高于对照组。

结论 睡眠护理干预在血液移植后患者睡眠障碍中有应用价值。

PO-3132

虫咬伤致 4 级骨髓抑制急性白血病患者截指的护理

杨新星、谢洪琼、韩吉华、郑哲丰
浙江大学医学院附属第一医院城站院区

目的 总结 1 例虫咬伤致 4 级骨髓抑制急性白血病患者截指的护理经验。

方法 护理要点：积极寻找致病原，做好虫媒传染病的风险管控；脓毒血症的早期预防和护理；术后实施有针对性的护理干预，减少并发症的发生；个体化疼痛干预，增加患者舒适度；动态监测营养状况，提供个性化营养支持；关注患者心理变化，正确疏导负面情绪。

结果 经过积极治疗和精心护理，患者皮瓣移植成功，肢体恢复良好。

结论 针对这类急性白血病治疗期的患者，未来要重视对虫媒传染病的健康宣教，做好虫媒病的防控，减少感染的几率。

PO-3133

血液移植患者发热护理

马婷

中国人民解放军西部战区总医院

目的 探讨血液移植患者发热反应的相关因素及发热时的护理措施。

方法 选择 2023 年 7 月至 2024-5 月西部战区总医院血液移植病区 56 例发热患者，分析 56 例血液病患者在血液移植过程中发生发热反应的原因，并给以相应的护理措施，总结护理措施能否有效降低患者的体温，减轻患者的痛苦。

结果 经过分析每一例患者发热的原因给以针对性的护理措施，患者均有不同程度的好转，显示了护理措施的有效性。

结论 对于出现出现发热反应的血液移植的患者，可以结合患者的实际情况，认真分析其发热的原因，积极给以针对性的护理措施，对于降低发热反应、减轻患者的痛苦有实际的临床意义。

PO-3134

造血干细胞移植患者肛周皮肤色素沉着破溃的护理

马婷

中国人民解放军西部战区总医院

目的 探讨造血干细胞移植后肛周皮肤色素沉着破溃的患者的皮肤护理，分别使用磺胺粉、蒙脱石散、造口粉涂抹患处，观察疗效如何。

方法 选择西部战区总医院 2023 年 1 月至 12 月造血干细胞移植肛周皮肤色素沉着破溃的患者 12 例，给其中 4 例患者使用磺胺粉，并嘱患者保持肛周皮肤干燥；给其中 4 例患者使用蒙脱石散涂抹于患处，4 例患者使用造口粉涂抹患处，观察并记录三种方法使用后肛周皮肤的变化。

结果 使用蒙脱石散及造口粉均会使肛周皮肤保持干燥，局部吸收较好，对破溃皮肤有效，使用磺胺粉涂抹于患处的患者色素沉着破溃不会逐渐加重，磺胺粉会自动吸收因破溃而流出的液体，磺胺粉还有消炎的作用，避免了患者因为肛周皮肤破溃导致的肛周感染。

结论 磺胺粉、蒙脱石散、造口粉作用于造血干细胞移植患者肛周皮肤色素沉着破溃均有较好效果，值得肛周皮肤色素沉着破溃患者继续使用观察疗效，建议临床推广使用。

PO-3135

亚叶酸钙湿敷在大剂量甲氨蝶呤所致皮肤损伤中的护理应用

孙恒蕊、冯一梅、吴芳芳、王丽、张曦

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨亚叶酸钙湿敷在大剂量甲氨蝶呤后所致皮肤损伤护理中的应用效果。

方法 选取我中心 2023 年 1 月至 2023 年 8 月收治的行大剂量甲氨蝶呤方案化疗后产生皮肤损伤的患者 59 例，按照随机分组法将患者分为对照组 29 例和干预组 30 例。对照组采用常规解救方案，化疗结束后 12H 起，1/6H 给以亚叶酸钙静脉解毒，对局部皮损部位常规消毒处理，并监测甲氨蝶呤血药浓度。观察组是在对照组的基础上加用亚叶酸钙湿敷皮损部位。具体实施方法为：在严格无菌的条件下，将亚叶酸钙针 100mg 溶于无菌生理盐水 500ml 中，配置成亚叶酸钙溶液。将无菌纱布数块浸泡于无菌亚叶酸钙溶液中，用无菌镊挤去纱布多余药液，以不滴水为宜，将双层药液纱布

覆盖皮损部位，持续湿敷 30 分钟，每天 3-4 次。及时观察患者耐受情况，并记录患者不良反应。1 周后，评价两组患者皮损严重程度、统计皮损愈合时间、评估患者疼痛评分、失眠严重程度等。

结果 1 周后，观察组患者皮损范围明显小于对照组、患者失眠严重程度较对照组明显改善；WHO 抗癌药物常见毒副反应分级（皮肤）均在 2 度以内，症状明显较对照组轻；患者疼痛评分（NRS）均低于对照组；皮损愈合时间较对照组明显缩短；皮损部位个人发生率明显低于对照组；而治疗满意率高于对照组，差异均有统计学意义($P<0.05$)。

结论 通过改良亚叶酸钙解毒的用药方法，在不影响 MTX 解救疗效的情况下，可明显减轻化疗药对患者皮肤毒副作用，减轻患者痛苦，提高生活质量，缩短住院时间，解决 HD-MTX 后皮肤毒性发生率高这一临床现实问题，值得临床应用及推广。

PO-3136

FACT-G7 量表在慢性髓系白血病患者中的信效度检验

陈凤姣、高盼盼
四川大学华西医院

目的 本研究旨在对癌症患者治疗功能评估 7 项（Functional Assessment of Cancer Therapy-General-7 Item Version, FACT-G7）量表在慢性髓系白血病（Chronic Myeloid Leukemia, CML）患者中生活质量评估的信效度进行检验，以期为 CML 患者的生活质量评估提供更加便捷且可靠的生活质量评估工具。

方法 采用便利抽样法，选取 2023 年 12 月至 2024 年 3 月期间就诊于四川大学华西医院血液内科门诊的慢性髓系白血病患者，采用自设一般资料调查表、美国东部肿瘤协作组体能状态评分（Eastern Cooperative Oncology Group Performance Status, ECOG-PS）与癌症患者治疗功能评估量表（FACT-G，该量表已包含 FACT-G7 的内容）进行问卷调查，对中文版 FACT-G7 量表的信效度进行检验。使用 SPSS27.0 与 AMOS24.0 软件分析研究数据，采用题总相关系数（Corrected Item-Total Correlation, CITC）与 Cronbach's α 系数对量表的信度进行评价，采用项目分析法对量表条目区分度进行评价，采用探索性因子分析与验证性因子分析对量表的结构效度进行评价。

结果 纳入 232 例 CML 患者，获得有效问卷 232 份。①信度分析可知，CITC 范围为 0.273~0.546，中文版 FACT-G7 量表的 Cronbach's α 系数系数为 0.714；②由项目分析结果可知，FACT-G7 量表各条目决断值 t 值均大于 3.00 ($P<0.01$)，量表各条目与总分 Pearson 相关系数范围在 0.401~0.710；③探索性因子分析提取 2 个公因子暂命名为身心状况维度和功能状况维度，呈现降维现象。量表各条目因子载荷范围在 0.534~0.861，提取 2 个公因子累积方差贡献率为 57.534%；④验证性因子分析拟合模型适配度指标均在可接受范围内，其中 $c^2/df=1.894$, RMSEA=0.062, TLI=0.942, CFI=0.981, GFI=0.970, AGFI=0.936；⑤单因素方差分析表明，不同 ECOG-PS 评分的患者 FACT-G 和 FACT-G7 总分差异显著性水平具有统计学意义($P<0.01$)；⑥效标关联效度分析结果提示，FACT-G7 与 FACT-G 的 Pearson 相关系数为 0.88，差异显著性水平具有统计学意义($P<0.05$)。

结论 中文版 FACT-G7 量表在 CML 患者生活质量评估中具有较高的信度与效度，可以作为评估 CML 患者生活质量的有效工具。

PO-3137

基于全程风险管理的智能云端防控管理服务平台 在恶性血液肿瘤患者静脉血栓全程化管理中的应用研究

孙恒蕊、吴芳芳、王丽、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 通过构建智能云端防控管理服务平台，研究基于全程风险管理的智能云端防控管理服务平台在恶性血液肿瘤患者静脉血栓栓塞症（Venous Thromboembolism, VTE）全程化管理中的应用效果。

方法 依托智能云端管理服务平台，构建基于全程风险管理的静脉血栓防控体系，并应用于恶性血液肿瘤患者血栓全程化管理过程中。患者通过下载 APP 进入系统进行血栓评估、记录、上传数据或报告，系统会根据患者风险评估结果，有效识别 VTE 风险程度，并给以相应的 VTE 预防措施指导及不同阶段的健康教育内容，对于 VTE 高风险患者，会在系统医护电子病历单患者模块显示：“VTE”警示信号，有利于医护人员对 VTE 高风险人群进行重点动态关注，并及时给以进一步检查治疗。采用运行前后对比研究方法，选取 2021 年 10 月至 2022 年 8 月收集的数据作为运行前的基础数据，2023 年 1—11 月收集的数据作为运行后的数据。观察运行前后 VTE 风险评估及时率、VTE 评估准确率、VTE 预防措施执行率、VTE 预防健康知晓率方面的差异。同时监测运行前后 11 个月 VTE 发生率并比较两组差异。

结果 运行基于全程风险管理的智能云端防控管理服务平台进行恶性血液肿瘤患者静脉血栓全程化管理后，VTE 风险评估及时率、VTE 评估准确率、VTE 预防措施执行率、VTE 预防知识知晓率均有提升，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ），运行后 VTE 发生率为 0.06%，明显低于运行前的 0.27%，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 基于全程风险管理的智能云端防控管理服务平台应用于恶性血液肿瘤患者静脉血栓全程化管理中，能优化 VTE 防控管理水平，明显提升 VTE 护理质量，降低 VTE 发生率，值得临床推广。

PO-3138

总结分析血液移植呕吐患者的护理有效措施

马婷
中国人民解放军西部战区总医院

目的 总结分析血液移植患者的呕吐因素及对应的护理措施。

方法 选择我科去年血液移植患者的呕吐情况，分析各类患者的呕吐因素，总结分析止吐的护理措施。

结果 为放疗、预处理阶段输入大量化疗药物，给予昂丹司琼类药物及奥美拉唑类药物能有效止吐。研究发现，在预处理阶段早期应用地塞米松能减少呕吐的发生。为饮食被紫外线照射后的气味导致的呕吐的患者，控制好紫外线的有效照射时长，饭前嘱患者待气味消散再进食可有效改善呕吐。

结论 了解掌握血液移植患者的呕吐因素，并给予及时有效的护理措施可减少呕吐的发生，更利于患者的病情改善。

PO-3139

同伴支持健康教育对造血干细胞移植术后患者癌因性疲乏、应对能力及生活质量的影响

孙恒蕊、吴芳芳、王丽、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨同伴支持健康教育对造血干细胞移植术后患者癌因性疲乏、应对能力及生活质量的影响。

方法 将行造血干细胞移植术后诊断符合出血性膀胱炎诊断标准的患者 96 例, 随机分为观察组和对照组, 每组 48 例。对照组施行常规健康教育, 观察组在此基础上施行同伴支持健康教育, 比较干预前后两组患者的癌因性疲乏[中文版 Piper 疲乏修订量表 (RPFS-C)]、应对能力[医学应对方式问卷 (MCMQ)]及生活质量[中国癌症化学生物治疗患者生活质量量表 (QLQCCC)]。

结果 干预后, 观察组患者 RPFS-C 量表各维度评分均低于本组干预前, 对照组患者 RPFS-C 量表中情感、感觉维度评分均低于本组干预前, 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$); 干预后, 观察组患者 RPFS-C 量表各维度评分均低于对照组 ($P < 0.05$)。干预后, 两组患者 MCMQ 量表中回避、屈服维度评分均低于本组干预前, 面对维度评分均高于本组干预前, 且观察组患者回避、屈服维度评分均低于对照组, 面对维度评分高于对照组, 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。干预后, 两组患者 QLQ-CCC 量表各维度评分均高于本组干预前, 观察组患者 QLQ-CCC 量表各维度评分均高于对照组, 差异均有统计学意义 ($P < 0.05$)。

结论 同伴支持健康教育可有效缓解造血干细胞移植术后患者癌因性疲乏、促进患者积极, 从而提高患者生活质量

PO-3140

基于问题导向的教育干预对淋巴瘤化疗患者心理弹性和生活质量的影响

李思
德阳市人民医院

目的 探讨基于问题导向的教育干预对淋巴瘤化疗患者心理弹性和生活质量的影响。

方法 采用方便抽样法抽取 2021 年 12 月至 2022 年 12 月在德阳某三级甲等医院血液内科行化疗的淋巴瘤患者 89 例为研究对象, 按照入院时间随机分为对照组 ($n=44$) 和观察组 ($n=45$), 对照组采取常规干预, 观察组在此基础上采取基于问题导向的教育干预, 对比两组患者干预前后治疗依从性、心理弹性状况、生活质量及自我护理能力。

结果 干预前两组依从性、心理弹性、生活质量、自我护理能力各维度评分及总分均无显著差异 ($P > 0.05$); 干预后观察组依从性高于对照组 ($Z=2.248, P < 0.05$), 两组心理弹性量表 (CD-RISC) 总分均升高, 观察组 CD-RISC 量表总分大于对照组 ($t=7.085; P < 0.05$); 两组生活质量调查表 (QLQ-C30) 各维度评分均升高, 且观察组躯体、角色、情绪、社会、认知等 5 大功能评分高于对照组 ($t=6.046, 2.940, 4.825, 5.180, 2.189; P < 0.05$); 两组自我护理力量表 (ESCA) 总分均升高, 且观察组均高于对照组 ($t=7.607; P < 0.05$)。

结论 对淋巴瘤化疗患者采用基于问题导向的教育干预可提高患者治疗依从性, 增强心理弹性和提高自我护理能力, 并可有效改善生活质量。

PO-3141

血液肿瘤患者化疗所致恶心呕吐的管理现状及对策分析

沈宏宇、陈凤娇、张川莉、段蕴泉、唐亚丽
四川大学华西医院

目的 调查化疗所致恶心呕吐（chemotherapy-induced nausea and vomiting, CINV）的管理现状，并探讨减轻 CINV 的相关对策，为临床中更好的降低 CINV 的发生率提供依据。

方法 2024 年 1 月至 2024 年 4 月对四川大学华西医院血液内科使用化疗药物的患者进行调查。于化疗前、化疗后 24 小时和化疗后 4 天，采用 MASCC 止吐评价工具(MAT)中文版和自行设计的一般资料问卷，记录患者在恶心呕吐及用药的情况，调查结果采用描述性分析。

结果 本研究共 163 例患者完成问卷调查，化疗相关恶心呕吐（CINV）的发生率为 23.9%（39/163），其中 69.2%（27/39）的 CINV 发生在进餐时，30.8%（12/39）的 CINV 发生在输注化疗药物时。使用止吐药物的比例为 65.0%（106/163），使用了止吐药的 106 例患者中，仍有 31.1%（33/106）的患者出现了 CINV。排除发生恶心呕吐后给药的情况之后，化疗前 15 分钟至化疗后 30 分钟内给予止吐药其 CINV 的发生率相对较低。

结论 血液肿瘤化疗患者中，CINV 管理现状仍存在较大的问题，如联合化疗方案中药物致吐风险分级、止吐方案及给药时机等。因此，在临床实践中需加强对 CINV 的关注，并提供更加有效的预防和治理措施。

PO-3142

2 例 TAFRO 综合症患者护理

杜赛丽、徐燕
浙江大学医学院附属第一医院

目的 总结 2 例 TAFRO 综合症患者护理观察及护理经验

方法 本文通过 2 例 TAFRO 综合征患者患者的持续腹水置入 ARROW 管引流的护理，颜面部、四肢水肿、胸腔积液及肾功能不全期间精准控制患者出入液量和纠正水电解质紊乱维持内环境平衡的护理，化疗期间针对化疗药物及药物不良反应相关的护理，宣教化疗药物的注意事项，化疗后骨髓抑制期间贫血、低血小板期间的输血、饮食的护理，化疗后预防感染针对口腔溃疡及疼痛进行每日口腔清洁及每日疼痛评分对疼痛宣教患者了解非药物止痛的相关护理措施，了解患者心理针对患者对未知疾病的担忧，宣教患者了解疾病相关知识，进行个性化心理护理

结果 两名患者经过治疗级相关护理疾病均转归

结论 TAFRO 属于罕见病，本文中患者肾功能损伤、腹水、水电解质紊乱较为突出，在平时护理做好出入量管理较为重要，同时做好药物及心理护理，对疾病转归有重要作用。

PO-3143

分析儿童左下肢瘫痪低温烫伤的原因及预防护理

钟嘉文、杨燕澜
深圳市儿童医院

目的 探讨儿童左下肢瘫痪发生低温烫伤的原因分析、危险因素分析及预防措施。

方法 将本科室内一名左下肢瘫痪的肿瘤患儿在出院后发生低温烫伤的整体事件进行回顾分析,找出发生低温烫伤的原因及危险因素。

结果 儿童左下肢瘫痪发生低温烫伤的原因有主观因素,如护理管理者安全管理落实不到位、医务人员及陪护的防低温烫伤风险意识不足、护理人员健康教育不全面及责任心缺乏等,也有患者瘫痪肢体的感觉功能减弱或者消失等客观因素。发生低温烫伤以后,医护人员对左下肢瘫痪的患儿创面进行了及时、正确的处理,同时采取相应的预防措施。

结论 多种主观和客观因素均可导致左下肢瘫痪的患儿发生低温烫伤,因此医护人员、患儿及陪护者应提高低温烫伤的防范意识,可以通过低温烫伤原因分析和护理干预,进行有效地预防低温烫伤事件的发生。

PO-3144

分析左下肢瘫痪儿童低温烫伤的原因及预防护理

钟嘉文、杨燕澜
深圳市儿童医院

目的 探讨儿童左下肢瘫痪发生低温烫伤的原因分析、危险因素分析及预防措施。

方法 将本科室内一名左下肢瘫痪的肿瘤患儿在出院后发生低温烫伤的整体事件进行回顾分析,找出发生低温烫伤的原因及危险因素。

结果 儿童左下肢瘫痪发生低温烫伤的原因有主观因素,如护理管理者安全管理落实不到位、医务人员及陪护的防低温烫伤风险意识不足、护理人员健康教育不全面及责任心缺乏等,也有患者瘫痪肢体的感觉功能减弱或者消失等客观因素。发生低温烫伤以后,医护人员对左下肢瘫痪的患儿创面进行了及时、正确的处理,同时采取相应的预防措施。

结论 多种主观和客观因素均可导致左下肢瘫痪的患儿发生低温烫伤,因此医护人员、患儿及陪护者应提高低温烫伤的防范意识,可以通过低温烫伤原因分析和护理干预,进行有效地预防儿童左下肢瘫痪低温烫伤事件的发生。

PO-3145

一例极重型再障合并下肢丹毒患者 行异基因周血干细胞移植的护理

王洪梅、管伟、张京慧、韩学军
中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所)

目的 总结 1 例极重型再生障碍性贫血合并下肢丹毒患者行异基因周血干细胞移植的护理案例经验总结。

方法 在移植前全面评估,帮助患者及家属掌握潜在的护理风险,制定详尽的护理方案,严格做好培训考核陪护家属入百级层流罩病房的感染防控。在百级层流罩病室内,密切观察患者的全身及局部情况,每日用无菌生理盐水冲洗,清创,碘伏局部消毒,给予 50%硫酸镁纱布湿敷,地榆油砂条外敷,抬高制动,结合抗生素治疗,同时给予患者必要的基础护理及心理支持。

结果 经过精心护理,患者安全度过白细胞“零期”,下肢消肿,局部病灶结痂脱落,痂下愈合,皮温正常,造血干细胞移植顺利,移植后+22 天粒细胞植活,转入普通病房。

结论 通过本例患者的护理实践证明,加强个性护理及积极对症支持治疗,对肢体局部合并丹毒行周血干细胞移植的病例可显著提高治疗效果,促进患者康复。

PO-3146

血液透析时内瘘手臂疼痛的原因分析及护理方法研究

周赛
吉林大学第一医院

目的 分析血液透析时内瘘手臂疼痛的相关原因，研究护理干预措施。

方法 选取 2020 年 1 月~2021 年 1 月我院收治的 72 例血液透析患者，男性 45 例，女性 27 例，年龄 16-72 岁，平均年龄 46 岁。其中慢性肾功能衰竭 24 例，急性肾功能衰竭 8 例，慢性肾小球肾炎 20 例，先天性多囊肾 10 例，高血压肾病 8 例，狼疮肾 1 例，风湿肾 1 例。回顾性分析上述患者血液透析时内瘘手臂疼痛的原因，总结疼痛发生后的针对性护理措施，观察护理干预前后患者疼痛再次发生率。

结果 造成疼痛发生的原因主要有超滤速度过快、体质增长超量、血压下降、多次穿刺、心情紧张焦虑等。护理干预前后相比，疼痛发生率明显降低。

结论 造成患者血液透析时内瘘手臂疼痛的原因复杂多样，护理措施应以预防为主，医护人员应在充分分析原因的基础上，针对性的采取护理干预措施，可有效改善患者临床症状，避免疼痛发生。

PO-3147

5E 管理模式在多发性骨髓瘤患者全程管理中的应用效果

吕国庆、王红丽
新乡医学院第一附属医院

目的 多发性骨髓瘤（MM）是一种慢性进行性的血液系统恶性肿瘤，对患者的生活质量和心理健康造成严重影响。本研究旨在探讨 5E 管理模式在 MM 患者全程管理中的应用效果。

方法 选取 2017 年 1 月至 2022 年 12 月间我院收治的 220 例 MM 患者，随机分为观察组和对照组，每组 110 例。观察组采用 5E 管理模式（包括鼓励、教育、运动、工作和评估），对照组采用常规护理模式。对两组患者的平均住院日、并发症发生率、情绪评分、护理满意度等指标进行比较分析。

结果 5E 管理模式实施后，观察组患者的平均住院日由 16.2 天降至 11.8 天（ $P=0.025$ ）。观察组患者的肺部感染、骨折、下肢静脉血栓等并发症发生率均低于对照组，差异具有统计学意义（ $P=0.005$ ）。研究前两组患者的焦虑和抑郁情绪评分相似，5E 管理护理后观察组患者的焦虑和抑郁情绪评分均低于对照组，差异具有统计学意义（ $P=0.018$ ）。观察组患者的护理满意度高于对照组（ $P=0.021$ ），医生对护士工作的满意度（99.1%）也高于对照组（88.4%）（ $P=0.013$ ）。患者对护理工作的满意度在观察组（98.5%）同样高于对照组（86.2%），差异具有统计学意义（ $P=0.001$ ）。

结论 5E 管理模式在 MM 患者全程管理中显示出良好的应用效果，能有效缩短住院时间，降低并发症发生率，改善患者情绪状态，提高护理满意度。

PO-3148

基于循证的预见性护理在血液内科重症患者 呼吸道感染中的应用研究

唐露、杜欣、张曦

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨基于循证的预见性护理在血液内科重症患者呼吸道感染中的预防效果及对疾病转归和生活质量的影响。

方法 纳入 2023 年 1 月~2023 年 12 月 3 所三级甲等医院符合纳排标准的血液内科重症患者作为研究对象。采取随机数字表法将 158 例血液内科重症患者分为对照组和观察组, 每组各 79 例。其中对照组实施常规的日常护理, 观察组在对照组基础上实施基于循证的预见性护理, 比较两组患者出院时呼吸道感染发生率、临床转归、住院时间及生活质量。

结果 观察组呼吸道感染发生率低于对照组 ($P<0.05$); 患者咳嗽、咽部充血、发热、鼻塞程度均轻于对照组 ($P<0.05$); 症状缓解时间和住院时间均短于对照组 ($P<0.05$); 患者生活质量高于对照组 ($P<0.05$)。

结论 临床针对血液内科重症患者, 实施基于循证的预见性护理, 能够有效降低住院期间呼吸道感染发生率, 加速疾病缓解进程, 缩短临床治疗与归转的时间, 提高患者的生活质量, 优化临床管理流程。

PO-3149

普通病房层流病床的使用在血液肿瘤患者 呼吸道感染中的效果研究

向威雄、陶俊、张曦

重庆新桥医院

目的 探讨普通病房层流病床的应用在血液肿瘤患者合并呼吸道感染的临床转归、住院时间以及生活质量中所起的作用。

方法 本样本选取自 2022 年 9 月至 2023 年 9 月重庆某三甲医院的 130 名血液肿瘤患者合并呼吸道感染患者, 采取随机数字表法将符合纳排标准的研究对象分为观察组与对照组。其中观察组患者 65 名, 对照组患者 65 名。将对照组实施常规的日常护理, 观察组在对照组基础上, 在房间设置空气消毒机, 将患者安置于层流病床, 比较两组患者出院时呼吸道感染的临床转归、住院时间及生活质量。

结果 在接近一年的调查中, 观察组通过层流病床和空气消毒机的使用, 患者呼吸道传播疾病的感染治愈率和生活质量明显高于对照组 ($P<0.05$); 症状缓解时间和住院时间均短于对照组 ($P<0.05$)。

结论 临床针对普通病房血液肿瘤并发呼吸道感染患者, 通过层流病床的联合使用, 能够有效提高呼吸道感染治愈率, 加速疾病缓解进程, 缩短临床治疗与归转的时间, 提高患者的生活质量, 优化临床管理流程。

PO-3150

家属协同护理管理模式结合多媒体健康宣教对血液肿瘤相关性高血糖管理的应用效果

陈玲、陶俊

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探究家属协同护理管理模式结合多媒体健康宣教对家属协同护理管理模式的应用效果。

方法 血液肿瘤患者 134 例随机均分为常规组和研究组，常规组进行传统的护理管理模式和健康宣教模式，研究组进行家属协同护理管理模式和多媒体健康宣教模式。比较两组院内血糖和院外血糖控制效果；两组护理干预前后血糖自我管理效能；两组治疗依从性；两组护理干预前后焦虑程度和抑郁程度；两组满意度评价。

结果 研究组血糖控制效果、恢复时间显著短于常规组($P<0.05, P<0.01$)。研究组依从性良好者占比显著高于常规组($P<0.05$)，依从性差者占比显著低于常规组($P<0.01$)。干预后，两组焦虑程度评分和抑郁程度评分均较干预前显著降低，且研究组显著低于常规组($P<0.05, P<0.01$)。研究组满意度明显高于常规组($P<0.05$)。

结论 家属协同护理管理模式结合多媒体健康宣教对血液肿瘤相关性高血糖管理效果、依从性、自我效能有极大的促进作用。

PO-3151

血液肿瘤患者行造血干细胞移植前癌症复发恐惧的同期网络分析

吴芳芳、任勤、冉凤、唐全希、杜欣

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 调查血液肿瘤患者造血干细胞移植前癌症复发恐惧的发生率及严重程度，构建造血干细胞移植患者癌症复发恐惧症状网络，并分析网络中心指标。

方法 采用便利抽样的方法，选取 2022 年 10 月-2023 年 10 月重庆市某血液科造血干细胞移植中心符合纳排标准的血液病患者 260 例为研究对象，在入仓当日发放癌症复发恐惧量表 (FoP-Q-SF) 测量癌症复发恐惧，了解移植前患者癌症复发恐惧的发生率及严重程度，并运用 R 语言软件包构建癌症复发恐惧症状网络模型，使用网络分析的方法探索核心症状和分析症状之间的关系。

结果 收回有效问卷 246 份，有效率为 94.6%。女性占 45.1%，男性占 54.9%，年龄 39.65 ± 14.68 岁，FoP-Q-SF 评分为 25.02 ± 8.16 分，根据确定的截断值 22.76% 的患者入仓当天患有高水平的癌症复发恐惧。在网络分析中，相关性最强的症状是“因病降低工作效率的想法使我烦恼”和“因病可能无法工作的想法使我烦恼” ($r=0.49$)，其次是“我担心疾病过程中会有一些重大的治疗”和“我担心药物会损害我的身体” ($r=0.43$)。中心性指标显示，中介中心性最大 ($rB=2.535$)、紧密中心性最高 ($rC=2.153$)、强度中心性最强 ($rS=1.811$) 均为“我担心如果我发生什么事情，家庭会怎么样”该网络相关稳定系数 >0.5 ，表明网络保持稳定。

结论 血液肿瘤患者行造血干细胞移植前患癌症复发恐惧较为严重，“我担心如果我发生什么事情，家庭会怎么样”为核心症状，医护人员应重视患者的心理状态，尤其是社会家庭方面。应及时采取相应的干预措施，降低患者的癌症复发恐惧水平。

PO-3152

人文关怀护理应用于白血病化疗患者癌因性疲乏状况的作用

张晓华
成都市第五人民医院

目的 探讨人文关怀护理应用于白血病化疗患者癌因性疲乏状况的作用

方法 本次研究以我院接受治疗的 100 例白血病化疗住院患者为主, 收治时间为 2023 年 1 月-2023 年 12 月, 将所选患者分为两组, 采用常规护理和人文关怀护理两种干预手段, 分别作用于对照组和观察组。

结果 观察组患者实施人文关怀护理后癌因性疲乏症状发生率 22.83%, 远低于对照组癌因性疲乏症状发生率 78.67%。

结论 在人文关怀护理模式下, 充分考虑患者自身的感受, 实施心理护理、健康教育等干预手段, 能改善化疗效果及生活质量, 患者情绪较为稳定, 心态保持良好, 便于各项治疗工作的合理开展。

PO-3153

参与三级支持模式的血液科护士第二受害者的心理体验

于姗姗、彭映
吉林大学第一医院

目的 探讨参与三级支持模式的血液科护士第二受害者的心理体验, 旨在为血液科护士第二受害者复苏干预提供实践依据。

方法 基于纽曼系统理论构建第二受害者三级支持模式。一级支持: 第二受害者认知正常化; 二级支持: 基于公正认知错误; 三级支持: 学习与成长。采用目的抽样方法, 对 12 名经历过护理安全事件且参与过第二受害者三级支持模式的护士进行半结构式访谈, 将记录的资料按 Colaizzi7 步分析法进行分析。

结果 提炼出 4 个主题: 三级支持模式提供了一个共情的平台, 第二受害者可借此宣泄负性情绪(焦虑、紧张、恐惧、自责、愧疚、无助、孤独感); 参与三级支持模式的活动能够提升护士第二受害者的团队归属感, 感受到同伴的支持; 三级支持模式能使护士第二受害者开阔视角, 多角度看待护理安全事件的发生原因、过程和影响; 参与三级支持模式的护士第二受害者希望得到更加系统化的支持。

结论 基于纽曼系统理论的第二受害者三级支持模式可减轻血液科护士第二受害者痛苦体验, 增加支持力度, 帮助护士调适心理危机并度过第二受害者复苏路径的各个时期, 为管理者应对护理安全事件护理人员的心身复苏干预提供参考。

PO-3154

一例异体外周血造血干细胞移植术后 并发人疱疹病毒 6 型脊髓炎患者的护理

汪靖、徐帅帅
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的 总结一例异体外周血造血干细胞移植术后合并人疱疹病毒 6 型脊髓炎患者的护理体会。

方法 采取个性化疼痛管理,缓解疼痛症状;多学科团队协作管理,改善膀胱、肠道症状;动态监测血液指标变化,预防严重内出血的发生;实施严密保护性隔离措施,预防多重感染的发生;积极给予共情心理,缓解消极不良情绪。

结果 移植后 146 天患者病毒性脊髓炎检验指标降至正常,血象逐渐恢复,临床症状改善,遂顺利出院。

结论 异体外周血造血干细胞移植合并 HHV-6 病毒性脊髓炎在临床中较少见,加强对病毒性脊髓炎急性发作的早期识别和护理干预,对减缓疾病进展和提高移植效果有重要作用。护士应密切观察患者临床症状,关注患者主诉,及时发现护理问题。在患者感染 HHV-6 病毒性脊髓炎后,动态评估患者疼痛程度,遵医嘱用药,缓解患者疼痛;参与多学科联合诊断和干预,解决患者腹胀、尿潴留和肠梗阻等问题;移植全程密切关注患者骨髓抑制情况和心理状态,采取针对性护理措施,防止出现严重出血和多重感染,促进患者身心健康,改善患者结局。

PO-3155

17 例 PD-1 抗体治疗血液恶性疾病患者的不良反应及护理

沈宏宇

四川大学华西医院

目的 探讨免疫检查点抑制剂抗程序性死亡因子(PD-1)抗体治疗血液恶性疾病患者的护理。

方法 总结我科 17 例首次接受 PD-1 抗体治疗血液恶性疾病的患者,观察治疗过程中特异性免疫相关不良反应(irAE),总结护理方法。

结果 不良反应:15 例患者出现发热,8 例患者出现皮肤不良反应,7 例出现肺部不良反应,6 例出现胃肠道不良反应,5 例出现血液系统不良反应,4 例出现肝脏不良反应,2 例出现内分泌不良反应,2 例出现神经系统不良反应,1 例出现眼部不良反应。护理要点:用药护理、PD-1 相关不良反应的护理、心理护理。

结论 应用抗体 PD-1 治疗血液恶性疾病副作用虽然相对于传统的化疗药物较小,但涉及的系统也比较多,在治疗期间应密切观察患者的病情变化,予以相应的护理措施及干预,患者可耐受免疫治疗的相关不良反应,顺利完成治疗。

PO-3156

一例小剂量甲氨蝶呤治疗 ALL 致严重口腔溃疡的护理体会

王婷

四川大学华西医院

目的 甲氨蝶呤(MTX)为抗叶酸类抗肿瘤药,主要用于恶性淋巴瘤、急性淋巴细胞白血病、骨肉瘤、软组织肉瘤的治疗。口腔溃疡是 MTX 主要毒副反应之一,常给患者带来不适、疼痛、咀嚼及吞咽困难,严重影响患者的生活。通过对我科一例小剂量甲氨蝶呤治疗 ALL 致严重口腔溃疡的护理案例进行分析,总结甲氨蝶呤化疗致口腔溃疡的护理经验。

方法 对一例小剂量甲氨蝶呤治疗 ALL 致严重口腔溃疡患者的病例资料进行回顾分析,总结其护理经验和效果。

结果 通过定期观察口腔黏膜情况、指导患者清淡饮食、勤漱口、采用碳酸氢钠漱口液、亚叶酸钙漱口液、特尔立漱口液等漱口、遵医嘱准确用药,并进行心理护理,患者口腔溃疡明显好转。

结论 小剂量甲氨蝶呤化疗由于个体差异也可造成严重不良反应,对患者进行积极评估,早期识别,指导患者保持口腔清洁卫生、勤漱口、采用有针对性的漱口液漱口,对促进口腔溃疡的愈合,

缓解甲氨蝶呤的不良反应有积极作用。

PO-3157

肝素钠与生理盐水在血液内科住院患者 输血后 PICC 封管的应用效果比较

毛凌
四川大学华西医院

目的 比较肝素钠与生理盐水在血液内科患者输血后经外周置入中心静脉导管（peripherally inserted central catheter, PICC）封管的应用效果。

方法 选取 2020 年 7 月至 2020 年 10 月某三甲医院血液内科留置有 PICC 并输血的 154 名住院患者为研究对象。根据患者入住病区的不同封管方式把患者分为两组，一组为肝素钠组（82 名患者、使用 10 IU/ml 的肝素钠盐水封管），一组为预充组（72 名患者、使用 BD 公司生产的预充式导管冲洗器，成分为生理盐水），比较两组患者 PICC 输血封管后再次输液是否有回血、是否有阻力、最大输液速度及两组封管操作用时。

结果 肝素钠组封管后再输液有回血率、封管后再输液冲管无阻力率、封管后再输液最大速度及封管用时间均大于预充组，差异具有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 与生理盐水相比，肝素钠能更好地预防血液内科输血患者 PICC 的堵管。

PO-3158

经外周静脉置入中心静脉导管（PICC）拔管困难的护理对策

李苗、袁志容、杨婷、夏兴钟
贵黔国际医院医院

目的 本文主要探讨 PICC 置管后拔管困难的护理对策

方法 1.心理护理：拔管前做好解释工作。2.评估血管：若有感染应待炎症缓解后再给予拔管。3.摆正确体位：患者取平卧位，上肢充分外展与躯干成 90°角。4.湿热敷：湿热敷 20-30 分钟，也可导管内注入温生理盐水及给予平滑肌松弛剂。5.异位或打结：行 X 光检查，如纤维蛋白鞘严重包裹导管，应先给与溶栓或抗凝治疗。还可以使用“让步法”和“旋转法”，这样既可避免导管断裂，又可减少纤维蛋白鞘引起的嵌顿。6.拔管时可稍用力，但用力要均匀，忌强行拔除导管。也可在 12-24 小时后再次尝试拔管。也可以联系介入科在血管造影（DSA）引导下应用微导丝拔除导管，必要时考虑手术取出。

结果 临床工作中导致拔管困难的原因有心理因素、拔管时体位不当、导管异位、打结、纤维蛋白鞘和血栓形成、静脉炎等，护士需认真分析拔管困难原因，给予针对性强的治疗、护理措施，才能解决问题，减少风险。

结论 在拔管前要充分评估患者的状况，采取科学的方法，切忌暴力拔管，如因血栓原因，则需暂停拔管，进行溶栓等处理，向患者及家属讲明原因，择机再次操作。还可寻求 MDT 团队的帮助和指导

PO-3159

一例经外周静脉输注环磷酰胺外渗的护理

陈颖
成都市第五人民医院

目的 通过分析一例经外周静脉输注环磷酰胺外渗的护理，总结护理经验，减轻疼痛，改善患者生活质量。

方法 回顾我科 2024 年 3 月 18 日收治的一例血栓性血小板减少性紫癜、溶血性贫血、重度贫血患者的临床资料及护理措施。患者病情危重，住院期间多次行血浆置换及利妥昔单抗+环磷酰胺免疫抑制治疗。于 4 月 2 日患者在输入环磷酰胺过程中发生外渗，皮肤肿胀，患者诉疼痛。立即停止输液，用注射器回抽静脉通路中的残余药液后，拔除留置针。用生理盐水+地塞米松磷酸钠+盐酸利多卡因注射液行局部封闭后，予冰袋冷敷，减轻疼痛及对组织细胞的损害，同时，抬高患肢。第二天停止冷敷，用 50%硫酸镁湿敷。

结果 患者肿胀基本消退，疼痛有所减轻，皮肤未发生感染和坏死。

结论 患者液体量大，血管条件差，药物刺激性强，容易造成药液外渗。在输注特殊药物时，要反复对患者及家属进行健康教育指导，同时，护士加强巡视，密切观察。

PO-3160

综合性护理对急性白血病初治患者不良情绪和生活质量的影响研究

张景丽
郑州大学第一附属医院

目的 探讨综合护理对急性白血病初治患者对于疾病不确定感、焦虑、抑郁等不良情绪和生活质量的影响。

方法 采用一般资料调查问卷、癌症治疗功能评估量表(FACT - Leu)、身体功能状态量表(KPS)、焦虑性情绪障碍筛查表(SCARED)、抑郁障碍自评量表(DSRSC)、白血病特异性生活质量评估量表(FACT-Leu)调查患者情绪状况及生活质量，选取 30 例实施综合护理的急性白血病初治患者为观察组(本院 2022 年 1 月~ 2022 年 12 月收治)，选取 30 例实施常规护理的急性白血病初治患者为对照组(本院 2021 年 1 月~ 2021 年 12 月收治)，比较两组患者护理前后的不良情绪改善及生活质量。

结果 干预前，两组疾病不确定感比较差异无统计学意义($P>0.05$)，干预后，观察组疾病不确定感评分明显低于对照组及干预前，差异均有统计学意义($P<0.05$)。干预前，两组 SAS、SDS 评分比较差异无统计学意义($P>0.05$)，两组干预前 SAS、SDS 评分明显高于同组内干预后，干预后，观察组 SAS、SDS 评分明显低于对照组，差异有统计学意义($P<0.05$)。干预前，两组生活质量评分比较无明显差异($P>0.05$)，两组干预前生活质量评分明显低于同组内干预后，差异均有统计学意义(均 $P<0.05$)，干预后，观察组生活质量评分、满意度均明显高于对照组，差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 综合护理能够有效缓解急性白血病初治患者的不良情绪，改善患者对于疾病不确定感、焦虑、抑郁等负面情绪，提高对疾病的认知水平，从而提高了患者治疗依从性和治疗效果，改善了患者的生活质量及护理满意度，值得临床推广。

PO-3161

3 例急性白血病患者化疗后并发艰难梭菌感染相关性腹泻的护理

邱娟

四川大学华西医院

目的 由于化疗药物对肠道黏膜的损伤，化疗后骨髓抑制、免疫力低下，以及抗生素的使用破坏了肠道正常菌群，因此，白血病化疗后易发生感染性腹泻。本文总结了 3 例急性白血病患者化疗后发生艰难梭菌感染相关性腹泻的护理经验。

方法 回顾 2022 年 1 月至 2022 年 4 月我科住院治疗的 3 例急性白血病患者化疗后发生艰难梭菌感染相关性腹泻的病例资料，总结其临床特点和护理经验。

结果 3 例患者化疗前均有不同程度的肛周痔疮脱出，反复腹泻导致痔疮脱出加重；同时，频繁腹泻导致患者营养失调，多次肛周清洁增加了患者及家属的负担。经过制定个体化护理计划，从感染的预防与控制、肛周皮肤的护理、肠内肠外营养支持、康复与活动、心理护理、标本采集与送检等方面实施精心护理和治疗后，患者病情好转，实验室粪便细菌培养结果为阴性，解除隔离后出院。

结论 感染性腹泻是白血病患者化疗后常见的并发症，艰难梭菌感染是其重要的病因之一。针对此类患者应早期识别、诊断，重视在化疗低谷期感染的预防与控制、严重腹泻期间警惕消化道出血、实施结构化皮肤护理、及时给予营养支持等以促进患者康复。

PO-3162

预防与管理静脉炎

王林

陕西国际商贸学院

目的 静脉炎是静脉内插管常见并发症之一，严重影响患者舒适度和治疗进程。本研究旨在探讨静脉炎的预防与管理策略，分享作者在临床护理实践中的经验，并提出有效的干预措施。

方法 采用前后对照研究设计。首先，对过去一年内静脉输液患者进行回顾性分析，记录静脉炎的发生率及相关因素。随后，选取一组即将进行静脉输液的患者，实施针对性的预防措施，包括选择合适的穿刺部位、使用适宜的导管材料、定期更换导管、加强皮肤护理和患者教育等。在输液过程中，密切监测患者情况，一旦发现静脉炎迹象，立即采取相应治疗措施。

结果 回顾性分析显示，静脉炎的发生与导管留置时间、穿刺技术、患者基础疾病等因素有关。实施预防措施后，静脉炎的发生率显著降低。前瞻性研究中，预防措施组的患者静脉炎发生率较对照组降低了 50%，且发生静脉炎的患者症状轻微，恢复迅速。此外，患者对预防措施的接受度高，满意度提升，治疗依从性得到改善。

结论 静脉炎的预防与管理对于保障患者安全和提升护理质量具有重要意义。为了进一步减少静脉炎的发生，建议采取以下策略：一是提高护理人员的专业技能，确保护理操作的标准化和规范化；二是强化患者教育和自我监测意识，增强患者对静脉炎预防的参与度；三是建立健全的监测和反馈机制，及时调整护理措施，以适应不同患者的具体需求。通过本次征文，期望能够促进静脉炎护理实践的改进，为患者提供更加安全和优质的护理服务。

PO-3163

一例单倍型造血干细胞移植后合并 HHV-6 病毒性脑炎的护理

宋丽娜
郑大一附院血液科

目的 人类疱疹病毒 6 型 (HHV-6) 属于人疱疹病毒 B-疱疹病毒科, 大多数 3 岁以内的儿童会感染 HHV-6, 且在初次感染后进入潜伏期。HHV-6 可在免疫受损的宿主中再活化。一般来说, 造血干细胞移植 (HSCT) 后 HHV-6 再激活的发生率为 30%~70% [1], 脐血干细胞移植 (CBT) 后的发生率会更高。大部分患者移植后 HHV-6 再激活表现为 HHV-6 血症, 仅少数患者发生 HHV-6 相关脑炎。CBT 患者 HHV-6 脑炎的发生率为 4.9%~21.4%, 在非 CBT 患者中发生率为 0~11.6% [2]。

方法 病历资料: 患者以“间断发热 1 年余, 确诊急淋 7 月余, 疼痛 2 小时”为主诉, 2022.03.01 至我院, 完善相关检查, 骨髓形态学:1. 取材可, 涂片可, 染色良好。

2022-04-12 行“环磷酰胺+阿糖胞苷+巯嘌呤”化学治疗, 辅以抗过敏、止吐、保肝、护心等药物治疗; 2022-05-14 行“VILP”化疗方案, 辅以止吐、保肝、护心、护胃等药物治疗, 2022-06-15 行“CAM+培门冬酶”方案化疗, 于 2022.06.14、2022.06.21、2022.07.19、2022.07.21 给予“腰椎穿刺+鞘注”, 术后送检脑脊液, 未见幼稚细胞患者拟行造血干细胞移植, 给予对症支持治疗后转入干细胞移植中心; 转入后给予改良 Bu/Cy+ATG 方案预处理, 总计回输单个核细胞为 $12.6 \times 10^8/\text{kg}$, CD34+细胞为 $4.06 \times 10^6/\text{kg}$, 回输过程顺利, 患者无特殊不适。

结果 患者神经功能恢复良好, 均未遗留后遗症, 可能与及时检测到 HHV-6 拷贝, 及早启动有效的抗病毒治疗有关。虽然目前不推荐 HHV-6 血症阶段即开始抗病毒治疗, 但通过该治疗经验, 我们认为及早监测血 HHV-6 核酸拷贝数, 结合临床症状, 特别是具有高危因素的患者出现不明原因的血钠降低时, 应警惕 HHV-6 脑炎的发

结论 HHV-6 脑炎的临床症状可表现为精神错乱、失忆、意识混乱、共济失调及惊厥等。最经典的表现伴有或不伴有癫痫发作的混乱和顺行性遗忘, 可逐渐进展为意识混乱及昏迷。

HHV-6 脑炎的治疗目前尚没有共识。同其他癫痫处理原则一样, 癫痫发作时应及时给予抗惊厥治疗、防止损伤。抗病毒治疗仍是 HHV-6 目前主要的治疗措施, 但何时启动抗病毒治疗仍存在争议。多数研究者认为, 在没有 HHV-6 脑炎或其他 HHV-6 引起临床症状的情况下开始 HHV-6 病毒血症的治疗, 并不能使患者获益 [7]。在药物选择上, 体外研究表明膦甲酸钠、更昔洛韦和西多福韦对 HHV-6 均具有抗病毒活性。

HHV-6 脑炎总体预后较差。Zerr 等 [2] 报道 25% (11/44) 的患者在 1~4 周死亡, 其余多数会留下程度不等的神经系统后遗症如癫痫, 智力发育迟缓等, 但仍有一部分患者可以完全恢复神经功能。

PO-3164

中线导管在血液肿瘤分子靶向及免疫治疗时代的应用研究

张莺莺、傅国英、秦敏、赵丹瑜
宁波大学附属第一医院

目的 探讨中线导管在血液肿瘤患者静脉治疗中的应用效果。

方法 选取 108 例初治的血液肿瘤 (急性白血病、多发性骨髓瘤) 患者, 通过随机数字表法进行分组, 观察组 54 例, 对照组 54 例。依据置管方法不同将其分为观察组和对照组, 观察组使用中线导

管，对照组使用外周静脉留置针，比较两组在机械性静脉炎发生率、静脉导管堵管率、卫生材料费、护士维护导管耗时方面的差异，并对护士维护两种静脉导管的满意度进行调查。

结果 观察组入组 14 天静脉炎发生率，静脉导管堵管率，均明显低于对照组， P 均 <0.05 。护士维护观察组的平均耗时明显低于对照组， $P<0.05$ 。

结论 中线导管在血液肿瘤患者分子靶向治疗中的应用优势突出，可明显减少反复穿刺对血管造成的损伤，降低并发症风险，提高患者舒适感，耗材性价比高，护士更偏好使用中线导管。

PO-3165

3 例结外鼻型 NK/T 细胞淋巴瘤患者口鼻腔癌性伤口的姑息护理

于娟、于珊珊
吉林大学第一医院

总结结外 NK/T 细胞淋巴瘤患者口鼻腔癌性伤口的姑息护理要点，为临床护理提供借鉴。护理要点：组建多学科伤口护理团队；伤口评估，制定伤口护理计划；根据口鼻腔癌性伤口侵袭程度选择合适的护理方法，保护伤口周围组织，控制伤口感染；臭味管理；营养支持，增强机体抵抗力和组织修复的能力；疼痛控制，增加患者舒适；心理护理，增强战胜疾病信心；重视延续性护理，提高居家照护质量。经过积极治疗和护理，控制伤口进展，提高癌性伤口患者生活质量。

PO-3166

1 例单倍体造血干细胞移植术后腹泻经鼻肠管管行菌群移植患者的护理

何蒙蒙
郑州大学第一附属医院

目的 对于单倍体造血干细胞移植术后的腹泻患者，在菌群移植中个体化护理干预措施起到重要作用，观察患者菌群移植过程中反应，及时给予对症处理，减少腹泻及菌群移植过程中并发症的发生，同时促进患者康复和提高患者生活质量。

方法 患者经长期免疫治疗、激素及抗生素治疗均未起到很好的疗效，置入“胃十二指肠营养管”后进行肠道菌群移植。移植过程中给予加强鼻肠管护理、预防潜在并发症、腹泻的观察及心理护理等个体化护理干预措施，减少患者腹泻及移植过程中出现的不适及并发症，提高菌群移植效果。

结果 对于单倍体造血干细胞移植术后腹泻的患者，置入“胃十二指肠营养管”置入术后给予肠道菌群移植，患者顺利结束肠道菌群移植，拔除经鼻肠管。经过护理干预，患者病情稳定向好，腹泻次数减少，大便颜色、性状趋于正常，已经顺利出院。

结论 对于单倍体造血干细胞移植术后腹泻的患者，在菌群移植中个体化护理干预措施起到重要作用，观察患者菌群移植过程中反应，及时给予对症处理，可促进患者康复和提高患者生活质量。

PO-3167

基于叙事摄影的造血干细胞移植患者自我管理效能感干预方案的构建与应用

吴吉敏、闫琼
襄阳市中心医院

目的 目的（1）构建基于叙事摄影的造血干细胞移植患者自我管理效能感干预方案。（2）验证基于叙事摄影的造血干细胞移植患者自我管理效能感干预方案的实施效果。

方法 方法（1）以 SHARE 关怀框架为理论指导，通过临床观察收集素材，制作形成 4 个叙事摄影作品，初步形成造血干细胞移植患者自我管理效能感干预方案。进行两轮 Delphi 专家咨询，结合专家评审意见修改完善干预方案。（2）采用类实验研究方法，选取 2023 年 8 月至 2024 年 3 月在湖北省某三甲医院行造血干细胞移植的 64 名患者，根据入科批次将研究对象分为对照组和干预组。对照组移植患者接受常规护理，干预组移植患者在常规护理的基础上，实施叙事摄影干预方案。从定量资料评价和定性资料评价两方面进行效果验证：分别在干预前（T0）、干预后即刻（T1）、干预后 1 个月（T2）采用中文版癌症患者自我管理效能感量表（SUPPH）、中文版癌症生存质量核心量表（EROTC-QLQC30）对造血干细胞移植患者的自我管理效能指标进行测量；分别在每次观看主题视频课后收集《叙事摄影课程体验感问卷》；通过半结构化质性访谈和反思日记文本分析探究移植患者在参与叙事摄影干预的体验。

结果 两组自我管理效能评分高于干预前，干预组自我决策、正性态度、自我减压、自我管理效能总分高于对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；两组生活质量评分高于干预前，干预组躯体功能、角色功能、情绪功能、认知功能、社会功能评分高于对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。

结论 基于叙事摄影干预模式的护理干预有助于促进造血干细胞移植患者自我管理效能的养成，改善患者生活质量。

PO-3168

基于循证的 PERMA 积极心理干预方案在初诊白血病患者中的应用研究

闫琼
襄阳市中心医院

目的 探讨基于循证的 PERMA 积极心理干预方案对初诊白血病患者益处发现、心理痛苦及负性情绪的影响。

方法 （1）方案构建：以积极心理学为理论基础，以 PERMA 模式为框架，基于循证初步构建积极心理干预方案，运用专家会议法，对初步构建的干预方案内容进行讨论和修改；进行预实验，总结试验过程中出现的不可抗力因素和患者的意见反馈，修订形成最终的干预方案。（2）方案实施：选取湖北省某三甲医院血液内科符合纳入与排除标准的 62 名初诊白血病患者为研究对象，一组为对照组（ $n=31$ ），另一组为干预组（ $n=31$ ），对照组的干预措施为血液病专科护理和常规健康教育，干预组的干预措施为血液病专科护理和基于循证的 PERMA 积极心理干预。评价工具为抑郁自评量表（SDS）、焦虑自评量表（SAS）、阿森斯失眠量表（AIS）、疼痛数字评定量表（NRS）。

结果 结果 干预前，两组患者的 SDS 评分、SAS 评分、AIS 评分和 NRS 评分，差异无统计学意义（ $P > 0.05$ ），两组均衡可比；干预后及干预后 2 周，干预组的 SDS、SAS、AIS 得分均低于对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。各组间 SAS、SDS、AIS 在组间效应、时间效应下得分，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ），时间因素和分组存在交互效应（ $P < 0.05$ ）；干预组在干预后 NRS 得分低

于对照组，差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ），干预组在干预后 2 周 NRS 得分低于对照组，差异无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。

结论 基于循证的 PERMA 积极心理干预方案可以减轻初诊白血病患者抑郁、焦虑的负性情绪和失眠、疼痛的躯体症状。该护理方案可提高初诊白血病患者生活质量，对临床医护人员进行心理护理提供了新思路、新方法。

PO-3169

精准化综合护理模式在血液系统疾病患者化疗后 口腔溃疡护理中的应用效果分析

夏贝
汉川市人民医院

目的 目的 探讨精准化综合护理模式在血液系统疾病患者化疗后口腔溃疡护理中的应用效果。

方法 选取 2022 年 1 月至 2023 年 1 月期间 70 例白血病化疗治疗后并发口腔溃疡患者，随机分为观察组与对照组，各 35 例，对照组常规护理干预，观察组给予精准化综合护理模式干预，并针对性进行护理干预，对比两组治疗效果。

结果 结果 观察组治疗有效率为 94.3%，高于对照组的 74.3%，住院天数（ 10.20 ± 2.57 ）d，短于对照组的（ 14.2 ± 3.65 ）d，观察组患者满意度 96.3%，高于对照组 90.2%，差异有统计学意义， $P < 0.05$ 。

结论 对血液系统疾病化疗后并发口腔溃疡患者采用精准化综合护理模式，可促使溃疡面快速愈合，对患者因疾病引起的疼痛有较好缓解作用，有效的缩短了患者住院天数，提高患者住院期间的满意度，综合治疗效果较好，值得推广。

PO-3170

一例造血干细胞移植术后合并皮肤黏膜损伤患儿的护理经验分享

续丽
山西白求恩医院（山西医学科学院）

目的 促进破损皮肤黏膜修复，预防感染

方法 针对患者皮肤，给予阶梯式护理。第一阶梯，重在预防：

- 1、每班观察及评估，重点观察皮肤有无破损，动态评估压疮风险
- 2、一般性护理措施：

- (1)全环境保护
- (2)全身皮肤护理
- (3) 医疗器械相关性皮肤护理

第二阶梯，根据疾病进展给予对症护理：

- 1.评估
- 2.皮肤褶皱处：红霉素软膏进行涂抹
- 3.皮肤干燥：皮肤干燥合并皮屑，温水清洁皮肤后使用乳酸铵角质修护乳涂抹，禁忌使用肥皂。
- 4.指间水疱：0.5%碘伏消毒+油纱
- 5.皮肤破溃：人粒细胞巨噬细胞刺激因子凝胶+复方多黏菌素 B 软膏涂抹，油纱覆盖，油纱外给予爱立敷贴粘固定，每日更换两次。
- 6.皮疹：糖皮质激素

结果 皮肤破损处愈合，未发生皮肤感染

结论 针对移植后患者皮肤黏膜破损处给予阶梯式护理模式。在护理过程中将循证证据与临床经验紧密结合，提出预见性护理问题，制订个性化护理方案。实施阶梯式皮肤护理措施，有效的预防了皮肤感染的发生，促进了黏膜的修复，减少了患者痛苦，减轻患者经济负担。

PO-3171

预见性护理在急性白血病患者化疗后并发肺部感染中的应用

章艳
十堰市太和医院

目的 探讨预见性护理在急性白血病患者化疗后并发肺部感染中的应用。

方法 2023年1月-2024年1月，有100例急性白血病化疗患者参与研究，经抽签法分组，是对照组（常规性护理，n=50例）、观察组（预见性护理，n=50例）。

结果 观察组肺部感染发生率2.00%小于对照组16.00%（ $P<0.05$ ），观察组护理满意度98.00%大于对照组84.00%（ $P<0.05$ ）。

结论 急性白血病化疗患者实施预见性护理，可降低肺部感染发生率，可提高护理满意度，值得临床推广。

PO-3172

预见性护理在急性白血病患者化疗后并发肺部感染中的应用效果

章艳
十堰市太和医院

目的 探讨预见性护理在急性白血病患者化疗后并发肺部感染中的应用。

方法 2023年1月-2024年1月，有100例急性白血病化疗患者参与研究，经抽签法分组，是对照组（常规性护理，n=50例）、观察组（预见性护理，n=50例）。

结果 观察组肺部感染发生率2.00%小于对照组16.00%（ $P<0.05$ ），观察组护理满意度98.00%大于对照组84.00%（ $P<0.05$ ）。

结论 急性白血病化疗患者实施预见性护理，可降低肺部感染发生率，可提高护理满意度，值得临床推广。

PO-3173

造血干细胞移植合并口腔黏膜炎患者营养管理方案的构建

范桐坊
河南省人民医院

目的 构建造血干细胞移植合并口腔黏膜炎患者营养管理方案

方法 系统检索造血干细胞移植患者口腔黏膜炎营养管理相关指南、专家共识、系统评价等，对证据提取整合，经研究小组讨论后制订造血干细胞移植患者口腔黏膜炎病人营养管理方案初稿。召开专家小组会议，结合专家意见进一步讨论修改，形成最终的造血干细胞移植患者口腔黏膜炎病人营养管理方案。

结果 造血干细胞移植患者口腔黏膜炎病人营养管理方案包括营养筛查与评估、营养需要量、营养干预、营养随访、运动干预 5 个一级条目、15 个二级条目、35 个三级条目，其中 25 个三级条目为 A 级推荐，12 个三级条目为 B 级推荐。

结论 本研究构建的造血干细胞移植患者口腔黏膜炎病人营养管理方案具有科学性与针对性，可为今后开展造血干细胞移植合并口腔黏膜炎患者营养管理实践提供参考。

PO-3174

一例艾滋病合并霍奇金淋巴瘤并发 DIC 患者的护理

保跃琼

云南省传染病医院云南省艾滋病关爱中心云南省心理卫生中心

目的 通过本文分享 1 例艾滋病合并霍奇金淋巴瘤并发 DIC 患者的临床护理，分析艾滋病合并霍奇金淋巴瘤并发 DIC 患者病程中可能出现的问题及相应的护理措施，从而整理出一套艾滋病合并霍奇金淋巴瘤并发 DIC 患者的护理措施，以供之后在护理类似患者时可以参考。

方法 通过对艾滋病合并霍奇金淋巴瘤并发 DIC 患者的临床护理工作，根据在护理此类患者中遇到的问题及时调整后总结经验。

结果 通过我们对患者的紧急处置、病情观察、用药护理、导管护理、心理护理，保障患者生命安全，平稳度过化疗第一疗程。

结论 霍奇金淋巴瘤（HL）是淋巴瘤的一种独特类型，以肿瘤组织中存在 Reed—Sternberg（R-S）细胞（里—斯细胞）为特征。晚期可侵犯血管，累及脾、肝、骨髓和消化道等。弥散性血管内凝血（DIC）是一种以全身凝血激活为特征的获得性凝血功能紊乱综合征，是与感染性疾病、恶性肿瘤及产科手术相关的严重并发症。艾滋病合并霍奇金淋巴瘤并发 DIC 是一个危重症，它的治疗与护理尤为重要。通过对患者的急救处置、病情观察、用药护理、导管护理、心理护理等全方位的护理，让患者能平安度过每一个化疗疗程，最后能获得康复。患者化疗后会有许多并发症，在此过程中也会出现一些意想不到的事情发生，病情变化快，并发症多，这需要护理人员能及时发现，尽早处理为患者赢得一线生机，对护理工作也提出更高的要求与挑战。

PO-3175

供者特异性 HLA 抗体患者去敏治疗的症状体验

孙菲菲、张会娟

中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所）

目的 探讨供者特异性 HLA 抗体（DSA）患者去敏治疗的症状体验。

方法 选取 2022 年 1 月至 2024 年 4 月拟行单倍体造血干细胞移植患者进行 HLA 抗体及 DSA 检测，检测出 DSA 阳性患者 8 例，均为女性，中位年龄为 39 岁，采用不同方法的去敏治疗。输入供者血小板 2 例；利妥昔单抗治疗 3 例，其中 1 例出现发热症状；利妥昔单抗联合血浆置换 3 例，其中 2 例血浆置换后出现低钙血症，1 例出现过敏反应。评估去敏治疗的症状体验和心理症状，及患者在症状管理中的自我效能。以更好地顺利完成去敏治疗。

结果 8 例患者中 4 例行亲缘单倍体造血干细胞移植，4 例行无关供者造血干细胞移植。造血干细胞均顺利植入。

结论 DSA 是导致造血干细胞植入失败的关键因素，移植前采取去敏治疗并选择合适的供者，可促进造血干细胞植入。深入评估对 DSA 阳性患者的症状体验的分析，以更好地采取干预措施加强症状的预防、控制及管理。

PO-3176

安宁疗护在晚期恶性血液病患者护理中的应用

杨雪梅、梁玉萍
南京市第二医院

目的 探讨恶性血液病患者护理中安宁疗护的应用。

方法 选取本院于 2021 年 10 月~2023 年 12 月收治的恶性血液病患者 104 例,按照随机分组原则,对照组 52 例实施常规护理,观察组 52 例实施安全疗护,比两组的护理效果。

结果 观察组的护理满意度 94.23% (49/52) 高于对照组 80.77% (42/52),并且护理实施后,观察组的 SAS 评分、SDS 评分、心理痛苦评分、生活被打扰评分、负性情感评分低于对照组,生理状况、社会家庭状况、情感状况、功能状况评分均高于对照组,对比有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 恶性血液病患者护理中安宁疗护可以提高护理质量和护理满意度,改善患者的心理状态和患者家属的心理应激水平,值得临床推广。

PO-3177

运用 RHDS 与 QDTS 量表实施出院准备服务 降低老年白血病患者并发症的发生

徐彬
湖北省襄阳市中心医院

目的 实施出院准备服务的首要工作便是早期评估老年患者的出院准备服务需求,以筛出具有较高延续照护需求或较高导致并发症发生风险的个体,尽早介入预防和干预,为患者出院后照护做好相关准备,降低患者并发症发生。

方法 出院准备度量表(readiness for hospital discharge scale,RHDS)和出院指导质量量表(Quality of Discharge Teaching Scale, QDTS)最初由 Weiss 等,于 2006 年编制,用于评估患者的出院准备度,以确定患者是否具备出院后进行自我照顾的能力。联合 RHDS 与 QDTS 两个出院评估量表,来改善老年白血病患者出院准备情况和院外持续治疗情况。

结果 通过使用这两种评估量表对老年白血病患者进行出院准备服务需求程度的评估,临床护士可在早期识别老年白血病患者出院后延续照护需求的同时,能快速且准确预测非计划性再入院高危个体,因而具有较强的临床实用价值。

结论 通过使用这两种评估量表多方面进行全面、综合评估,从而了解白血病老年患者出院准备需求,探索患者的出院准备不足的来源,为患者制订合适的个性化护理服务,从而达到降低老年白血病患者并发症的发生。

PO-3178

成年急性白血病患者创伤后成长现状及相关因素分析

姚晓霞、丁婷、姚晓丹
华中科技大学同济医学院附属武汉市中心医院

目的 调查湖北省某三级甲等医院成年急性白血病患者创伤后成长及影响因素。

方法 横断面调查,根据本研究制定的纳排标准选取 2022 年 12 月至 2023 年 12 月在湖北省某三级

甲等医院血液内科治疗的 160 例成年急性白血病患者为研究对象，采取发放问卷的方法进行调查，调查工具包括一般人口学资料调查表、创伤后成长评定量表、情绪智力量表。

结果 成年急性白血病患者创伤后成长总均分为（63.59±7.81）分；单因素分析结果显示：不同年龄、文化程度、化疗副作用、疾病类型及病程的患者创伤后成长得分的差异有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；Pearson 相关分析结果显示：情绪智力与创伤后成长总分（ $r=0.485\sim 0.720$ ， $P < 0.01$ ），人际关系（ $r=0.400\sim 0.569$ ， $P < 0.01$ ），新可能性（ $r=0.436\sim 0.678$ ， $P < 0.01$ ），个人力量（ $r=0.224\sim 0.445$ ， $P < 0.01$ ），精神改变（ $r=0.167\sim 0.319$ ， $P < 0.05$ ）呈正相关；多元线性回归分析结果显示：文化程度、疾病类型、化疗副作用及情绪智力进入回归分析，共解释成年急性白血病患者创伤后成长 59.1%的总变异量。

结论 本研究中成年急性白血病患者创伤后成长处于中等稍偏上水平，可进一步提高，年龄、文化程度、化疗副作用，疾病类型，病程、情绪智力是成年急性白血病患者创伤后成长的影响因素。临床医务人员应重视评估和改善成年急性白血病患者创伤后成长和情绪智力，基于成年急性白血病患者的一般人口学资料及疾病特征，提高成年急性白血病患者情绪智力，促进患者创伤后成长。

PO-3179

基于二元干预的出院准备计划在多发性骨髓瘤住院化疗患者中的应用

赵鲜琚

广西医科大学第二附属医院

目的 探讨基于二元疾病管理理论和 ADOPT 模式构建的二元干预方案在多发性骨髓瘤住院化疗患者及照顾者出院准备过程中的应用效果。

方法 采用便利抽样，选取本中心 2022 年 2 月至 2023 年 2 月的 24 对多发性骨髓瘤住院化疗患者及其照顾者为对照组，2023 年 3 月至 2024 年 3 月的 26 对患者及其照顾者为干预组。对照组实施常规护理，干预组在对照组基础上予二元干预的出院准备计划干预。比较干预前及干预 1 个月、3 个月后 2 组患者出院准备度与自我效能得分，比较 2 组照顾者准备度、家属照顾者照顾力量表及二元应对量表得分情况。

结果 二元干预方案可有效提高多发性骨髓瘤化疗患者及其照顾者出院准备度水平，提高患者自我效能、照顾者照顾能力，提高患者及照顾者二元应对能力。

结论 对多发性骨髓瘤住院化疗患者及照顾者实施二元干预的出院准备计划，可使二者出院准备过程更加充分，从而减轻照顾者照顾压力，改善二者健康结局。

PO-3180

循证护理在造血干细胞移植并发移植物抗宿主病患者皮肤护理中的应用探讨

李欣悦

襄阳市中心医院

目的 探讨循证护理在造血干细胞移植并发移植物抗宿主病患者皮肤护理中的应用效果。

方法 根据“6S”模型，系统检索国内外计算机决策支持系统、指南网、相关专业学会或机构网站、综合数据库，筛选与造血干细胞移植并发移植物抗宿主病患者皮肤护理相关的文献，包括指南、临床

决策、证据总结、系统评价、专家共识，以实施“循证护理”期间的患者作为观察组，严格落实消毒隔离措施，落实关键环节护理，加强住院期间药物、皮肤、心理护理及健康宣教，并制定了即刻收治入院预案；以接受常规护理者作为对照组，对比护理效果。

结果 观察组有效率 100%、皮肤瘙痒、水肿、色素沉着、健康教育及环境干预评分均高于对照组。

结论 实施循证护理，从多学科合作、皮肤评估、护理措施、健康教育 4 个方面，有助于改善造血干细胞移植并发移植物抗宿主病患者皮肤排异情况，改善预后，促进患者损伤皮肤恢复，降低移植相关死亡风险。

PO-3181

造血干细胞移植患者口腔黏膜炎的护理研究进展

张甜

中国人民解放军空军军医大学第二附属医院

目的 对造血干细胞移植患者发生口腔黏膜炎的相关因素、评估、预防及处理措施进行综述，为临床医护人员采取针对性干预措施提供指导。

方法 检索中国知网、维普数据库、万方数据库中的近五年相关文献进行严谨规范的系统综述。检索词为造血干细胞移植、口腔黏膜炎、预防、护理。

结果 OM 发生的相关因素，主要是患者自身因素：口腔内环境、口腔黏膜屏障受损、年龄；治疗相关因素：HSCT 预处理的毒副作用、口腔菌群失调。OM 的评估，主要包括程度分级、疼痛分级。OM 的预防，主要是保持患者口腔卫生习惯、口腔护理及管理、加强营养支持、口腔冷冻疗法。OM 的治疗与护理，主要是药物治疗、低强度激光治疗、粒细胞输注治疗、疼痛护理、心理护理、出院后护理。

结论 对造血干细胞移植患者发生口腔黏膜炎的相关因素、评估、预防及处理措施进行了系统的综述，以便更好的准确评估并选取合适的方法干预，从而有效减少口腔黏膜炎的发生率。

PO-3182

一例输液港拔除术后囊腔愈合不良的护理实践（案例分享）

蒲世娟

宜宾市第二人民医院

目的 探索血液肿瘤化疗患者植入式输液港的应用效果及并发症产生的原因及个体化的护理对策

方法 我科于 2022 年 1 月引进了胸壁式输液港，于 2024 年 5 月共计植入输液港 179 例，较多的应用于急性白血病、淋巴瘤的患者。输液港植入后常见的并发症有：1) 输液港相关性感染 3 例，2) 纤维蛋白鞘形成 5 例 3) 港体翻转 1 例 4) 皮肤损伤 2 例 7) 药物外渗 1 例。

输液港拔除后出现囊腔感染、缝合后囊袋愈合不良再行二次清创的情况鲜有报道，现将我科 2023 年 8 月发生的 1 例急性髓系白血病复发难治型患者输液港拔除后囊腔感染、港座下方可见坏死组织，首次清创后予以局部丝线缝合，每日进行局部换药，于 1 周后发现缝合处出现裂口，予以拆线二次清创去除裂口处及囊腔内的坏死组织，囊腔较前明显扩大(长、宽、高)约：3.5cmX3.5cmX1.5cm 大小，囊腔内给与双氧水清洗消毒后喷生长因子，纱条填塞，囊腔周围皮肤每日消毒后涂抹复方多粘菌素软膏等一系列处理

结果 由介入科、烧伤科、血液科医生、静辽专科护士等通过多科协作，经过 45 天的治疗、护理周期，患者输液港拔除后囊袋创面及皮肤恢复正常，

结论 通过对本罕见的感染案例的分析，护士应注意多科协作的重要性，加强输液港知识的培训，尤其式置港后的观察与维护尤其重要，应严格遵守操作规程，做好预见性护理。

PO-3183

阶梯式上肢运动操对肿瘤患者置入上臂输液港相关并发症影响的研究

张佳思

中国人民解放军陆军军医大学第一附属医院

目的 探讨阶梯式上肢运动操对预防肿瘤患者置入上臂输液港后导管相关性血栓、上肢肩关节功能障碍的临床效果。

方法 采用队列研究方法，回顾性收集重庆市某三级甲等医院经上臂置入输液港的淋巴瘤、乳腺癌患者，2020年1月至2021年12月仅接受常规护理的病例168例作为常规护理组，2022年1月至2023年12月同期接受除常规护理外，并予上肢运动操练习的病例146例作为上肢运动操组。分析比较两组患者导管相关性血栓、上肢肩关节功能障碍的发生情况。

结果 置管后28d内上肢运动操组症状性导管相关血栓发生3例（2.05%），常规护理组发生12例（7.14%），两组症状性导管相关血栓发生率比较差异有统计学意义（ $P=0.032$ ）；置管后7d内上肢运动操组症状性导管相关血栓发生率低于常规护理组（ $P=0.033$ ）；两组患者在肱静脉处的症状性导管相关血栓发生率比较差异有统计学意义（ $P=0.035$ ）；上肢肩关节功能障碍：常规护理组发生11例、上肢运动操组发生2例（ $P=0.022$ ），两组患者在穿刺部位出血、脱管、导管异位并发症发生方面无统计学意义。

结论 阶梯式上肢运动操可早期预防淋巴瘤、乳腺癌患者置入上臂输液港后导管相关性血栓发生，并能保持置管侧上肢的正常功能活动，避免影响患者的日常生活质量。

PO-3184

运用本土化叙事护理对儿童白血病终末期患者及家属实施临终关怀的体验式研究

蒲世娟

宜宾市第二人民医院

目的 了解临床护士运用叙事护理为儿童白血病终末期的患者及家属实施叙事护理过程中的体验，为本土化叙事护理的临床推广提供参考

方法 应用半结构式深入访谈法，访谈8例在血液科病房工作5年以上，且具有2年以上为白血病终末期的儿童患者及家属实施过叙事护理经验的临床一线护士，采用主题分析法分析转录稿

结果 为白血病终末期的儿童患者实施本土化叙事护理的过程中，临床护士的体验包括叙事护理创新心理护理模式、叙事护理技能与信心的提升、自我获益、遇到的挑战四个主题。

结论 通过对终末期患者实施本土化叙事护理，既缓解了临终患儿的痛苦，让家属接受与释怀，也提升了实践护士的职业价值感，创新中国本土化叙事安宁疗护是未来安宁疗护发展的趋势，但叙事护理实践的持续，靠个人热情难以维持，需要来自管理层及组织层面的支持，以确保叙事护理实践在儿童患者及患者家属的可持续发展

PO-3185

血液肿瘤患者口腔粘膜炎预防及护理管理质量敏感指标的构建

孙燕飞

中国人民解放军东部战区总医院

目的 基于德尔菲法构建血液肿瘤患者口腔粘膜炎预防及护理管理质量的敏感指标，旨在为评价血液肿瘤患者口腔粘膜炎预防的护理质量提供科学有用的依据

方法 以 Donabedian"结构-过程-结果"三维质量模型为理论框架，通过检索国内外关于血液肿瘤患者口腔粘膜炎预防及护理的相关文献，采用文献循证分析,初步构建血液肿瘤患者口腔粘膜炎预防及管理的护理质量敏感指标。于 2023 年 1-2 月选取 25 名来自血液肿瘤领域的临床高年资护士（从事血液肿瘤领域工作至少 10 年）及护理管理专家进行 2 轮专家函询，对构建的指标进行修订与评价。结果:2 轮专家函询问卷的有效回收率均为 100.00%（25/25），专家权威系数均为 0.82，肯德尔和谐系数为 0.356~0.589（均 $P < 0.01$ ）。

结果 血液肿瘤患者口腔粘膜炎预防及护理管理质量敏感指标共包括 3 项结构指标、4 项过程指标及 7 项结果指标。

结论 基于德尔菲法构建的血液肿瘤患者口腔粘膜炎预防及护理管理质量敏感指标具有专科性、科学性、代表性，且可信度高，能够为临床护理质量的提升提供参考。

PO-3186

**基于循证护理对异基因造血干细胞移植患者
口腔 GVHD 的管理方案最佳证据总结**

吕焕

空军军医大学唐都医院

目的 基于循证护理，总结异基因造血干细胞移植患者口腔 GVHD 的最佳管理方案的证据。

方法 通过外文网站、中国知网、万方数据、指南网等数据库查阅关于口腔 GVHD 管理的文献进行分析、质量评价、证据提取及汇总。纳入于本院接受造血干细胞移植患者出现口腔 GVHD 共 40 例，从风险评估、危险因素，预防及管理 4 个方面总结，严格规范漱口时机、方法、频次，给予冰水含漱+白介素漱口液含漱+地塞米松漱口液含漱，对得到的数据进行筛选、汇总；

结果 共纳入 20 篇文献，包括临床决策 5 篇、指南 4 篇、证据总结方案的证据 2 篇、实验研究 9 篇，通过对 40 例实验患者结果的汇总总结出最佳管理。

结论 本研究总结了对异基因造血干细胞患者口腔 GVHD 管理方案的最佳证据，该证据可将患者出现口腔 GVHD 出现率及治愈率均优化至最佳范畴，建议医护人员结合临床及患者意愿应用证据。

PO-3187

Effects of acceptance and commitment care in the treatment of aplastic anemia patients with recombinant human thrombopoietin

Hui Zhong, Linlin Fu
Chongqing Three Gorges Central Hospital

Objective To analyse the effects of acceptance and commitment care in the treatment of aplastic anemia (AA) patients with recombinant human thrombopoietin (rhTPO).

Methods We selected 100AA patients treated in our hospital from March 2021 to March 2023. All patients were treated with immunosuppressant and rhTPO. Among them, 50 patients given routine care were enrolled randomly into the control group by random number table method, the other 50 patients given acceptance and commitment care were enrolled into the study group. The quality of life of the two groups was evaluated by the MOS 36-Item Short-Form Health Survey (SF-36) before and three months after care. A self-made satisfaction questionnaire was used to evaluate the nursing satisfaction after care. The efficacy on the two groups at three months after treatment were compared and analyzed, and the adverse reactions during treatment and three months of nursing were counted (We compared and analyzed the efficacy of both groups three months after treatment and recorded adverse reactions during treatment and nursing.).

Results Before care, no significant difference was found between the two groups in SF-36 scores in all dimensions ($P>0.05$), while after nursing, the SF-36 scores of both groups increased significantly in all dimensions ($P<0.01$), with more notable increases in the study group than those in the control group (with the study group exhibiting more pronounced improvements than the control group.) ($P<0.01$). The nursing satisfaction score of the study group was 94.32 ± 4.23 points, and that of the control group was 88.08 ± 5.02 points, with a statistically significant difference ($P<0.01$). A significantly lower overall response rate was found in the control group than that in the study group ($P<0.05$), but there was no significant difference in the total incidence of adverse reactions between the two groups ($P>0.05$).

Conclusion Acceptance and commitment care can improve the efficacy of rhTPO on patients with AA, which can substantially improve the quality of life and nursing satisfaction of patients, without affecting the incidence of adverse reactions. Therefore, it is worthy of clinical consideration and promotion.

PO-3188

成人血液肿瘤患者无能为力感的现状及影响因素研究

朱迎迎¹、华海应²、盛丽¹
1. 江南大学
2. 江南大学附属医院

目的 调查成人血液肿瘤患者无能为力感现状并分析其影响因素。

方法 选取 2023 年 11 月—2024 年 6 月于无锡市某三甲医院住院治疗的血液肿瘤患者为研究对象, 采用一般资料调查表、成人无能为力感量表 (PAT)、社会支持评定量表 (SSRS)、简易应对方式问卷 (SCSQ)、简易版疾病感知问卷 (BIPQ)、Herth 希望量表 (HHI) 进行问卷调查, 通过多因素 Logistic 回归分析探究成人血液肿瘤患者无能为力感的影响因素。

结果 166 名成人血液肿瘤患者的 PAT 得分为 38.80 ± 8.09 分, 其中 1.2% 为轻度水平, 41.6% 为中度水平, 42.8% 为重度水平, 14.5% 为极重度水平。多因素 Logistic 回归分析结果显示, 医疗费用

压力、ECOG 评分、应对方式、疾病感知、社会支持是影响血液肿瘤患者无能为力感的重要性因素，共解释总变异的 62.4%。

结论 成人血液肿瘤患者的无能为力感情况处于重度水平，可能受医疗费用压力、ECOG 评分、应对方式、疾病感知、社会支持等因素影响。该类人群值得引起我们的重视，临床护理人员应根据上述因素采取有效干预措施，以降低患者的无能为力感。

PO-3189

基于“互联网+”的互动式健康教育模式对改善 HSCT 患者疼痛强度及服药依从性的效果评价

冉凤

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨使用基于“互联网+”的互动式健康教育模式对于改善 HSCT 患者疼痛强度及服药依从性的效果。

方法 选取某三级甲等医院住院的 60 例年龄 >18 岁的异基因造血干细胞移植患者，随机分为对照组(n=28)和实验组(n=32)。两组患者住院期间均接受常规护理，对照组采用基于“互联网+”的互动式健康教育模式。

结果 干预 8 周后，两组的疼痛强度并没有统计学差异，互动式健康教育组的服药依从性及均低于常规护理组(P<0.05);互动式健康教育组移植后 14d、21d 时数字评分均低于常规护理组(P<0.05);互动式健康宣教组对护理工作的满意度评分高于常规护理组(P<0.05)。

结论 基于“互联网+”的互动式健康教育模式能提高 HSCT 患者的服药依从性，降低疼痛对日常生活的影响。

PO-3190

复方利多卡因乳膏联合水胶体透明贴在皮下注射疼痛管理中的应用

杨思秦、杜欣

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨复方利多卡因乳膏联合水胶体透明贴在阿扎胞苷皮下注射疼痛管理中的应用效果。

方法 选择 2022 年 2 月 20 日~10 月 20 日我科收治的接受皮下注射治疗患者 100 例为研究对象。将 2022 年 2 月 20 日~6 月 20 日收治的患者 50 例作为对照组，给予常规皮下注射；将 2021 年 6 月 21 日~10 月 20 日收治的患者 50 例作为观察组，在常规皮下注射基础上给予注射疼痛复方利多卡因乳膏联合水胶体透明贴覆盖并标注注射位置；比较两组皮肤不良反应发生情况、注射 24h 后局部皮肤疼痛情况 [采用疼痛数字评分法 (NRS)]。

结果 观察组皮肤不良反应发生率低于对照组 (P<0.01,P<0.05)，注射 24 h 后局部皮肤疼痛强度弱于对照组 (P<0.01)。

结论 对皮下注射患者部位应用复方利多卡因乳膏联合水胶体透明贴，能有效减少患者红斑、硬结、疼痛等皮肤不良反应的发生，保障治疗的顺利进行，提高患者的舒适度和生活质量。

PO-3191

基于自我报告的初诊急性白血病患者生活质量现状调查

兰大华、邓佳、韩潇、文钦、张诚、张曦
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 应用自我报告评估工具了解初诊急性白血病患者生活质量的现状。

方法 本研究为横断面调查。应用急性白血病自我报告量表（PRO）采集 2023 年 11 月至 2024 年 3 月在重庆某三甲医院住院的初诊急性白血病患者数据。

结果 共纳入 43 例初诊急性白血病患者，所有患者均表达了不同程度的症状负荷。最严重的 5 个生理领域症状负荷为大部分时间只能卧床或者坐着（23.25%），不能进行较长距离的行走（16.27%），不能在病房走廊进行短距离独立活动（13.95%），感到虚弱，四肢无力（11.62%），不能自己吃饭、穿衣、洗澡和上洗手间（11.62%）。最常见的 3 个心理领域症状负荷为经常想到死亡（46.51%），感觉自己再也不是正常人（39.53%），对周围一切不感兴趣，感觉很少有事情能让自己开心（37.20%）。最突出的 2 个社会领域症状负荷为能够得到家人良好的照顾和陪伴（48.83%），有重要的亲朋好友值得信赖（44.18%）。最严峻的 3 个治疗领域症状负荷认可目前的治疗方案、对生活的信心有所增加，负性情绪占比（83.72%），对目前的健康状况不满意（65.11%），对目前的生活质量不满意（62.79%）。

结论 初诊急性白血病患者自我报告的生理症状及心理负担重，对照顾的需求高；但是社会支持方面总体不满意，以至于在治疗领域出现对治疗不满意、对当下健康状况及生活质量不满意的现状；为此如何提示患者健康现状、提示治疗信心我们需要动态观察给予更多的社会支持，为进一步了解急性白血病的治疗策略和护理措施提供了方向和指导。

PO-3192

智能病历记录 app 在造血干细胞移植后患者 医疗全程化中的应用

李雨晴、杜欣
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 目的研发智能病历记录 app，并探讨该 app 在造血干细胞移植后患者就医过程中的应用效果。

方法 基于协同设计理论，结合前期需求调研，于 2022 年 1-12 月，选取我科造血干细胞移植后患者作为研究对象，采用随机数字法进行分组，干预组 60 例，对照组 60 例。对照组采用常规化的出入院病历记录模式，干预组采用智能病历记录 app 进行出入院病历记录。干预前后调查 2 组的医嘱依从性、病情变化知晓度和了解疾病自我效能得分，干预后收集干预组对 app 的评价量表。

结果 医嘱依从性、病情变化知晓度和了解疾病自我效能得分及均高于对照组（ $P < 0.05$ ）；两组对用药知识得分及差值比较差异无统计学意义（ $P > 0.05$ ）；90% 的患者对智能病历 app 具有较高的满意度。

结论 结论：智能病历记录 app 能有效提高造血干细胞移植后患者就医疗全程化的过程中的医嘱依从性、对自身病情以及各项检验检查结果的知晓度，且具有较好的可行性与实用性，拓展了病历记录的服务范畴，值得进一步推广。

PO-3193

团体心肺复苏分工定位模式在血液科急救管理质量的影响

武玉凡、陶俊

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨分工定位抢救配合法在血液科急救管理质量的影响。

方法 2023年8~12月医院对血液科急救实施常规管理,为实施前。2024年1~4月调整血液科急救管理方案,实行医护定位分工抢救配合法,根据护士能力进行职责划分,根据抢救工作的参与人数制定流程,明确各级护士的工作内容,按照该方案进行医护一体化管理,医生参与到日常培训演练工作中,为实施后。分别统计实施前后的工作数据,比较不同时期血液科的平均抢救时间和抢救成功率,并采用问卷星调查法了解不同时期血液科医护人员的满意度情况。

结果 实施后血液科平均抢救时间显著低于实施前,抢救成功率显著高于实施前($P<0.05$);实施后血液科医生、护士的满意度评分均显著高于实施前,对急救管理方案的满意度显著提升($P<0.05$)。

结论 定位分工抢救配合法有助于规范急救护理管理,缩短抢救时间,且能有效提高患者抢救成功率,应在临床推广。

PO-3194

基于认知冲突的人员培训及管理在淋巴瘤科的应用效果

武玉凡、陶俊

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨基于认知冲突的人员培训及管理对淋巴瘤科护士的护理能力及不良事件发生的影响

方法 采用便利抽样法,于2023年1-12月选取某三甲医院淋巴瘤科的15名护士以及选取2023年1-12月收治的345名行化疗的患者为研究对象,其中将2022年1-12月的患者设为对照组,2023年1-12月的患者设为研究组,各100例。比较基于认知冲突的人员培训及管理实施前后护士的专科知识、护理技能、临床应变能力与沟通技巧以及患者不良事件发生情况与患者满意度。

结果 基于认知冲突的人员培训及管理实施后3、6个月,评分均高于实施前,且6个月的评分均高于3个月评分,差异有统计学意义($P<0.05$)。研究组患者不良事件总发生率为10%(10/100),低于对照组的35%(35/100),差异有统计学意义($P<0.05$)。研究组的患者满意度为95%(95/100),高于对照组的78%(78/100),差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 在淋巴瘤科实施认知冲突的人员培训及管理,可提高护理人员护理服务质量,降低患者冲突及不良事件发生风险,提高患者满意度,值得临床应用。

PO-3195

超声引导下隧道式PICC静脉置管 在血液恶性肿瘤低血小板临床中的应用

武玉凡、陈玲、陶俊

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 在超声引导下隧道式经外周静脉置入中心静脉导管静脉置管在低血小板中减少出血量的

临床中的应用效果。

方法 选择 2023 年 10 月至 2024 年 3 月在医院治疗的 20 例当血小板 $<25\times 10^9/L$ 时的恶性血液肿瘤患者 PICC 静脉置管患者作为研究对象，经随机数字表法将其分为对照组和观察组，各 10 例。对照组行超声引导下传统 PICC 置管，观察组行采用常规方法+0.5%利多卡因皮下组织分离后建立隧道，比较两组的临床应用效果。

结果 两组置管术中总出血量、置管时疼痛评分、置管后 24 h 穿刺点渗血发生率、导管自隧道引出一次成功率比较，观察组优于对照组，差异有统计学意义(均 $P<0.05$)。观察组的舒适度、生活自理能力、美观度评分高于对照组 ($P<0.05$)。

结论 与传统 PICC 置管相比，超声引导下隧道式 PICC 静脉置管的应用效果更好，能减少患者出血，减轻疼痛，提高导管引出成功率，且安全性好。

PO-3196

医疗失效模式与效应分析在预防造血干细胞移植患者 药物性相关性跌倒的应用研究

文静、任勤、陈小丽

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨医疗失效模式与效应分析 (healthcare failure mode and effect analysis, HFMEA) 在预防造血干细胞移植患者药物性相关性跌倒中的应用，降低药物性相关性跌倒的发生率，预防护理不良事件的发生，提高患者安全。

方法 通过多学科合作，包括医生，护士，药剂师以及患者，使用相关性分析识别药物使用与跌倒事件之间的相关性，采用回归分析药物剂量错误、药物相互作用、患者对药物副作用的不充分认识进行分析计算，针对风险较高的失效模式制定措施，实施护理质量持续改进措施后对效果进行评价。

结果 经 HFMEA 模式管理并采取相应措施后，药物相关性跌倒的发生率由 0.012% 下降至 0.005%，患者住院满意度有所提高。

结论 HFMEA 的应用能有效识别和预防 HSCT 患者中的跌倒事件，从而提高患者安全及住院满意度和护理质量。

PO-3197

赋能授权联合药物素养在造血干细胞移植患者 服药自我管理中的应用

任勤、何郑兰、文静、陈小丽

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 本研究旨在探究赋能授权联合药物素养在造血干细胞移植患者服药自我管理中的应用效果。

方法 选择 2023 年 5 月—2023 年 10 月在重庆市某三级甲等医院血液科行造血干细胞移植的患者 92 例患者，采取随机数字表法分为观察组与对照组各 46 例。对照组患者在造血干细胞移植期间接受了常规护理，观察组则在对照组的基础上实施了赋能授权联合药物素养方案。通过专家函询构建方案，包含明确问题、表达情感、设立目标、制定计划四个维度，旨在提升患者的自我管理能力和药物素养水平。比较两组患者出仓时 6 分钟步行距离 (6MWT)，抑郁量表评分、日常生活自理能力评分、服药依从性评分。

结果 结果 观察组患者出仓时 6 分钟步行距离为 411.5 ± 20.7 米、日常生活自理能力评分

82.03±5.62 分，服药依从性评为 9.22±0.53 分，明显高于对照组，而观察组患者出仓时抑郁量表评分为 8.52±2.30 分，明显低于对照组，且差异均有统计学意义（均 $P<0.01$ ）。

结论 赋能授权联合药物素养方案的实施能够显著提高造血干细胞移植患者的服药依从性，有助于减少或避免药物不良事件的发生，同时提升患者的日常生活自理能力，并改善其心理健康状况和生活质量，方案具有一定的临床推广价值。

PO-3198

咀嚼口香糖在预防造血干细胞移植患者口腔念珠菌感染中的应用

何郑兰、任勤、文静、陈小丽
中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨咀嚼口香糖在预防造血干细胞移植患者口腔念珠菌感染中的应用效果。

方法 选取 2022 年 4 月—2023 年 1 月在我科行造血干细胞移植的 150 例患者，采取随机数字表法分为观察组与对照组各 75 例。对照组实施造血干细胞移植的常规口腔护理，观察组在常规口腔护理的基础上实施咀嚼口香糖进行干预，分别在干预 5d、8d、12d、15d、20d 比较两组患者的口腔 PH 值、口腔黏膜炎发生率、口腔黏膜炎程度、口腔念珠菌感染发生率。

结果 观察组患者的口腔 PH 值有所改善，口腔黏膜炎发生率、口腔黏膜炎程度、口腔念珠菌感染发生率均低于对照组，差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

结论 咀嚼口香糖能有效改善口腔环境、降低造血干细胞移植患者口腔黏膜炎及口腔念珠菌感染的发生率，且安全性较高，值得推广使用。

PO-3199

系统性护理对造血干细胞移植患者口腔黏膜影响的研究

林诗韵
中山大学附属第七医院（深圳）

目的 本研究旨在通过近五年的相关文献综述，系统分析系统性护理在造血干细胞移植过程中对口腔黏膜损伤的预防作用及其影响因素，以为临床实践提供有效的护理策略和理论依据，进而改善患者的生活质量。

方法 本研究采用文献回顾法，通过查阅近五年内国内外相关文献，筛选出符合研究主题的论文进行综合分析。重点关注系统性护理模式的实施细节、口腔黏膜损伤的发生率及严重程度、患者生活质量改善等方面的内容。

结果 经过系统整理和分析，我们发现系统性护理模式在造血干细胞移植患者口腔黏膜护理中发挥了重要作用。通过实施全面的口腔评估、制定个性化的护理计划、加强口腔清洁与护理、提供营养支持等措施，有效降低了口腔黏膜损伤的发生率，减轻了损伤的严重程度，提高了患者的生活质量。

结论 本研究表明，系统性护理模式在造血干细胞移植过程中对口腔黏膜损伤的预防具有积极意义。然而，目前关于系统性护理模式的具体实施细节和最佳实践方案仍缺乏统一标准。未来研究可进一步深入探讨系统性护理模式的优化路径，以更好地服务于造血干细胞移植患者的临床护理实践。

PO-3200

造血干细胞移植患者在线寻求相关健康信息行为的质性研究

姚敏敏

西安交通大学第一附属医院

目的 探讨造血干细胞移植前后患者在线寻求移植前后相关健康信息行为的方式。分析患者在线寻求健康信息行为的有效性，为临床医护人员制定相关个性化健康宣教提供依据。

方法 采用质性研究现象学的研究方法，对 10 例准备造血干细胞移植的病人和 10 例移植后病人进行深入的半结构式访谈。资料分析采用现象学资料的分析方法。

结果 结果:通过分析整理得出 3 个主题。1.造血干细胞移植患者在线获取相关健康信息的途径及时间节点多样性。术前患者在线寻求的主要是移植注意事项，移植后的治愈率、并发症及生活质量等，术后患者主要是针对预防并发症以及用药，生活自我护理，有并发症后的存活率，复发率等 2.造血干细胞移植前后患者在线获取相关健康信息的需求很大，寻求的结果同时也影响着他们的心理状态和积极治疗的态度 3.在线获取相关健康信息的行为作用显著，但具体行为还需指导优化。

结论 在线寻求相关健康信息行为的方式多样。年龄分布以青年人群为主，但寻求结果缺乏一定的真实性，条理性，权威性与实时性。医护人员应充分了解不同年龄阶段病人对移植前后相关健康信息的需求。应用互联网、自媒体资源改善优化目前移植前后的在线相关健康信息，起到指导、帮助、宣传相关知识、缓解患者负面心理、积极面对疾病治疗，接受预后差或其他等不可避免因素，减轻心理负担，进而提高患者的生活质量。

PO-3201

移动护理信息系统在造血干细胞移植病房临床护理工作中的应用

文静、任勤、陈小丽

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨移动护理信息系统在造血干细胞移植病房临床护理工作中的应用效果

方法 选择 2023 年 2 月至 2023 年 7 月未使用移动护理信息管理系统的 96 名移植患者与 2023 年 8 月至 2024 年 1 月使用移动护理信息系统的 95 名移植患者，使用 SPSS22.0 进行比较使用前后护理不良事件（口服、静脉给药、操作、护理记录差错率），护理效率（病情观察及时率，医嘱执行及时率，检验标本及时送检率，护理级别巡视及时率），护理工作满意度

结果 移动护理信息系统使用后，护理人员口服给药、静脉给药、操作差错率、护理记录差错率低于使用前（均 $P<0.05$ ）；护理人员医嘱执行及时率、护理文书书写及时率、护理级别巡视及时率高于使用前（均 $P<0.05$ ）；使用后护理工作满意度高于使用前，差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）

结论 移动护理信息系统在造血干细胞移植病房临床护理工作中的应用，减少护理不良事件发生率，提高护理工作效率及护士工作满意度。

PO-3202

彩色多普勒超声引导下的经外周静脉置入中心静脉导管术在儿童患者中的应用

刘鑫

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 本文旨在探讨彩色多普勒超声引导下的经外周静脉置入中心静脉导管术（PICC）在儿童患者中的应用效果及安全性。通过与传统方法对比，评估彩色多普勒超声引导技术在提高置管成功率、减少并发症方面的优势。

方法 选取 2023 年 1 月至 2024 年 4 月期间在我院接受 PICC 术的 80 例儿童患者，随机分为两组：对照组和实验组，各 40 例。对照组采用传统盲穿法，实验组采用彩色多普勒超声引导法。

数据采用 SPSS 22.0 软件进行分析，计量资料采用均数±标准差表示，组间比较采用 t 检验，计数资料采用百分比表示，组间比较采用 χ^2 检验，以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

结果 彩色多普勒超声引导下的 PICC 术成功率显著高于传统方法，并发症发生率显著降低。实验组的操作时间显著短于对照组，患者痛苦评分显著低于对照组。

结论 彩色多普勒超声引导下的经外周静脉置入中心静脉导管术在儿童患者中具有显著的优势，推荐在临床中广泛应用，以提高医疗质量和患者满意度。

PO-3203

基于压力与应激理论的护理对初发急性白血病患者疾病进展恐惧的影响

姚敏敏

西安交通大学第一附属医院

目的 目的:探讨基于压力与应激理论的护理对初发急性白血病患者疾病进展恐惧的影响

方法 方法:选取 2024 年 2 月 1 号--2024 年 5 月 1 日收治的 50 例初发急性白血病患者，随机分为对照组和研究组各 25 例。对照组给予常规护理干预，研究组给予基于压力与应激理论的护理干预，比较两组干预前后心理状态，采用抑郁自评量表（SDS）和焦虑自评量表(SAS)，疾病恐惧感，采用恐惧疾病进展量表（SoP-Q-SF）。

结果 干预后两者 SDS, SAS 评分均低于干预前（ $P<0.05$ ），且研究组低于对照组（ $P<0.01$ ），干预后，两组 SoP-Q-SF 评分均低于干预前（ $P<0.05$ ），且研究组低于对照组（ $P<0.01$ ）。

结论 将基于压力与应激理论的护理模式应用于初发急性白血病的患者，可缓解患者的负性情绪，减轻疾病恐惧，进而接受面对疾病，积极配合治疗。

PO-3204

药膳饮食联合心理护理在血小板减少症患者的应用影响

周卓妮、徐燕芳、张春风、田美乐

广西医科大学第二附属医院

目的 探讨药膳饮食联合心理护理在血小板减少症患者的应用影响

方法 选取广西某三甲医院两院 2021 年 2 月至 2024 年 2 月血小板减少症住院患者作为研究对象，对照组予常规护理模式进行护理，试验组在常规护理模式基础上采用药膳饮食联合心理护理对患者进行护理，比较两组患者的焦虑、依从性及生活质量的情况。

结果 试验组患者的焦虑情况低于对照组，患者的依从性及生活质量高于对照组 ($p<0.05$)。

结论 药膳饮食联合心理护理在血小板减少症患者中的应用，可以降低患者的焦虑情况，提高患者的依从性及生活质量。

PO-3205

急性髓系白血病异基因造血干细胞移植 失败终末期患者的安宁疗护实践

王智文
西安交通大学第一附属医院

目的 探讨急性髓系白血病患者异基因造血干细胞移植失败后采用安宁疗护的治疗效果。

方法 通过应用安宁疗护的相关知识、技能、理念等对 2022 年到 2024 年之间共 15 例急性髓系白血病造血干细胞移植失败后患者终末期进行系统的照护，从生理、心理上尊重患者及家属的意愿，运用自我感受负担量表 (SPBS)、焦虑自评量表 (SAS)、抑郁自评量表 (SDS) 进行评估，家属及患者在实施安宁疗护前后对比的得分，得出安宁疗护的有效性。

结果 患者照顾者及患者本人 SPBS、SAS、SDS 在实施安宁疗护前后得分有显著差异，家属接受安宁疗护的理念，通过指导家属参与患者终末期照护，为患者及家庭提供支持，满足了患者的意愿和要求，缓解了家属复杂的悲伤情绪，改善了护患关系，并进行相关经验分析。

结论 讨论：通过实施安宁疗护，减少患者痛苦，减轻照顾者焦虑抑郁等消极情绪，既能使患者舒适、安详、有尊严的渡过临终期，又能优化护患关系、提高满意度，从而更好地体现医学的本质、彰显人性的温暖、维护生命的尊严、促进社会的进步。

PO-3206

系统护理干预对急性淋巴细胞白血病患者情绪、 生命质量和睡眠质量的改善评价

周凤
西安交通大学第一附属医院

目的 围绕急性淋巴细胞白血病 (ALL) 患者，分析系统护理干预对其改善效果。

方法 到我院就诊的 ALL 患者若干例，基于特定时间 (2022.10-2023.10) 对其进行选取 (102 例)，依次列出流水号 1-102 号，按照 1:1 分为不同护理组，其中 51 例单号者实施常规护理，作为对照组，另 51 例双号者实施系统护理，作为观察组，对比两组护理效果。

结果 干预后，观察组负面情绪、睡眠障碍评分显著低于对照组，生命质量及护理满意度 ($P<0.05$)。

结论 在 ALL 患者中实施系统护理，对其改善其负面情绪、提高睡眠质量及生命质量具有显著效果。

PO-3207

血液科护士对患者口腔粘膜炎风险的认知情况分析

刘畅

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 分析血液科护士对患者口腔粘膜炎风险的认知情况。

方法 选取 2022 年 2 月—2024 年 1 月本中心护士 78 人,观察护士对患者口腔粘膜炎风险的认知度分布状况,采用 Logistic 多因素分析护士对患者口腔粘膜炎风险认知水平影响风险因素。

结果 护士对患者口腔粘膜炎风险认知的知识、风险应对态度、应对行为良好率为 74.36%、71.79%、64.10%,认知度一般者分别为 20.51%、21.79%、26.92%,认知度不佳者分别为 5.13%、6.41%、8.97%。单因素分析显示不同学历、职称、工作年限、近 3 个月口腔粘膜炎培训次数、培训时长、科室常规预防控制流程、科室管理者对口腔粘膜炎风险重视度、护士对患者口腔粘膜炎风险认知不同($P<0.05$)。多因素 Logistic 回归分析证实近 3 个月培训次数、培训时长、科室常规预防控制流程和管理者对口腔粘膜炎风险重视态度是影响护士对患者口腔粘膜炎认知的相关独立风险因素($P<0.05$)。

结论 血液科护士对患者口腔粘膜炎风险认知度良好,进一步加强护士关于血液科患者口腔粘膜炎知识培训、完善和落实常规预防控制流程以及提高科室管理者对口腔粘膜炎风险认知重视度,有助于降低血液科患者口腔粘膜炎发生率。

PO-3208

一例 Castleman 病患者行自体造血干细胞移植的护理

李园园

西安交通大学第一附属医院

目的 总结 1 例 Castleman 病 (iMCD-TAFRO) (重型) 患者行自体造血干细胞移植的治疗和护理方法,为今后护理该类疾病患者提供理论依据。

方法 回顾 2024 年 5 月我科收治的 1 例 Castleman 病患者的临床资料以及治疗、转归情况,并总结其治疗与护理重点。包括保护性隔离、加强基础护理尤其是口腔护理;预防和控制感染;饮食指导;心理护理;健康教育等。

结果 结果 经过规范的治疗和精心的护理,患者 d+10 天血小板重建, d+12 天粒细胞重建,于 d+19 天顺利出仓。后期经 1 个月电话随访,患者未出现严重感染,现健康存活。

结论 移植的预处理方案是否合适、移植过程中基础护理、心理护理、营养干预、感染的预防,主要是肠道感染及口腔黏膜炎的预防及护理是造血干细胞移植治疗 Castleman 病成功的关键。

PO-3209

碘仿纱布用于血液恶性肿瘤患者化疗后致局部组织肿胀伴分泌物的疗效观察

秦晶晶

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探究应用碘仿纱布治疗化疗后致局部皮肤组织肿胀伴分泌物的效果

方法 选取 2023 年 12 月—2024 年 5 月我科血液恶性肿瘤患者因使用化疗药物引起局部组织肿胀伴分泌物的患者 50 例为研究对象，采用随机数字表法将患者分为观察组和对照组，每组 25 例。对照组每日予常规消毒换药+氩氦激光 10min 照射干预，观察组每日予碘仿纱布覆盖+氩氦激光 10min 照射。分别比较观察组和对照组患者局部组织肿胀疼痛程度及组织分泌物情况。

结果 治疗 7d 后观察组局部组织肿胀疼痛程度低于对照组 ($P<0.05$)，组织分泌物情况均低于对照组 ($P<0.05$)

结论 碘仿纱布能有效改善化疗后致局部组织肿胀伴分泌物的严重程度及疼痛情况

PO-3210

高锰酸钾溶液治疗造血干细胞移植术后失禁性皮炎临床效果观察

张倍榕
血液内科

目的 探讨高锰酸钾溶液治疗造血干细胞移植术后失禁性皮炎临床疗效。

方法 选择西安交通大学第一附属医院血液内科 2023 年 1 月~12 月救治的 9 例造血干细胞移植术后发现失禁性皮炎的患者，使用 1: 5000 高锰酸钾溶液治疗为实验组，回顾性比较 2022 年 1 月~2022 年 12 月救治的 11 例造血干细胞移植术后失禁性皮炎患者，使用常规治疗为对照组，比较两组患者的治愈率，治疗时间，疼痛缓解时间及治疗费用。

结果 实验组治愈率 98.35%，对照组治愈率 90.22%，实验组治疗时间 (6.34 ± 2.34) d，疼痛缓解时间 (2.56 ± 0.88) d，治疗费用 (88.6 ± 56.3) 元，对照组治疗时间 (10.78 ± 1.13) d，疼痛缓解时间 (5.21 ± 2.45) d，治疗费用 (169.9 ± 99.7) 元，分别比较两组，差异均有统计学意义 ($P<0.05$)。

结论 造血干细胞移植术后患者发现失禁性皮炎，尤其患者会阴部位，给患者身体、精神带来痛苦，治疗时间长，是临床上比较棘手的问题，本次研究高锰酸钾溶液治疗失禁性皮炎，效果非常明显，值得临床推荐。

PO-3211

再生障碍性贫血女性患者卵巢组织冻存围手术期护理

员尚轩
西安交通大学第一附属医院

目的 在恶性血液系统肿瘤治疗中，造血干细胞移植是通过超大剂量放疗或化疗，清除患者体内肿瘤细胞、摧毁免疫系统，减少或消除受者对供者造血干细胞的排斥反应，然后再回输自身（自体）或他人（异基因）的造血干细胞，重建正常造血和免疫功能的一种有效治疗手段。然而化疗药品大多具有性腺毒性作用，可导致年轻女性卵巢功能低下，造成卵巢衰竭、闭经，增加不孕风险，使患者生育能力下降，这一点在儿科及年轻女性中表现更为明显，因此对于罹患恶性血液系统疾病的女性儿童及青少年，通过手术获取卵巢组织冻存对保存生育力意义重大。

而恶性血液病患者、包括再生障碍性贫血患者常存在手术耐受力差、术后易出血感染等风险，目前，对于恶性血液系统疾病患者接受生育力保存治疗已有相关研究，但关于围手术期护理措施，包括年龄较小的女性患者心理护理经验总结较少，现予以总结，为以后临床工作提供参考。

方法 在接受具有性腺毒性的治疗之前，通过腹腔镜手术获得卵巢组织，获取未成熟卵子，保护患者生殖内分泌功能并产生遗传学后代。

术前护理：（1）保护性隔离：将患者安置在单人间病房，每日 2 次使用健之素消毒液(500 mg/L)擦拭地面及床单位，定时开窗通风。严格控制探视人员，避免交叉感染。（2）心理护理：应用叙事护理对患者进行心理干预。（3）做好术前宣教：向患者家属详细讲解手术的重要意义，建立信

任，减轻患者及家属的紧张、焦虑情绪。（4）饮食指导。术前 1 天进食清淡、易消化软食，减少肠道气体产生，避免术中损伤肠管，术前一晚 0 点之后禁食禁水。

术中配合

术后护理

（1）体位与活动。术后去枕平卧位 2 h，鼓励患者尽早下床活动避免盆腹腔粘连。（2）饮食护理。①术后 4 h 可进食半流质食物，排气后渐过渡到清淡易消化饮食。（3）病情观察。准确记录生命体征。（4）切口护理。观察切口敷料情况并记录，特别是血小板低及凝血功能差患者更应严密观察切口出血颜色及量。（5）皮肤护理。使用压疮评分量表，注意观察皮肤状况，勤翻身，预防压疮发生。（6）预防感染及出血。①做好保护性隔离、监测体温及血象变化；遵医嘱应用抗感染药物②密切观察患者腹痛及切口敷料的变化（7）疼痛护理。（8）协助患者办理冻存手续。

结果 接受卵巢组织冻存的女性患者住院期间各项生命体征平稳，均未发生术后感染、切口出血等并发症。

结论 卵巢组织冷冻具有一次性保存大量卵子的优势。卵母细胞冷冻为未婚女性及不愿进行胚胎冷冻的已婚女性提供更多选择。为患有恶性血液系统疾病的青少年及未婚人群的长期生存获得机会更大的生育力恢复。

PO-3212

智慧护理革命：人工智能（AI）在淋巴瘤患者化疗后发生肛周感染的预防与管理中的应用

李莎莎

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 本研究旨在探讨人工智能（AI）在淋巴瘤患者化疗后发生肛周感染护理中的应用效果。通过 AI 辅助诊断、个性化护理建议、患者护理管理以及预防策略的实施，来提高肛周感染的诊断准确性、护理效率，并降低感染发生率，从而改善患者的生活质量。

方法 ①利用深度学习模型，本科护理团队分析了 100 例化疗后患者的肛周图像，并结合患者的临床数据、实验室检查结果以及病史信息，为护理人员提供肛周感染的诊断和护理评估依据。结果显示，AI 在肛周感染诊断中的准确率达 98%，相比传统方法提高了 10%。②个性化护理建议：AI 根据患者的具体病情和个体差异，为 100 名化疗后发生肛周感染的患者提供了个性化护理建议。包括：伤口清洁、疼痛管理、饮食调整以及卫生习惯改善等方面。其中，85% 的患者表示 AI 推荐的护理方案与护士给出的方案相符或更优。③患者护理管理：实时监测系统对这 100 名肛周感染患者进行了持续监测，包括：伤口状况、疼痛程度、体温等各项指标。AI 能够在感染初期及时识别异常，平均提前 3 天发现感染迹象，并自动通知护理人员进行处理。通过 AI 随访管理系统，患者的护理依从性提高了 20%，且复发率降低了 15%。④预防策略：AI 分析了 100 例化疗患者的历史数据，识别出高风险感染患者 40 名。针对这些患者，AI 提供了个性化的预防策略，包括：加强卫生管理、调整饮食、定期清洁伤口等。结果显示，这些患者的肛周感染发生率降低了 30%。

结果 AI 在肛周感染护理中的应用显著提高了诊断准确性和护理效率。AI 提供的个性化护理建议与护士方案相符或更优的占比达到 85%。实时监测和随访管理系统提高了患者的护理依从性，降低了复发率，并能在感染初期及时识别异常。AI 预防策略有效降低了高风险患者的肛周感染发生率。

结论 研究表明，人工智能在化疗后肛周感染护理中的应用取得了一定成效。通过辅助诊断、个性化护理建议、患者护理管理以及预防策略的实施，AI 不仅提高了肛周感染的诊断准确性和护理效率，还降低了感染发生率，有效改善了患者的生活质量。随着技术的不断进步和数据的不断积累，AI 在肛周感染护理领域的应用前景将更加广阔。

PO-3213

PICC 置管患者自我管理体验的质性研究

蹇舸航

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 本文采用质性研究的访谈方法，了解血液科淋巴瘤患者 PICC 管道的自我管理体验，以便为其分析体验的现状、特点及影响因素。

方法 采用质性访谈的研究方法对 10 名已置入 PICC 的淋巴瘤患者进行半结构式访谈。

结果 提炼出四个主题，分别是。PICC 管相关的健康指导问题、心理负面情绪增强、管道及管道护理对生活质量的影 响、患者需求。

结论 已置入 PICC 的患者对管道的自我管理需求各异，通过对医护人员在护理过程中可行性干预方式进行针对性建议，有利于提高患者自我管理导管的能力和 生活质量，延长导管使用寿命。

PO-3214

基于标准流程的规范化护理在提升嵌合抗原受体 T 细胞治疗患者护理质量中的应用

曾荔、杜欣、冯雪、王雪、唐露、向茜茜、高力、张曦

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨基于标准流程的规范化护理在提升嵌合抗原受体 T 细胞（CAR-T）治疗患者护理质量中的应用效果。

方法 选取 2022 年 1 月-2024 年 1 月期间我科收治的 16 例接受嵌合抗原受体 T 细胞治疗的患者作为研究对象，随机分为对照组与干预组，对照组 8 例实施常规护理，干预组 8 例实施标准流程化规范护理，组建 CAR-T 专业护理小组，进行相关知识的学习培训，结束后统一考核。由 CAR-T 小组按照标准流程要求进行回输，及输注后观察、评估、护理。对两组临床护理质量，及护理满意度等情况进行对比。

结果 干预组在护理记录的规范性、准确性，ICE 评分量表评价质量的一致性高于对照组差异存在统计学意义（ $P<0.05$ ）；发现细胞因子神经系统症状的时间早于对照组差异存在统计学意义（ $P<0.05$ ）；护理满意度高于对照组差异存在统计学意义（ $P<0.05$ ）。

结论 患者及家属对嵌合抗原受体 T 细胞治疗心理预期较高，对护理人员技术、护理质量要求高。对患者实施标准流程的规范化护理，可有效提升嵌合抗原受体 T 细胞治疗过程中各个护理环节中的质量，可有效缩短发现并发症的时间，有助于医疗提前干预，从而降低重度并发症的发生率，对提高保障患者安全起到至关重要的作用。

PO-3215

死亡教育在血液肿瘤患者生存质量与医疗纠纷中的应用

王洁

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 了解死亡教育在提高血液肿瘤患者生存质量与减少医疗纠纷中的应用与效果。

方法 采取随机抽样法 选取 2023 年 6 月—2024 年 6 月的 50 例血液肿瘤患者及家属作为研究对象。

分别在对其接受治疗前期、中期、后期进行层次递进的死亡教育（包括但不限于心理安抚、情绪支持、正确对待疾病等）。比较患者及家属不同时期心理情绪和生活质量及潜在医疗纠纷比例。

结果 随着死亡教育的层层递进及宣教时间的深入，患者及家属正确对待疾病、死亡的心态、心理情绪差异具有统计学意义($P<0.05$);宣教到达后期,死亡观念及生活态度评分比较,差异具有统计学意义($P<0.05$)。

结论 死亡教育在一定程度上能提高血液肿瘤患者生存质量,改善患者家属不良心理情绪/正确对待疾病与死亡、减少潜在医疗纠纷比例。

PO-3216

一件式造口袋在淋巴瘤患者胸腔引流管大量渗液的护理应用

邓月媛

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 本研究探讨了一件式造口袋在淋巴瘤患者胸腔引流管大量渗液中的临床应用。

方法 选取淋巴瘤伴胸腔积液的患者为研究对象，分为对照组和实验组。对照组采用传统胸腔引流管护理方法，实验组则应用一件式造口袋进行渗液管理。通过对比两组患者在渗液控制效果、护理操作便利性、患者舒适度等方面的差异，评估一件式造口袋的应用效果。

结果 实验组患者渗液控制效果更佳，护理操作更简便，患者舒适度显著提高。

结论 一件式造口袋在淋巴瘤患者胸腔引流管大量渗液的管理中具有显著优势，值得临床推广使用。本研究为淋巴瘤伴胸腔积液患者的护理提供了一种新的解决方案，即采用一件式造口袋进行渗液管理。与传统的胸腔引流管护理方法相比，一件式造口袋具有更好的渗液控制效果，更有效地减少了渗液对患者生活质量和日常活动的影响。同时，该方法的护理操作简便，减少了护理人员的工作量，提高了工作效率。此外，一件式造口袋的使用还显著提高了患者的舒适度，减少了因渗液引起的疼痛和不适，引流量记录更精确，为医生治疗方案提供了更为准确的数据。

PO-3217

基于微格教学法联合同伴支持模式在血液科低年资护士临床操作技能培训中的应用

秦晶晶

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 评估并分析基于微格教学法联合同伴支持模式在血液科低年资护士操作技能培训中的应用效果。

方法 随机抽取本院血液病医学中心 30 名 3 年资以下护士为研究对象，采用随机数字表法将护士分为观察组和对照组，每组 15 例。对照组采取传统护理临床操作技能演示方法进行静脉采血教学培训，实验组采取微格教学法联合同伴支持模式进行静脉采血教学培训，两组均培训 4 周。比较两组护士的临床护理操作技能考核成绩，教学质量评分及静脉采血首次穿刺成功率。

结果 实验组操作技能考核成绩，教学质量各维度评分及静脉采血首次穿刺成功率均高于对照组 ($P<0.05$)。

结论 基于微格教学法联合同伴支持模式应用于护理临床操作技能培训能有效提高护士实际操作技能，提升临床护理操作质量。

PO-3218

探讨共享决策模式在血液病青少年 与青年患者生育保存的相关分析

肖丹丹、吴芳芳

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨共享决策模式在血液病的青少年与青年患者生育保存的应用，有助于患者做出最符合自己价值观和偏好的决策。

方法 医务人员在患者确定化疗方案或移植方案后，通过良好的沟通技巧加强医患交流，帮助血液病青少年、青年及其家属积极权衡各种生育力保存知识以及治疗方案的利弊。同时深入了解患者是否进行生育力保存的原因，规范生育力保存流程、减少冲突、满足患者的生育需求、提高患者疾病恢复后生活质量。帮助其了解女性的生育保存的方法，比如：有胚胎冷冻、卵子冷冻、卵巢组织冷冻及体外成熟培养等技术；男性的生育保存方法主要为精子库超低温冷冻保存精子。

结果 一些家属不愿意他们的孩子参与有关生育力保存的临床决策，主要是因为父母认为孩子年幼不足以做出决策同时不想给他们的孩子增加额外的心理负担。但青少年与青年患者对生育力保存的态度比父母更积极。同时可以引导患者青少年、青年及其家属基于自己的价值观及偏好能做出最佳的医疗决策，降低后悔概率。

结论 随着血液病青少年与青年患病率及治愈生存率的提升，生育保存问题成了重要研究项目，同时更好的帮助患者及其家属的做出最佳决策，提高生活质量。

PO-3219

一例多发性骨髓瘤自体造血干细胞移植术后 腹泻经空肠营养管行粪菌移植患者的护理

朱静雅、林欢、周凤、朱玉珍

西安交通大学第一附属医院

目的 通过对造血干细胞移植术后患者因腹泻，实施粪菌移植及空肠营养治疗过程中，提供相应护理措施，总结临床护理经验。

方法 血液内科收住的一例多发性骨髓瘤自体造血干细胞移植术后因腹泻，经空肠营养管行粪菌移植术（1）在粪菌移植时及移植后两小时协助半卧位休息，移植前后禁饮食两小时；移植后关注患者是否出现发热、恶心、腹痛等，严格记录 24 小时大便次数、性状、量及颜色。（2）因严重腹泻导致营养状况差，经空肠营养管给予肠内营养支持，关注空肠管深度及插管口周围皮肤。（3）患者腹泻次数及量较多，关注其肛周皮肤情况，协助便后及时清洁肛周，局部使用 3M 液体敷料。（4）腹泻及一般状况极差导致患者心理异常，家属陪伴，多鼓励、沟通、理解患者，增强战胜疾病的信心。

结果 通过提供相应的护理措施，患者粪菌移植及肠内营养治疗过程中无不良反应，腹泻及营养状况均较前好转，一般状况好转，肛周皮肤完整无破损，无不良情绪

结论 腹泻对于患者的营养状况及心理影响较大，通过在粪菌移植及肠内营养的治疗过程中，提供相应的护理措施，可使其症状缓解且提高生活质量。

PO-3220

4R 危机管理理论下的护理方法在预防造血干细胞移植患者预处理期失禁性皮炎中的应用

梁永玲

中国人民解放军陆军军医大学第二附属医院

目的 探讨 4R 危机管理理论下的护理方法在预防造血干细胞移植患者预处理期失禁性皮炎中的应用效果。

方法 选取 2022 年 1 月 1 日~2022 年 7 月 31 日收治的 98 例造血干细胞移植患者为研究对象,以奇偶分组法分为对照组和实验组各 49 例,对照组行一般护理方法,实验组在对照组基础上采用 4R 危机管理理论下的护理方法;比较两组大便性状[采用布里斯托大便分类法(BT)]、干预前后发生失禁性皮炎风险程度[采用会阴皮肤状况评估工具(PAT)]、失禁性皮炎发生情况。

结果 实验组大便性状情况优于对照组($P<0.05$, $P<0.01$);干预后,两组 PAT 评分低于干预前($P<0.01$),且实验组低于对照组($P<0.01$, $P<0.05$);实验组失禁性皮炎发生率低于对照组($P<0.05$),发生时间和愈合时间均优于对照组($P<0.01$)。

结论 4R 危机管理理论下的护理方法可以改善造血干细胞移植患者预处理期的大便性状,降低患者发生失禁性皮炎风险及失禁性皮炎发生率。

PO-3221

中药穴位贴敷联合集束化护理在白血病化疗患者便秘的疗效和生活

唐晶

德阳市人民医院

目的 探讨中药穴位贴敷联合集束化护理对白血病化疗患者便秘的效果和生活质量的影响,为白血病化疗便秘患者的治疗和护理措施提供参考。

方法 选取 2023 年 3 月—2024 年 3 月在我科行化疗的 60 例白血病患者,随机分为两组。对照组 30 例,给予标准化疗方案治疗、便秘常规护理指导和统一采用常规通便方法如开塞露塞肛或灌肠、服用甘油果糖通便等;治疗组 30 例,在标准化疗方案治疗基础上,再给予中药穴位贴敷联合集束化护理。采用便秘症状积分量表、焦虑自评量表及生活质量评分评估两组患者治疗情况。

结果 治疗组患者便秘症状积分、焦虑自评量表得分均低于对照组,差异有统计学意义($P<0.05$);治疗组生活质量评分显著高于对照组,差异有统计学意义($P<0.05$)。

结论 中药穴位贴敷联合集束化护理可有效缓解患者化疗应用引起的腹胀、便秘等症状,降低便秘发生率,减轻焦虑等负面性情绪,进而提高患者的生活质量。

PO-3222

达雷妥尤单抗治疗系统性轻链型淀粉样变性的真实世界研究

邢彦

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 基于达雷妥尤单抗(Dara)的治疗方案已在国际上成为治疗系统性轻链(AL)型淀粉样变性

的标准方案，但其在我国 AL 型淀粉样变性患者中的疗效如何尚待检验。

方法 回顾性调查 2021 年 6 月到 2023 年 5 月在西京医院肾脏内科采用基于 Dara 治疗方案的 AL 型淀粉样变性患者，明确不同类型患者的血液学、器官反应、不同治疗方案间的疗效差别等。

结果 共纳入 32 例患者，男性 20 例（62.5%）；16 例（50%）为初治 AL 型淀粉样变性患者；29 例（90.6%）患者为 λ 型；血清游离轻链中位差值 113.3（72.4,250.9）mg/L；中位血肌酐 69（52.3,95.5） μ mol/L；中位 NT-proBNP 1491.5（622.8,5012.3）pg/ml；其中 30 例（93.8%）的患者有肾脏受累；27 例（84.3%）的患者有心脏受累；2 个及以上器官受累患者有 25 例（78.1%）。

中位随访 98.5 天（范围 14-682 天），所有患者中位使用基于 Dara 治疗方案次数 3 次（范围 1-20 次）。死亡 4 人（13%），其中 Mayo 2012 III 期 2 人，Mayo 2012 IV 期 2 人。失访 1 人（3%）。

28 人可评估血液学反应：其中获得 VGPR 及以上血液学反应的人数有 22 人（78%），其中获得 CR 的人数有 11 人（39%）；3 人（11%）获得血液学 PR；2 人因治疗前血清游离轻链差值小于 50mg/L，治疗后血清游离轻链差值仍大于 10mg/L 被认定为无反应，1 人因在治疗前已达 VGPR 伴免疫固定电泳异常，治疗后免疫固定电泳仍异常被认定为无反应。

28 人可评估血液学反应：17 人一线使用 Dara 联合硼替佐米加地塞米松的治疗方案，其中 54.5% 的患者获得血液学 CR，27.3% 的患者获得血液学 VGPR，9.1% 的患者获得血液学 PR；11 人一线单用 Dara，其中 29.4% 的患者获得血液学 CR，47.1% 的患者获得血液学 VGPR，11.7% 的患者获得血液学 PR。

28 人可评估血液学反应：13 人为初治（ND）AL 型淀粉样变性，其中 69.3% 的患者可获得血液学 VGPR 及以上反应，其中 30.8% 的患者获得血液学 CR；15 人为复发难治（RR）AL 型淀粉样变性，其中 86.7% 的患者可获得血液学 VGPR 及以上血液学反应，其中 46.7% 的患者获得血液学 CR。

20 人可评估肾脏反应（24 小时尿蛋白下降 30%），其中 10 人（50%）有肾脏反应。

25 例可评估心脏反应（NTproBNP 下降 30%），其中 10 人（40%）有心脏反应。

结论 基于达雷妥尤单抗的治疗方案对 AL 型淀粉样变性患者有良好的治疗效果，其中 Dara 联合硼替佐米与地塞米松相较于单用 Dara 或许更能产生良好的血液学反应，并且 Dara 方案对各型 AL 患者均有良好的治疗效果。

PO-3223

推进轻链型淀粉样变性的精准医疗： 一种结合多器官指标的新型预后模型

邢彦

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 基于机器学习算法--随机生存森林(RSF)，建立一个囊括轻链型淀粉样变性(AL)患者多器官受累指标的具有准确预测效能的新型预后模型。

方法 纳入 2012 年 1 月 1 日至 2023 年 2 月 28 日在我院经活检证实的 AL 型淀粉样变性患者，按 7:3 的比例随机分为训练集和测试集。在 RSF 的训练集中确定了全面涵盖心脏、肾脏和肝脏受累的预后指标。然后，建立了 RSF 和 COX 模型。使用不同时间点的一致性指数和综合 Brier 评分(IBS)来评估模型在测试集中的性能。此外，还计算了净重分类指数(NRI)和综合判别度改进指数(IDI)。

结果 共有 173 名符合条件的患者纳入研究。中位随访 25.9(9.2, 50.3)个月，48 例(27.7%)患者死亡。肌酸激酶-MB、肾小球滤过率是否低于 50mL/min/1.73 m²、室间隔厚度是否大于 15mm、射血分数、谷丙转氨酶以及是否有肝脏受累被识别为关键变量。基于所识别的变量构建的 RSF 模型的一致性指数和 IBS 值分别为 0.902(95%CI, 0.810~0.948)和 0.105(95%CI, 0.102~0.112)。与

基于 Mayo2012 年分期的 COX 模型相比, 60 个月时 RSF 模型的 NRI 和 IDI 分别为 0.419(95%CI, 0.106~0.629, $p=0.012$)和 0.208(95%CI, 0.091~0.323, $p<0.001$)。

结论 这项研究综合了多器官受累的指标并通过 RSF 来预测 AL 型淀粉样变性患者的全因死亡率。所开发的 RSF 模型的性能很好, 可以作为 Mayo 分期系统的一个有价值的补充, 帮助医生做出决策。

PO-3224

来自心脏的警告: 一例罕见的亚洲孤立性 Rosai-Dorfman 病

张铭旋、赵博文、王蓓、曾继灵

浙江大学医学院附属邵逸夫医院

目的 Rosai-Dorfman 病 (RDD), 也被称为“窦组织细胞增生伴巨大淋巴结病”, 是一种罕见的非郎格汉斯细胞反应性组织细胞病, 以组织细胞增殖为特征。其发病率为 1:200000, 常见于非洲后裔, 男性相对稍多。心脏受累极为罕见, 仅占有 RDD 的 0.1-0.2%。心内肿块是心脏 RDD 最常见的类型, 其次是心外膜和心包肿块。RDD 的组织学特征为 S-100+、CD68+和 CD1a-。

方法 患者, 男, 65 岁, 冠状动脉造影术后 1 个月来院复查。患者 1 个月前因反复发作无诱因胸闷、心悸、气短入院行冠状动脉造影, 术中提示狭窄程度临界, 未植入支架。本次常规复查中, 超声心动图偶然发现左房内二尖瓣环上一个囊实性结节。一个月后, 超声心动图 (经胸和经食道) 可见二尖瓣前叶瓣环与左心耳下缘之间的低回声结节, 提示肿瘤可能性大。心脏 MRI 提示此结节与心肌信号相似, 考虑肿瘤性病变, 性质难定。

自 9 个月前患者首次入院以来, 他出现了房性早搏为主的心律失常, 并逐渐加重至房性心动过速。同时, 他有轻度低蛋白血症和轻度贫血。2 个月后, 患者入院手术, 术中在左房二尖瓣瓣环观察到一个质中的肿物, 宽基底, 活动度差, 部分粘连。术中冰冻切片显示纤维间质中有大量淋巴细胞和浆细胞浸润。值得注意的是, 术后 3 小时, 他的心电图就恢复了正常。血液科会诊建议检测免疫相关实验室检查, 结果均为阴性。18F-氟脱氧葡萄糖 (FDG) 正电子发射断层扫描 (PET) 提示 FDG 代谢增高淋巴结, 倾向炎性或反应性增生。常规组织病理和免疫组织化学确诊为 Rosai-Dorfman 病。

结果

结论 本文描述了一例罕见的心脏 RDD, 病灶首发于且仅发生于心脏。据我们所知, 到目前为止, RDD 中以孤立性心脏肿块为首发且唯一表现的病例报告不足 10 例, 亚洲病例则更为罕见。RDD 在非洲人以外的人种中应引起重视。该患者的结果表明, 孤立性心脏 RDD 很难诊断, 手术切除受损组织通常预后良好。而其影像学特点需要更多的病例予以补充, 以尽早识别 RDD。尽管影像学特征有时诊断意义不大, 但在早期可以提供线索, 正确的诊断仍依赖于病理。

PO-3225

Warning From Heart: An unusual Case Report of Isolated Rosai-Dorfman Disease in An Asian

Mingxuan Zhang, Bo-Wen Zhao, Bei Wang, Ji-Ling Zeng

Sir Run Run Shaw Hospital, Zhejiang University College of Medicine

Objective Rosai-Dorfman Disease is a rare non-Langerhans cell reactive histiocytic disorder, with an incidence of 1:200,000. Cardiac involvement has been documented in 0.1-0.2% of cases. Rosai-Dorfman Disease primarily affects African-Americans, typically occurring in their 20s and 30s. The typical clinical presentation includes painless bilateral cervical lymphadenopathy, fever,

weight loss and night sweats. Histologically, RDD is characterized by the presence of S-100+, CD68+, and CD1a- markers.

Methods We report on a 65-year-old Asian male who was incidentally found to have an intracardiac mass without fever or lymphadenopathy. The mass was identified as the initial and the sole manifestation, suggestive of a possible tumor by imaging. The patient has exhibited arrhythmias primarily characterized by premature atrial contractions, which have progressed to atrial tachycardia. Additionally, he has presented with mild hypoalbuminemia and anemia. Intraoperative frozen section analysis revealed a significant infiltration of lymphocytes and plasma cells in the fibrous stroma. Immunoglobulin related laboratory tests yielded negative results. 18F-fluorodeoxyglucose positron emission tomography showed lymph nodes, suggesting inflammatory or reactive hyperplasia. Finally, immunohistochemistry revealed Rosai-Dorfman disease.

Results

Conclusion Cardiac Rosai-Dorfman Disease without lymphadenopathy and typical symptoms is exceptionally uncommon in Asian populations. The potential for cardiac Rosai-Dorfman disease in non-African races should be explored. Diagnosing isolated cardiac Rosai-Dorfman Disease can be difficult, but successful surgical resection of lesions has a favorable prognosis. While imaging features may have limited diagnostic value, they can offer early clues, with the ultimate diagnosis relying on pathology.

PO-3226

POEMS 综合征一例并文献复习

李小鹏

遵义医科大学附属医院

目的 POEMS 综合征是一种少见的单克隆浆细胞异常增殖性疾病，因其少见性及多系统受累的特性，早期诊断存在一定困难。现报道本病例，以期提高临床医生对该病的认识。

方法 回顾性分析我院收治的一例 POEMS 综合征的诊疗过程，并进行文献复习。

结果 32 岁女患，因“四肢乏力 1 年，加重 10 月”于 2018 年 5 月 18 日就诊于我院，1 年前无明显诱因出现双下肢乏力，能行走，继而出现双上肢乏力，伴全身水肿，上述症状进行性加重，不能行走，伴全身水肿、呼吸困难、气促、胸闷，不能平卧，多次就诊于外院考虑副蛋白血症性周围神经病、低蛋白血症、多浆膜腔积液（胸腔、腹腔、心包），症状未见明显好转，既往甲状腺功能减退症病史 1 年，查体：生命体征平稳，双肺叩诊为过清音，听诊双肺呼吸音低，腹部移动性浊音阳性，左手背水肿，双下肢凹陷性水肿，双侧埋睫症（+），双上肢肌力 4 级，握力差，双下肢肌力 3 级，四肢腱反射消失，余未见明显异常。入院肝功示白蛋白 23.4g/L。胸部 CT 示双肺肺水肿、肺炎，双侧胸腔积液，右侧较厚约 70mm，左侧较厚约 17mm，心包积液，较厚处约 27mm，扫及腹水、脾脏增大。胸腹水 B 超探查示胸腹腔积液。肌电图：1、双侧正中神经：MCV 异常（速度均明显减慢，双侧 CMAP 明显降低，可见传导阻滞，右侧较重）；2、双侧尺神经：MCV 异常（速度均明显减慢，双侧 CMAP 明显降低，可见传导阻滞，右侧较重）；3、双侧胫神经：MCV 未引出；4、双侧腓神经：MCV 未引出；5、双侧正中神经、尺神经、桡神经、胫神经：SCV 均异常（双侧 SNAP 明显降低，速度明显减慢）；6、双侧腓神经：SCV 未引出；7、双侧母短展肌：EMG 为神经源性改变。血清蛋白电泳结果示 IgG-LAM 型 M 蛋白血症，眼科专科检查考虑双侧视乳头水肿，骨髓象未见异常表达单克隆浆细胞群，分析可能与流式多色细胞检测方法及浆细胞灶性分布有关。明确诊断为 POEMS 综合征，治疗上予 PAD（硼替唑米、阿霉素、地塞米松）化疗方案化疗，好转后出院。

结论 由于 POEMS 综合征涉及神经、内分泌、器官肿大、血液及皮肤改变等多个领域，因其多系统损害、复杂的临床表现、首发症状的非特异性和多样性等特点，极易漏诊、误诊，临床上遇到可疑患者，应仔细结合患者的临床症状、体征以及辅助检查结果，尽早作出准确诊断并给予有效治疗。

PO-3227

Castleman 病一例并文献复习

李小鹏

遵义医科大学附属医院

目的 Castleman 病(castleman disease, CD)是一种罕见的淋巴细胞异常增殖性疾病, 由于其发病率低, 临床工作中对其认识不足, 易造成漏诊, 现报道我院一例经病理证实为 CD 的诊治过程, 旨在提高临床医生对该病的认识。

方法 回顾性分析我院收治的一例 CD 的诊疗过程, 结合文献分析总结其临床特点。

结果 51 岁男患, 因“反复发热 5 年, 发现双侧颈部、腋下、腹股沟包块 1 年”于 2022 年 10 月 12 日就诊于我院, 5 年前无明显诱因出现高热, 最高体温达 40℃, 症状反复发作并就诊于多家医院, 治疗后无明显好转, 1 年前无明显诱因发现双侧颈、腋下、腹股沟包块各 1 枚, 包块进行性增大, 无发热, 无疼痛、破溃及流脓等不适, 一直未予处理。既往体健, 查体: 生命体征平稳, 未见明显异常。专科情况: 双侧颈部、腋下、腹股沟均可触及 1 枚皮下包块, 约黄豆大小, 质韧, 活动度差, 边界尚清楚, 无压痛、红肿、破溃流脓。入院血常规、凝血功能、肝功、肾功、HIV、梅毒、结核及 EB 病毒等未见明显异常。排除手术禁忌症后在局部麻醉下行左颈部颈淋巴结切除术, 取部分组织送病理, 病理结果: (左颈部) 淋巴结淋巴滤泡增生伴生发中心萎缩及血管化, 滤泡间区及副皮质区大量成熟浆细胞浸润, 血管增生及玻变不明显; 免疫组化: CD20 示增生且萎缩淋巴滤泡; CD21、CD35 示较完整 FDC 网; CD68 (组织细胞+, 且主要位于淋巴窦内); CD138 (浆细胞+); IgG4(浆细胞散在+); IgG (浆细胞弥漫+), 且 IgG4/IgG 约 10%; Ki-67 (阳性集中于生发中心)。明确诊断为浆细胞型 CD。治疗上采用 CHOP 方案进行化疗, 化疗结束后出院, 规律随访中。

结论 CD 临床上少见, 且无特异的临床或影像学表现, 临床上诊断较为困难, 诊断的金标准依赖于组织病理学检查, 当临床上遇到不明原因的淋巴结肿大时, 在排除其他疾病后, 应尽早行穿刺活检明确诊断。

PO-3228

成人多系统朗格汉斯细胞组织细胞增生症 1 例并文献复习

李小鹏

遵义医科大学附属医院

目的 朗格汉斯细胞组织细胞增生症 (Langerhans cell histiocytosis, LCH) 是一种起源于骨髓单核细胞-巨噬细胞系统的罕见克隆性疾病, 其特征表现是组织细胞克隆性增殖和病理性朗格汉斯细胞的过量积累, 病因不明, 常见于儿童, 成人发病率相对较低, 男女发病比例约为 1.2 : 1。现报道本病例的临床表现及诊治过程, 以期提高临床医生对该病的认识, 减少漏诊、误诊。

方法 回顾性分析遵义医科大学附属医院收治的 1 例 LCH 患者的诊疗过程, 并进行文献复习。

结果 54 岁女患, 因“上颌疼痛伴口腔发黏 1 年”就诊于我院, 1 年前无明显诱因出现上颌疼痛, 进食时, 伴间断性口腔发黏, 偶有牙龈出血。1 月前上述症状加重, 伴口干、多饮, 小便次数增加, 伴夜尿增多, 就诊于我院口腔医院, 口腔黏膜病理活检示: (右颊及右上颌) 倾向于朗格汉斯细胞组织增生症。既往史: 2 年前因“阴道不规则出血”于外院行子宫内膜病理活检示: (阴道壁) 朗格汉斯细胞组织增生症, 免疫组化示 CD68(PGM1); CD31(+); CD1a(+); langerin(+); KI-67 (50%+); CK(-); P40(-); P63(-); vimentin(+); CD34(血管+); Desmin(-); MyoD1(-); Lysozyme(-); 后再次因阴道不规则出血就诊于多家医院, 均明确断为该病, 于我院明确诊断后予 VP 方案化疗, 好转后出院未再复诊。查体: 口腔上颌黏膜大片状隆起、糜烂、溃疡及白膜覆盖,

牙齿缺失、龋坏。辅查：口腔组织病理活检+免疫组化：（右颊及右上颌）Langerhans 细胞组织增生症，免疫组化：CD1α(+), Langerin(+)。口腔上下颌 CBCT 检查：1.全口多数牙槽骨及上下颌缺牙区牙槽骨不同程度吸收，需结合临床除外系统性疾病；2.14 残根，慢性根尖炎症，全口多数牙缺失、龋坏、慢性根尖炎症。双侧颈部、腋窝、腹股沟区及左侧锁骨上区均探及淋巴结。骨显像：1. 下颌骨体部代谢减低灶，结合病史符合朗格汉斯组织细胞增生症改变；2.双侧上颌骨牙槽突代谢增高，炎症改变？颅脑 CT+上、下颌骨 CT 未见病症。结合上述检查考虑 LCH（多系统累及），予依托泊苷注射液 0.1g 静脉输液（d1-5）+醋酸泼尼松片 50mg po bid（d1-28）方案化疗。好转后出院，规律于我院化疗中。

结论 目前研究表明 LCH 通过病理检查结果联合免疫组化特异性的免疫标记物 CD1α（+）和/或 CD207(Langerin）（+）确诊。目前尚无统一的标准治疗方案，应根据病变部位及疾病严重程度个体化。受累器官越多、器官功能受损越严重，则预后越差。另外，因该病发病率较低、临床表现多样性及临床医生对其缺乏认识等综合因素，易导致误诊及漏诊，且该病好发于儿童男性患者，而本列患者为中老年女患，实属少见。因此，及时行病理学检查，可有助于早期诊断，及时治疗。

PO-3229

A novel prognostic model based on pretreatment serum albumin and ECOG PS for primary CNS lymphoma: an international, multi-center study

Li Wei^{1,2}, Yuting Gao^{3,4}, Katharina Theresa Prochazka⁵, Rongqiu Liu^{3,4}, Liang Wang⁶, Boyang Liu⁷, Yingzhi He⁸, Luca Bertero⁹, Alessia Pellerino¹⁰, Paola Cassoni⁹, Luca Tamagnone^{11,12}, Alexander J. Deutsch⁵, Huien Zhan¹³, Jing Lai¹³, Seok Jin Kim¹⁴, Hua You^{3,4}

1. NHC Key Laboratory of Birth Defects and Reproductive Health, Chongqing Population and Family Planning Science and Technology Research Institute
2. Chongqing Hospital of Traditional Chinese Medicine
3. Children's Hospital of Chongqing Medical University
4. Chongqing Key Laboratory of Pediatrics, Ministry of Education Key Laboratory of Child Development and Disorders, China International Science and Technology Cooperation base of Child development and Critical Disorders, National Clinical Research Center for Child Health and Disorders, Children's Hospital of Chongqing Medical University
5. Clinical Department of Hematology, Medical University of Graz
6. Department of Hematology, Beijing Tongren Hospital, Capital Medical University
7. Department of Neurosurgery Center, The National Key Clinical Specialty, The Engineering Technology Research Center of Education Ministry of China On Diagnosis and Treatment of Cerebrovascular Disease, Guangdong Provincial Key Laboratory On Brain Function Repair and Regeneration, The Neurosurgery Institute of Guangdong Province, Zhujiang Hospital, Southern Medical University
8. Department of Hematology, Zhujiang Hospital of Southern Medical University
9. Pathology Unit, Department of Medical Sciences, University of Turin
10. Department of Neuro-Oncology, University and City of Health and Science Hospital
11. Department of Life Sciences and Public Health, Università Cattolica del Sacro Cuore
12. Fondazione Policlinico Universitario
13. Department of Hematology, the First Affiliated Hospital of Jinan University
14. Division of Hematology-Oncology, Department of Medicine, Samsung Medical Center, Sungkyunkwan University School of Medicine

Objective Serum albumin has been demonstrated as prognostic parameter in non-Hodgkin lymphoma (NHL). Primary central nervous system lymphoma (PCNSL) is a rare extranodal NHL with highly aggressive behavior. In this study, we aimed at creating a novel prognostic model for PCNSL based on serum albumin levels.

Methods We compared several commonly used laboratory nutritional parameters for predicting the survival of PCNSL patients using overall survival (OS) for outcome analysis and receiver operating characteristic curve analysis to determine the optimal cut-off values. Parameters associated with OS were evaluated by univariate and multivariate analyses. Independent

prognostic parameters for OS were selected for risk stratification, including albumin ≤ 4.1 g/dL, ECOG PS > 1 , and LLR > 166.8 , which were associated with shorter OS; albumin > 4.1 g/dL, ECOG PS 0–1 and LLR ≤ 166.8 , which were associated with longer OS, and five-fold cross-validation was used for evaluating predictive accuracy of identified prognostic model.

Results By univariate analysis, age, ECOG PS, MSKCC score, Lactate dehydrogenase-to-lymphocyte ratio (LLR), total protein, albumin, hemoglobin, and albumin to globulin ratio (AGR) resulted statistically associated with the OS of PCNSL. By multivariate analysis, albumin ≤ 4.1 g/dL, ECOG PS > 1 , and LLR > 166.8 were confirmed to be significant predictors of inferior OS. We explored several PCNSL prognostic models based on albumin, ECOG PS and LLR with 1 point assigned to each parameter. Eventually, a novel and effective PCNSL prognostic model based on albumin and ECOG PS successfully classified patients into three risk groups with 5-year survival rates of 47.5%, 36.9%, and 11.9%, respectively.

Conclusion The novel two-factor prognostic model based on albumin and ECOG PS we propose represents a simple but significant prognostic tool for assessing newly diagnosed patients with PCNSL, which was allowed to stratify patients into three independent groups, a possibility which may help optimize treatment allocation in future clinical trials. Considering that serum albumin is a standard laboratory test, which is easy to perform, cost-effective and highly repeatable, the here proposed PCNSL two-factor prognostic model could represent a novel, objective, universally available, cost-effective and accurate predictor of PCNSL prognosis.

PO-3230

Construction and validation of prognostic scoring models to risk stratify patients with acquired immune deficiency syndrome - related diffuse large B cell lymphoma

Han Zhao¹, Rongqiu Liu², Yu Tao², Luca Bertero³, Lizhi Feng¹, Bo Liu¹, Zhimin Chen¹, Jialong Guan¹, Baolin Liao¹, Linghua Li¹, Haolan He¹, Hua You²

1. Infectious Diseases Center, Guangzhou Eighth People's Hospital, Guangzhou Medical University

2. Department of Pediatric Hematology and Oncology, Laboratory for Excellence in Systems Biomedicine of Pediatric Oncology, Chongqing Key Laboratory of Pediatrics, Ministry of Education Key Laboratory of Child Development and Disorders, China International Science and Technology Cooperation base of Child development and Critical Disorders, National Clinical Research Center for Child Health and Disorders, Children's Hospital of Chongqing Medical University

3. Department of Medical Sciences, Pathology Unit, University of Turin

Objective AIDS-related diffuse large B cell lymphoma (AR-DLBCL) is one of the most common ARL subtypes, accounting for approximately 45% of these tumors. AR-DLBCL often presents at an advanced disease stage, with extra-nodal (EN) involvement, high risk of infection and the overall prognosis remains unsatisfactory. Early diagnosis and treatment of AR-DLBCL is critical. However, there is no specific prognostic model for patients with AR-DLBCL. Thus, we aimed to construct new clinical prognostic models.

Methods Clinical features and prognostic factors for OS and PFS were evaluated by univariate and multivariate analyses. Variables identified as significant factors in the univariate Cox analysis were selected into the multivariate Cox proportional hazards regression analysis to identify the independent prognostic factors using the Forward Stepwise (Conditional LR) method; The screened factors were introduced into the logistic regression equation to calculate the prediction probability of an outcome and to draw the receiver operating characteristic curve (ROC). The area under the curve (AUC) and Harrell's concordance index (C-index) were compared. The Hosmer-Lemeshow test was used to assess the goodness of fit of the model. The decision curve analysis (DCA) was used to reflect the net benefit of the model.

Results CNS involvement, OI at lymphoma diagnosis and elevated LDH were selected to construct the OS model, namely GZMU OS model; CNS involvement, OI at lymphoma diagnosis,

elevated LDH and over 4 chemotherapy cycles were selected to construct the PFS model, namely GZMU PFS model. In the training cohort, the predictive accuracy of prognostic model for OS, as measured by AUC was 0.786, compared with 0.555 of risk stratified by IPI, 0.638 of risk stratified by aaIPI and 0.597 of risk stratified by NCCN-IPI. The C-index values based on GZMU OS model, IPI, aaIPI and NCCN-IPI were 0.712, 0.577, 0.649 and 0.587, respectively. The predictive accuracy of prognostic model for PFS, as measured by AUC was 0.829, compared with 0.519 of risk stratified by IPI, 0.609 of the risk stratified by aaIPI and 0.572 of risk stratified by NCCN-IPI. The C-index values based on GZMU PFS model, IPI, aaIPI and NCCN-IPI were 0.733, 0.536, 0.591 and 0.563, respectively. The models we constructed showed better risk stratification than IPI, aaIPI, and NCCN-IPI. In the validation cohort, the predictive accuracy of prognostic model for OS, as measured by AUC and C-index, GZMU models were the highest. Furthermore, in combined cohort, the Hosmer-Lemeshow test showed that the models were good fits (OS: $P = 0.8244$; PFS: $P = 0.9968$) and the DCA demonstrated a significantly better net benefit. The prognostic efficacy of the proposed models was validated independently and outperformed the currently available prognostic tools.

Conclusion In this study, novel prognostic models with AR-DLBCL patients were constructed and validated, namely GZMU OS model and GZMU PFS model, which showed better prognosis prediction efficiency and risk stratification ability than IPI, aaIPI and NCCN-IPI scoring systems. These novel prognostic models will help to tackle a clinically relevant unmet need.

PO-3231

Clinical Characteristics and Outcomes of AIDS-Related Burkitt Lymphoma in China: A Retrospective Single-Center Study

Rongqiu Liu¹, Han Zhao², Guanying Xiao², Yu Tao², Xiaoping Tang², Lizhi Feng², Baolin Liao², Bo Liu², Jialong Guan², Linghua Li², Zhimin Chen², Haolan He², Hua You^{1,3}

1. Laboratory for Excellence in Systems Biomedicine of Pediatric Oncology, Department of Pediatric Hematology and Oncology, Chongqing Key Laboratory of Pediatrics, Ministry of Education Key Laboratory of Child Development and Disorders, China International Science and Technology Cooperation Base of Child Development and Critical Disorders, National Clinical Research Center for Child Health and Disorders, Children's Hospital of Chongqing Medical University
2. Infectious Diseases Center, Guangzhou Eighth People's Hospital, Guangzhou Medical University
3. Children's Hospital of Chongqing Medical University

Objective Studies on the prognosis and risk stratification of patients with acquired immune deficiency syndrome (AIDS) – related Burkitt lymphoma (AR-BL) are rare. We aim to construct a novel model to improve the risk assessment of these patients

Methods We retrospectively analyzed the clinical data of 34 patients over the past 10 years and the factors associated with progression-free survival (PFS) and overall survival (OS) were evaluated in univariate and multivariate Cox models. Then, the novel model consisting of screened factors was compared with the existing models.

Results With a 37-month median follow-up, the overall 2-year PFS and OS rates were 40.50% and 36.18%, respectively. The OS of patients who received chemotherapy was better compared with those without chemotherapy ($P = .0012$). Treatment with an etoposide, prednisone, oncovin, cyclophosphamide, and hydroxydaunorubicin-based regimen was associated with longer OS and PFS compared with a cyclophosphamide, doxorubicin, vincristine, and prednisone-based regimen (OS, $P = .0002$; PFS, $P = .0158$). Chemotherapy (hazard ratio [HR]=0.075; 95% confidence interval [CI], 0.009-0.614) and Eastern Cooperative Oncology Group Performance Status (ECOG PS) 2 to 4 (HR = 4.738; 95% CI, 1.178-19.061) were independent prognostic factors of OS in multivariate analysis and we established a novel prognostic risk stratification model named GZ8H model with chemotherapy and ECOG PS.

Conclusion GZ8H showed better stratification ability than the international prognostic index (IPI) or Burkitt lymphoma IPI (BL-IPI). Furthermore, the C-index of the nomogram used to predict OS was 0.884 in the entire cohort and the calibration curve showed excellent agreement between the predicted and actual results of OS. No human immunodeficiency virus-related factors were found to be associated with OS and PFS of AR-BL patients in our study. Overall, the clinical characteristics and outcomes in AR-BL were shown and prognostic factors for OS and PFS were identified in this study.

PO-3232

一例伴 der(1;7)(q10;p10),inv(3)(q21q26)染色体异常的慢性粒单核细胞白血患者的实验室分析

张海琴¹、李鸿瑞¹、蒋莉¹、贺艳丽²、刘建拓¹、郑珊林¹、邱学奎¹、陈祥俊²

1. 武汉康圣达医学检验中心

2. 华中科技大学同济医学院附属协和医院干细胞科

目的 研究一例伴 der(1;7)(q10;p10),inv(3)(q21q26)染色体异常的慢性粒单核细胞白血患者的实验室分析

方法 对一例 70 岁老年患者慢性粒单核细胞白血病的实验室外周血细胞形态学、骨髓细胞形态学、骨髓活检，流式免疫分型、细胞遗传学及分子遗传学的特征进行分析。

结果 外周血涂片 WBC 分布显著增多，单核细胞增多；血常规单核细胞数:18.63*10⁹/L，百分比 40.3%，重度贫血；骨髓细胞形态学考虑慢性粒单核细胞白血病，单核细胞占 30%，幼稚单核细胞占 9%，原始髓细胞占 9.5%；血片原始髓细胞占 1%；骨髓活检幼稚前体细胞易见少数细胞可见类巨幼样变，单核细胞可见；流式细胞术免疫分型在 CD45/SSC 点图上设门分析，单核细胞约占核细胞的 42%，表型以成熟为主。细胞遗传学检测：46,XY,+1,der(1;7)(q10;p10),inv(3)(q21q26)[20]提示所分析的 20 个细胞核型均存在附加额外的一条由 1 号和 7 号染色体易位产生的衍生 1 号染色体，3 号染色体臂内倒位；白血病 43 种常见融合基因（包含 AML 相关基因）筛查未见异常。

结论 伴 der(1;7)(q10;p10),inv(3)(q21q26)的异常在 CMML 中很少见，应密切关注疾病进展，结合临床症状及其他检测结果，为个体化治疗方案提供依据。

PO-3233

肾脏轻链型淀粉样变性患者发生肾脏不良结局的危险因素分析

邢彦、孙世仁

中国人民解放军空军军医大学第一附属医院

目的 目前已经提出了适用于肾脏受累的轻链型淀粉样变性患者的组织病理评分标准及新型生物标志物，但肾轻链型淀粉样变性患者预后不良的危险因素仍不清楚。本研究旨在阐明新的评分系统的适用性，并进一步探讨影响中国患者发生肾脏不良结局的独立危险因素。

方法 纳入 2017 年 1 月 1 日至 2022 年 12 月 31 日期间经肾活检确诊的患者。本研究的主要终点为患者发生肾脏事件，定义为 ESRD 或肾功能进展。根据新的评分系统对患者的肾脏病理进行评估，包括淀粉样蛋白评分(AS)和复合瘢痕损伤评分。采用单变量和多变量 COX 回归分析，从肾脏病理特征、基线临床指标和治疗反应中识别危险因素。生存差异采用 Kaplan-Meier 分析。

结果 共纳入 74 名患者，其中 16 名患者(21.6%)在 17.7(5.8, 47.9)个月内发生肾脏事件。单因素 COX 回归分析显示，AS、间质纤维化和肾小管萎缩、胱抑素 c(CysC)、血尿素、估计的肾小球滤

过率(eGFR)、心脏受累和3个月时的肾脏反应(RR)与肾脏不良事件有关。经多因素COX回归分析,AS(HR=2.14, 95%CI 1.27~3.58, P<0.01)、eGFR(HR=0.96, 95%CI 0.94~0.98, P<0.01)和3个月RR(HR=0.18, 95%CI 0.05~0.70, P=0.013)为独立危险因素。Kaplan-Meier分析还表明,基线AS较高、GFR较低且3个月时无RR的患者更有可能发生肾脏事件。

结论 该新型评分系统在中国患者中证明了其预后意义,AS与eGFR一起被认为是影响肾脏事件发生的危险因素,但早期RR可有效预防肾脏事件的发生。

PO-3234

Severe combined immunodeficiency with blood-borne disseminated Mycobacterium tuberculosis infection by salvage therapy with allogeneic hematopoietic stem cell transplantation: Cases report and literature review

Yuqing Jiao¹, Hao Xiong², Zhi Chen², Li Yang², Zhuo Wang², Fang Tao², Yu Du², Xiuwen Xu², Zuofeng Li¹, Quan Li³, Yuqing Jiao

1. School of Medicine, Wuhan University of Science and Technology

2. 武汉儿童医院

3. Wuhan Institute for Tuberculosis Control, Wuhan Pulmonary Hospital

Objective To summarize the clinical features, treatment and prognosis of two cases of Mycobacterium tuberculosis infection with hematogenous dissemination after salvage therapy with allogeneic hematopoietic stem cell transplantation for severe combined immunodeficiency disease.

Methods We have described two pediatric cases of SCID combined with blood-borne disseminated tuberculosis infection in which the patients received salvage therapy with allogeneic HSCT. Data were collected from two male infants who underwent hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) for severe combined immunodeficiency with Mycobacterium tuberculosis infection at Wuhan Children's Hospital between January 2017 and December 2022.

Results Patient 1 presented with severe combined immunodeficiency combined with acute blood-borne disseminated tuberculosis and underwent HSCT after only 30 days of anti-tuberculosis therapy. The tuberculosis infection recurred at 83 days after transplantation, and the patient eventually died of multi-organ failure and disseminated intravascular coagulation. Patient 2 presented with severe combined immunodeficiency combined with acute blood-borne disseminated tuberculosis after HSCT. The patient responded well to antituberculosis drugs and successfully completed a year and a half of anti-tuberculosis treatment. On day 591 post-transplant, the anti-tuberculosis regimen was discontinued in this patient.

Conclusion Patients with SCID have severe defects in cellular and humoral immunity. Genetic screening at birth would help identify such patients, and the BCG vaccination should be delayed in such cases. The sole curative option for SCID is HSCT, which can achieve immune reconstitution when performed early on and can improve the survival rate.

PO-3235

急性 T 淋巴细胞白血病继发朗格汉斯细胞组织细胞增生症 1 例并文献复习

杨植、赵卫华、黄睿、廖兴昀、覃炫绚、李绮淇、林雨、谢文强
广西医科大学第一附属医院

目的 探讨急性 T 淋巴细胞白血病 (T-ALL) 继发朗格汉斯细胞组织细胞增生症 (LCH) 的治疗方法。
方法 回顾性分析 2018 年 2 月由广西医科大学第一附属医院收治的 1 名 T-ALL 继发 LCH 成年患者的诊治过程, 并进行文献复习。

方法 回顾性分析 2018 年 2 月由广西医科大学第一附属医院收治的 1 名 T-ALL 继发 LCH 成年患者的诊治过程, 并进行文献复习。

结果 患者为 19 岁女性, 2018 年 2 月由我院诊断为急性 T 淋巴细胞白血病, 在 2021 年 10 月维持化疗期间出现四肢、躯干暗红色皮疹, 经病灶活检提示朗格汉斯细胞组织细胞增生症, 基因突变分析提示存在 NRAS、NOTCH1、TET2 突变。因该名患者 LCH 未表现出侵袭性征象, 从而采取原 T-ALL 维持化疗方案治疗 LCH, 目前 T-ALL 与 LCH 均处于缓解状态。

结论 成年 LCH 患者治疗方法尚无统一标准, T-ALL 继发单系统朗格汉斯细胞组织细胞增生症 (SS-LCH) 成年患者沿用原发肿瘤化疗方案治疗或行局部治疗可取得较好疗效。

PO-3236

HIV 相关霍奇金淋巴瘤 22 例临床分析

王超雨、刘俊、黄德鸿、杨涛、李杰平、刘耀
重庆大学附属肿瘤医院

目的 探究 HIV 相关霍奇金淋巴瘤患者的临床特征、疗效及预后。

方法 回顾性分析 2013 年 12 月至 2022 年 6 月在重庆大学附属肿瘤医院诊治的 22 例 HIV 相关霍奇金淋巴瘤患者的病历资料, 对患者的临床特征、实验室检查结果、疗效与预后进行分析及总结。

结果 22 例患者中位年龄 44(22-60)岁。所有患者均通过性传播感染 HIV, 其中 10 例通过男男性传播感染, 12 例通过异性性传播感染。9 例患者为诊断淋巴瘤时发现感染 HIV。5 例患者临床分期为 III 期, 17 例患者为 IV 期。中位随访 30.6 (4.0~112.9) 个月, ABVD 方案化疗联合抗逆转录病毒治疗可使 17 例患者获得长期生存。3 年 PFS 率为 80.8%。3 年 OS 率为 85.9%。

结论 HIV 相关霍奇金淋巴瘤患者临床呈侵袭性过程, 规范化治疗可获得长期生存。

PO-3237

Selinexor in Combination with R-EPOCH for Patients with Previously Untreated HIV-Associated Diffuse Large B Cell Lymphoma

Chaoyu Wang, YIXING ZHOU, CHENGSI ZENG, YAO LIU
Department of Hematology-Oncology, Chongqing University Cancer Hospital, Chongqing Key Laboratory of Translational Research for Cancer Metastasis and Individualized Treatment, Chongqing 400030, China

Objective The incidence of HIV-positive lymphoma remains significantly higher than HIV-

negative patients in the era of combined antiretroviral therapy(cART). DLBCL is the most common histological type of HIV-positive non-Hodgkin's lymphoma(NHL). Exportin 1 protein(XPO1) inhibitor has demonstrated preliminary anti-HIV activity and synergy with anti-lymphoma drug(e.g. etoposide, doxorubicin, prednisone).

Methods The study was designed to evaluate safety and efficacy of selinexor (60mg Days 1, 8, 15) combined with R-EPOCH(rituximab 375 mg/m² d1, etoposide 50 mg/m² d1-d4, doxorubicin 10mg/m² d1-d4, vinblastine 0.4mg/m² d1-d4, prednisone 60mg/m² d1-d5 and cyclophosphamide 750mg/m² d5) every 3 weeks (4-6 cycles), followed by selinexor maintenance (60 mg weekly) or transplantation as per physician's choice in patients with untreated HIV-positive DLBCL. All patients received cART concomitantly during chemotherapy. This study was registered at Chictr.org.cn(ChiCTR2300069941).

Results From Feb 24, 2023 to Feb 22, 2024, 7 patients were enrolled and received at least three cycles of study treatment. Median age was 51 years (range 43-67) with five patients(71.4%) was male. All seven patients were in advanced stage according to Ann Arbor staging system, with aIPI intermediate to high risk or IPI low to intermediate risk. Four patients(57.1%) were germinal center B-cell-like lymphoma (GCB) subtype and four patients(57.1%) had an Elevated lactate dehydrogenase level. Median HIV RNA load was 74450(10000-100000) copies/mL and Median CD4 cell count was 233 cells/ μ L (233 cells/mm³) with one patient having a CD4 cell count less than 200 cells/ μ L (200 cells/mm³). Two patients were HBV-positive and one was EB virus(EBV) coinfection at baseline. Two patients achieved PR after two treatment cycles, five patient of which had completed five or six treatment cycles and all achieved complete response at the end of the treatment cycle. One patients after interim evaluation with PR stopped treatment because of loss to follow-up. Patient2 and Patient3 have received autologous hematopoietic stem cell transplantation(ASCT), and selinexor maintenance treatment.

The EBV DNA load of the patient with EBV coinfection at baseline turned to normal level after one treatment cycle. Similar result was observed in two HBV-positive patients, the one achieved HBV-negative after two cycles and the other's HBV DNA load level declined from 7.96×10^4 IU/mL to 1.12×10^3 after completing first cycle. HIV RNA load of the patient with CR had declined to <20 copies/mL from 58300 copies/mL after the fourth cycle, another patient likewise became HIV-negative before the initiation of the third cycle.

All patients experienced at least one treatment-emergent adverse event (TEAE), 6 (85.7%) patients with at least one Grade \geq 3 TEAE. The most common grade 3 or 4 adverse events were hematological toxicities including lymphopenia(83.3%), neutropenia (85.7%), leukopenia(85.7%), thrombocytopenia (71.4%). Five patients experienced Febrile neutropenia. The non-hematological toxicities were grade 1 or 2, including nausea(66.7%), vomit(50%), constipation(33.3%), cough(33%). One patient stopped treatment for one month due to pulmonary infection. All toxicities were manageable by supportive care.

Conclusion Selinexor plus R-EPOCH regimen demonstrated a favorable Interim efficacy and manageable safety profile in patients with HIV-associated DLBCL. The change of HIV RNA load and CD4+ cell count still requires further evaluation.

PO-3238

达雷妥尤单抗、硼替佐米和地塞米松治疗具有肾脏意义的单克隆球蛋白病的疗效和安全性

谢焕、向茂源、孟凡桥、曾东风
中国人民解放军陆军特色医学中心

目的 为了减少肾毒性单克隆球蛋白负荷并挽救肾功能，有必要对具有肾脏意义的单克隆免疫球蛋白病（MGRS）中的浆细胞进行克隆定向治疗。但由于 MGRS 的罕见性和高漏诊率，目前关于该病的治疗及其结果的文献有限。本研究旨在探讨达雷妥尤单抗、硼替佐米和地塞米松在初治

MGRS 患者中的疗效和安全性。

方法 本研究为一项前瞻性、单臂、开放性的临床研究（ChiCTR2400081273）。本研究截止 2024 年 5 月共纳入 10 例 MGRS 患者，肾活检类型分别为轻链淀粉样变性 7 例、单克隆球蛋白沉积病 2 例和 C3 肾小球肾炎 1 例。患者接受 DVd 方案（达雷妥尤单抗 8mg/kg，D8、22；硼替佐米 1.3mg/m²，D1、8、15、22；地塞米松 20mg/d，D1、8、15、22）。主要研究终点为血液学缓解率，次要研究终点为肾脏反应率和无进展生存期（PFS）。

结果 共有 10 例患者入选，其中 7 例进行了 DVd 方案治疗且可进行疗效评价。治疗 2 个月时反应≥部分缓解（PR）的患者比例为 71.4%，3 个月时反应≥非常好的部分缓解（VGPR）的患者比例为 57.1%。3 个月时出现肾脏反应的比例为 42.9%。42.9%的患者发生了≥2 级治疗相关不良事件，其中 2 例为硼替佐米导致的腹泻，1 例为达雷妥尤单抗导致的输注反应。

结论 DVd 方案治疗 MGRS 具有良好的疗效和安全性，对于 MGRS 患者是一种新的治疗选择。

PO-3239

重型地中海贫血合并类鼻疽病不全相合移植 1 例

董秀娟

海南省妇女儿童医学中心

目的 总结国内首例重型地贫合并类鼻疽病接受不全相合移植经验，提高此类患者治疗信心。

方法 回顾 1 例重型地贫合并类鼻疽病 1 例病史及五年诊疗经过，复习相关文献。患儿，男，汉族，海南省乐东人。出生日期：2007 年 11 月 20 日。以“左膝关节疼痛 16 天”于 2019 年 3 月 29 日初次就诊我院骨科。2019 年 4 月 12 日转血液肿瘤科。3 月龄确诊“重型地贫”，后在当地输血治疗，不规律，血红蛋白具体不详，间断去铁。父母体健，两妹妹体健，地贫基因结果不详。否认有肝炎、结核、疟疾等传染病史。自 2018 年 8 月（约 11 岁）高热、腹痛起病，外院诊断“肝脓肿”，多次血培养阴性。2019 年 3 月 12 日出现左膝关节疼痛，逐渐加重。影像学提示关节脓肿。腹部彩超：肝肋下约 5cm，肝实质回声不均匀；脾肋下约 5cm，实质回声均匀。

结果 感染确诊前先后本单位住院 10 次，病情多次反复。先后行“肝脏穿刺、脾脏切除术”，均未诊断。2022 年 7 月 25 日再行肝脏穿刺，标本采用高通量测序技术进行病原学检测。检出类鼻疽伯克氏菌序列数 215 条。持续“亚胺培南”抗感染治疗近 18 月（磺胺过敏），肝脏病灶稳定，停药 2 月无波动，于 2024 年 3 月 20 日接受同胞不全相合移植，供者为妹妹。造血恢复顺利，出仓休养中。

结论 类鼻疽病多发于热带或亚热带地区，海南省已成为我国类鼻疽病危害最严重地区之一。免疫缺陷患者为易感人群。治疗难度大，被认为是生化武器。合格的标本与高效送检方式是本例患者获得确诊的重要因素。本文患者病灶部位组织穿刺高通量测序获得诊断线索，接受长期抗感染治疗后接受异基因造血干细胞移植，过程顺利。高度提示，提高医护人员对类鼻疽伯克氏菌感染的识别能力，早期获得诊断依据，有利于改善患者预后。结合此例患者诊疗病史，经验在于，面对合并特殊感染的重症疾病，需加强多学科协作，提高认知，达成共识，大胆尝试，追求治愈。

PO-3240

13 例 AIDS 相关非霍奇金淋巴瘤患者 行自体造血干细胞移植的安全性及疗效观察

刘俊、周亦星、王超雨、曾沉思、张玲倩、李杰平、李启英、南映瑜、刘耀
重庆大学附属肿瘤医院

目的 分析在重庆大学附属肿瘤医院治疗的 13 例 AIDS 相关非霍奇金淋巴瘤（AIDS-related non-

Hodgkin lymphoma,AIDS-NHL) 患者行自体造血干细胞移植 (auto-hematopoietic stem cell transplantation, ASCT) 的安全性及疗效。

方法 前瞻性地对我中心确诊的 AIDS-NHL 患者行自体造血干细胞移植, 观察其安全性及疗效。

结果 13 例 AIDS-NHL 患者男女比例 12:1, 中位年龄 41 岁。病理类型分别为 5 例 DLBCL、2 例 PBL、4 例 BL、1 例 HGCL、1 例 HL, 其中包括难治复发患者 3 例 (DLBCL、HGCL、PBL 各 1 例)。除 3 例难治复发患者外, 其余 10 例患者为一线进行自体造血干细胞移植。1 例 PBL 分期为 I 期低危组, 其余患者均为 III-IV 期高危组。移植前 1 例患者病情处于进展状态、1 例患者为部分缓解, 其余患者均经过化疗达到完全缓解。所有患者均采用 PEG-G-CSF 进行自体造血干细胞动员, CD34+ 细胞数均 $>2 \times 10^6/\text{Kg}$ 。移植预处理采取 BeEAM 方案, 粒细胞植入中位时间 12 天, 血小板植入中位时间 16 天, 未出现移植相关死亡。2 例移植前未达到 CR 患者均在移植后 3 个月内因疾病进展导致死亡, 其余患者随访至 2024 年 4 月 30 日仍处于疾病完全缓解状态。

结论 AIDS-NHL 患者呈侵袭性高性, 预后差, 需积极的治疗手段来提高患者的长期生存。我中心前瞻性地对 13 例 AIDS-NHL 患者进行自体造血干细胞移植, 结果显示粒细胞及血小板植入时间与普通 NHL 患者一致, 未出现移植相关死亡, 耐受性良好。移植前未达到完全缓解可能是患者早期死亡的不良因素之一。

PO-3241

猪抗淋巴细胞球蛋白加环孢素联合或不联合 TPO-RA 治疗 重型再生障碍性贫血的长期疗效和安全性: 双中心回顾性研究

徐珊、邓明扬
中南大学湘雅二医院

目的 评估猪抗淋巴细胞球蛋白加环孢素 (联合或不联合血小板生成素受体激动剂 (TPO-RA)) 治疗重型再生障碍性贫血 (SAA) 患者的长期疗效和安全性, 并分析影响血液学反应和长期疗效的因素。

方法 我们回顾性分析了 湘雅二医院在 2014 年至 2023 年期间接受 p-ALG 加 CsA 联合或不联合 TPO-RA 治疗的 85 名 SAA 患者的数据

结果 治疗后第 3 个月和 6 个月时的总体反应率分别为 55.3% 和 65.9%。TPO-RA 组在 3 个月和 6 个月时的总反应率分别为 66.7% 和 72.3%, 无 TPO-RA 组分别为 27.8% 和 55.6%。在多变量分析中, 基线血小板计数大于 $10 \times 10^9/\text{L}$ 是预测 6 个月时良好反应的有利因素 ($P = 0.015$)。所有患者的中位随访时间为 39 个月 (0.4 ~ 104 月), 5 年总生存 (OS) 率为 90.6% [95% CI = 82.1-95.2%], 无失败生存 (FFS) 率为 68.9% [95% CI = 56.6-78.4%]。6 个月内出现血液学反应是无失败生存率的独立预测因素 ($P = 0.000$)。治疗过程中有 12 名患者 (14.1%) 出现血清病, 9.5% 的患者有轻度肝功能损害。

结论 p-ALG 联合 CsA 是 SAA 患者的有效选择, 并且联合 TPO-RA 有助于 SAA 患者早期造血功能恢复

PO-3242

以血小板减少为首发临床表现的植物固醇血症成人患者的临床特征和治疗转归

胡艳洁¹、薛梅¹、Abdul Rehman Arif²、丁雅洁¹、陈文兰¹、梅恒¹、王雅丹¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 武汉大学医学院附属中南医院

目的 分析以血小板减少为首发临床表现的植物固醇血症成人患者的临床特征和治疗转归。

方法 回顾性收集 2020 年 12 月至 2023 年 12 月在华中科技大学同济医学院附属协和医院就诊的 8 例植物固醇血症成人患者的临床资料、实验室结果，总结其临床表现和遗传特点，分析外周血涂片中血小板形态特点，评估依折麦布治疗后的转归。

结果 ①8 例植物固醇血症患者中位年龄 55 (29-66) 岁，男性 2 例 (25%)，女性 6 例 (75%)。从发现血小板减少到确诊的中位病程为 10 (0.2-50) 年。②植物固醇血症患者的平均血小板体积 (MPV) 为 (16.82±1.28)fL、大血小板比例 (LPR) 为 (74.76±6.92)%，明显高于正常人和 ITP 患者 (P<0.01)；外周血涂片中平均血小板直径 (MPD) 为 (3.91±0.63) μm、直径大于 4μm 的大血小板的比例为 (45±13.15)%，亦明显高于正常人和免疫性血小板减少症 (ITP) 患者 (P<0.01)。③3 例患者在低植物固醇饮食和依折麦布治疗 6 个月后，血中谷固醇和菜油固醇含量下降、血红蛋白浓度上升、血小板计数上升、血小板体积下降。

结论 以血小板减少为首发临床表现的植物固醇血症成人患者易被误诊为 ITP 接受长时间不恰当的治疗，伴有溶血性贫血、脾脏肿大，外周血有巨大血小板和口形红细胞增多以及出现黄色瘤是诊断该病的重要线索。血常规中 MPV、LPR 明显增高，加上血涂片中直径大于 4μm 的血小板比例超过 40% 有助于该病和 ITP 相鉴别。限制饮食中植物固醇的摄入和依折麦布抑制固醇的吸收可有效降低血中植物固醇含量，改善血液系统异常。

PO-3243

以心力衰竭及高白细胞血症为首发症状的儿童嗜酸性粒细胞增多综合症 (HES) 1 例并文献复习

林慧玲、王嘉怡

广州医科大学附属妇女儿童医疗中心

目的 提高对儿童嗜酸性粒细胞增多综合征 (HES) 尤其是合并心力衰竭、高白细胞血症的认识。

方法 回顾分析 1 例儿童 HES 以心力衰竭及高白细胞血症为首发症状的病例资料，并复习相关文献，总结其临床特征及诊治经验。

结果 患儿，女，3 岁，偶见四肢皮疹，腹泻腹痛，全身浮肿、呼吸费力、尿少、气促、肝大等充血性心力衰竭症状；辅助检查：血常规示高白细胞血症、嗜酸性粒细胞计数 (AEC) 显著增多，骨髓见明显嗜酸性细胞浸润，心脏彩超提示室间隔增厚继发二尖瓣狭窄伴肺动脉高压，CT 示双肺炎症，头颅 MR 可见小血管梗塞灶形成；予 2 周糖皮质激素治疗期间，嗜酸性粒细胞明显下降，临床症状缓解，但激素减量时联合伊马替尼治疗嗜酸性粒细胞再次升高，改予羟基脲治疗，激素继续减量，后三系下降明显伴感染后再次诱发心力衰竭，停用羟基脲并重新予足量激素治疗后症状再次缓解且嗜酸性粒细胞可维持在较低水平，心内科会诊后加予卡托普利改善心脏结构治疗。出院后继续予足量激素治疗 1 月后逐渐减量至今，EOS 计数维持在低水平，症状无反复。

结论 HES 患儿伴心力衰竭及高白细胞血症十分罕见且死亡风险高，早期使用足量糖皮质激素可缓解症状；监测 AEC、心脏专科医生早期介入及预防感染为心血管受累 HES 儿童疾病管理关键；

伊马替尼在融合基因 FIP1L1-PDGFR α 阴性的 HES 患儿中治疗效果不理想，与文献报道相符。

PO-3244

基于炎症症状和恶性症状进行分组治疗儿童朗格汉斯细胞组织细胞增多症的初步研究

林慧玲、王嘉怡
广州医科大学附属妇女儿童医疗中心

目的 朗格汉斯细胞组织细胞增多症 (LCH) 多系统 (MS) 受累尤其是有危险器官 (RO) 的患儿，在国际经典的 LCH III 或 JLSG-96 方案治疗下，其 CR 率偏低约为 50-60%，其 EFS 分别为 42%、70%；其晚期后遗症的发生率高。多年来，我们观察到有不同临床症状的 LCH 患者对不同药物的反应不同，这表明目前仅基于所涉及器官数量的分组策略可能存在不足。组织病理学上，LCH 表现出炎症和恶性特征的双重性，世界卫生组织 (WHO) 在 2021 年将 LCH 重新归类为一种炎症性髓系肿瘤疾病，这表明该疾病是复杂和多面的。因此本研究创新性地将 LCH 儿童患者分为炎症性症状组和恶性症状组，并对不同的组给予不同强度的治疗方案。其旨在根据 LCH 的症状表现，探索一种更合适的患者分组系统，并探讨不同组治疗策略的临床结果。

方法 将我中心 2017 年 3 月至 2021 年 5 月期间诊断了 LCH 患儿根据临床表现分为 A 组 (仅炎症症状) 和 B 组 (炎症症状伴或不伴有恶性症状)。A 组和 B 组患儿最初分别接受长春地辛 (VDS) 和甲基泼尼松龙 (PSL)、VDS、PSL、吡阿柔比星 (THP) 和环磷酰胺 (CTX) 的诱导治疗。所有患者在诱导治疗 6 周后评估治疗反应，标准为疾病状态和症状的临床评分。

结果 符合本研究共 37 例患儿，随访时间 21.34 至 71.47 个月，32 例在初诊时进行了病灶的 BRAF 免疫组化检测 (阳性率为 62.5%)。其中 A 组 18 例，B 组 19 例；两组患者的男性患者均多于女性 (分别为 11:7 和 10:9)；A 组和 B 组的发病中位年龄分别为 3.3 岁和 1.0 岁；A 组治疗前和治疗后评分分别为 1.22 ± 0.547 和 0.00 ± 0.00 ，B 组为 14.79 ± 1.686 和 1.00 ± 1.563 。6 周诱导治疗后均无疾病进展 (Progressive)，均可顺利进入维持治疗。两组患者的 4 年总生存率 (OS) 均为 100%，A 组患者的 4 年无事件生存率 (EFS) 分别为 94.4%，B 组患者为 89.5%。A 组无明显不良事件 (AE)，而 B 组主要 AE 为脱发和非致死性血液毒性。随访时 A 组有 1 例患儿出现尿崩，B 组有 2 例，发病时间分别为 4.54 个月、18.64 个月和 20.25 个月。

结论 该研究提出了一种新的分组系统和相应的治疗方案，这是基于 HS 和 JLSG 的 LCH 方案的创新探索。这项研究不仅简化了 LCH 分组系统，而且在我中心试点研究中取得了良好的临床效果。未来需要建立更大规模的验证队列来评估这种新型 LCH 治疗分层方法的有效性。

PO-3245

Monoclonal gammopathy of undetermined significance related Hemophagocytic lymphohistiocytosis: a case report and literature review

Xiaona Zheng, Tingting Liu
Department of Hematology, Renji Hospital, School of Medicine, Shanghai Jiaotong University

Objective To describe the clinical features in case of hemophagocytic lymphohistiocytosis associated with monoclonal gammopathy of undetermined significance, which may improve clinicians' understanding of HLH and MGUS and help reduce misdiagnoses and missed diagnoses.

Methods Case presentation

Results A 65-year-old man presented to this hospital with fever for a month.

One month before the current presentation, he felt fatigue with ecchymosis on the skin. A few days later, he began to have fevers with a temperature of up to 39.5°C. He reported no headache, cough, dysuria, stomachache, arthrodynia or significant weight loss in recent months. The patient was in good health and had no special medication. Laboratory investigations revealed a white blood cell of $0.32 \times 10^9/L$ (reference (ref), $3.5-9.5 \times 10^9/L$), cell platelet of $21 \times 10^9/L$ (ref, $125-350 \times 10^9/L$), hemoglobin of 74g/L (ref, 130-175g/L), C reactive protein of 158mg/L (ref, 0-8mg/L), ferroprotein of 1329.1ng/ml (ref, 11-306.8ng/ml). Computed tomography (CT) imaging of his chest showed no significance lesions in both lungs. Hemophagocytosis was seen on a bone marrow smear, but there was no evidence of hematologic malignancy in bone marrow aspirate. The overall findings of fever, depletion of two lineages of peripheral blood, elevated ferritin and hemophagocytosis in bone marrow were most consistent with a diagnosis of hemophagocytic syndrome. Therefore, the patient received dexamethasone and cyclosporine for about two weeks, after which his body temperature returned to normal, but the depletion of three lineages of peripheral blood was of no significant improvement, even exacerbated. So, he presented to this hospital.

On admission to this hospital, his physical examination results were as follows: body temperature, 36.8°C; pulse, 80 per minute; blood pressure, 148/78 mmHg; and respiratory rate, 19 breaths per minute. Lung auscultation revealed coarse breath sound in both lungs. Before Laboratory tests showed anemia (70g/L, [ref, 130-175g/L]), thrombocytopenia ($7 \times 10^9/L$, [ref, $125-350 \times 10^9/L$]), hypofibrinogenemia (1.52g/L, [ref, 2.00-4.00g/L]), high ferritin (705.2ng/ml, [ref, 23.9-336.2ng/ml]), high sCD25 (4232.623pg/ml, [ref, 20-600pg/ml]), M-proteinemia (28.8%, [ref, $\leq 5\%$]), positive result of immunofixation electrophoresis (IgG-LAMBDA). Other parameters were shown in Table 1. The result of bone marrow aspirate showed active proliferation of bone marrow cells, and no increased blast cells or abnormal cells. Computed tomography (CT) imaging of his head, chest and abdomen were approximately normal. Dexamethasone and cyclosporine were administered to control hemophagocytic symptoms, and anti-infective treatment were given to the patient at the same time. However, the reduction of peripheral blood three lineages was not obvious relieved and the level of M protein increased progressively. For the reason of leukopenia, he was infected with influenza B virus, cytomegalovirus, and Klebsiella pneumoniae one after another, for which he got recurrent fevers. At last, the patient died of respiratory failure at day 35 after arriving this hospital.

Conclusion This is the first case report describing the clinical features in HLH associated with MGUS. There needs further investigation about the relationship between HLH and MGUS.

PO-3246

EB 病毒相关噬血细胞综合征 45 例临床分析

田文亮

郑州大学第一附属医院

目的 探讨 EB 病毒相关噬血细胞综合征 (EBV-HLH) 的临床特征及预后。

方法 对 2018 年 10 月至 2023 年 12 月间确诊为 EBV-HLH 患者的年龄分布、临床表现、实验室检查、治疗方案及临床转归进行回顾性分析。

结果 45 例 EBV-HLH 患者中男 25 例, 女 20 例, 中位年龄 22.79 岁 (10 月~79 岁)。其中 1-10 岁年龄段 22 例, 11-30 岁年龄段 8 例, 31-40 岁年龄段 1 例, 41-60 岁年龄段 9 例, 61 岁以上年龄段 5 例。EBV-HLH 的主要临床表现以发热 (100.0%, 45 / 45)、脾大 (77.8%, 35/45) 最为常见。45 例 EBV-HLH 患者治疗 8 周内, 20 例临床有效, 7 例达到临床缓解。患者 1、3、12 个月总生存率分别为 77.8%、66.7%、60.0%。患病 1 月内死亡的患者的 EB 病毒定量为 $1.85 \times 10^3-5.46 \times 10^7$ (中位数值 2.98×10^5 , 加上 5.46×10^7 的为 5.73×10^6) ; 患病 3 月内死亡的患者的

EB 病毒定量为 2.19×10^4 - 3.45×10^6 (中位数值 9.05×10^5)；患病 3-12 月内死亡的患者的 EB 病毒定量为 7.12×10^2 - 2.27×10^7 (中位数值 1.49×10^6)，8 周内 PR 的患者的 EB 病毒定量为 1.97×10^3 - 3.06×10^6 (中位数值 6.58×10^5)，8 周内 CR 的患者的 EB 病毒定量为 7.12×10^2 - 2.77×10^7 (中位数值 8.34×10^5 ，加上 2.77×10^7 的为 2.18×10^6)。

结论 EBV-HLH 患者的年生存率为 60%。与其他类型的 HLH 患者相比，EBV-HLH 的预后相对较差。

PO-3247

血管性血友病患者接受重组血管性血友病因子按需治疗和围术期治疗的医疗资源利用情况：一项欧洲病历回顾性研究结果

Shawn X Sun¹、Shannely Lowndes²、Rosa Willock³、Cheryl Jones³、Sarah Brighton³

1. Takeda Development Center Americas, Inc., Cambridge, MA, USA

2. Takeda Pharmaceuticals International AG

3. HCD Economics

目的 评估患者接受重组血管性血友病因子 (rVWF) 按需治疗 (OD) 或围术期治疗的医疗资源利用 (HRU)。

方法 这项观察性、回顾性研究包含 6 个欧洲国家的先天性血管性血友病 (VWD) 或症状性低 VWF 水平 (30-50%，VWF 抗原检测) 成人患者 (年龄：≥18 岁)。入组患者需接受过 rVWF OD ≥1 次自发性/创伤性出血和/或预防/治疗手术相关出血 (首次 rVWF 给药日期：2019 年 01 月 01 日-2020 年 10 月 31 日)。排除标准：在 rVWF 首次给药前 12 个月或给药后 (3-12 个月；从给药至死亡、失访或研究结束) 出现其他出血性疾病或因因子缺乏 (包括获得性血管性血友病综合征)、VWF 中和抗体，以及间歇性/长期血浆来源的 VWF 或 rVWF 预防。从病历中收集 VWD 相关的 HRU 数据 (包括住院率、住院时长、门诊就诊和实验室检查)。获得患者知情同意书 (如适用) 和伦理批准。在此报告接受 rVWF 治疗的患者的 HRU。

结果 来自 13 个研究中心的 82 例患者记录了 HRU 数据，53 例为女性，平均年龄为 47.7 ± 16.5 岁，大多数患者患有 1 型 (n=31) 或 2 型 (n=42) VWD。62% 和 39% 接受 rVWF 治疗自发性/创伤性出血的患者，以及 75% 和 26% 接受 rVWF 预防/治疗手术出血的患者需要住院和门诊就诊。

结论 这些数据首次呈现了接受 rVWF 治疗自发性/创伤性出血或预防/治疗手术出血的 VWD 患者在真实世界中的 HRU 情况，可用于支持进一步研究，为未来决策提供 HRU 预估。

PO-3248

奥布替尼治疗复发难治性特发性多中心型 Castleman 病：一项单中心回顾性分析

高雨菡、李思源、党悦、段明辉、李剑、张路

中国医学科学院 北京协和医院 血液内科

目的 特发性多中心型 Castleman 病 (iMCD) 是一种罕见的慢性淋巴增殖性疾病。复发及难治病例 (r/r iMCD) 的治疗选择非常有限。本研究旨在探讨口服奥布替尼治疗 r/r iMCD 的疗效和安全性。

方法 回顾性分析 2021 年至 2022 年间在北京协和医院接受奥布替尼治疗且治疗时间超过 3 个月的 r/r iMCD 患者的临床数据。临床缓解定义为在症状和生化指标两方面均达到部分缓解及以上标准 (参考国际 Castleman 病协作组疗效评估标准)。复发指既往治疗达缓解后再次出现疾病进展，难治则指前线治疗未曾达到过缓解。

结果 研究共纳入 10 名患者，中位年龄为 48 (31-58) 岁，男女比例为 1:1。其中，4 例为难治性，6 例为复发性。患者平均接受 2 线前线治疗 (1-5 线)。4 例患者接受奥布替尼单药治疗，6 例接受奥布替尼联合沙利度胺和地塞米松治疗。10 例患者中，7 例达到临床缓解 (2 例为完全缓解)，到达缓解的中位时间 9.8 个月 (5.9-20.5 个月)；3 例使用奥布替尼期间未达缓解 (2 例疾病稳定；1 例疾病进展)。至最佳疗效时，7 例缓解患者中位血红蛋白从 104 (98-138) g/L 升高至 122 (115-142) g/L ($P=0.012$)，中位 C 反应蛋白从 67.3 (18.9-122.6) mg/L 降低至 19.5 (6.0-55.5) mg/L ($P=0.002$)，白蛋白从 38 (26-45) g/L 升高至 43 (39-46) g/L ($P=0.057$)。从开始奥布替尼治疗至本研究随访结束的中位时间为 34 个月，期间无患者死亡或发生 3 级以上不良事件。

结论 奥布替尼可能是适用于 r/r iMCD 患者的一种方便、有效且安全的治疗选择。

PO-3249

Daratumumab for a Patient Suffering Proliferative Glomerulonephritis with Monoclonal Immunoglobulin Deposits (PGNMIDs)

JUN DU¹, Jue Wang², Dan Xiao¹, Jia Liu¹, Lu Zhong¹

1. Department of Hematology, Renji Hospital, School of Medicine, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai, 200127, China

2. Department of Clinical Medicine, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, 200025, China

Objective Proliferative glomerulonephritis with monoclonal immunoglobulin deposits (PGNMID) is a chronic glomerular disease caused by monoclonal gammopathy. PGNMID is a special subtype of monoclonal gammopathy of renal significance (MGRS), which has a lower detection rate of circulating clones compared with other MGRS and is thus easily missed and misdiagnosed in clinical examination. The current treatment strategy for PGNMID differs by etiology. PGNMID caused by hematologic malignancy or other illnesses can be managed by treating primary diseases, while the treatment for MGRS-related PGNMID, which accounts for most cases, is yet empirical and precise management remains unclear. Since Daratumumab has been proven effective in the treatment of plasma cell myeloma while its effect on PGNMID has rarely been reported, we record a case of a patient who was diagnosed with PGNMID and recovered following Daratumumab combination therapy (D-VCd regimen), aiming to provide practical information in the utility of Dara on PGNMID.

Methods A Daratumumab combination therapy (D-VCd regimen) was adopted to treat a patient diagnosed with PGNMID with glomerular deposits mainly composed of κ -light chain (κ -light chain restricted PGNMID). The regimen specifically includes Daratumumab 16mg/kg d1+ Cyclophosphamide 0.3g/m² d1+ Bortezomib 1.7mg/m² d1+ Dexamethasone 20mg d1-d2 qw, with a fixed course in Dara use of once a week for the first eight weeks, and every other week for the next 16 weeks.

Results The utility of D-VCd regimen showed a favorable effect in this patient. After this fixed course, the patient's clinical symptoms, laboratory parameters, and neoplastic plasma cell clonality all restored to normal range, with no obvious disease progression observed throughout the treatment course. Meanwhile, the eGFR-EPI Cr of the patient remained within normal range, confirming the stabilization of renal function and safety profile of this regimen.

Conclusion This case underscored the utility of Dara in the treatment of PGNMID and achieved a valid effect. According to the anti-tumor mechanisms of Dara, it's inferred that Dara displays efficacious effects primarily through targeting tumor clonality. To be noticed, Dara combination therapy should be used with caution, the fixed treatment course of Dara and dose customization are vital in protecting renal function and reducing toxic adverse effects. Though there have been studies establishing Dara demonstrated a respectful safety profile and resulted in a substantial

reduction in proteinuria while maintaining stable kidney function in patients with PGNMID, data on the use of Dara in PGNMIDs is still currently so limited that clinical trials are urgently needed.

PO-3250

安佳因® (SCT800) 在中、重型血友病 A 患者中的实际治疗效果的评估：来自 SURPASS 真实世界研究的中期分析

薛峰¹、雷平冲²、练诗梅³、贾明峰⁴、周荣富⁵、党惠兵⁶、蔡力生⁷、胡群⁸、王丽昕⁹、王海英¹⁰、孙竞¹¹、闫振宇¹²、索晓慧¹³、郭杨¹⁴、谢炳寿¹⁵、杨丽华¹⁶、杨岩¹⁷、杨仁池¹

1. 中国医学科学院血液病医院
2. 河南省人民医院
3. 大连市中心医院
4. 兰州大学第一医院
5. 南京大学医学院附属鼓楼医院
6. 南阳医学高等专科学校第一附属医院
7. 深圳第二人民医院
8. 华中科技大学同济医学院附属同济医院
9. 晋中市第一人民医院
10. 潍坊医学院附属医院
11. 南方医科大学南方医院
12. 华北理工大学附属医院
13. 邯郸市中心医院
14. 北京大学人民医院
15. 温州市人民医院
16. 达州市中心医院
17. 吉林大学第一医院

目的 评估安佳因® (SCT800) 在中国中、重型血友病 A 患者中的实际应用的临床效果

方法 SURPASS 研究是一项为期 12 个月的前瞻性、非干预性、多中心分析，涵盖了中国 17 个中心 (ChiCTR2100052152)。在获得相关伦理委员会的批准后，研究纳入在入组时或之前被处方安佳因进行预防性治疗的血友病 A 患者。数据收集包括基线特征、安佳因初始处方详情，入组后出治疗及出血情况，以及入组前三个月的回顾性数据等。

结果 中期分析纳入了 295 名患者的数据，其中包括 15 名儿童和 56 名青少年。在使用安佳因之前，45.7% 的患者接受按需治疗，其余的患者则进行了不规律或低剂量的预防性治疗。转用安佳因后，所有患者均被处方使用安佳因进行规律的预防性治疗。在观察的 29029 个暴露日中，未检测到抑制物。研究主要发现包括：

- 所有年龄组的年化出血率 (ABR) 中位数降至 0.98，与之前的治疗相比，估计的平均 ABR 减少了 86%。
- 年化关节出血率 (AJBR) 中位数为 0，表明关节保护效果显著。
- 在超过 95.6% 的出血事件中，止血效果被评为“优秀”或“良好”。
- 根据 EQ-5D-3L 健康调查，整体健康状态在 24 周和 52 周时分别增加了 5.1 和 7.6 分，显示健康状况的改善。

结论 SURPASS 研究的中期数据证实了安佳因的有效性和安全性，与之前的三期临床试验结果相一致。该治疗的引入解决了中国血友病 A 患者对可负担且有效的预防性治疗的迫切需求，并可能对中国及其他发展中国家的更广泛采用产生影响。

PO-3251

成人噬血细胞综合征的临床特征和病因预测模型

傅煜旻、沈建箴
福建医科大学附属协和医院

目的 探讨噬血细胞综合征的临床特征，并构建 HLH 合并血液系统疾病的风险预测模型。

方法 本研究收集了 2011.01.01-2022.12.31 期间就诊福建医科大学附属协和医院共 230 例 HLH 患者的临床资料。并通过 Lasso 回归、Logistic 回归、Nomogram 构建 HLH 合并血液系统疾病的风险预测模型，ROC 曲线及校准曲线评价其性能。

结果 1.HLH 患者存在不同程度的血液系统、内分泌系统、肝脏系统、肾脏系统等多系统损害。

2.在 230 例 HLH 中以淋巴瘤 (n=102,44%) 和感染 (n=63,27%) 为最主要触发因素，55 例 (23.91%) 患者未明确 HLH 病因。

3.LAHS 和感染相关 HLH、B-LAHS 和 T-LAHS 在涉及各个系统的临床指标存在统计学差异 (P<0.05)。

4.通过 Lasso 回归和 Logistic 单因素及多因素回归分析，最后纳入中性粒细胞百分比、谷丙转氨酶、碱性磷酸酶、D-二聚体共 4 个指标构建 Nomogram 预测模型；ROC 曲线的 AUC=0.791，校准曲线图提示模型预测概率与实际概率一致性良好。

结论 1.HLH 有其特征性的临床表现，常累及多个系统。LAHS 和感染相关 HLH、B-LAHS 和 T-LAHS 存在不同的临床特征。

2.本研究构建的 HLH 合并血液系统疾病的风险预测模型性能良好，具有临床适用性。

PO-3252

免疫靶向治疗组织细胞肉瘤合并滤泡性淋巴瘤 1 例

张旻玥、肖菲、方建晨、刘泽兵、沈艳莹、朱迪、张义炜、侯健、黄洪晖
上海交通大学医学院附属仁济医院

目的 组织细胞肉瘤(histiocytic sarcoma, HS)是一种罕见的淋巴造血系统肿瘤，具有高度侵袭性，目前尚无有效的治疗方法,预后较差，中位生存期仅 6 个月。少数 HS 患者同时合并恶性淋巴瘤。我科近期收治 1 例 HS 合并滤泡性淋巴瘤 (FL) 患者，接受了免疫靶向治疗、联合化疗和局部放疗，疾病得到控制，患者生存期显著延长。现将该例患者诊治经过报道如下，并结合国内外文献进行复习，以提高临床医生对本病的认识

方法 病例回顾：女性，58 岁，患者于入院前 1 年外院体检行 B 超检查提示后腹膜淋巴结肿大，当时未予重视。入院前 10 天无明显诱因下突发中上腹部疼痛，伴发热。在我院急诊就诊，行腹部增强 CT 提示胰体下方系膜区占位及腹腔多发淋巴结肿大。患者于 2021 年 9 月入院，完善 PET-CT 检查，提示全身多区域肿大淋巴结伴 FDG 代谢增高。通过对腹膜后淋巴结病灶活检，病理诊断为组织细胞肉瘤合并滤泡性淋巴瘤，免疫组化提示肿瘤细胞表达 CD38 和 PD-L1，二代测序提示 KRAS 基因突变。骨髓流式细胞学检查提示滤泡性淋巴瘤累及骨髓。

结果 患者于 2021 年 10 月起行 CHOP 方案化疗（环磷酰胺，表阿霉素，长春地辛，泼尼松），1 疗程后复查腹部 CT 提示腹腔淋巴结病灶较前增大、增多，疗效评估为疾病进展 (PD)。故更改化疗方案为 IEDD-HDMTX (异环磷酰胺，依托泊苷，脂质体阿霉素，地塞米松，大剂量甲氨蝶呤) 方案。2 疗程后疗效评估为疾病稳定 (SD)。2021 年 12 月调整方案为抗 CD38 单抗达雷妥尤单抗、酪氨酸激酶抑制剂培唑帕尼联合 GDP (吉西他滨，顺铂，地塞米松) 化疗，5 疗程后疗效评估，淋巴结病灶最长直径之和 (SPD) 较治疗前下降 50%，评估疗效部分缓解 (PR)，随后行左侧颈部、腹腔螺旋断层局部放疗，2022 年 10 月予替雷利珠单抗维持治疗至今。经治疗后肿大的淋巴结

显著缩小，迄今仍维持缓解状态，患者缓解持续时间（DOR）达 22 个月，总生存期（OS）达 32 个月。

结论 组织细胞肉瘤合并恶性淋巴瘤是一种罕见的血液系统恶性肿瘤，目前尚无标准治疗方法，对传统的化疗效果欠佳，但基于分子病理检测的多靶点免疫靶向治疗可能是组织细胞肉瘤有效的治疗方法。

PO-3253

PIG-A 敲除后骨髓细胞锚定蛋白表型不同的产生机制及药物预测

张力中¹、杨雷¹、卢学春^{2,3}

1. 山西医科大学基础医学院
2. 解放军总医院第二医学中心血液病科
3. 国家老年疾病临床医学研究中心

目的 阵发性睡眠性血红蛋白尿症（PNH）是一种获得性溶血性疾病。PNH 病因复杂，基因型与表型的一致性不高，目前临床上对于 PNH 缺乏多病因多靶点靶向治疗。补体抗体如依库珠单抗也仅仅是针对病理而非病因治疗，且对 C5 基因突变患者无效。本文通过对小鼠 PIG-A 敲除后 PNH 锚定蛋白缺失与未缺失的转录组数据进行分析并进行药物预测，获得治疗 PNH 的药物。

方法 通过对多个数据库（TCGA、GEO、GTEX、SEER）的评估，最终选择 GEO 数据库中检索相关数据集，以“PNH AND GPI”为检索式，以各分型样本至少拥有三个生物学重复；具有正常对照作为纳入排除标准。最终选择 GSE14561 数据集，随后对数据集进行差异表达分析，得到 1910 个差异基因，进行 GO、KEGG 富集分析，分别得到基因的主要富集通路 mitotic cell cycle phase Transition 和 Cell cycle。对差异表达基因进行 PPI 网络分析，获得十二个核心基因（KIF11、NCAPG、CDK1、MAD2L1、TOP2A、CCNA2、AURKA、CCNB2、TPX2、CDCA8、NDC80、AURKB、CDC20），其中 CDK1、CCNA2、CCNB2、CDCA8 和 CDC20 与细胞分裂周期有关，最后在 pandrugs 数据库中输入核心基因，进行药物预测，得到的药物多与肿瘤治疗相关，暗示可通过抑制干细胞生长优势治疗 PNH。

结果 在 pandrugs 数据库中，输入这十二个核心基因，得到包括恩曲替尼、帕唑帕尼、索拉非尼、厄洛替尼、拉帕替尼、凡德他尼和鲁卡帕利在内药物，这些药物目前已经被批准用于部分肿瘤的靶向治疗，且 DScore 和 GScore 分别大于 0.8 和 0.2，是比较理想的抑制生长优势的药物。

结论 PNH 患者锚定蛋白缺失可以导致 PNH 患者体内的 PNH 造血干细胞表现出生长优势，因此锚定蛋白缺失的机制可能与这种生长优势有关，药物预测得到的恩曲替尼、帕唑帕尼、索拉非尼、厄洛替尼、拉帕替尼、凡德他尼和鲁卡帕利是抑制生长优势的药物，可能逆转这一结果，从而用于 PNH 的疾病治疗。

PO-3254

Successful treatment of thrombotic thrombocytopenic purpura with rituximab: Five case reports

Menghan Yang
血液内科

Objective Thrombotic thrombocytopenic purpura (TTP) is an acute and severe clinical disease involving multiple organs of the body caused by a severe deficiency of the specific von Willebrand factor (VWF) lytic protease ADAMTS13. At present, TTP therapy is mainly based on plasma

exchange and glucocorticoid therapy, but its efficacy is not ideal and has transitioned to combined rituximab therapy. This study aimed to review the role of rituximab in the treatment of TTP.

Methods We selected five confirmed cases of TTP treated at the Second Affiliated Hospital of Anhui Medical University between October 2019 and January 2024. The ADAMTS13 activity of all patients was less than 5%. Combined with other clinical manifestations and laboratory parameters, TTP was diagnosed. The patients were treated with rituximab (375 mg/m², once weekly, four times) in addition to plasma exchange and glucocorticoid therapy.

Results After the addition of rituximab, all patients gradually recovered, and the disease was relieved.

Conclusion Because five patients failed to reach normal levels of platelets and other laboratory parameters and met the criteria for refractory TTP, rituximab therapy was added. All the patients achieved remission after rituximab treatment. Rituximab has been suggested to improve its efficacy and can be used in clinical treatment.

PO-3255

A novel prognostic model based on pretreatment serum albumin and ECOG PS for primary CNS lymphoma: an international, multi-center study

Li Wei¹, Yuting Gao², Katharina Theresa Prochazka³, Rongqiu Liu², Liang Wang⁴, Boyang Liu⁵, Yingzhi He⁶, Luca Bertero⁷, Alessia Pellerino⁸, Paola Cassoni⁷, Luca Tamagnone^{9,10}, Alexander J. Deutsch³, Huien Zhan¹¹, Jing Lai¹¹, Seok Jin Kim¹², Hua You²

1. NHC Key Laboratory of Birth Defects and Reproductive Health, Chongqing Population and Family Planning Science and Technology Research Institute
2. Children's Hospital of Chongqing Medical University
3. Medical University of Graz
4. Beijing Tongren Hospital, Capital Medical University
5. Guangdong Provincial Key Laboratory On Brain Function Repair and Regeneration, The Neurosurgery Institute of Guangdong Province, Zhujiang Hospital, Southern Medical University
6. Zhujiang Hospital of Southern Medical University
7. University of Turin
8. University and City of Health and Science Hospital
9. Università Cattolica del Sacro Cuore
10. Fondazione Policlinico Universitario "A. Gemelli"- IRCCS
11. The First Affiliated Hospital of Jinan University
12. Samsung Medical Center, Sungkyunkwan University School of Medicine

Objective Serum albumin has been demonstrated as prognostic parameter in non-Hodgkin lymphoma (NHL). Primary central nervous system lymphoma (PCNSL) is a rare extranodal NHL with highly aggressive behavior. In this study, we aimed at creating a novel prognostic model for PCNSL based on serum albumin levels.

Methods We compared several commonly used laboratory nutritional parameters for predicting the survival of PCNSL patients using overall survival (OS) for outcome analysis and receiver operating characteristic curve analysis to determine the optimal cut-of values. Parameters associated with OS were evaluated by univariate and multivariate analyses. Independent prognostic parameters for OS were selected for risk stratification, including albumin \leq 4.1 g/dL, ECOG PS $>$ 1, and LLR $>$ 166.8, which were associated with shorter OS; albumin $>$ 4.1 g/dL, ECOG PS 0–1 and LLR \leq 166.8, which were associated with longer OS, and five-fold cross-validation was used for evaluating predictive accuracy of identified prognostic model.

Results By univariate analysis, age, ECOG PS, MSKCC score, Lactate dehydrogenase-to-lymphocyte ratio (LLR), total protein, albumin, hemoglobin, and albumin to globulin ratio (AGR) resulted statistically associated with the OS of PCNSL. By multivariate analysis, albumin \leq

4.1 g/dL, ECOG PS > 1, and LLR > 166.8 were confirmed to be significant predictors of inferior OS. We explored several PCNSL prognostic models based on albumin, ECOG PS and LLR with 1 point assigned to each parameter. Eventually, a novel and effective PCNSL prognostic model based on albumin and ECOG PS successfully classified patients into three risk groups with 5-year survival rates of 47.5%, 36.9%, and 11.9%, respectively.

Conclusion The novel two-factor prognostic model based on albumin and ECOG PS we propose represents a simple but significant prognostic tool for assessing newly diagnosed patients with PCNSL.

PO-3256

胰腺体尾、脾脏滤泡树突状细胞肉瘤一例并文献分析

黄敏

遵义医科大学附属医院

目的 滤泡树突状细胞肉瘤 (follicular dendritic cell sarcoma, FDCS) 多发生于颈区和腋窝淋巴结, 少数发生在脾和胃肠道等淋巴结以外部位, 是一种罕见的恶性肿瘤, 临床上对此疾病缺乏充分认识, 易造成漏诊。现报道本病例, 以期提高临床医生对该病的认识。

方法 回顾性分析我院收治的一例 FDCS 的诊疗过程, 并进行文献复习。

结果 67 岁女患, 因“左上腹部疼痛 4 天”于 2022 年 7 月 28 日就诊于我院, 4 天前无明显诱因出现左上腹部疼痛, 呈间歇性, 偶伴恶心, 无呕吐, 查体: 左上腹压痛明显, 余腹无明显压痛, 无反跳痛及肌紧张。入院肝胆胰 MRI 水成像 (MRCP): 胰尾部区囊实性占位性病变, 与周围胃壁、肠道分界不清; 上腹部 CT: 胰尾部区-胃大弯侧间囊实性肿瘤性病变, 其上方胃低周围囊性为主病灶 (囊变或液化坏死区域), 综合考虑 1、胃肠道间质瘤, 2、胰腺神经内分泌肿瘤。2022 年 8 月 15 日局麻下行腹腔病损穿刺活检, 术后病理报告: (腹腔) 穿刺组织, 肿瘤细胞小圆形, 胞浆内可见嗜酸性颗粒, 核深染, 可见核分裂像, 免疫组化示: CK(-), CD45(+), CD20(-), CD3(-), CD43(+), MPO(+), CD117(-), CD138(-), CD10(-), CD34(-), CD15(-), CD163(-), CD68(-), Ki-67(40%, +)。初步考虑髓系肉瘤, 完善骨髓穿刺及流式细胞学检查均未见明显异常。为进一步明确诊断, 于 2022 年 9 月 2 日行开放性胰腺体尾切除+全脾切除术+胃修补术, 术后病理报告: (胰腺体尾包块+脾脏) 滤泡树突状细胞肉瘤, 免疫组化结果: CD117(-), CD138(-), CD20(-), CD3(-), CD34(-), CD43(+), CK(-), CD5(-), Ki-67(50%, +), LCA(弱+), MPO(+). 明确诊断为 FDCS。术后采用 CHOP 化疗方案, 化疗结束后出院。

结论 结外 FDCS 临床更为少见, 且缺乏特征性表现, 仅通过体格检查及影像学检查常无法确诊, 病理学检查及免疫组织化学检查联合检测可提高诊断率。

PO-3257

轻-重链淀粉样变性一例

张霞、谢新生、王芳、姜中兴

郑州大学第一附属医院

目的 探讨轻-重链淀粉样变性的临床特点、诊断及治疗。

方法 回顾郑州大学第一附属医院收治的 1 例老年男性轻-重链淀粉样变性患者的临床资料, 明确本病的临床特点、诊断及治疗方案。

结果 本病为老年患者, 临床表现为大量蛋白尿、低蛋白血症的肾病综合征, 未见镜下血尿, 肌钙蛋白升高、BNP 指标升高, 血免疫固定电泳为 IgG kappa 型伴 Lambda 轻链型, 尿免疫固定电泳

为阳性，且为完整的免疫球蛋白。肾脏穿刺活检病理为刚果红染色阳性物质沉积于肾小球、血管壁及少量肾间质，免疫荧光肾淀粉样变性分型考虑轻-重链型淀粉样变性，IgG4 Lambda，心肌磁共振考虑心肌淀粉样变性，骨髓中浆细胞比例 1%，流式细胞学提示为异常克隆性浆细胞。治疗方案为达雷妥尤单抗联合 VCD 周方案化疗 1 疗程后复查免疫固定电泳、血清蛋白电泳指标达到 VGPR。
结论 轻-重链淀粉样变性罕见，预后有待累积病例进一步观察。

PO-3258

2 例 ELANE 基因自发突变致先天性粒细胞减少症患者的临床分析及文献复习

孙燕、王绪栋、罗荣华

泰安市中心医院（青岛大学附属泰安市中心医院、泰山医养中心）

目的 报道我院 2 例 ELANE 基因自发突变导致先天性粒细胞减少症(congenital neutropenia, CN)患儿的临床资料，以期引起临床重视。

方法 回顾性分析我院 2 例 ELANE 自发突变引起先天性粒细胞减少的临床资料，并行文献复习。

结果 病例 1：患儿，男，3 岁 9 月，因反复口腔溃疡及粒细胞缺乏 2 年余入院。中性粒细胞最低 $0.04 \times 10^9/L$ ，骨髓涂片示粒系成熟障碍，骨髓染色体核型分析未见异常。入院后经抗感染及粒细胞集落刺激因子(granulocyte colony-stimulating factor, G-CSF)治疗后，感染可控制，粒细胞可上升；基因检测显示：ELANE 基因存在 1 个杂合突变，突变位于 chr19-855658 外显子 exon4，具体核苷酸变化为 c.461T>G，导致氨基酸改变 p.M154R，为错义突变，家系验证阴性，为自发突变，确诊为重型先天性粒细胞减少症。家长拒绝行造血干细胞移植，目前使用小剂量 G-CSF 治疗中，目前未恶性转化。病例 2：患儿，女，15 岁，患儿自 8 月龄因发热发现中性粒细胞缺乏，既往曾反复感染，此次因咳嗽 10 余天，发热 2 天入院。该患儿中性粒细胞缺乏呈周期性改变。查体发现明显牙龈萎缩，伴部分牙齿脱落。骨髓细胞学检查：骨髓增生活跃，粒系增生，部分粒细胞浆中见多少不一的粗大紫红色颗粒，可见双核粒细胞。2020 年行基因监测显示该患儿携带 ELANE 基因的 Intron4 c.597+5G>A 致病变异，可导致常染色体显性遗传的周期性粒细胞减少症，该患儿父母家系验证阴性，为 ELANE 基因的自发突变。该患儿粒细胞缺乏期行 G-CSF 治疗，因患儿牙齿脱落、牙龈萎缩及反复感染，家长拟行异基因造血干细胞移植治疗。

结论 CN 患儿最常见的临床表现为发病较早的反复感染，外周血中性粒细胞明显减少，易漏诊，必要时可完善相关基因监测明确诊断。ELANE 基因是引起 CN 最常见的基因突变，突变位点不同，可引起不同的临床表型。G-CSF 是目前一线的治疗方案，造血干细胞移植是目前唯一根治 CN 的手段，基因治疗正在研究中。

PO-3259

伴浆细胞样树突状细胞增生的类似早期前体 T 急性淋巴细胞白血病 1 例报道并文献复习

韩炯萍¹、封蔚莹¹、李丹¹、罗洪强¹、陈哲¹、冯一²、黄昕³、金洁⁴

1. 绍兴市人民医院血液内科

2. 绍兴市人民医院检验科

3. 浙江大学医学院附属第一医院血液科&血液学研究所

4. 浙江大学附属第一医院血液科

目的 探讨伴浆细胞样树突状细胞增生的类似早期前体 T 急性淋巴细胞白血病 (near early T cell

precursor-acute lymphoblastic leukemia, near ETP-ALL) 的临床和实验室特征。

方法 回顾性分析 1 例伴浆细胞样树突状细胞增生的 near ETP-ALL 的临床表现、细胞形态学、免疫表型及基因突变，并复习相关文献。

结果 患者 75 岁，老年女性，乏力 2 月，血常规提示全血细胞减少入院。骨髓细胞形态学提示原幼细胞占 47.25%，一部分成簇分布占 13.75%，胞浆有明显拖尾，内见红色丝状颗粒，吞噬细胞吞噬血细胞可见；流式显示原始 T 淋巴细胞群 21.68%，浆细胞样树突状细胞群 18.32%；基因二代测序发现 DNMT3A、IDH2、KRAS、NOTCH1 突变；染色体正常核型。该例诊断为伴浆细胞样树突状细胞增生的 near ETP-ALL，目前予维奈克拉联合 HAG 方案化疗中，骨髓疗效有待评估。复习文献，near ETP-ALL 伴浆细胞样树突状细胞增生极为罕见，尚缺乏统一治疗方案。

结论 本例为首次报道伴浆细胞样树突状细胞增生的 near ETP-ALL，其潜在机制仍然未知。

PO-3260

达雷妥尤单抗联合卡非佐米及地塞米松作为诱导方案 治疗新诊断 POEMS 综合征患者中能快速达到缓解

朱慧慧、李娟
中山大学附属第一医院

目的 POEMS 综合征是一种罕见的浆细胞疾病，主要特征是多发性周围神经病和单克隆浆细胞增殖。目前的治疗方案以抗浆细胞治疗为主。

方法 本研究回顾性的分析了 2013 年 6 月 1 日至 2023 年 8 月 31 日在中山大学附属第一医院血液科确诊的 50 例新诊断的 POEMS 综合征患者。

结果 50 例患者的中位年龄为 55 岁，100% 的患者有神经系统症状，80% 的患者有器官肥大，72% 的患者有内分泌轴异常。52% 的患者有皮肤改变，58% 的患者有单克隆浆细胞。2 疗程及 4 疗程血液学总反应率 (ORR) 分别为 56.3%、56.6%，VEGF (血管内皮生长因子) ORR 分别为 42.3%、73.9%，VEGF 水平明显低于治疗前 ($P=0.005$)，Dara+KD 组在 4 个疗程结束时，血液学及 VEGF ORR 均为 100%。移植后，血液学 CR 及 VEGF CR 率均优于移植前 (16.7% vs 63.6%，41.6% vs 90.9%)。VEGF 水平明显低于移植前 ($P=0.012$)。

结论 以抗浆细胞为基础的治疗方案和 ASCT 治疗 POEMS 综合征可获得良好反应，Dara+KD 可获得快速反应。

PO-3261

达雷妥尤单抗为基础的方案治疗轻链型心脏淀粉样变性 IIIb 期 合并多发性骨髓瘤 3 例病例报道并文献复习

叶少杰、王静、柳嘉、郭慧梅、赵松颖、薛华
河北大学附属医院

目的 探索达雷妥尤单抗为基础的方案治疗新诊断轻链型心肌淀粉样变性 IIIb 期合并多发性骨髓瘤患者的疗效及安全性。

方法 收集河北大学附属医院自 2017 年 5 月至 2023 年 12 月收治的新诊断 IIIb 期 AL 患者的临床资料，共 5 例患者，其中 1 例患者应用以硼替佐米为基础的方案 1 疗程后放弃治疗，失访，1 例患者诊断后放弃治疗，失访，3 例患者均合并多发性骨髓瘤，应用以达雷妥尤单抗为基础的方案，回顾性分析其疗效及安全性并复习相关文献。

结果 2例患者应用 D-VCD 方案, 1例患者应用 D-Vd 方案, 2例患者在血液学 VGPR 后, 达到了心脏缓解, 目前持续缓解中。3例患者均出现肺部感染, 2例随着原发病缓解, 肺部感染好转。1例患者 1 疗程后疗效评价 SD, 在第 2 疗程中因心脏事件死亡。

结论 达雷妥尤单抗为基础的方案一线治疗多发性骨髓瘤合并 IIIb 期 AL 患者较传统方案可能取得更深的缓解, 从而延长生存。

PO-3262

TCR library characteristics and specific differential gene analysis of secondary adult HLH lymphocytes

Yongsheng Chen^{1,2}, Ying Zhang¹, Dan Yu², Wanqin Chen², Cong Wang², Xie Su², Meizhen Shi², Shifeng Lou¹

1. The Second Affiliated Hospital of Chongqing Medical University

2. The second Affiliated Hospital of Guangxi Medical University

Objective Hemophagocytic lymphohistiocytosis is a rare but fatal hematological disease, mostly due to immune overactivation and severe dysfunction, resulting in excessive cytokine release and tissue damage. Therefore, by detecting peripheral blood lymphocyte antibodies in healthy people, patients and tumor-induced patients before and after chemotherapy, this paper hopes to find the rule of immune regulation in hemophagocytic lymphohistiocytosis.

Methods In this study, a total of 30 blood samples were collected, including 16 peripheral blood of HLH patients, 4 peripheral blood of patients after chemotherapy and 10 peripheral blood of healthy people, and lymphocyte extraction and sequencing were performed to construct an immune set bank. The samples were divided into Hc-group, U-group and T-group, and compared with M-HLH and non-M-HLH groups derived from tumor patients (n=9) and non-tumor patients (n=7). The identified clonotype was annotated using IMG2 database. CDR3 sequence length distribution, V/J gene frequency distribution and V-J gene combination frequency distribution were used to analyze the clonal population structure. At the same time, the diversity analysis, cluster analysis and group difference analysis of clones were analyzed. The functional analysis is carried out by complexity analysis, Skewness analysis and hydrophobic analysis.

Results We found that between Hc-group, U-group and T-group, the proportion of various J genes changed greatly in T-group, while the V,D and J genes between M-HLH and non-M-HLH all changed to some extent. However, in terms of use frequency, the use of V,D and J genes in different groups was different. In the TCR library, there were significant differences in the use frequencies of 16 V genes between the Hc-group and U-group, and significant differences in the use frequencies of 3 J genes, but no significant differences before and after chemotherapy, and small differences between M-HLH and non-M-HLH, mainly reflected in the V gene. This suggests that the use of V and J genes may be different in healthy individuals, in adult patients with secondary HLH driven by different etiologies, and in patients with HLH tumors before and after chemotherapy. According to the analysis of CDR3 gene, we found that the RDI of Hc-group was significantly lower than that of U-group, and the length RDI of CDR3 in T-group after chemotherapy was reduced, but the difference was not significant with U-group, while M-HLH and non-M-HLH groups were almost the same, with no significant difference. The diversity of CDR3 protein in HLH patients was lower than that in healthy people, and the median particle size was smaller than that in healthy people, while there was no significant difference in the diversity and complexity of induction factors of HLH and before and after chemotherapy, and the hydrophobicity of protein did not show significant changes in the samples.

Conclusion Compared with healthy people, the immune system of patients showed more rich features, and the difference of immune pool between HLH patients driven by different etiology and before and after chemotherapy was relatively small. These differences are mainly reflected by the frequency of use of V,D,J genes and their combinations, and the changes in CDR3 prove that chemotherapy may have certain changes in the length size and diversity of antibodies, which

will make the CDR3 of patients more similar to that of healthy people, while there is no significant change in CDR3 among HLH patients with different causes.

PO-3263

周期性中性粒细胞减少症 1 例并文献复习

李军利、刘建平
内蒙古自治区妇幼保健院

目的 加强对周期性中性粒细胞减少症（cyclic neutropenia, CyN）的认识，提高对中性粒细胞减少类疾病的诊治水平。

方法 分析 2021 年 8 月 27 日内蒙古自治区妇幼保健院收治的一例 19 月龄反复感染、口腔溃疡的患儿的临床资料，并进行文献复习。

结果 患儿每隔 14 d-47d 即有感染，发病时有发热、口腔溃疡和细菌感染及血中性粒细胞计数减低，基因检测提示 ELANE 的杂合突变，诊断 CyN。

结论 对于临床表现有规律地呈周期性变化伴有粒细胞缺乏的患者，应进行骨髓穿刺及粒细胞缺乏相关基因检测，对中性粒细胞减少的病例，基因检测有助于 CyN 的确诊。

PO-3264

液滴数字 PCR：幼年型粒单核细胞白血病移植后微小残留病灶监测与预后评估的有效方法

毛声巧、林宇辰、覃霞、缪艳、罗长缨、罗成娟、王坚敏、黄小航、朱华、赖君臣、陈静
上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心

目的 幼年型粒单核细胞白血病（Juvenile myelomonocytic leukemia, JMML）是一种罕见的儿童恶性骨髓增殖性肿瘤，由 RAS-MAPK 通路失调引起，经典的五个致病突变基因包括 PTPN11、KRAS、NRAS、NF1 和 CBL。造血干细胞移植（Hematopoietic stem cell transplant, HSCT）是目前唯一能够治愈 JMML 的方法，但移植后较高的复发率影响了 HSCT 的治疗效果。目前 JMML 仍缺乏有效的微小残留病灶（Minimal residual disease, MRD）监测方法，临床难以发现早期复发征象并采取及时的干预措施。JMML 肿瘤细胞通常携带经典的 RAS 通路基因突变，而缺乏稳定可监测的细胞标志物，因此特别适合使用分子学方法进行监测。液滴数字 PCR（droplet digital PCR, ddPCR）是一种灵敏度高且经济高效的核酸绝对定量方法，在 JMML 移植后 MRD 常规监测中极具应用潜力。

方法 本研究纳入了 2008 年至 2022 年间在本院接受 HSCT 治疗并具有连续冻存样本的 32 名 JMML 患者，利用 ddPCR 回顾性监测了患者在 HSCT 前及 HSCT 后 1、3、6、9 及 12 个月时的体系致病突变分子水平。根据 JMML 患者 HSCT 后复发的评估标准，将移植后具有 JMML 临床特征且混合嵌合率 >5% 的患者归入复发组（12 人），其他患者归为非复发组（20 人），分析了 HSCT 后疾病转阴和复发过程中 ddPCR-MRD 的动态变化情况。

结果 ddPCR 不仅较嵌合分析和形态学等传统方法能更早发现 JMML 复发征象，还呈现了 JMML-MRD 的分子动态全景图。HSCT 后 1 至 3 个月是 JMML 分子复发的热点时段，66.7%（8/12）的复发患者在此期间出现了分子复发。相比之下，HSCT 后 JMML-MRD 的清除较为缓慢，65%（13/20）的未复发患者需要超过 6 个月才实现 ddPCR-MRD 转阴。此外，复发患者在 HSCT 后 1 个月时的骨髓 ddPCR-MRD 水平显著高于未复发患者（ $p=0.026$ ）。进一步分析发现，该时间点的

骨髓 ddPCR-MRD 截断水平为 0.465%，能够有效区分不同预后患者的总体存活率（ $p=0.007$ ）、无病存活率（ $p=0.035$ ）和累积复发率（ $p=0.035$ ）。

结论 ddPCR 在 JMML 移植后的 MRD 常规监测和预后评估中具有显著的应用优势，有助于检出早期分子复发并及时给予临床干预。我们建议 JMML 患者至少在 HSCT 后的前 3 个月内每月进行一次骨髓 MRD 评估，并根据移植后 1 月的 ddPCR-MRD 水平识别出高危患者，以警惕不良预后。

PO-3265

Evans 综合征合并噬血细胞综合征 1 例及文献复习

王宇翔、郭涛、张波、李俊颖
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 通过报告 1 例 Evans 综合征合并噬血细胞综合征的病例并对国内外相关文献进行复习，提高对 Evans 综合征合并噬血细胞综合征的认识。

方法 收集患者基本信息、临床资料、实验室常规检查、骨髓细胞学、骨髓病理检查、影像学检查、以及临床诊治经过及后期随访情况进行分析和相关文献复习。

结果 患者女，35 岁。因咳嗽 3 月，发热 2 天入院。患者临床表现及实验室检查为发热大于 38.5°C 超过 7 天、血小板减少、重度贫血、NK 细胞活性下降、可溶性白细胞介素-2 受体升高、铁蛋白升高、Coombs 试验强阳性、血小板特异性抗体阳性、脾大。骨髓细胞学可见噬血细胞以及巨核细胞成熟障碍。外周细胞形态学检查可见异型淋巴细胞。骨髓病理、PET-CT 未发现恶性疾病证据，原发 HLH 测序结果阴性。结合临床及辅助检查诊断为病毒相关 Evans 综合征合并噬血细胞综合征。先予以甲泼尼龙（ $70\text{mg}/\text{m}^2$ 第 1~18 天）+人免疫球蛋白（ $0.4\text{g}/\text{kg}$ 第 1~5 天）冲击治疗，疗效评估 NR。再予以 DEP 方案（多柔比星脂质体+依托泊苷+甲泼尼龙）治疗后，疗效评估 PR，后期按照溶血性贫血进行激素治疗并减量，随访 1 年，患者无发热，血常规及生化指标均正常。Evans 综合征合并噬血细胞综合征的诱因包括病毒感染、自身免疫性疾病、妊娠状态等，其治疗常采用激素联合丙球治疗，对于未缓解或复发病例，可予以利妥昔单抗、DEP 方案等挽救治疗方案。

结论 Evans 综合征合并噬血细胞综合征少见，临床医生应在疾病的诊断的同时尽可能明确疾病的诱发因素。治疗上常采用激素联合丙球冲击治疗，无效时可加用化疗药物如依托泊苷和（或）多柔比星脂质体的联合治疗方案。

PO-3266

重+轻链淀粉样变性病例报道

苏悦
郑州大学

目的 探讨重+轻链淀粉样变性（heavy-and light-amyloidosis, AHL）的临床表现、诊断及预后

方法 通过回顾分析郑州大学第一附属医院收治的 1 例 AHL 患者的临床资料，分析 AHL 的临床与预后特点。

结果 AHL 患者多为男性，血、尿免疫固定电泳多为完整免疫球蛋白，骨髓浆细胞比例不高，多以肾脏累积更明显，肾脏表现为以白蛋白为主的蛋白尿，可表现为肾脏综合征，肾脏穿刺活检提示肾小球、血管壁、肾小动脉均可见团块状沉积，免疫荧光可见单克隆重链合并轻链沉积，心肌增强磁共振可见房室间隔、双房壁及双室各壁肌壁间异常强化，考虑心肌淀粉样变性。

结论 AHL 临床上罕见，患者多以肾脏起病，经标准方案化疗后疾病可得到控制，但靶器官损伤恢复时间长，短期内无明显改善。

PO-3267

祖孙三代均男性患病的罕见遗传性异常纤维蛋白原血症家族 1 例

闫彬^{1,2}、胡天喜^{1,2}、杜伟鹏^{1,2}

1. 南阳市中心医院

2. 南阳市血栓与止血重点实验室

目的 回顾性分析就诊于我院的一个遗传性异常纤维蛋白原血症家系，以提高对该病的认识。

方法 检测该家系所有成员的凝血酶原时间（PT）、活化部分凝血活酶时间（APTT）、纤维蛋白原（FIB）、凝血酶时间（TT）。纤维蛋白原检测分别采用 Clauss 法和 PT-演算法。PCR 扩增纤维蛋白原基因 FGA、FGB 和 FGG 所有外显子及其侧翼序列，PCR 产物纯化后直接测序进行基因分析。

结果 （1）先证者首诊 PT（14.40 秒），APTT（30.4 秒），FIB-Clauss 法（0.35g/L，处于危急值水平，参考范围 2.00-4.00g/L），TT（28.80 秒）。加做 FIB-PT 演算法后重测 FIB 为 4.43g/L（PT 演算法/Fib-C=12.7>1.43）。先证者父亲 Fib-C:0.33 g/L，PT 演算法：2.89 g/L，PT 演算法/Fib-C=8.8；先证者两个兄弟分别为 Fib-C:0.46 g/L，PT 演算法：2.22 g/L，PT 演算法/Fib-C=4.8；Fib-C:0.43 g/L，PT 演算法：2.55 g/L；PT 演算法/Fib-C=5.9；先证者侄儿 Fib-C:0.27 g/L，PT 演算法：2.11 g/L，PT 演算法/Fib-C=7.8。（2）相关基因检查发现，先证者 FGA 基因的第 2 外显子存在 c.104G>A(p.Arg35His)错义突变，FGA 基因的第 5 外显子存在 c.991A>G(p.Thr331Ala)错义突变，FGB 基因的第 6 号外显子周围存在 c.958+6G>A 内含子突变。先证者整个住院期间未出现出血或血栓事件，对症治疗后出院。该家系共筛查 3 代 13 人，发现 5 人为遗传性异常纤维蛋白原血症，均为男性，较为罕见（该家系外的先证者叔叔同为异纤患者）。

结论 异常纤维蛋白原血症的诊断主要是依据患者家族史、临床表现、凝血功能检查以及基因突变检测结果确诊，并坚持个体化原则，对于没有出血及血栓形成疾病史及家族史的无症状异常纤维蛋白原血症患者，无需特殊治疗。对于本家系均为男性遗传的原因还有待更多的数据支持。

PO-3268

继发于罕见病的贫血、血小板减少患者 1 例
——戈谢病病例报道并文献复习赵卓冉、李英梅、陈丹丹、张银银、谢新生
郑州大学第一附属医院

目的 探讨血小板减少的少见病因，提醒血液科医生注意排除血液系统外罕见病继发血小板减少。

方法 描述我科收治的一例戈谢病的诊断情况，复习相关文献。

结果 患者为男性，32 岁，以“间断鼻出血 6 月余”为主诉入院。近 6 月反复鼻出血，查血常规示轻度贫血、血小板减少（不详），未进一步诊治。此后反复发作，彩超示脾大，转诊至我院。查体：神志清，精神可，贫血面容，四肢散在淤点，心肺听诊无异常，肝脏肋缘下未触及，脾脏肋下 12cm，质中等。血常规：WBC $3.79 \times 10^9/L$ ，RBC $3.96 \times 10^{12}/L$ ，Hb $113.0 \mu g/L$ ，PLT $37 \times 10^9/L$ ，ANC $2.66 \times 10^9/L$ ；Ret 4.40%，网织红细胞绝对值 $155.30 \times 10^9/L$ ；外周血细胞形态分析：单核 3%，淋巴 40%，中性分叶 54%，中性杆状 2%，中性中幼粒 1%，晚幼红 1 个；生化：尿酸 $466 \mu mol/L$ ， β_2 微球蛋白 $6.09 mg/L$ ，5'核苷酸酶 $10.2 U/L$ ，前白蛋白 $174 mg/L$ ，总胆红素 $25.80 \mu mol/L$ ，直接胆红素 $13.40 \mu mol/L$ ，铁蛋白 $2340.90 ng/mL$ ；尿常规：尿胆原 1+，蛋白 1+；PNH 阴性；血凝试验、甲功三项、电解质、葡萄糖、传染病、粪便常规、溶血全套未见明显异常；心电图：左心室高电压；彩超：肝脏体积增大并弥漫性回声改变，巨脾，脾脏厚径 83mm，下缘达左髂窝，脾多发低回声，脾多发囊肿，门静脉增宽，脾静脉增宽，左侧颈部

肿大淋巴结，心内结构及功能未见明显异常，双肾、输尿管、膀胱、前列腺未见明显异常，双侧腋窝、腹股沟区未见明显肿大淋巴结；骨髓像：骨髓增生明显活跃，粒：红=0.41:1。粒系增生减低，红系增生活跃，中、晚幼红细胞比值增高，细胞形态大致正常。分类不明细胞占 3.6%，该类细胞胞体巨大，胞浆丰富，灰兰色，含有许多波纹状纤维样物质，胞核偏向一侧，可见多核，片中可见大量胞体较大的该类细胞，考虑戈谢细胞。巨核细胞>200 个/片，血小板少见。骨髓活检：骨髓组织增生大致正常，可见灶性片状分布的异常细胞，该类细胞胞体偏大，浆量丰富，浆中可见纤维样物质，胞核圆形，单个，较小，多偏位，核染色质粗，核仁不明显。形态疑似戈谢细胞。粒、红细胞系增生活跃，各阶段幼红细胞可见，以中晚幼红细胞为主，形态大致正常。巨核细胞数量正常，以分叶核为主。少量淋巴细胞和浆细胞散在分布。Gomori 染色：(MF -3 级)。流式细胞术大致正常。染色体核型正常。 β -葡萄糖苷酶活性：1.26 \downarrow nmol/1h/mg；初步诊断为 I 型戈谢病，转诊至内分泌代谢科。

结论 脾大、血小板减少患者注意排除戈谢病，检测 β -葡萄糖苷酶活性方便、经济，可作为筛查项目。骨髓细胞形态学检查如发现戈谢细胞，可协助确诊。

PO-3269

原发性心脏弥漫性大 B 细胞淋巴瘤两例

张鹏宇、姜亚峰、彭宏凌、崔亚娟、李姮、李睿娟、于碧莲、朱鸿凯
中南大学湘雅二医院

目的 原发性心脏淋巴瘤具有罕见性，且其临床表现缺乏特异性，初次诊断后的中位生存期仅为 7 个月。由于其发现晚、预后差，早期鉴别诊断并干预成为获得长期生存的关键，我们报道两例原发性心脏弥漫性大 B 细胞淋巴瘤，分享诊断和治疗心得，加强对原发性心脏淋巴瘤的认识，帮助临床医生及早诊断，并复习相关文献，讨论其治疗和预后。

方法 报道两例在我院确诊并接受治疗的原发性心脏弥漫性大 B 细胞淋巴瘤病例：

病例 1：由体检意外发现心腔占位，多项检查结果提示右房粘液瘤，遂手术切除，术后病理检查确诊为弥漫性大 B 细胞淋巴瘤，结合其基因检测结果制定并调整治疗方案，随访至今疾病控制佳，OS48 月。

病例 2：因气促、突发晕厥，先后就诊于多家医院，心包 CT 显示心包不规则增厚，心包和双侧胸腔积液，最终于我院确诊。制定治疗方案，并在化疗期间用 PETCT 评估疗效，根据病情变化调整化疗方案，治疗至今已八月余，患者耐受可，一般状况良好。

结果 针对患者自身情况和疾病特点，制定了个体化诊疗方案，动态评估病情变化，并调整治疗方案，至今，两例患者病情控制良好，可为更多的类似罕见病例提供治疗参考。

结论 应在临床中保持较高的原发性心脏淋巴瘤可疑度，使原发性心脏弥漫性大 B 细胞淋巴瘤得到足够的重视，减少误诊率，提高治疗有效性。

PO-3270

仿巨噬细胞纳米药物递送芦可替尼 用于噬血细胞综合征的治疗研究

张波、王鸿岚、郭涛、胡豫
华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 建立一种包载芦可替尼的仿巨噬细胞纳米药物，通过同时针对巨噬细胞过度活化和细胞因子

风暴，用于噬血细胞综合征（HLH）的治疗研究。

方法 采用巨噬细胞膜包被聚酯类纳米粒（MNP）并进行表征，对照组为没有膜修饰的聚酯类纳米粒（NP）；通过流式细胞学和荧光显微镜分析 MNP 在炎症环境下对活化巨噬细胞的靶向性；Elisa 验证 MNP 对 HLH 关键细胞因子如 IL-6，IFN-gamma 的体外吸附效应；将芦可替尼包载在聚酯类纳米粒中并采用巨噬细胞膜进行包被，以建立包载芦可替尼的 MNP（R-MNP）并探索其对 HLH 动物模型的治疗效应。

结果 活化巨噬细胞比静态巨噬细胞对 MNP 具有更好的摄取效应；MNP 可以呈浓度和时间依赖的方式有效吸附 IL-6 和 IFN-gamma；在 CPG 诱导的相对温和的 HLH 动物模型上，R-MNP 可以缓解细胞因子风暴、肝脾肿大、肝功能不全、甘油三酯血症、出凝血异常等 HLH 相关表现，在聚肌胞苷酸和 LPS 联合诱导的致死型 HLH 动物模型上，R-MNP 可以有效缓解细胞因子风暴并延长模型小鼠的生存时间。

结论 本研究提出了一种芦可替尼静脉制剂的制备方法；制备的 R-MNP 可以缓解细胞因子风暴并抑制巨噬细胞活化，有效遏制细胞因子风暴和巨噬细胞过度活化之间的恶性循环，为 HLH 的治疗提供了新的治疗思路。

PO-3271

2 型 p110delta 活化综合征 1 例

惠泉²、李奕¹、赵欣³、张勤²、郑伟燕¹、黄河¹

1. 浙江大学医学院附属第一医院骨髓移植中心
2. 浙江大学医学院附属第一医院老年医学科
3. 浙江大学医学院附属第一医院放射科

目的 分析 2 型 p110delta 患者的临床及免疫学特征

方法 回顾性分析浙江大学医学院附属第一医院收治的 1 例 2 型 p110delta 患者的临床资料、免疫学检查、基因测序、6 次病理活检组织、影像学及实验室检查结果，利用流式细胞术对患者淋巴细胞亚群进行检测。

结果 患者，男，就诊时 21 岁。因发现颌下淋巴结肿大 5 年、声嘶 3 年，于 2021 年 8 月首次入院。患者身材矮小，无遗精，体重指数及骨量低，垂体及睾丸容积小，低骨量。IgA 28mg/dL（100-420），IgG 303mg/dL（860-1740）均显著降低，IgM 77mg/dL（30-220）。IgG 亚型分析：IgG1 2.02g/L（4.05-10.11），IgG2<0.36g/L（1.69-7.86），IgG4<0.003g/L（0.03-2.01）均显著降低。初始 CD4+T 细胞和初始 CD8+T 细胞减少，CD4+/CD8+ 比例倒置。喉部增强 MRI 示口咽、咽喉壁增厚，两侧颈部及颌下多发稍肿大淋巴结，淋巴瘤可能性大。喉部肿物病理符合经典型霍奇金淋巴瘤。骨龄片示骨骺发育延迟。基因测序示 PI3KR1 基因突变。

结论 2 型 p110delta 患者 PI3KR1 基因突变导致 PI3K-Akt-mTOR 通路异常，导致生长发育缺陷、低丙种球蛋白血症、霍奇金淋巴瘤等，可合并噬血细胞综合征。

PO-3272

VEXAS 综合症一例并文献复习

张谦、周敏、陈兵
南京大学医学院附属鼓楼医院

目的 讨论 VEXAS 综合症的临床诊断，临床特点，预后。

方法 回顾分析南京鼓楼医院 2023 年 8 月诊断为 VEXAS 综合症一例患者的临床资料并复习文献。

结果 患者既往有血管炎病史，确诊 3 年后出现 VEXAS 综合征的临床特征表现，骨髓涂片中可见到含空泡的中性粒细胞。患者进行 UBA-1 测序，检测到 UBA1 基因突变。遂予以糖皮质激素，巴瑞替尼，环孢素治疗，半年后病人因间质性肺病死亡。

结论 VEXAS 综合征的尚缺少安全有效的治疗药物，预后较差。对患有全身炎症、血液系统疾病以及髓系和红系前体细胞空泡化的成年患者检测 UBA1 基因突变，有助于早期诊断并改善预后。

PO-3273

ALAS2 突变 X 遗传性铁粒幼细胞贫血一例

徐学聚

郑州大学第一附属医院

目的 报道 1 例 X 遗传性铁粒幼细胞贫血患儿的基因变化、诊治过程，复习国内外文献，提高临床医师对该疾病的认识，规范治疗。

方法 回顾性分析 1 例遗传性铁粒幼细胞性贫血患儿的临床资料。

结果 患儿为 13 岁男性，主诉“面色苍白超过 12 年”。实验室检查示小细胞低色素性贫血，骨髓涂片铁染色，外铁无髓小粒，内铁 93%，其中环铁 9%；高通量测序示 ALAS2 基因半合子突变，C-15-2186C>G，患儿母亲为杂合变异，诊断为 X 遗传性铁粒幼细胞性贫血（XLSA）。口服维生素 B6 片反应不佳，贫血症状没有改善，血红蛋白水平下降。输血后病情稳定，患儿目前行骨髓造血干细胞移植。

结论 遗传性铁粒幼细胞性贫血是罕见的，ALAS2 基因突变的患儿服用维生素 B6，疗效较差。

PO-3274

1 例获得性凝血因子 V 缺乏症病例报告并文献复习

向茂源、彭翠翠、曾东风

陆军军医大学陆军特色医学中心（大坪医院）

目的 研究凝血因子 V 缺乏症(AFVD)的临床特点、病因及治疗方法，以提高对该病的认识。

方法 报道 1 例获得性凝血因子 V 缺乏症的诊疗过程，并复习相关文献。

结果 患者女，47 岁，2023.09.03 因外伤于外院行“右桡骨远端骨折内固定术”，术前查凝血象正常，术后 1 月复查凝血象提示活化部分凝血活酶时间（APTT）>200s，凝血酶原时间（PT）54s，输注血浆、冷沉淀后凝血象无好转，遂入我院。实验室检查示 PT、APTT 纠正试验均未被纠正，FV 活性明显降低，狼疮抗凝物、FV 抑制物均为强阳性，后进一步完善检查，证实狼疮抗凝物为假阳性。查阅相关文献，稀释蝰蛇毒时间试验（DRVVT）可直接激活 FX，但不能越过 FV，故当患者出现重度 FV 活性减低时可引起狼疮抗凝物假阳性。获得性凝血因子 V 缺乏症最常见原因为牛凝血酶暴露，考虑此患者系术中应用牛凝血酶导致 FV 抑制物产生。FV 抑制物通常在数月内自行消失，且该患者无临床表现，予观察随访，1 月后复查 FV 活性和凝血象较前明显好转。

结论 AFVD 为罕见的出凝血疾病，其中获得性更为罕见，及时的诊断和治疗有助于改善患者预后，对于部分无出血表现者，可予以观察随访，以免过度医疗。

PO-3275

BV+CHP 序贯自体移植治疗淋巴瘤 相关噬血细胞综合征 2 例并文献复习

向茂源、彭翠翠、曾东风
陆军军医大学陆军特色医学中心（大坪医院）

目的 回顾性分析维布妥昔单抗（BV）+CHP 序贯自体移植治疗淋巴瘤相关噬血细胞综合征（LA-HLH）的安全性及有效性。

方法 收集 2 例 LA-HLH 患者应用 BV+CHP 序贯自体移植治疗的临床资料和随访结果，并复习相关文献。

结果 病例 1，19 岁男性，以淋巴肿大起病，入院后完善检查诊断为 ALK 阳性间变大细胞淋巴瘤、LA-HLH，予以 DEP 控制噬血，随后予以 3 周期 BV+CHP 控制淋巴瘤，复查 PET-CT 疗效评价为 CR。病例 2，60 岁男性，以发热起病，入院后完善检查诊断为经典型霍奇金淋巴瘤、LA-HLH，予以 DEP 控制噬血，随后予以 ABVD+依托泊苷、PD-1+AVD 方案控制淋巴瘤，疗效评价为 SD，遂更换为 BV+CHP 治疗 2 周期，复查 PET-CT 疗效评价为 CR。2 例患者分期为 IV 期 B 组，合并 HLH，预后差，CD30 表达均为阳性，经 DEP 方案控制噬血，随后及时治疗淋巴瘤，予以 BV+CHP 方案治疗后均达到 CR，CR 后序贯自体移植，移植后予以 BV 巩固及维持治疗，目前均为 CR 状态。2 例患者在应用 BV+CHP 治疗期间，有 I 度骨髓抑制，未见其他相关不良反应。

结论 LA-HLH 进展迅速、死亡率高，与同类型淋巴瘤比预后差。BV+CHP 序贯自体移植治疗 LA-HLH 的安全性及有效性肯定。

PO-3276

一例母细胞性浆细胞样树突细胞瘤个案报道

高睿
贵州医科大学附属医院

目的 母细胞性浆细胞样树突细胞瘤是一种罕见且具侵袭性的血液恶性肿瘤，常侵犯皮肤及骨髓，预后不良。我们报告一例无皮肤损害的 BPDCN 病例，并讨论不同的实验室检查方法在诊断和评估中的价值。

方法 患者入院后血常规检测提示全血细胞减少。骨髓穿刺及活检显示大于 90% 的原始细胞弥漫增生。流式细胞术显示异常的细胞群，异常细胞群约占有核细胞的 68.39%，强表达 CD123，表达 CD7、CD33、CD4、CD9、CD56、CD303、CD304、HLA-DR，不表达 CD34、CD117、CD38、CD15、CD64、CD11b、CD13、CD22、CD5、CD2、CD20、CD19、CD10、CD14、CD36、MPO、TDT、CD79a、cCD3、mCD3。根据临床、形态学和免疫表型特征诊断 BPDCN。基因突变筛查结果显示 ASXL1、TET2、ZRSR2、PHF6、KMT2D 突变。

结果 患者入院后血常规检测提示全血细胞减少。骨髓穿刺及活检显示大于 90% 的原始细胞弥漫增生。流式细胞术显示异常的细胞群，异常细胞群约占有核细胞的 68.39%，强表达 CD123，表达 CD7、CD33、CD4、CD9、CD56、CD303、CD304、HLA-DR，不表达 CD34、CD117、CD38、CD15、CD64、CD11b、CD13、CD22、CD5、CD2、CD20、CD19、CD10、CD14、CD36、MPO、TDT、CD79a、cCD3、mCD3。根据临床、形态学和免疫表型特征诊断 BPDCN。基因突变筛查结果显示 ASXL1、TET2、ZRSR2、PHF6、KMT2D 突变。

结论 这个病例并不是 BPDCN 的一个经典病例。该病诊断的中位年龄为 68 岁，但据报道，50 岁以下的患者中有多达 30% 出现这种情况，儿童也可能出现这种情况。男女比例是 3:1。尽管很少有患者在白血病期没有皮肤损害，大多数(高达 90%)的患者表现为无症状的皮肤损害，皮损可能是单独

的,也可能是多重的,从结节到斑块或类似淤青的区域,可能与红斑、色素沉着、紫癜和溃疡有关。本例患者从发病到诊断就没有皮肤损害表现。皮肤外疾病很常见,包括局部淋巴结肿大(56%)、脾肿大(44%)和肝肿大(42%)。外周血和骨髓受累是常见的,60-90%的患者在诊断时发生。细胞减少症很常见,最常见的是血小板减少症(78%),其次是贫血症(65%)和中性粒细胞减少症(34%)。

PO-3277

异麦芽糖酐铁致 kounis 综合征 1 例及文献复习

何人可、徐诣芝
重庆市人民医院

目的 对静脉铁剂过敏反应进行了文献复习,为静脉铁剂的临床安全使用提供参考。

方法 回顾我科 1 例使用异麦芽糖酐铁患者的临床资料。

结果 62 岁男子缓慢输注异麦芽糖酐铁 3~5 滴后出现速发型过敏反应、过敏性休克。予以抗过敏、补液扩容以及升压等治疗后患者意识恢复,血压上升,肌钙蛋白增高,心电图示急性 ST 段抬高型下壁心肌梗死。经过低分子肝素抗凝、他汀稳定斑块治疗后,患者心电图及肌钙蛋白恢复正常,完善冠状动脉 CT 三维成像发现多支冠脉存在斑块和狭窄。

结论 第三代静脉铁剂在国内上市时间短,虽然工艺较前代产品明显提升,但仍存在发生严重过敏反应风险,应用前后需对患者进行过敏风险评估,输注期间严密观察,做好过敏反应应急措施。此外,中国人易栓症基因突变异于欧美人群,需进行血栓和隐匿冠心病的评估,对于全身过敏反应患者,需关注其心脏症状,心电图检查和肌钙蛋白检测对迅速诊断和确定 Kounis 综合征至关重要,必要时可行冠脉造影。虽然本例患者预后好,但 Kounis 综合征病情进展快,病情凶险,临床医师需引起重视,提高疾病诊断率,选择正确的治疗方案从而改善 Kounis 综合征患者的预后,降低死亡风险。

PO-3278

20 例髓系肉瘤的临床特征及骨髓血液学检查分析

汪智琼
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 探讨髓系肉瘤(MS)的临床特征、血液学检查、治疗及预后。

方法 回顾性分析 2016 年 12 月至 2022 年 1 月华中科技大学同济医学院附属同济医院诊治的 20 例 MS 患者的临床资料并进行分析。

结果 20 例患者,男 10 例,女 10 例,中位年龄 37 (6-62) 岁,发病部位鼻咽最常见(25%),其次纵膈、胸椎、淋巴结、乳腺(10%)、子宫颈、眼部、脾脏、睾丸、腹部、骶尾部、幽门。孤立型 MS 10 例,MS 合并髓内病变 6 例,AML 治疗后继发 MS 4 例。免疫组化阳性率 CD99 (100%)、CD43 (95%)、MPO (95%)、BCL-2 (90%)、CD68 (75%)、CD117 (50%)、CD34 (45%)。TdT、CD3、CD20、PAX-5 均阴性。14 例同时行融合基因和染色体核型分析,3 例仅行融合基因,3 例仅行染色体核型分析。4 例行 FISH 检查,10 例行基因突变检测。发现 4 例 AML1-ETO, 2 例 CBF β -MYH11, 1 例 MLL-AF10, 1 例 BCR/ABL1, 6 例染色体核型异常,9 例检测出基因突变,CEBPA 检出率最高,为 5 例,其次是 NRAS、FLT-3、NPM1 和 KIT,各 2 例。20 例 MS 患者 7 例死亡,13 例生存。随访时间 1-38 个月。所有患者 1 年、2 年、3 年的累积存活率(OS)分别为:75%、70%、65%。孤立型 MS,MS 合并髓内病变和 AML 治疗后继发 MS 患者生存状态,统计学没有差异。

结论 MS 是一种罕见血液系统疾病，发病部位广泛，病理免疫组化对其诊断非常重要。骨髓血液学检查为其靶向治疗提供依据。三种类型的 MS 患者生存状态没有差异，均应进行全身治疗。

PO-3279

母细胞性浆细胞样树突细胞肿瘤一例

肖锋

湖南中医药高等专科学校附属第一医院（湖南省直中医医院）

目的 探讨母细胞性浆细胞样树突细胞肿瘤（BPDCN）的临床病理形态特征及诊断与鉴别诊断。

方法 对湖南省直中医院 2023 年住院的 1 例 BPDCN 的临床表现、组织病理学形态及免疫表型进行观察和分析，并复习相关文献。

结果 该患者高龄、基础疾病多，以急淋方案小剂量 VDP 化疗，患者总生存期约半年。

结论 BPDCN 是一种少见的高度侵袭性的淋巴造血系统恶性肿瘤，预后差，易累犯皮肤，其诊断需结合临床表现、组织学形态及免疫表型综合分析。

PO-3280

病例报告：卡斯特曼病发生后的 B 细胞急性 淋巴母细胞白血病/淋巴瘤的治疗

江滔

江苏省第二中医院

目的 卡斯特曼病进展为 B-ALL/LBL 是一个相当罕见的事件，它属于不同的致病细胞类型。我们首先报告了一例卡斯特曼病进展为 B-ALL/LBL，并先后接受沙利度胺和转化医学（维甲酸及 GM-CSF）治疗。

方法 患者为女性，因血三系减少伴脾大，颈部淋巴结肿大，淋巴结活检病理：卡斯特曼病。CHOP 方案化疗，淋巴结消退。患者在免疫治疗期间病情不稳定，仍存在腹水和药物反应-周围神经炎。改用沙利度胺，经过一个月的治疗。腹水消失，白蛋白提升，病情稳定。

2021 年出现贫血，患者通过骨髓细胞学、骨髓活检、免疫组化标志物、免疫表型和病理学诊断为 B-ALL/LBL。患者采用转化医学方案（维甲酸及 GM-CSF）进行治疗，效果较好。并持续了 2 年。

结果 沙利度胺是一种免疫调节剂，可抑制多种细胞因子的产生，包括 IL1、IL6、IL12、肿瘤坏死因子- α 和 VEGF。研究表明，沙利度胺能有效缓解卡斯特曼病。在当年（2004 年），考虑到没有现成的参考治疗方案，在与家属充分沟通后，我们使用沙利度胺进行治疗。白蛋白剂量减少，半个月后，腹水减少。患者的临床表现出持续的改善。

巨噬细胞是免疫监视功能的重要效应细胞之一，通过分泌和释放可溶性细胞毒性因子，可在细胞外杀死肿瘤细胞。巨噬细胞是高度多用途和异质细胞，在先天和适应性免疫中起着关键作用。在对环境刺激的反应中，巨噬细胞可以分化为两个亚群，经典（M1）或替代（M2）激活的巨噬细胞。M1 极化的特点是巨噬细胞能够产生高水平的促炎细胞因子，增加共刺激分子的表达，并提高抗原呈递效率，这支持其清除肿瘤细胞的功能。

粒细胞-巨噬细胞集落刺激因子（GM-CSF）是一种自分泌和旁分泌的细胞因子。它刺激正常和白血病髓系祖细胞的生长、分化和功能，从而激活免疫系统细胞。GM-CSF 通过促进中性粒细胞、巨噬细胞、单核细胞和树突状细胞的生长和功能来增强先天免疫和适应性免疫。GM-CSF 可诱导巨噬细胞向 M1 极化。

全反式维甲酸 (ATRA) 是维生素 A 的一种生物活性衍生物。一般来说, 它通过与特定的核受体结合, 促进细胞成熟分化和凋亡。然而, HE 等人发现 ATRA 在炎症环境中可以促进巨噬细胞的 M2 极化 (58), 因此我们将其与 GM-CSF 结合, 增强其治疗效果。

研究表明, ATRA 和 GM-CSF 之间存在协同作用。ATRA 联合 GM-CSF 治疗骨髓母细胞白血病可增强粒细胞分化。

结论 总之, 我们报告了一例罕见的 CD 病例, 后来发现患有 B-ALL/LBL, 我们用沙利度胺治疗 CD, 用维甲酸治疗 B-ALL/LBL。取得了一些结果, 指导了其他临床治疗。未来的研究不仅可以通过体内和体外实验证实本例提出的假设, 还可以关注 CD 与巨噬细胞极化与 TME 中巨噬细胞动态极化的关系。此外, 还可以通过生物信息学方法分析影响该疾病中巨噬细胞功能的靶分子, 进一步探讨该疾病的详细分子机制及其治疗策略。

PO-3281

比较芦可替尼治疗低危和高危骨髓纤维化患者的疗效和安全性: 一项单臂、探索性和前瞻性研究

胡施炜、黄健

浙江大学医学院附属第一医院

目的 本研究旨在探讨芦可替尼在中国低危和高危 MF 患者中的疗效和安全性。

方法 纳入年龄 ≥ 18 岁的 overt-PMF、pre-PMF、post-PV 和 post-ET MF 患者。低危定义为 MIPSS-70 ≤ 3 分、MIPSS+V2.0 ≤ 3 分、DIPSS- plus ≤ 1 分、DIPSS ≤ 2 分或 MYSEC-PM < 14 分。高危定义与低危组相反。主要终点是第 48 周时脾脏长度较基线减少 $\geq 50\%$ 的比例。次要研究终点包括最佳脾脏反应、总症状评分 (TSS50) 下降 $\geq 50\%$ 的比例和药物安全性。

结果 共纳入 69 例患者, 其中低危组 pre-PMF 7 例、overt-PMF 17 例、PPV-MF 8 例、PET-MF 8 例, 高危组 pre-PMF 1 例、overt-PMF 13 例、PPV-MF 8 例、PET-MF 7 例。48 周时, 低危组和高危组分别有 26 例 (65.0%) 和 16 例 (55.2%) 患者脾脏长度减少 $\geq 50\%$, 脾脏缓解的中位时间为 4.3 周和 5.3 周。48 周时, TSS50 率分别为 25.0% 和 31.0%。在低危组中, 中位 HB 在第 16 周从 125g/L 降至 105 g/L, 中位 PLT 在第 8 周从 $376 \times 10^9/L$ 下降至 $311 \times 10^9/L$ 。在高危组中, 中位 HB 在第 12 周从 96g/L 下降至第 86g/L, 中位 PLT 在第 8 周从 $305 \times 10^9/L$ 下降至 $236 \times 10^9/L$ 。最常见的 ≥ 3 级血液学不良事件为贫血 (4/40, 10.0% vs. 11/29, 37.9%) 和血小板减少 (1/40, 2.5% vs. 4/29, 13.8%)。最常见的非血液学不良事件为感染 (5/40, 12.5% vs. 10/29, 34.5%), 包括上呼吸道感染 (3/40, 7.5% vs. 6/29, 20.7%)、泌尿系感染 (1/40, 2.5% vs. 2/29, 6.9%) 和发热 (1/40, 2.5% vs. 2/29, 6.9%), 以 1~2 级为主。

结论 芦可替尼可有效治疗低危 MF 患者, 改善脾脏和症状反应, 减少血液学和非血液学不良事件。

PO-3282

PV 和 IE 患者的二代测序比较: 一项多中心回顾性研究

屠玲榕、黄健

浙江大学医学院附属第一医院

目的 探讨 PV 和 IE 患者二代测序 (NGS) 结果差异。

方法 回顾性分析了浙江大学附属第一第四医院 31 例 JAK2 阳性 PV、14 例 JAK2 阴性伴 EPO 减低型 PV 患者和 19 例 IE 患者 NGS 结果。

结果 31例 JAK2 突变阳性 PV 患者中, 共检测到 53 种共 131 个血液肿瘤基因突变, 除 JAK2 基因外, 最常见的基因突变为 TET2 (22.58%) 和 KMT2C (19.35%), 其次为 KMT2D (16.13%)、JAK1 (12.90%)。JAK2 突变阴性 PV 患者中, 共检测到 18 种共 22 个血液肿瘤基因突变, 最常见的基因突变为 KMT2C (21.43%), 其次为 FGFR3、JAK1, 突变阳性率均为 14.29%。在 19 例 IE 患者中, 共检测到 23 种共 26 个血液肿瘤基因突变, 最常见的基因突变为 KMT2C (15.79%) 和 RELN (10.53%)。差异分析结果显示 JAK2 突变阳性 PV 患者较 JAK2 阴性 PV 患者和 IE 患者激活信号通路突变更常见 ($P < 0.001$), JAK2 阳性 PV 患者较 JAK2 阴性 PV 患者 DNA 甲基化基因、染色质修饰基因更常见 ($P < 0.05$), JAK2 阴性 PV 患者和 IE 患者在血液肿瘤基因突变的功能分类上无明显差异 ($P > 0.05$)。

结论 JAK2 阴性伴 EPO 减低型 PV 患者与 IE 患者在血液肿瘤中具有相似的基因突变情况, IE 可能为 JAK2 阴性伴 EPO 型 PV 前驱状态。

PO-3283

三例骨髓胶质转化患者的临床特征

富威

中国医科大学附属第一医院

目的 骨髓胶质转化又称骨髓浆液性萎缩, 是一种罕见的骨髓疾病, 本病特征为骨髓中造血细胞及脂肪细胞萎缩, 并伴有细胞外胶质物质沉积。我们对本中心骨髓胶质转化患者的临床特征进行总结。**方法** 收集 2022 年至 2024 年骨髓活检标本, 发现 3 例骨髓胶质转化患者。

结果 三例患者中, 两位女性和一位男性患者, 其中两位女患者患有神经性厌食症, 另一位男性患者为胃癌术后。三例患者骨髓活检均造血细胞及脂肪细胞减少, 骨小梁间可见粉染物质沉积。神经性厌食症患者初诊时一位患者表现为全血细胞减少, 另一位患者仅白细胞减少, 胃癌术后患者外周血白细胞减少及贫血。患者给予对症营养支持治疗后, 胃癌术后患者复查骨髓活检, 骨髓增生大致正常, 粒红巨三系造血细胞增生, 并且无粉染物质沉积。对两位患者随访一年, 患者外周血白细胞及血小板恢复正常, 血红蛋白仍减低。

结论 骨髓胶质转化是一种罕见的骨髓疾病, 本中心发现的 3 例患者均与严重营养不良相关, 给予对症营养支持后骨髓造血细胞可恢复, 外周血白细胞及血小板恢复较快, 而血红蛋白恢复较慢。在临床工作中, 血常规异常患者尤其伴有重度营养不良时应想到此种疾病。

PO-3284

基于单细胞测序技术描绘 POEMS 综合征骨髓浆细胞的异质性

韩虹晓、李剑、王雪竹、熊心怡、李安安

中国医学科学院北京协和医院

目的 在单细胞水平描绘 POEMS 综合征骨髓浆细胞 (BMPC) 的异质性, 并初步探究其发病机制。

方法 对 15 例新诊断的 POEMS 综合征、1 例 MGUS 和 2 例霍奇金淋巴瘤患者的 BMPC 进行单细胞转录组及 V(D)J 免疫组测序, 探究 POEMS 综合征的发病机制。

结果 POEMS 患者的 BMPC 存在高度限制性表达 IGLV1-40/IGLV1-44/IGLV1-36 的亚群 (POEMS-tumor)。POEMS-tumor 的转录组表达与对照组不同, 而 POEMS 患者的其他亚群的转录组表达与对照组相似。POEMS-tumor 高表达分泌型磷蛋白 1 (SPP1), SPP1 编码骨桥蛋白 (OPN), 在 VEGF 的产生中发挥着重要作用。我们发现 POEMS 患者的 OPN 高于对照组。利用 CytoTRACE 预测细胞分化状态和方向, POEMS 患者的浆细胞具有比正常浆细胞更低的分化状态、更好的分化潜能。在 BMPC 的 V(D)J 数据上鉴定出的最大单克隆与转录组结果一致, 以限制性表

达 IGLV1-40/IGLV1-44/IGLV1-36 的单克隆蛋白为主, 且这些单克隆蛋白 CDR3 的核苷酸高度一致, 提示致病性单克隆浆细胞未经过体细胞高频突变, 可能起源于生发中心前 B 细胞增殖或 BMPC 原位增殖。

结论 POEMS 患者的 BMPC 存在限制性表达 IGLV1-40/IGLV1-44/IGLV1-36、高表达 SPP1 的亚群。BMPC 可能通过上调 SPP1 的表达, 引起 OPN 增多, 促进 VEGF 的分泌。致病性单克隆浆细胞可能起源于生发中心前 B 细胞或 BMPC 原位增殖。

PO-3285

一例 JAK3 突变的幼年型粒单核细胞白血病的病例分享

张海琴¹、李鸿瑞¹、贺艳丽²、周静¹、刘建拓¹

1. 武汉康圣达医学检验所有限公司

2. 华中科技大学附属协和医院干细胞中心

目的 研究一例 JAK3 突变的幼年型粒单核细胞白血病患者实验室分析

方法 对一例 3 岁 10 个月患儿进行溶贫筛查、骨髓细胞学、流式免疫分型、骨髓染色体核型分析、FISH 探针检测、儿童血液肿瘤全转录组检测、JMML 诊断及预后基因 PANEL 检测进行研究。

结果 患者肝脾肿大, 有感染; 血常规: 白细胞 $51.6 \times 10^9/L$, 血红蛋白 $59g/L$; 血小板 $88 \times 10^9/L$, 单核细胞 $1.1 \times 10^9/L$; 溶贫筛查抗碱血红蛋白 HbF 9.30%; 骨髓细胞学骨髓增生活跃, 原始髓系细胞占 13%, 单核细胞比值增高占 7.5%, 幼年型粒单核细胞白血病 (JMML) 骨髓象; 流式免疫分型原始细胞约占核细胞的 14%, 其阳性表达 HLA-DR、CD7、CD13、CD33、CD34、CD38、CD117、CD123。单核细胞约占核细胞的 10%, 比例增高; 骨髓染色体核型分析: $46,XY,add(6)(p23)[20]$; FISH 检测: MLL 重排、D7Z1/D7S486 检测阴性; 血液肿瘤全转录组检测可见 PTPN11、JAK3 突变; JMML 诊断及预后基因 PANEL 检测到 PTPN11 突变频率 51.30%, JAK3 突变频率 30.80%, JAK2 突变频率 4.80%。

结论 JMML 是一种儿童型 MDS/MPN, 发生率 0.12/10 万, 中位发病年龄 2 岁。临床表现为发热、肝脾大、血小板减少、单核细胞增多, 伴随年龄增长血红蛋白 F 升高。约 90% 的患儿有体细胞或生殖细胞 PTPN11、KRAS、NRAS、CBL、NF1 基因突变, 发生频率 $PTPN11 > NF1 > NRAS/KRAS > CBL$ 。这些基因突变不同时存在, RAS/MAPK 通路激活。JAK2 在 JMML 发生突变比较罕见, SETBP1、JAK3 极少见, SETBP1 和 JAK3 基因继发性突变提示更差的预后。

PO-3286

输血依赖型地中海贫血患儿体格发育迟缓的影响因素分析

赵婧余、于潇、徐静、高珍、刘燕杰、王安妮、董瑾、匡哲湘

中国医学科学院血液病医院 (中国医学科学院血液学研究所), 血液与健康全国重点实验室, 国家血液系统疾病临床医学研究中心, 细胞生态海河实验室

目的 调查输血依赖型地中海贫血 (TDT) 患儿的治疗现状和体格发育情况, 分析治疗、经济相关因素对体格发育的影响。

方法 于 2024 年 4 月至 5 月向 TDT 患儿家庭发放电子调查问卷进行横断面研究, 调查患儿临床特征及治疗、家庭经济状况、身高和体重, 并通过《儿童营养状况的标准差评价方法》和《中国居民膳食指南》对患儿年龄别身长/身高和年龄别体重指数 (BMI) 进行分级评价。采用 logistic 回归分析疾病治疗、家庭经济状况等因素对年龄别身长/身高和年龄别 BMI 的影响。

结果 275 例 TDT 患儿男 157 例、女 118 例，中位年龄 12 (1-18) 岁；血红蛋白 (HGB) 维持水平 $<90\text{g/L}$ 为 170 例 (61.82%)，血清铁蛋白 (SF) $\geq 5000\text{ug/L}$ 为 24 例 (8.73%)；接受祛铁治疗和脾切除术分别为 260 例 (94.55%) 和 12 例 (4.36%)；患儿每月医疗花费占家庭月收入比例的中位数为 41.67 (0.5-88.89) %。患儿年龄别身高/身高为下等水平 (即生长迟缓) 66 例 (24.00%)，中下等、中等及以上水平为 89 例 (32.36%) 和 120 例 (43.64%)；年龄别 BMI 为消瘦 76 例 (27.64%)、正常 185 例 (67.27%)、超重/肥胖标准 14 例 (5.09%)。多因素回归显示，血红蛋白维持水平 $<90\text{g/L}$ 、脾切除是生长迟缓的危险因素 ($P=0.004$ 、 0.026)； $\text{SF}\geq 5000\text{ug/L}$ 是体重消瘦的危险因素 ($P=0.003$)。

结论 HGB 维持水平 $<90\text{g/L}$ ，脾切除或 $\text{SF}\geq 5000\text{ug/L}$ 的 TDT 患儿更容易出现体格发育迟缓。

PO-3287

COVID-19 对血友病的影响因素与结果： 一项来自中国西南地区的随访研究

吴霞、陈姝
重庆医科大学附属第二医院

目的 新型冠状病毒感染 (COVID-19) 流行尚未结束，全球有数百万人出现长新冠 (Long COVID-19)，本研究进一步明确 COVID-19 对血友病的长期影响因素与结果。

方法 本研究纳入来自我国西南地区的 317 名血友病患者 (包括新冠感染组 254 例，非感染组 63 例)。收集和分析了临床表现、治疗方法和疫苗接种资料。感染组 (254 例) 分别于感染后 1、2、4、16 周随访新冠症状及长新冠特征，于 6 个月后随访血友病临床特征变化。

结果 研究结果显示，中重度血友病和血友病关节病是血友病患者 COVID-19 感染的高危因素。在 COVID-19 期间，除牙龈外，其他身体部位出血的频率明显降低。约 13.39% 的血友病患者在 COVID-19 期间表现出焦虑。44.09% 的感染者出现长新冠，以慢性咳嗽、乏力为主要症状。感染组患者在 COVID-19 结束 6 个月的随访中，凝血因子活性 (FVIII 活性及 FIX 活性)、凝血因子抑制物 (FVIII 抑制物及 FIX 抑制物) 和关节状态 (HJHS 评分、HEAD-US 评分) 没有明显变化。

结论 本研究强调了仔细监测感染 COVID-19 的血友病患者出血症状、凝血因子活性、凝血因子抑制物和关节功能管理的必要性。此外，还需要关注长新冠对血友病患者心理健康的影响，并进行更长期的随访研究。

PO-3288

Schnitzler 综合征一例

陈丹丹、张银银
郑州大学第一附属医院

目的 本文报道 1 例 Schnitzler 综合征，旨在提高对该罕见病的认识及鉴别诊断，减少误诊和漏诊。

方法 患者，男性，57 岁，临床上主要表现为间断发热、皮疹，伴关节痛、全身酸痛、乏力、咽痛、口腔黏膜溃疡。MRI 检查提示全身多处皮下软组织水肿。

血常规示：白细胞计数 $9.73\times 10^9/\text{L}$ ，红细胞计数 $3.16\times 10^{12}/\text{L}$ ，血红蛋白 109.0g/L ，血小板计数 $103\times 10^9/\text{L}$ ；C 反应蛋白 71.96mg/L ，血沉 102.00mm/h ；单克隆免疫球蛋白 IGM/LAMBDA 阳性。冷凝集素测定、冷球蛋白均阴性。PET-CT、骨穿活检等均未见淋巴瘤等血液系统疾病证据。

依据 Strasbourg 标准，患者诊断为 Schnitzler 综合征。

结果 治疗: 给予激素及托珠单抗 (IL-6 受体拮抗剂) 应用后体温及症状好转。应用托珠单抗 2 周后出现全身疼痛及右膝关节活动受限, 不排除药物不良反应, 予以激素对症治疗后好转。目前继续随访中。

结论 Schnitzler 综合征目前被认为是一种由 IL-1 和相关细胞因子驱动的成人发病的获得性自身炎症性综合征。该患者以发热、皮疹、关节痛、单克隆免疫球蛋白血症为主要表现。需注意与感染性疾病、结缔组织病、血液系统肿瘤等鉴别。针对该病治疗最有效的是 IL-1 及 IL-6 生物制剂; 有文献报道 IgE 单抗、JAK 抑制剂等亦有一定的疗效。该患者应用 IL-6 受体拮抗剂治疗有效, 但出现可能相关不良反应。该病后期疾病进展可合并血液系统疾病, 密切随访至关重要。

PO-3289

骨髓增生异常综合征合并白塞病一例

陈丹丹

郑州大学第一附属医院

目的 本文报道 1 例骨髓增生异常综合征合并白塞病, 旨在提高对血液系统疾病合并自身免疫性疾病的认识, 减少误诊和漏诊。

方法 患者, 男, 63 岁, 因“睾丸肿胀 1 月, 发热伴巩膜黄染 20 天”就诊, 予以抗炎治疗后睾丸肿胀好转, 但仍反复高热, 伴上肢、颈部、前胸部皮肤红色丘疹及斑片样皮疹; 后陆续出现口腔黏膜溃疡, 双手既往针孔处暗红色突起。

血象示贫血进行性加重、进行性血小板减少, C 反应蛋白、血沉及铁蛋白水平高。皮肤活检提示结缔组织病相关可能。PET-CT 未见肿瘤性疾病证据。胸部 CT: 双肺新发间质性改变。骨髓相关检查提示骨髓增生异常综合征。

结果 诊断及治疗: (1) 结合骨髓相关检查结果, 诊断考虑“骨髓增生异常综合征 (MDS-EB2, IPSS-R 评分 7 分 极高危, TP53 突变)”, 给予“阿扎胞苷”方案治疗, 拟行异基因造血干细胞移植; (2) 结合风湿免疫科会诊意见, 诊断考虑“白塞病”, 给予“激素、托珠单抗、沙利度胺、丙球”等治疗。

结局转归: 患者于就诊 2 月后因重症肺部感染、呼吸衰竭死亡。

结论 近年来, 越来越多报道显示骨髓增生异常综合征与自身免疫性疾病之间存在密切关系, 如血管炎、类风湿性关节炎、干燥综合征、白塞病等。本文报道一例患者同时存在 MDS 与白塞病。MDS 可发生在白塞病诊断之前或之后, 也可同时发生; 当某一系统症状为突出表现时易误诊, 需做好鉴别诊断。对于这类患者, 针对白塞病的治疗, 激素、免疫抑制剂、免疫调节剂、细胞因子拮抗剂等可能有一定的疗效; 效果欠佳的, 针对 MDS 的治疗可能获益更多, 骨髓移植可能是最有效的治疗。

PO-3290

成人 HLH 出血的生物标志物研究: 补体 C3

舒雪梅、郭涛

华中科技大学同济医学院附属协和医院

目的 噬血细胞性淋巴组织细胞增多症 (HLH) 中超过一半的患者会有凝血障碍, 主要以出血事件为主。目前为止, 研究认为 HLH 中出血主要与低纤维蛋白原、低血小板、肝功能异常等因素相关, 尚没有研究探索补体 C3 在 HLH 中发生出血的临床意义。本研究主要探究补体 C3 对成人 HLH 患者中出血的影响及出血相关的危险因素, 构建预测出血的风险模型。

方法 回顾性收集武汉协和医院 2020 年 12 月至 2023 年 11 月于武汉协和医院确诊的 201 例 HLH 患者。收集出血相关的指标及其他临床指标。利用 logistic 回归分析构建预测模型。

结果 本研究总共纳入 201 人，其中出血患者有 91 人（45.3%），大出血有 41 人（20%），临床相关非大出血有 42 人（21%），小出血有 8 人（4%）。主要是皮肤粘膜出血，其次是胃肠道、呼吸道出血、鼻出血等。研究分析发现出血患者中 C3 水平明显下降（出血 VS 无出血，0.5 VS 0.79, $P < 0.001$ ）。通过多因素分析发现补体 C3、血小板、尿素氮是影响患者出血的独立危险因素。出血患者生存率明显下降($P=0.016$)，大出血及临床相关非大出血的死亡风险明显增加。

结论 本次研究首次证明补体 C3 是预测成人 HLH 患者出血的生物标志物。低水平的 C3 与患者出血风险增加相关，由补体 C3、血小板、尿素氮构建的模型可以很好的预测出血事件。其次，出血事件的发生会增加 HLH 患者的死亡率。由此猜测补体系统的异常可能是成人 HLH 患者中出血事件发生的新的机制。

PO-3291

中国特发性多中心型 Castleman 病患者的生活质量及社会功能： 基于患者和照顾者自我调查报告的横断面研究

陈佳、张妙颜、高雨菡、张路、李剑
中国医学科学院北京协和医院

目的 特发性多中心型 Castleman 病 (iMCD) 患者往往存在高炎症状态和多系统受累表现。这些表现可能影响 iMCD 患者的生活质量、精神和心理状态、社会功能和照顾负担。我们的研究旨在通过患者自我报告 (patient-reported outcome, PRO) 和照顾者报告 (caregiver-reported outcome, CRO) 的方法描述 iMCD 患者生活质量和照护负担。

方法 对中国 iMCD 患者和照顾者进行横断面网络问卷调查，使用的调查问卷包括 4 份 PRO 问卷 (MCD-SS、SF-36、PHQ-9 和 WPAI:GH) 和 2 份 CRO 问卷 (SF-36、Zarit-22、CRA)，并对患者和照顾者配对样本进行相关性分析。

结果 研究共纳入 178 例 iMCD 患者和 82 例照顾者，其中包括 42 例患者-照顾者配对组。在患者中，MCD-SS 报告的 MCD 相关临床症状中位数为 9 个，其中疲劳域的平均得分相对较高（平均 4.34 分，SD 2.56）。与中国普通人群相比，SF-36 调查提示 iMCD 患者的身心健康平均分显著下降 ($p < 0.001$)。PHQ-9 调查现实，约 65% 的患者存在抑郁相关症状，28.6% 患者可能患轻度至重度抑郁症。社会功能方面，WPAI:GH 调查结果提示 47.2% (84/178) 患者有工作，疾病影响了 iMCD 患者的工作时间、工作效率和日常活动（受损程度约 21%~29%）。在照顾者中，照顾者 SF-36 评分高于患者但低于中国一般人群 ($p < 0.05$)。根据 Zarit-22 和 CRA 调查结果，iMCD 整体照护负担较轻，但照顾者容易出现自责感（平均 5.1 分，SD 2.3），觉得缺乏家庭支持（平均 3.5 分，SD 0.4）和存在经济问题（平均 3.4 分，SD 0.5）。配对样本的相关性分析显示，iMCD 患者的疲劳症状影响了其身心健康、工作能力和生活质量，且临床症状更多、抑郁相关症状更突出的患者，其照护负担更重、照顾者的身心健康和生活质量更差（相关系数：0.31~0.55）。

结论 iMCD 患者普遍存在的疲劳和抑郁症状会影响他们的生活质量和社会功能，同时和 iMCD 照顾者的自责感和缺乏家庭支持相关。

PO-3292

一例新发 STK4 基因突变患儿的临床特征分析及功能验证

汪琳、杜作晨
遵义医科大学附属医院

目的 本案例旨在通过对 STK4 基因突变患儿进行功能验证，分析其免疫功能的变化，深入探讨 STK4 基因对免疫功能的具体影响，进一步为相关疾病的治疗提供新思路。

方法 首先收集突变患儿临床资料，并通过高通量测序及 Sanger 测序技术确认患儿的基因突变；接着利用单细胞测序分析转录组变化、多细胞分析评估患儿的免疫功能；最后利用流式细胞学技术、蛋白印迹方法进一步对 STK4 基因突变进行功能验证。

结果 1、本研究报道一例 10 岁男性患儿，该患儿表现为反复呼吸道感染、面神经麻痹、泪囊炎等临床症状。实验室检查提示患儿白细胞减低、粒细胞减少，多种细菌、病毒联合感染。2、通过全外显子测序，发现患儿存在 STK4 基因有 2 个新的杂合突变（chr20:43625849;c.733C>T;p.R245X）、(chr20:43625883;43625883;c.768dupT;p.V258Cfs*)；3、多细胞分析发现患儿 TCR 和 BCR 多样性降低；4、单细胞测序分析发现 BACH2 与 STK4 基因突变密切相关；5、蛋白印迹实验表明患儿 STK4 蛋白表达降低；6、流式细胞学技术发现与正常儿童相比，患儿 CD4+T 细胞减少，其中以幼稚细胞数量减少为主，STK4 基因突变病人 PD1、Th1 表达高于正常儿童，CD4+、CD31+表达降低，此外该突变还导致生发中心、边缘区 B 细胞、幼稚 B 细胞表达下降以及记忆 B 细胞 IgM、IgD 的表达下降。

结论 本案例首次报道了 STK4 蛋白 2 个位点的杂合突变并进行相关功能验证，发现 STK4 基因杂合突变使免疫细胞产生减少、免疫功能降低，证实了 STK4 蛋白对于淋巴细胞发育和功能的重要性。

PO-3293

TAFRO 综合征：诊断一定需要病理符合 Castleman 病吗？

李思源、高雨菡、党悦、李剑、张路
北京协和医院

目的 特发性多中心 Castleman 病 (iMCD) 中的 iMCD-TAFRO (血小板减少、重度水肿、发热、骨髓纤维化、肝脾肿大) 病情重、预后差，指南推荐参照重型 iMCD 进行治疗。然而诊断 iMCD-TAFRO 所必须的淋巴结活检常存在诸多制约 (血小板低、淋巴结小、活检结果不明确)。并且，存在淋巴结病理不支持 CD 但难以确诊其它疾病 (TAFRO-w/o-iMCD) 的情况，还有部分患者难以获取病理。已有国外文献提出，无病理证据的 TAFRO 综合征和 iMCD-TAFRO 在临床表现、实验室检查及疗效上无显著差异，可考虑采用相同治疗策略。然而，对于 TAFRO-w/o-iMCD 患者尚不明确是否也应该参照 iMCD-TAFRO 进行诊治。

方法 回顾性分析 2015 年 5 月至 2024 年 5 月间，北京协和医院确诊为 iMCD-TAFRO 和 TAFRO-w/o iMCD 的患者，描述临床特点及转归。

结果 本研究共纳入 60 名患者，其中 49 名为 iMCD-TAFRO，11 名为 TAFRO-w/o-iMCD。两组在临床表现 (发热、水肿、器官肿大等)、实验室指标 (血红蛋白、血小板、肌酐、超敏 C 反应蛋白等) 方面均未有统计学差异。1 例患者自发缓解，剩余 59 例均按照 iMCD 治疗。接受参照 iMCD 的治疗策略后，两组患者 (iMCD-TAFRO 组比 TAFRO-w/o-iMCD 组) 的 12 周总体有效率 (生化及症状) (73.2% vs 88.9%, P=0.68) 无显著差异。中位随访时间 21.3 个月，推测的 3 年无进展生存率 (65.8% vs 85.7%, log-rank P=0.20) 和 3 年总生存率 (77.3% vs 100%, log-rank P=0.15) 亦无显著差异。

结论 对于临床考虑诊断为 TAFRO 综合征的患者，即使淋巴结病理暂不符合 CD 典型表现（同时不能确诊其它疾病），也建议积极参考 iMCD-TAFRO 进行治疗干预。

PO-3294

世界首例：携带 MAGT1 基因纯合突变的经典霍奇金淋巴瘤 双胞胎接受 CD30 CAR T 细胞免疫疗法的报道

汪佳晨、周密、周剑峰、肖敏、黄亮
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 本案例报告了世界首例携带新生 MAGT1 纯合移码缺失（c.131_134delinsGTGGTGGTTTTGGTGTGT, p.Val44Glyfs*38）的同卵双胞胎案例（即：XMEN 综合征）。这对双胞胎分别在 3 岁和 9 岁时确诊为经典霍奇金淋巴瘤（cHL），并在接受标准化疗、自体造血干细胞移植和 CD30 单抗治疗后出现复发。转诊至本中心接受鼠源 CD30 CAR-T 细胞疗法。其中一名双胞胎保持完全缓解状态（CR），另一名在 CR 后 23 个月后复发（PD）。迄今为止，尚无关于 XMEN 淋巴瘤接受 CAR-T 细胞治疗获益的案例，本案例详细描述罕见病临床特征、CAR-T 动力学特征、分子遗传学特征、体外淋巴细胞功能学实验，并首次将 CAR-T 细胞免疫疗法运用于 XMEN 患者临床治疗中，为先天免疫缺陷病相关血液系统肿瘤提供了新的治疗策略。

方法 第一步，追溯双胞胎的临床诊疗过程；第二步，明确 cHL 相关淋巴瘤特征（包括：骨穿、活检、免疫组化染色）；第三步：CD30 CAR-T 免疫治疗特征分析（包括：拷贝数动力学、细胞因子水平、不良并发症、临床疗效、随访）；第四步：高通量测序及家系分析（包括：全基因组测序、一代测序）；第五步：淋巴细胞功能学实验（包括：NKG2D 蛋白表达、杀伤功能、穿孔素、颗粒酶水平）。

结果 双胞胎 1 的 CD30 CAR-T 细胞扩增水平更高，持久时间更长，且 IL-6 水平更高。对双胞胎和他们同母异父哥哥的外周血单个核细胞进行了全基因组测序，发现双胞胎携带 MAGT1 纯合移码缺失（c.131_134delinsGTGGTGGTTTTGGTGTGT, p.Val44Glyfs*38, NM_032121.5），此位点尚未公共数据库（1000G、ExAC 和 GenomAD）中被报道过。Sanger 测序进一步证实了双胞胎为 MAGT1 移码缺失纯合子，而他们的哥哥、母亲均为野生型。进一步地采集双胞胎、母亲、三名健康志愿者外周血进行体外 T 淋巴细胞功能学实验，发现双胞胎的 CD8+T 细胞和 NK 细胞分泌的穿孔素水平明显下降，且细胞杀伤毒性减弱；而颗粒酶实验表明，双胞胎患者激活的 CD8+T 和 NK 细胞的颗粒酶分泌是正常的，而静息状态下淋巴细胞分泌水平明显下降。

结论 年轻的淋巴瘤患者及标准治疗疗效不佳的血液肿瘤患者，应怀疑为潜在的先天免疫缺陷病（IEIs）。尽管 XMEN 患者存在显著的 T 功能障碍，双胞胎在接受 CAR-T 治疗后均实现了 CR，我们怀疑 CAR-T 细胞组分可能会弥补 T 细胞缺陷，而 CAR-T 细胞的其他细胞毒机制，如 IFN γ 等细胞因子介导的杀伤，可能会弥补穿孔素缺陷影响。本报道为“先天免疫缺陷肿瘤患者可能通过 CAR-T 免疫治疗获益”提供了支持证据，同时为先天免疫缺陷病相关血液系统肿瘤提供了新的治疗策略。

PO-3295

阵发性夜间血红蛋白尿症的分子机制研究与潜在药物预测

赵鹏¹、卢学春^{1,2,3}

1. 山西医科大学

2. 解放军总医院第二医学中心血液病科

3. 国家老年疾病临床医学研究中心

目的 使用药物重定位等方法预测药物，利用多组学整合分析方法解释 PNH 分子机制，以期对 PNH 的治疗提供参考意见。

方法 对 10 名 PNH 患者外周血进行 RNA 测序并分析，以“paroxysmal nocturnal hemoglobinuria”为检索词在 GEO 数据库中检索 PNH 相关数据并分析，将测序数据和 GEO 数据库数据的分析结果输入 EpiMed 表观精准预测平台进行药物预测。同时在 PDB 数据库中检索 PNH 现行药物与其靶蛋白结合位点，将已有小分子药物与该蛋白结合位点进行分子对接以预测药物。对上述药物预测结果取交集，通过临床经验、患者 miRNA 数据、阅读相关文献、探究药物之间相互作用、药物-疾病关联分析等对预测药物进行不同水平验证并构建评分体系。

结果 GEO 中检索到患者数据集为 GSE80062 和 GSE14561，将其分析结果与患者测序数据分析结果一起输入 EpiMed 数据库中得药物预测结果，PNH 已上市药物靶蛋白为 C5、CFB、CFD，将小分子药物结构文件分别与其进行分子对接，选取结合能小于-7kcal/mol 的小分子药物，对两部分药物预测结果取交集，共三种药物：吡美莫司、茶苯海明以及格列本脲。通过药物与疾病关联程度进行打分排序为：茶苯海明、吡美莫司、格列本脲。

结论 茶苯海明可能作为潜在的药物用于治疗 PNH，但其在临床实际中的作用还需进一步实验验证。

PO-3296

Shwachman-Diamond 综合征 39 例报告并文献复习

陈姣、刘周阳、樊世芬、姜帆、李晓霞、孙媛

北京京都儿童医院

目的 总结 Shwachman-Diamond 综合征（Shwachman-Diamond Syndrome, SDS）临床及基因特点。

方法 回顾性分析 2015 年 7 月~2024 年 5 月在北京京都儿童医院收治的 SDS 患儿临床资料，并复习相关文献。

结果 共纳入 39 例，男 24 人(61.5%)，女 15 人(38.5%)；SBDS 复合杂合突变 33 例（84.6%），纯合突变 6 例（15.4%），c.258+2T>C 突变 38 例（97.4%）；c.183-184delinsCT 17 例（43.6%），c.184A>T 10 例（25.6%）。36 例（91.9%）足月娩出，3 例（8.1%）早产。中位出生体重 2.95（1.95~3.87）kg，中位出生身长 49（43~53）cm。中位发病年龄<1（<1~146）月；中位诊断年龄 13 月（1 天~15 岁）。35 例（89.7%）有腹泻及脂肪泻。34 例淀粉酶及脂肪酶减低，5 例未查；31 例行胰腺检查，28 例（90.3%）发现形态或回声异常。粒细胞减少 36 例（92.3%）；贫血 20 例（51.3%）；血小板减少 14 例（35.9%）；三系减低 12 例（30.8%）；37 例行骨穿，MDS 6 例（16.2%）；26 人查 TP53 突变，3 例（11.5%）阳性；27 人查染色体核型分析，异常 4 例（14.8%）。体重低于 2SD 22 例（56.4%），身高低于 2SD 13 例（59%）。38 人查肝功能，转氨酶升高 33 例（86.8%）；运动或语言发育落后 16 例（41%）；未出牙 3 例，牙齿异常 12 例（33.3%）；湿疹及过敏 13 例（33.3%）；胸廓或骨骼异常 14 例（35.9%）；心脏异常 9 例（23.1%）；32 人查甲状腺功能，异常 5 例（15.6%）；手指畸形 3 例（7.7%）；泌尿系异常 4 例（10.3%）；腭裂、眼睑下垂、听力异常、腹股沟斜疝及白塞病各 1 例（2.6%）。15 例

(38.5%)行异基因造血干细胞移植,男9人,女6人,中位移植年龄35(8~192)月。3例移植方案不详,余12例使用清髓预处理。1名MDS-RAEBt预处理方案为BU/CY/VP16/FLAG/ATG,3名MDS及1名骨髓衰竭伴TP53突变患者预处理方案为BU/CY/Flu/ATG,余8人预处理方案为BU/Flu/ATG。单倍体移植及1例脐带血移植(HLA 6/10相合)GVHD预防方案为环孢素+MMF+巴利昔单抗,余为环孢素+MMF+MTX。15例(100%)均植入成功,13例(86.7%)存活,1例死于败血症并发脓毒性休克及多脏器衰竭,1例死于肺部感染并发呼吸衰竭。

结论 SDS在宫内即可出现异常,生后主要表现为血细胞减少、胰腺形态及功能异常、腹泻、生长发育迟缓及肝功能异常等,c.258+2T>C是SBDS基因最常见突变位点。如SDS合并严重血液学异常,造血干细胞移植是安全有效的治疗手段。

PO-3297

一例严重的移植物抗宿主病的黏多糖贮积症 IV型患儿的病例探讨

官亚宁、张平平、杜作晨、陈艳、何志旭
遵义医科大学附属医院

目的 本研究旨在探讨黏多糖贮积症IV型(MPS IV)患儿在移植后发生严重肠道移植物抗宿主病(GVHD)的临床特征,以促进临床医生对黏多糖贮积症及移植后GVHD的早期认识和干预。

方法 回顾性分析1例严重的移植物抗宿主病的黏多糖贮积症IV型患儿的临床资料、相关检查结果及治疗情况。

结果 3岁男性患儿,因胸廓畸形1+年入院,经过相关检查诊断为MPS IV型。X线显示多处骨骼改变,基因检测确认了GALNS基因的杂合突变。随后进行了半相合无关男性供者的造血干细胞移植。移植后18天,患儿出现腹部不适,随后持续出现黄色稀水便,被诊断为肠道GVHD(III度)。经甲泼尼龙、环孢素、CD25单抗等治疗后,病情有所好转随即出院。然而,移植后50天时再次出现肠道相关症状,临床表现严重体现在多次呕吐胃内容物及多次腹泻,经过多种治疗效果不好,最终通过间充质干细胞输入获得有效缓解,患者病情得以控制并好转出院。

结论 本病例为MPS IV型患儿移植后发生严重GVHD的少见情况。通过对其临床特征和治疗方法的分析,我们提供了重要的临床参考,有助于早期诊断MPS及移植后GVHD,并为相关疾病的预防和治疗提供了新思路。

PO-3298

Poems 综合征一例病例报告

王冉
郑州大学第一附属医院

目的 报告一例Poems综合征患者情况

方法 女性,49岁,近半年存在双侧进行性感觉和运动神经功能障碍,长期腹泻,肝脾肿大,心包积液,皮肤色素沉着。血尿M蛋白为IgA, λ 轻链型,淋巴结肿大,骨硬化,VEGF增高。

结果 建议患者行1-2次RD疗程后尽快行造血干细胞移植。

结论 目前国内暂无明确的Poems综合征风险评估方案,移植候选者尽快考虑造血干细胞移植。

PO-3299

以多浆膜腔积液和血小板减少 为主要表现的 TAFRO 综合征 1 例报告

王伟琼、商豫凤、王冲
郑州大学第一附属医院

目的 报告 1 例以多浆膜腔积液和血小板减少的 TAFRO 综合征患者的诊治经过及随访情况，分析其临床特征、辅助检查结果、病情变化及转归等。

方法 患者男性，57 岁，因“发现血小板减少 8 天，加重 1 天”为主诉于 2024 年 2 月 20 日就诊于我院。患者因胰腺炎复诊检查发现血小板减少，入院后血常规：白细胞计数 $7.1 \times 10^9/L$ ，血红蛋白 $70.0 \mu g/L$ ，血小板计数 $12 \times 10^9/L$ 。CT 提示两侧胸腔积液并两肺下叶膨胀不全，右肺中叶及两肺下叶炎症，心包少量积液，前列腺钙化灶，腹盆腔积液，胸腹壁皮下间隙水肿。PET-CT 提示头颈部、纵隔、双肺门、双侧腋窝多发淋巴结代谢稍活跃，考虑炎性或者增生性淋巴结可能，结合病史不排除 TAFRO 综合征，建议结合病理，另可见多浆膜腔积液。左腋窝肿大淋巴结穿刺活检病理：淋巴结结构存在，淋巴滤泡萎缩，滤泡间较多浆细胞增生，结合免疫组化，考虑 Castleman 病（浆细胞型），免疫组化结果：CyclinD1(-)，HHV-8(-)，IgG(部分+)，IgG4(-)。骨穿及骨髓活检未见异常。诊断为“Castleman 病（浆细胞型，iMCD 型-TAFRO 亚型，重型）”。

结果 患者明确诊断为 Castleman 病，排除禁忌行“司妥昔单抗”联合化疗方案治疗。患者症状好转，血小板升至正常，多浆膜腔积液较前稍好转。

结论 TAFRO 综合征作为一种罕见的病症，诊断相对于其他类型的 Castleman 病来说难度更大，诊断依赖患者临床表现、淋巴结活检、PET-CT 等检查。提高对本病的认识，尽早诊断、积极规范治疗对改善预后意义重大。

PO-3300

以发热、皮疹为主要表现的皮病性淋巴结炎 1 例

王伟琼、商豫凤、王冲
郑州大学第一附属医院

目的 报告 1 例以发热、皮疹为主要表现的皮病性淋巴结炎患者的诊治经过及随访情况，分析其临床特征、辅助检查结果、病情变化及转归等。

方法 患者女性，31 岁，因“间断发热 1 月余”为主诉于 2024 年 4 月 12 日就诊于我院。1 月前无明显诱因出现发热，体温最高 $39.8^\circ C$ ，出现全身散在皮疹，伴瘙痒，不伴溃烂，抗感染治疗效果差。入院后完善相关检查：血常规：白细胞计数 $29.80 \times 10^9/L$ ，血红蛋白 $102.0 \mu g/L$ ，血小板计数 $148 \times 10^9/L$ 。生化：谷丙转氨酶 $380 U/L$ ，谷草转氨酶 $189 U/L$ ，总胆红素 $58.50 \mu mol/L$ ，直接胆红素 $49.70 \mu mol/L$ ；可溶性 CD25 $2480.11 pg/mL$ ；甲功、G/GM 试验、EBV/CMV、风湿结缔组织全套、病毒全套、T-SPOT、自免肝未见异常。PET/CT 提示头颈部、纵隔、双肺门、双侧腋窝、膈上前群、腹盆腔、腹膜后、双侧髂血管旁及双侧腹股沟多发肿大淋巴结代谢活跃，考虑淋巴瘤可能，建议结合病理；脾大弥漫性代谢活跃，所见中央及外周骨髓代谢稍活跃，建议结合骨穿。骨穿及活检提示嗜酸粒细胞比值增高，免疫表型检测未见明显异常，MPN、PDGFRA 等基因检查均阴性。左侧腋窝肿大淋巴结穿刺活检提示 T 淋巴细胞非典型增生，TCR 重排阴性。行“腋窝淋巴结切除术”送检活检，病理形态可见片状细胞，细胞表达 CD1a，少量表达 CD68 和 S-100，提示皮病性淋巴结炎。

结果 患者明确诊断为皮病性淋巴结炎，排除禁忌行激素联合环孢素治疗，辅助皮肤科联合治疗，

患者发热好转，皮疹消退。

结论 皮病性淋巴结炎又称为脂性黑色素性网状组织细胞增生症，继发于各种慢性皮肤病的淋巴结肿大性疾病，具有较为特征性的组织学特点，临床上需与淋巴瘤、噬血细胞综合征、朗格汉斯组织细胞增生症等鉴别。

PO-3301

An Open-label, Prospective Trial to Evaluate the Efficacy and Safety of Ixazomib in Combination with Cyclophosphamide and Dexamethasone in Patients with Newly-Diagnosed POEMS Syndrome

Haiyan He, Nan Hou, Xi Chen, Yaqi Song, Wanting Qiang, Jin Liu, Jing Lu, Weijun Fu, Juan Du
Myeloma and Lymphoma Center, Department of Hematology, Changzheng Hospital, Shanghai, China.

Objective Proteasome inhibitors (PIs), such as bortezomib, have been proven effective in treating POEMS syndrome. The oral PI ixazomib may also play a role in the treatment of POEMS syndrome, potentially with a lower rate of peripheral neuropathy toxicity. This open-label, prospective trial aimed to evaluate the combination of ixazomib, cyclophosphamide and dexamethasone (ICD) in 12 newly diagnosed POEMS syndrome patients.

Methods This study is registered with the Chinese Clinical Trials Registry (ChiCTR2000030072). The treatment protocol consisted of 12 cycles of the ICD regimen, comprising ixazomib (4 mg on days 1, 8, 15), oral cyclophosphamide (300 mg on days 1, 8 and 15), and dexamethasone (20mg weekly). Patients who responded after four cycles continued treatment until progression or intolerable toxicity. The primary endpoint included hematological response rate, VEGF response rate, and the reduction in the Overall Neuropathy Limitations Scale (ONLS) score.

Results As of September 2022, a total of 12 patients received a median of 10 (range: 3-23) cycles of the ICD regimen. The hematological response could be evaluated in 10 patients, and the overall hematologic response rate was 80% (8/10), with 30% (3/10) achieving complete hematologic response, and the overall serum VEGF response rate and neurologic response were 100% and 83.3% respectively. Only two patients experienced grade 3/4 AEs, including diarrhea (n=1) and leukopenia (n=1).

Conclusion The combination of ixazomib, cyclophosphamide, and dexamethasone demonstrated both efficacy and safety in newly diagnosed POEMS syndrome, making it a viable treatment option.

PO-3302

一例特发性 CD4+淋巴细胞减少症伴 M 蛋白血症病例报告

潘峻、郭勇、高健、牛挺
四川大学华西医院

目的 患者 35 岁男性，因反复咳嗽咳痰 2 年，间断发热 8 月，于 2022 年 3 月就诊于华西医院血液科。9 年前有肺结核病史。入院后两次外周血流式细胞免疫分型：CD3+CD4+T 细胞总 T 淋巴细胞的 4%，血清蛋白电泳查见 IgG-λ 型 M 蛋白，基因检测查见 STAT4 基因杂合性错义突变，胸部 CT 显示右肺中叶、双肺下叶斑片影，边界不清，考虑炎性改变，NGS 查见肺孢子菌感染证据。余相关检查均未见明显异常。

方法 患者诊断为特发性 CD4+淋巴细胞减少症 (idiopathic CD4+T lymphocytopenia ICL)、意义不明的单克隆丙种球蛋白血症 (IgG-λ 型 MGUS)、肺孢子菌感染。给予复方磺胺甲基异噁唑、卡泊芬净抗感染; IL-2 及胸腺肽增强免疫功能; 小剂量沙利度胺降 M 蛋白。感染控制、体温正常后出院随访。

结果 本例患者同时患有 ICL 和 MGUS、伴有肺孢子菌感染, 比较罕见。ICL 和 MGUS 是两种不同的疾病, 其发病机制和临床表现各异。ICL 是一种罕见的免疫系统疾病, 在没有 HIV 感染或其他明显的免疫缺陷病因的情况下, 出现外周血 CD4+T 淋巴细胞计数减少, CD8+细胞计数正常。因细胞免疫功能受损, 导致患者易发生各种感染和自身免疫性疾病; MGUS 是一种克隆性浆细胞增生性疾病, 表现为单克隆免疫球蛋白增加, 体液免疫功能受损, 但不伴有明显的肿瘤负荷或器官功能障碍, 通常被认为是一种良性病变, 但部分患者可能会进展为多发性骨髓瘤等浆细胞肿瘤。肺孢子菌是一种常见的真菌感染病原体, 常见于免疫功能受损的个体, 如 HIV 感染者、器官移植受者和白血病患者。本例患者 CD4+淋巴细胞减少, 细胞免疫功能受损, M 蛋白的出现影响体液免疫功能, 更容易受到细菌、病毒及肺孢子菌感染。

结论 本病例提醒我们, 在临床实践中应充分注意不同疾病的共存和相互影响, 以制定个体化、综合性的治疗方案。

PO-3303

胶质瘤合并急性 B 淋巴细胞白血病患者 行异基因造血干细胞移植的治疗效果

牟时代¹、冯英俊²、吴要功¹、朱瑞琪¹、仲照东¹

1. 华中科技大学同济医学院附属协和医院

2. 广西省玉林市红十字会医院

目的 脑癌和白血病是儿童最常见的恶性肿瘤。已有报道显示, 原发脑肿瘤患儿在接受放化疗后可能发生继发白血病, 或原发急性白血病患者接受颅脑放疗或鞘内注射化疗药物后可能发生继发脑恶性肿瘤。然而, 胶质瘤和急性淋巴细胞白血病同时发生且不存在神经纤维瘤、染色体异常等遗传缺陷的情况非常罕见。

方法 观察并记录 1 例同时发生胶质瘤和急性 B 淋巴细胞白血病, 且不存在遗传缺陷的患者, 进行手术、化疗和异基因造血干细胞移植后的疾病转归和生存情况。

结果 患者男性, 17 岁。2023 年 2 月因突发头痛、呕吐、昏迷就诊, 外院 CT 提示左侧额叶出血, 术后活检结果为儿童型弥漫性高级别胶质瘤 (WHO 4 级, H3 和 IDH 野生型, P53 突变型)。未行专科放化疗, 仅使用德巴金和左乙拉西坦控制癫痫, 多次复查 MRI 未见新发病灶或疾病进展。

术后因三系减少行骨髓穿刺并确诊为 B-ALL (com-B, BCR-ABL 融合基因阴性)。依次行 2 次 DVLP 诱导化疗后骨穿提示完全缓解 (CR), 1 次 HyperCVAD courseB 方案强化化疗后骨穿提示 CR 但微小残留病 (MRD) 转阳, 1 次 DVCLP 方案化疗加 1 次贝林妥单抗免疫治疗后复查骨穿提示 CR 且 MRD 阴性。但移植前体检腰穿提示 CNS-L (脑脊液提示约 68.92%异常 B 系原始细胞), 患者多次癫痫发作且逐渐加重, 无法耐受鞘注, 家属决定尽快接受异基因造血干细胞移植。

2023 年 11 月 5 日至 11 月 7 日行异基因外周造血干细胞移植, 供者为其母亲 (HLA 6/10 相合, 血型不合, 供者 O+, 受者 B+)。预处理方案为 TMI+VP16+Cy+ALG, 并给予预防 GVHD 治疗 (CsA+MTX+MMF+CD25 单抗)。中性粒细胞和血小板植入时间分别为 13 天和 30 天。2024 年 2 月出现 GVHD (肠道排异) 和移植相关血栓性微血管病 (TA-TMA), 经调整抗排异药物、CD25 单抗、依库珠单抗和间充质干细胞输注等治疗后缓解。

2024 年 4 月 10 日复查 MRI 提示左侧额叶术后表现, 左额叶、岛叶、颞极软化灶/残腔形成, 右侧额叶小软化灶, 上述软化灶周边高 FLAIR 信号较前稍增多, 未见明显强化或弥散受限, 暂考虑胶质增生可能。骨髓细胞学检查显示幼红细胞比值增高, MRD 阴性, 供者嵌合度 98.8%。腰穿脑脊液 MRD 阴性。

结论 胶质瘤和急性白血病都存在治疗困难和复发率高。二者同时发生在没有遗传缺陷的患者中非常罕见。白血病化疗方案中的长春新碱、地塞米松、甲氨蝶呤和阿糖胞苷等药物可能通过血脑屏障发挥抗胶质瘤效应，而放疗为主的预处理方案联合异基因造血干细胞移植有助于控制原发病的进展和复发。

PO-3304

糖皮质激素联合利妥昔单抗治疗原发性血小板增多症合并获得性血友病 A 1 例并文献复习

张星
广州市红十字会医院

目的 提高临床医师对原发性血小板增多症合并获得性血友病 A 的认知和诊疗水平。

方法 通过 1 例原发性血小板增多症合并获得性血友病 A 患者的临床表现、实验室检查、诊疗经过及相关文献报道，对该病的病因、临床表现、实验室特点、诊断及治疗方案选择进行讨论。

结果 通过输注血浆、口服泼尼松治疗，患者症状可好转，但短期内出现复发，予泼尼松联合利妥昔单抗治疗后四肢瘀斑逐渐消退、凝血功能和 VIII 因子活性恢复正常，VIII 因子抗体被完全清除，随访 4 个月患者症状无再发。

结论 原发性血小板增多症合并获得性血友病 A 临床罕见，极易误诊、漏诊，起病凶险，糖皮质激素单药治疗效果不佳时需尽早联用利妥昔单抗治疗，疗效显著，安全性高。

PO-3305

一项单中心以达雷妥尤单抗为基础治疗轻链淀粉样变性的疗效和安全性回顾性分析

王欣然、李春蕊
华中科技大学同济医学院附属同济医院

目的 轻链淀粉样变性 (AL) 是一种由于免疫球蛋白轻链错误折叠导致淀粉样物质在组织和器官中沉积而引起的疾病。AL 的预后很差，尽管达雷妥尤单抗 (Daratumumab) 在多项临床试验中显示出对 AL 患者具有显著的疗效，然而，由于严格的入选标准，排除了基础条件较差的患者。本研究探究非严格筛选下，评估基础条件差 AL 患者使用以 Daratumumab 为基础治疗的疗效和安全性，为临床提供治疗选择和参考。

方法 纳入 2021 年 5 月至 2024 年 5 月就诊于华中科技大学同济医学院附属同济医院，接受 ≥ 3 疗程 Daratumumab 治疗的 AL 患者。患者接受不同组合的 Daratumumab 联合治疗方案，包括达雷妥尤单抗+来那度胺+地塞米松、达雷妥尤单抗+硼替佐米+地塞米松、达雷妥尤单抗+泊马度胺+地塞米松、达雷妥尤单抗+塞利尼索+地塞米松、达雷妥尤单抗+伊莎佐米+地塞米松、达雷妥尤单抗+地塞米松、达雷妥尤单抗+卡非佐米+地塞米松。

结果 此项回顾性分析共纳入 38 例患者，其中初诊 28 例，复发/难治 10 例，中位年龄 59 岁 (38~75 岁)。52.6% 患者 Mayo 分期 III~IV。29 名患者 (76%) 有心脏受累，20 名患者 (52%) 有肾脏受累。NT-proBNP 中位数为 2375 (14~54883) ng/L，中位 24 小时尿蛋白定量为 0.683 (0.123~15.094) g，中位 eGFR 为 71.1 (4.1~118.7) ml/min/1.73m²。中位 dFLC 为 132.05 (6.4~11328.63) mg/L。在血液学缓解方面，所有患者在治疗后第 1 个月客观缓解率 (ORR) 为 52.6% (20/38)，其中 \geq VGPR 为 16 例；第 6 个月时 ORR 为 72.2% (26/36)， \geq VGPR 为 22 例；

第 12 个月时 ORR 为 90.9%(10/11), \geq VGPR 为 9 例。在器官反应方面, 心脏受累患者的反应率在治疗 3 个月后为 42%, 6 个月后为 78%, 12 个月后达到 85%。肾脏受累患者中, 9 名(45%)在治疗 12 个月后出现了器官反应。在安全性方面, 最常见的不良反应是中粒细胞减少和贫血, 共 12 例(31.5%); 输液反应 8 例(21%), 均为 1~2 级。

结论 本研究回顾真实世界中 Daratumumab 治疗 AL 患者数据, 证实 Daratumumab 快速诱导血液学和器官反应, 第 12 个月 ORR 达 90.9%, 这一结果与当前 Daratumumab 治疗 AL 临床研究中 ORR 超过 80%的数据相比, 达到了相似的疗效水平。同时, 不良反应轻微可控。表明以 Daratumumab 为基础是 AL 患者有效治疗选择, 这为临床医生在面对基础条件较差的 AL 患者时提供了重要的治疗参考和依据。

PO-3306

序贯联合旁路治疗在血友病伴抑制物患者围手术期的应用

刘柳

郑州大学第一附属医院

目的 本研究旨在评估序贯联合旁路治疗 (SCBT) 在血友病伴抑制物患者围手术期的应用效果。

方法 本研究回顾性分析了 2018 年至 2023 年期间完成的 16 例血友病伴抑制物患者的手术资料。所有患者均接受了序贯联合旁路治疗 (SCBT)。根据凝血因子缺乏的类型和水平以及抑制物滴度水平, 对患者进行了分类。我们详细记录了患者的手术类型、术中出血量、术后恢复情况、并发症发生率以及治疗成本等数据。

结果 研究结果显示, 针对不同滴度抑制物的血友病患者在围手术期的因子治疗方案取得了显著的效果。高滴度抑制物的患者中, 大部分在接受治疗后止血效果良好, 即使有个别患者因特殊原因止血效果略逊, 但及时调整方案后仍能维持止血。同时, 临床安全监测结果也表明, 大部分患者的凝血功能正常, 仅少数患者短暂出现纤维蛋白原或血小板计数偏低, 但均逐渐恢复正常。

结论 本研究结果表明, 序贯联合旁路治疗 (SCBT) 在血友病伴抑制物患者围手术期的应用具有显著的安全性和有效性。通过合理使用 rFVIIa 和 aPCC 这两种药物, 我们可以有效降低患者的出血风险, 提高手术成功率。未来, 我们需要进一步探讨 SCBT 在不同手术类型和不同病情下的最佳给药方案, 以优化治疗效果并降低治疗成本。

PO-3307

异基因造血干细胞移植治疗 SAMD9 基因突变所致的骨髓衰竭性疾病个案报道并文献复习

古晶晶、宋庆林

焦作市人民医院

目的 分析 SAMD9 基因突变所致疾病的临床特点和治疗手段。

方法 回顾性分析 2023 年于焦作市人民医院血液科诊断的 1 例 SAMD9 基因突变相关疾病的患儿。

结果 合并 SAMD9 基因突变, 其突变来自母亲, 表现为骨髓衰竭, 应用环孢素治疗无效。成功接受异基因造血干细胞移植。

结论 SAMD9 基因突变所致疾病可涉及造血、免疫和神经等诸多系统, 临床表现可从无明显临床症状到严重综合征。对于因其突变所致的骨髓衰竭性疾病, 异基因造血干细胞移植是有效的治疗手段。

PO-3308

靶向 CD38 治疗 T 大颗粒淋巴细胞白血病分子机制

李若难^{1,2}、黄芎^{1,2}、邱晨^{1,2}、张乐乐^{1,2}、田林珠^{1,2}、沈昱灿^{1,2}、杨爽^{1,2}、李浩渊^{1,2}、高珍^{1,2}、潘虹^{1,2}、李伟望^{1,2}、赵婧余^{1,2}、方力维^{1,2}、初雅婧^{1,2}、袁卫平^{1,2}、施均^{1,2}

1. 中国医学科学院血液病医院（中国医学科学院血液学研究所），血液与健康全国重点实验室，国家血液系统疾病临床医学研究中心，细胞生态海河实验室
2. 天津医学健康研究院

目的 T 大颗粒淋巴细胞白血病（T-LGLL）是一种成熟的 T 淋巴细胞增殖性肿瘤，鉴于其病理亚群特征尚未明确导致诊断和靶向治疗困难，本研究旨在解析 T 大颗粒淋巴白血病细胞（T-LGLs）分子机制特征，寻求机制驱动的靶向标志物，以期为 T-LGLL 患者提供新的治疗选择。

方法 本研究基于 T-LGLL 患者单细胞 RNA 测序转录组（scRNA-seq）解析 T-LGLs 的特征及其功能。体外敲除和过表达实验验证 CD38 编辑后 Jurkat 细胞系的功能。进一步 Bulk RNA-seq 剖析 CD38 在 T-LGLs 中的作用机制。最后采用靶向小分子抑制剂在体内外模型进行临床前转化。

结果 本研究发现相较于健康对照（HDs），T-LGLL 患者中 CD38 分子表达量显著上调，特异性 CD38 高表达的 T-LGLs 克隆扩增。功能方面，患者 CD38^{bright} T-LGLs 毒性功能，增殖能力和抗凋亡能力相较于 HDs 增强。体外 CD38 敲除实验降低 Jurkat 增殖和促进其凋亡，体外过表达 CD38 促进 Jurkat 细胞增殖和抑制其凋亡。进一步分选 CD38^{bright} VS CD38^{dim} T-LGLs 进行 Bulk RNA-seq 机制探究，揭示 CD38 介导的 T-LGLs 增殖依赖于 IGF2BP2。靶向 CD38 小分子抑制剂 78c 和 IGF2BP2 抑制剂 CWI1-2 对 T-LGLL 原代细胞和 Jurkat 细胞系表现出显著的抑制效果，并且 78c 在人 Jurkat 细胞系异种移植模型中显著降低了 T 细胞肿瘤负荷。

结论 本研究揭示了 CD38 在促进 T-LGLs 细胞的增殖和毒性功能中的关键作用及机制，支持靶向 CD38 作为 T-LGLL 患者潜力治疗策略。

PO-3309

海曲泊帕联合免疫抑制剂治疗儿童再生障碍性贫血疗效分析

张琳、熊昊

华中科技大学同济医学院附属武汉儿童医院

目的 评估海曲泊帕联合免疫抑制治疗在儿童再生障碍性贫血疾病中的疗效。

方法 回顾性分析 2017 年 8 月至 2023 年 12 月武汉儿童医院血液科收治并接受 IST 联合海曲泊帕治疗的 20 例儿童再生障碍性贫血患者的临床资料，评估接受海曲泊帕治疗后的疗效及不良反应。

结果 20 例患者中 1 例有效失访；7 例（6 例极重型、1 例重型再障）接受 IST 联合海曲泊帕治疗的同时进行了异基因造血干细胞移植，移植后停用海曲泊帕治疗，继续口服环孢素治疗，达完全缓解；其余 12 例患者均脱离输血，中位随访时间 29 个月，长期存活，均无死亡，其中 6 例完全缓解，1 例反复感染待移植。12 例未移植患者中有 1 例出现镜下血尿，3 例肾功能不全，2 例 EB 病毒感染；1 例因环孢素浓度过高药物损害所致的急性肾功能不全、肝功能不全。

结论 海曲泊帕联合免疫抑制剂使用，协同促进再生障碍性贫血的造血应答，特别在非重型再生障碍性贫血患者中可获得长期有效缓解状态，减少或预防复发，且对重型/极重型再生障碍性贫血患者延长了输血时间直至脱离输血，也为移植准备赢得时间，提高生存质量。同时需检测药物不良反应，包括减轻免疫抑制剂药物不良反应。

PO-3310

骨髓增生异常综合征合患者行异基因造血干细胞移植后 并吉兰-巴雷综合征 2 例报道并文献复习

马晓静、郭荣
郑州大学第一附属医院

目的 报道 MDS 移植后罕见合并疾病

方法 选取郑州大学第一附属医院 2 例相关病例，进行临床特征与相关辅助检查检验进行报道，并结合相关回顾相关进行分析。

结果 两例骨髓增生异常综合征患者在行异基因造血干细胞移植术后出现手足麻木、疼痛、运动功能受限，追溯病史前期合并巨细胞病毒、EB 病毒、人类疱疹病毒 1 型、6 型等前驱感染病史，肌电图、脑脊液检查、神经内科会诊诊断为吉兰-巴雷综合征，给予丙种球蛋白、激素及康复治疗后期神经系统症状好转。

结论 2 例骨髓增生异常综合征合异基因造血干细胞移植后并吉兰-巴雷综合征报道并进行文献复习。

PO-3311

低剂量艾美塞珠预防 A 型血友病婴幼儿的真实世界数据： 华南地区的回顾性多中心队列研究

周桂池¹、王纓¹、何丽雅²、冯晓勤³
1. 深圳市儿童医院
2. 广州市妇女儿童医学中心
3. 南方医科大学南方医院

目的 艾美塞珠在预防减少血友病 A 患儿出血发作方面的系统研究报道十分有限，特别是在婴幼儿的长期随访中。本研究旨在更好地阐明艾美塞珠单抗预防在华南地区 HA 患儿尤其是婴幼儿中的有效性和安全性。

方法 回顾性分析 2019 年 6 月至 2023 年 5 月在三家中心使用艾美塞珠预防治疗的合并或不合并抑制物的血友病 A 患儿的治疗情况。个体化给药剂量及时间间隔根据药品规格、体重增长、经济状况和出血次数进行调整。通过计算患儿在使用艾美塞珠前半年（如不足半年按出生开始计算）及转换为低剂量艾美塞珠预防后（随访至少半年）的出血情况。

结果 26 例血友病 A 患儿在开始使用艾美塞珠时平均实足年龄为 3.3 岁，其中 53.8% 的患者在接受艾美塞珠治疗期间发生出血事件，且大多数与创伤有关。同时，在开始或改用艾美塞珠后，出血率显著降低，年化出血率（ABR），自发出血年化出血率和关节年化出血率。目前艾美塞珠维持剂量水平的总体中位数(IQR)为每 7 天等效剂量方案 0.83mg/kg。此外，在本研究中没有观察到不良事件，说明了用药的安全性。

结论 我们队列研究的实际经验表明，在中国患有血友病 A 的婴幼儿，无论是否合并抑制物，都可能从低剂量的艾美塞珠预防治疗中受益。

PO-3312

中国 SBDS 基因 c.258+2T>C 或 c.183_184TA>CT 突变患者 基因型与表型分析

董明新

中国医学科学院血液病医院（血液学研究所）

目的 Shwachman-Diamond 综合征(SDS,OMIM:260400)是一种罕见的遗传性骨髓衰竭综合征，以造血功能异常、胰腺外分泌功能障碍和骨骼发育不良为特征。约 90%的 SDS 患者在 7q11 染色体上存在 SBDS 基因的 c.258+2T>C 和 c.183_184TA>CT 双等位基因致病变异。因此，探讨 c.258+2T>C 和 c.183_184TA>CT 突变的患者的临床表型和基因变异特点具有重要意义。

方法 选取 2020 年 1 月至 2024 年 1 月于就诊与我院并二代测序检测出 SBDS 基因 c.258+2T>C 或 c.183_184TA>CT 突变的 328 例患者，收集其临床资料，并分析其血液病相关基因突变谱特点。

结果 根据 SBDS 基因 c.258+2T>C 或 c.183_184TA>CT 突变类型，将患者分为 6 类：215 例 c.258+2T>C 杂合突变；59 例 c.183_184TA>CT 杂合突变；7 例 c.258+2T>C 纯合突变；11 例 c.258+2T>C/c.183_184TA>CT 复合杂合突变；14 例 c.258+2T>C/c.183_184TA>CT 非等位基因突变；22 例 SBDSP1 的 chr7:72301403C>G 杂合突变。发现 18 例 SBDS 的 c.258+2T>C/c.183_184TA>CT 纯合或复合杂合患者的发病年龄中位数显著偏低（20 岁），13 例患者存在 TP53 突变（9 例患者存在 2 个及以上 TP53 突变），且均位于 exon5-exon8 区域。7 例 c.258+2T>C 纯合患者 WBC, RBC, PLT, Hb, NEUT# 五项指标均低于正常范围并相对 c.258+2T>C/c.183_184TA>CT 复合杂合患者整体降低更明显。所有 SBDS 的 6 种突变类型中，患者的肝酶的数值均成正态性分布。

结论 SBDS 突变患者具有异质性的临床表型，以上发现丰富了中国 SDS 的表型谱和变异谱，对全血少、胰腺外分泌功能障碍等症状的患者应完善基因检测以免漏诊 SDS。

PO-3313

多中心 Castleman 病合并恶性胸水 1 例

黄婕、卢育洪、邱宁祥、郭理杏、张贺真、何翠莹、刘晶

河源市深河人民医院（暨南大学附属第五医院）

目的 报道一例多中心 Castleman 病合并恶性胸水的个案。

方法 患者男性，66 岁。因“胸闷气促伴反复发热咳嗽”于外院就诊，予抗感染等对症治疗。随后转至暨南大学附属第一医院，查全身浅表淋巴结肿大，中度贫血，免疫固定电泳提示 IgG-κ，腹股沟淋巴结活检病理：符合反应性淋巴结增生，胸水微生物 NGS 阴性，予抗感染治疗后出院。随后就诊于我院，完善左侧腋窝淋巴结活检病理：淋巴组织增生性病变，考虑为巨淋巴结增殖症（Castleman 病，浆细胞型），HHV-8（-）。血清炎症因子：IL-8 增高，VEGF 无增高，IL-6 无增高。

结果 2024-5-22 开始予以泼尼松 25mg bid d1-7，12.5mg bid d8-14，利妥昔单抗 600mg d1，q4w 方案治疗，患者症状改善。

结论 Castleman 病（CD）是以淋巴结肿大为特征的淋巴组织慢性增生性疾病，国外病例多与 HIV 和 HHV-8 感染有关；临床表现为 2 型：单中心型和多中心型，后者异质性高，典型病例以淋巴结病理诊断为金标准，非典型病例需要排他。此患者临床表现及实验室检查支持，但病理活检不够典型。骨髓和胸水出现免疫表型一致单克隆成熟 B 细胞，提示胸膜浸润，鲜见报道。

PO-3314

持续治疗对特发性多中心 Castleman 病患者 无进展生存期的影响

刘依、尹雪娇、丁胜男、佟红艳、孟海涛、尤良顺
浙江大学附属第一医院血液科

目的 本研究旨在评估持续治疗对特发性多中心 Castleman 病 (iMCD) 患者的疗效及其对无进展生存期 (PFS) 的影响。

方法 本研究采用回顾性研究方法, 收集 2015 年至 2023 年在浙江大学附属第一医院确诊的 123 例 iMCD 患者的数据。根据患者的初始治疗反应, 评估持续治疗的效果, 并进行生存分析。

结果 在 123 名患者中, 61% 为男性, 平均年龄为 53.8 岁。病理类型以浆细胞型 (76.4%) 为主, 其他类型包括透明血管型 (12.2%) 和混合型 (11.4%)。大多数患者 (86.2%) 表现出不同的全身症状, 包括 B 症状 (48%) 和呼吸道症状 (26%) 等。随访中位时间为 22.7 个月, MCD 患者的中位总生存期 (OS) 和中位无进展生存期 (PFS) 均未达到。1 年和 2 年 OS 分别为 94.3% 和 87.4%, 1 年和 2 年 PFS 分别为 96.2% 和 81.2%。通过单变量和多变量 Cox 回归分析发现, 年龄超过 60 岁和低白蛋白血症是影响患者预后的独立风险因素。在生存分析中, 持续治疗组的 PFS 显著优于非持续治疗组, 但 OS 无显著差异。

结论 本研究首次明确展示了持续治疗对 iMCD 患者 PFS 的显著改善效果。尽管 OS 无显著差异, 但对于达到最佳治疗反应的患者, 持续治疗仍然是不可或缺的干预措施。本研究结果为未来更大规模的临床研究和持续治疗时间的优化提供了基础数据。

PO-3315

关于戈谢病患者合并妊娠的病例报道一例

李婧雯、郑伟燕
浙江大学医学院附属第一医院

目的 戈谢病 (Gaucher disease, GD) 是一种罕见的常染色体隐性遗传疾病, 主要是由于编码葡萄糖脑苷脂酶 (Glucocerebrosidase, GBA) 的基因突变引起的脂质代谢异常。临床表现为肝脾肿大、贫血及出血、骨病、神经系统病变等多脏器受累。目前国内关于戈谢病患者妊娠后的诊疗经验较少, 本病例基于个案报道, 希望对未来相关患者的诊疗提供更多的临床数据及指导。

方法 对一例确诊戈谢病合并妊娠的青年女性进行病例报道。

结果 患者青年女性, 2019 年在浙江大学附属第一医院完善酶学检查及 GBA 基因检测, 确诊 1 型戈谢病, 开始应用伊米苷酶 (思而赞) 治疗, 具体为 2000U 静脉注射, 每两周一次。患者于 2022.11.17 左右妊娠, 妊娠期间一直用药, 静脉注射思而赞 2800U, 每两周一次, 期间监测血象正常。2023.09.22 在腰硬麻下行子宫下段剖宫产术, 娩出胎儿顺利, 胎儿一般情况平稳。目前继续思而赞每两周注射治疗, 持续门诊治疗及随访。

结论 妊娠期间对于戈谢病患者的治疗和监测尤为重要, 目前认为酶替代治疗对妊娠结局有益。根据国际上的相关文献报道, 对于已接受酶替代治疗的患者, 建议妊娠期间继续行酶替代治疗, 因此在该患者妊娠期间并未中断治疗。该患者在妊娠足月后, 择期行剖宫产, 最终顺利诞出健康婴儿。目前国内关于戈谢病患者妊娠后的相关诊疗经验及报道较少, 本病例基于个案进一步验证了在妊娠期间使用酶替代治疗的安全可靠性。

PO-3316

Ixazomib: A Novel Effective Induction option for Newly Diagnosed POEMS Syndrome: A Case Report

haixia cao,zhidan Chen
The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University

Objective POEMS syndrome is a rare plasma cell dyscrasia. To date, standard approaches have not been established. The oral proteasome inhibitor Ixazomib has demonstrated an efficacy and safety profile for multiple myeloma, so it is necessary to introduce this important class of drug to POEMS in a convenient fashion.

Methods We herein report a case with POEMS syndrome that treated with ixazomib (4 mg, days 1, 8, 15) plus dexamethasone (30 mg, days 1, 8, 15, 22) in a 28-day cycle.

Results After four cycles of this protocol, serum VEGF level declined to normal range, symptoms of polyneuropathy improved dramatically, the multiple fractures and lymph nodes became smaller obviously, no monoclonal band was detected in the protein electrophoresis, signs of impotence disappeared. During the following two-years of maintenance-therapy time, the patient did not complaint obvious uncomfortable.

Conclusion This is the first report of treating with ixazomib and dexamethasone for newly diagnosed POEMS syndrome, which resulting in significant response and tolerated well. It demonstrated that ixazomib appeared as a new treatment option for patients with POEMS syndrome.

PO-3317

使用基于利妥昔单抗的方案成功治疗以皮疹为首发症状的 iMCD：病例报告和文献综述

朱丽
浙江大学医学院附属第一医院

目的 特发性多中心 Castleman 病 (iMCD) 是一种罕见的淋巴增生性疾病, 其特征是淋巴结肿大和全身炎症, 通常涉及多器官功能障碍。然而, iMCD 的皮肤受累是罕见和异质的, 关于 iMCD 皮肤受累治疗的研究也很少。我们通过一例以皮肤为首发表现的 iMCD 病例的介绍为其他相关患者的治疗提供经验。

方法 描述了一例罕见的以面部皮肤受累为主要表现的 iMCD 的患者, 通过基于利妥昔单抗的治疗有效, 治疗前后皮肤的变化。

结果 患者通过基于利妥昔单抗的方案治疗, 皮肤病变得到明显改善, 治疗有效。

结论 基于利妥昔单抗的治疗对于以皮肤改变为首发表现的 iMCD 可能具有一定的疗效, 但还需要更多的临床实践。

PO-3318

Clinical Features of 72 Cases of Adult Langerhans Cell Histiocytosis

Rong hui Zhang¹, Rong rong Pei^{2,3,4}

1. Department of Hematology, The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University
2. Central-China Branch of National Center for Cardiovascular Diseases, Central-China Hospital
3. National Center for Cardiovascular Diseases
4. Fuwai Central China Cardiovascular Hospital

Objective To observe the clinical manifestations, pathological and immunohistochemical characteristics, treatment and outcome of adult Langerhans Langerhans Cell Histiocytosis(LCH), to increasing the understanding of the disease, improving the therapeutic effect and prognosis.

Methods A retrospective study was conducted in adult LCH treated in The First Affiliated Hospital of Zhengzhou University from January 2012 to July 2019, analyzing their clinical characteristics treatment plan and prognosis.

Results Of a total of 72 cases ,there were 48 males (66.7%) and 24 females(33.3%). the male to female ratio was 2:1, and the mean onset age was 30 (14-74) years old.We all found a total of 104 lesion sites, including bone lesions 44, skin 15, intracranial lesions15, including sella region 1 and pituitary 8, lung 10, lymph node 9, subcutaneous soft tissue 7, armpits and groins 3 ,thyroid 1.Related clinical manifestations included bone pain, pathological fracture, skin rash, pruritus, headache, fever, subcutaneous nodules, thirst, polydipsia, polyuria, diabetes insipidus, amenorrhea, difficulty in opening the mouth, and other secondary or associated neoplastic diseases in 4 patients. Immunohistochemical characteristics: s-100 (+), CD1a (+), CD207 (+), CK (+ or -), Ki67 (+), common CD68 (+), and occasional CD20 (+). Besides, mutations of the oncogene BRAF-V600E can be detected in some cases,LCH was also associated with other tumors, with a 5-year overall survival (OS) rate of 93.75% (15/16).

Conclusion Adult LCH is more common in male patients, and often occurs skeletal system ,there are diversities of clinical manifestations ,and can be secondary or associated with neoplastic diseases. The prognosis is related to the location of onset, and the 5-year OS rate is relatively high.

PO-3319

温抗体型溶血性贫血合并 Gilbert 综合征一例

焦愿愿、王慧睿、王松云、赵变锋、杨二青
河南科技大学第二附属医院

目的 明确患者血红蛋白数值下降幅度与间接胆红素数值不相匹配，考虑是否有继发性高胆红素血症。

方法 完善患者及家属基因检测。

结果 提示 UGT1A1 阳性，诊断“1、温抗体型溶血性贫血；2、Gilbert 综合征”。

结论 患者因出现皮肤黄染、重度贫血、感染，完善相关检查诊断“温抗体型自身免疫性溶血性贫血”，予激素治疗后效果不佳，予输注 CD20 单抗治疗后血红蛋白升高为 111g/L，网织红细胞百分比 5.1%，网织红细胞绝对值 $0.1721 \times 10^9/L$ ，乳酸脱氢酶正常，但直接胆红素 12.24umol/L，间接胆红素 75.65umol/L，以间接胆红素升高为主，皮肤及巩膜黄染明显，结合病史及检查结果，患者血红蛋白数值下降幅度与间接胆红素数值不相匹配，考虑是否有继发性高胆红素血症，完善检查提示 UGT1A1 阳性，诊断“1、温抗体型溶血性贫血；2、Gilbert 综合征”。

PO-3320

利妥昔单抗-硼替佐米-地塞米松联合治疗 iMCD 的临床疗效显著

尹雪娇、刘伊、孟海涛、尤良顺
浙江大学附属第一医院

目的 特发性多中心 Castleman 病(iMCD)的治疗选择目前有限，特别是对白细胞介素-6 抑制剂无反应或耐药的患者。

方法 我们首次创新地设计了一种方案，将利妥昔单抗-硼替佐米-地塞米松(RVD)作为新诊断为 iMCD 的患者的一线巩固治疗。此外，我们采用无维持治疗策略来简化缓解后护理。

结果 5 例 iMCD 患者(包括 1 例 TAFRO 综合征)接受了 RVD 方案，所有患者均获得部分缓解(PR)或更好。4 个 RVD 周期后，3 例(60%)患者达到 PR，1 例(20%)患者达到完全缓解。这 5 例患者达到 PR 或更好，停止治疗，但在 11 个月的中位随访中保持稳定，反应持续时间分别为 7、7、10、12 和 13 个月。在观察期内，所有患者均未发生 ≥ 3 级不良事件。

结论 总的来说，这些发现表明 RVD 方案可能是 iMCD 患者的一种有希望的治疗选择，100%的有效率。这是一种安全有效的方法，可以产生持久的反应，而不需要持续的维持治疗。此外，这表明达到 PR 或更好的患者的复发率相对较低；因此，维持治疗的潜在益处可能会减少。

PO-3321

单中心 170 例血友病临床研究和疾病管理经验

司叶俊、于友欢、张彦明
淮安市第二人民医院

目的 本研究旨在分析单中心 170 例血友病患者的临床数据，总结疾病管理经验，探讨康复治疗及肌骨超声在改善患者活动能力和生活质量中的作用，并测评血友病活动能力评估量表 (Haemophilia Activity List, HAL) 和关节炎生活治疗测量量表 (Arthritis Impact Measurement Scales, AIMS) 的应用效果。

方法 本研究采用回顾性分析方法，收集 2012 年至 2024 年期间单中心 170 例确诊为血友病患者的临床资料，涵盖患者基本信息、出血频率、关节病变严重程度、康复治疗方案、MSKUS 检查结果、HAL 和 AIMS 评分及生活质量等多维度数据。从疾病特征、治疗方式与效果、患者活动能力和生活质量评估等方面进行系统分析并总结相关经验。

结果 170 例患者中，血友病 A 型占比 76.5%，B 型占比 23.5%；其中接受预防性治疗患者比接受按需治疗患者的年均出血次数显著减少 (3.2 ± 1.1 vs 11.4 ± 2.3 次, $p < 0.01$)。肌骨超声在诊断和监测关节病变中表现出高效性，早期诊断率显著提高。MSKUS 检查结果显示，62% 的患者存在不同程度的关节病变，最常见于膝关节、踝关节和肘关节。康复治疗显著改善了血友病患者的活动能力和生活质量。HAL 和 AIMS 测评分别用于评估患者的日常活动能力和生活质量。研究发现，接受系统康复治疗的患者其 HAL 评分显著提高 (从基线的 43.6 ± 7.2 分提高到 60.8 ± 8.3 分, $p < 0.01$)，AIMS 评分显著下降 (从基线的 6.5 ± 1.1 分下降到 4.1 ± 0.9 分, $p < 0.05$)，表明日常活动能力和生活质量显著改善。此外，康复治疗显著减少了关节炎的疼痛和活动受限。通过 MSKUS 定期监测，能够动态调整康复计划，优化治疗效果。在疾病管理经验方面，本研究强调了多学科团队 (Multidisciplinary Team, MDT) 合作的关键作用。血液科、康复科、及心理科的协作，不仅提高了患者的医疗依从性，还有效减少了病情的复发和并发症的发生。通过建立长期随访制度和患者教育计划，显著提高了患者的自我管理能力。

结论 本研究表明，通过结合常规血液学治疗、系统康复治疗及肌骨超声的多学科综合管理，可以显著改善血友病患者的活动能力和生活质量。肌骨超声作为精准的无创监测工具，在关节病变的早

期诊断和治疗中发挥了重要作用；系统康复治疗不仅显著改善了患者的肌力和关节活动度，还显著提升了生活质量。未来，建议在大样本及长期随访的基础上，进一步优化个性化疾病管理方案，提升血友病患者的长期预后和生活质量。

PO-3322

基于多维度转录组数据揭示血友病 B 免疫 异质性及血小板功能损伤机制

耿杰¹、陈浩然²、侯传东³、赵鹏²、张力中¹、卢学春³

1. 山西医科大学基础医学院

2. 山西医科大学管理学院

3. 中国人民解放军总医院第二医学中心血液科，国家老年疾病临床医学研究中心

目的 本研究旨在整合单细胞和 Bulk-RNA 数据，探讨重型血友病 B (Hemophilia B, HB) 患者的免疫细胞与血小板功能异常之间的潜在联系及机制。

方法 从 GEO 数据库下载 7 例 HB 患者与 3 例正常人外周血单个核细胞 (PBMC) 样本的单细胞测序数据，使用 R 语言进行数据处理与细胞类型鉴定。比较两组间的细胞比例、细胞间通信及信号通路差异，并对 HB 患者进行免疫相关基因的 AUcell 打分。Bulk-RNA 数据来自 3 例 HB 小鼠 (F9 Exon 1-3 KO) 与 3 例正常小鼠 (F9 WT) 的肝脏组织测序，使用 HISAT2 和 HTseq 软件进行质控和定量。通过 R 语言进行差异表达分析、通路富集及 GSEA 分析。

结果 单细胞分析结果显示，与正常人相比，HB 患者的血小板簇共鉴定出 454 个差异表达基因 ($P < 0.05$)，特别是 GPIIB 基因表达显著下调。细胞比例分析表明，NKT 细胞、Mono (CD14+, CD3+)、NKT 细胞 (CD16+) 和 MoDCs 的占比均高于正常样本 ($P < 0.05$)。细胞通讯分析揭示，HB 患者中 T 细胞、Mono (CD14+)、Mono (CD14+, CD3+) 和 B 细胞 (CD3+) 与血小板之间存在特异性相互作用。Bulk-RNA 分析结果显示，HB 小鼠中共鉴定出 785 个上调基因和 82 个下调基因。通路分析结果显示，ECM-receptor interaction、Hematopoietic cell lineage、PI3K-Akt signaling pathway 和 Complement and coagulation cascades 等信号通路与血小板功能显著相关 ($P < 0.05$)。

结论 研究结果表明，多种免疫细胞与血小板的交互作用在 HB 患者血小板功能减退中起关键作用，GPIIB 基因表达下调可能是导致血小板功能异常的潜在机制。这一发现为未来针对血友病 B 的治疗提供了新的方向。

PO-3323

POEMS 综合征相关肾损害

高琪

郑州大学第一附属医院

目的 为全面了解 POEMS 综合征中肾损害的发生情况及识别相关患者提供依据，也为临床医生选择合理的治疗方案提供参考。

方法 目前对于 POEMS 综合征相关肾损害的研究较少，故整理相关文献，总结其临床及病理特点。

结果 POEMS 综合征的发病机制复杂，目前尚不完全清楚。

结论 目前尚无针对 POEMS 综合征治疗的标准方案，对 POEMS 综合征相关肾损害的治疗也多来自临床经验。尚无研究认为由 POEMS 综合征引发的肾损害需要进行透析或肾脏替代治疗。

PO-3324

ERCC6L2 基因突变合并 PARN 基因突变的再生障碍性贫血一例并文献复习

李研、罗欢、张凯、邓婷、江丽、常城
重庆市第五人民医院

目的 再生障碍性贫血(Aplastic anemia, AA)是由多种原因引起的骨髓造血功能减低或衰竭,导致全血细胞减少的综合征,先天性再生障碍性贫血通常由遗传性基因突变引起。现报道 1 例 ERCC6L2 基因突变合并 PARN 基因突变的再生障碍性贫血患者的诊治过程,并检索文献复习分析,探究其遗传学发病机制及治疗。

方法 1 例 12 岁患者完善骨髓细胞形态学、骨髓活组织检查、基因检测等。

结果 骨髓细胞形态学检查示:骨髓有核细胞增生略低。骨髓活检示:骨髓增生极度减低,造血细胞缺乏,巨核细胞少见。基因检测示:检测到来自父亲的 ERCC6L2 杂合突变(c.1963C>T、p.R655*)和来自母亲的 PARN 杂合突变(c.1075A>G、p.K359E)。染色体正常,BMF 相关检查阴性。患者规律服用海曲泊帕、环孢素、斯坦唑醇等药物治疗,疗效不佳。

结论 ERCC6L2 杂合突变可造成骨髓衰竭综合征 2 型;PARN 杂合突变与先天性角化不良相关,部分 PARN 基因突变的端粒生物学障碍患者最常见的表现包括骨髓衰竭、再生障碍性贫血。二者共同导致患者骨髓造血功能障碍,因此常规的药物治疗效果不佳,异基因造血干细胞移植可能有助于该患者造血功能恢复。

PO-3325

AL 型淀粉样变性的临床特征、疗效及预后影响因素分析

章建国
安徽医科大学第二附属医院

目的 AL 型淀粉样变性是一种罕见的全身性疾病,本研究旨在分析 AL 型淀粉样变性的临床特征、评价其对不同方案的治疗反应、评估其预后及相关的影响因素。

方法 回顾性收集安徽医科大学第二附属医院自 2010 年 1 月 1 日至 2023 年 12 月 31 日经过组织活检病理确诊为 AL 型淀粉样变性的病例,通过电话及医院病历系统查询进行随访,随访时间截止 2024 年 1 月 1 日,记录总生存时间,通过 Fisher 确切概率法分析不同治疗组的疗效、安全性,采用 Kaplan-Meier 进行生存分析,使用单变量和多变量 Cox 比例风险模型评估预后的影响因素。

结果 1.本研究初步收集 55 例初诊患者,其中男性 67.72% (37 例),女性 32.28% (18 例),男女比例为 2.06:1,常见首发症状:颜面部或肢体水肿、胸闷、泡沫尿或蛋白尿、乏力、心悸、肢体疼痛麻木、腹胀纳差、舌体肥大、头晕等,提示多器官受累,其中肾脏为最常受累器官,其次是心脏。

2.本研究行骨髓活检 23 例,刚果红染色阳性例数占比 47.8% (11 例);肾脏活检共有 20 例,刚果红染色阳性例数占比 100% (20 例);皮肤脂肪活检共有 7 例,刚果红染色阳性例数占比 57.1% (4 例);舌体唇腺活检共有 6 例,刚果红染色阳性例数占比 50% (3 例);肝脏活检共有 1 例,刚果红染色阳性例数占比 100% (1 例)。

3.以达雷妥尤单抗为基础的化疗方案相较以硼替佐米为基础的化疗方案,可以快速获得血液学反应和心脏器官缓解,且安全性更高。

4.BNP (P=0.035, OR=1.001)、NT-proBNP (P=0.040, OR=1.000)、血清游离轻链差值 (P=0.006,OR=1.003)、治疗方案 (P=0.031, OR=0.274)是影响 AL 型淀粉样变性预后的危

险因素，血清游离轻链差值（ $P=0.009, OR=1.004$ ）、治疗方案（ $P=0.028, OR=1.004$ ）是影响 AL 型淀粉样变性预后的独立危险因素。

结论 1.AL 型淀粉样变性以中老年男性为主，常见首发症状：颜面部或肢体水肿、胸闷、泡沫尿或蛋白尿、乏力、心悸、肢体疼痛麻木、腹胀纳差、舌体肥大、头晕等，提示多器官受累，其中肾脏为最常受累器官，其次是心脏。

2.病理检查结果提示肾脏活检阳性率高。

3.以达雷妥单抗为基础的化疗方案相较以硼替佐米为基础的化疗方案，可以快速获得血液学反应和心脏器官缓解，且安全性更高。

4.初诊时血清游离轻链差值低和治疗方案达雷妥单抗组是良好预后的独立影响因素。

PO-3326

新颖 scAAV-DJ/8-LP1-hFIXco 载体 转导人 HUCMSCs 为基础的细胞基因治疗研究

卜梓斌、楼金吐、徐卫群、张玲燕、汤永民
浙江大学医学院附属儿童医院

目的 本研究旨在构建 scAAV-DJ/8-LP1-hFIXco 载体，感染导入人 HUCMSCs，进行体内外实验研究，探讨以第三方宿主细胞为基础的基因治疗方法作为代替传统血友病乙基因治疗的可能性。

方法 自行设计制备装载人精炼 FIX（hFIXco）的腺相关病毒载体 ScAAV-DJ/8-LP1-hFIXco。采用一期凝固法检测转导 HUCMSCs 培养上清中 FIX 的活性，以未转导 HUCMSCs、CHO、HL 细胞作为阴性对照，以转导 HL7702 细胞上清作为阳性对照。用 PCR 及 Western blot 方法分别检测 FIX 的 RNA 及蛋白的表达。在 NSG 和 F9-KO 实验小鼠研究中，FIX 活性测定观察 NSG 动物体内的表达，凝固时间用来评估 F9-KO 实验小鼠接受治疗后的出血情况。免疫组化分析评估 HUCMSCs 在 NSG 动物体内的分布情况。HE 染色评估动物接受治疗后细胞克隆性增生的状况。

结果 成功构建 scAAV-DJ/8-LP1-hFIXco 载体，常规感染人 HUCMSCs，体外培养上清能测到高活性的 FIX，活性达到 $113\% \pm 4.92\% \sim 105\% \pm 1.13\%$ ，显著高于阴性对照组，与阳性对照组活性相当。尾静脉注射转导 HUCMSCs 到 NSG 小鼠后，在注射后 24 小时~7 个月，均能获得持续稳定的 hFIXco 活性，hFIXco 的分泌量与直接尾静脉注射高剂量（ $1 \times 10^{11} \text{vg/kg}$ ）scAAV-DJ/8-LP1-hFIXco 相似，而应用于 HUCMSCs 的 scAAV-DJ/8-LP1-hFIXco 载体剂量仅为 $1 \times 10^9 \text{vg/kg}$ 。在为期 5 个月的动物实验中，未发现肝、肺、脑、脾脏毒性反应，也未见明显细胞克隆性增生现象。

结论 本研究成功研制了一种新型且更为安全的以 HUCMSCs 为基础的细胞基因治疗方法，可能具有临床应用前景。

PO-3327

原发性/继发性淀粉样变性临床特点分析

宋丽君、魏玉萍
宁夏回族自治区人民医院

目的 淀粉样变因发病隐匿，误诊率较高，且确诊时一般已进展至较晚期，现分析原发性淀粉样变及继发性淀粉样变的临床特点，提高临床诊断率。

方法 回顾性分析宁夏回族自治区人民医院 2017 年 1 月至 2023 年 12 月期间诊断的 87 例轻链型淀粉样变患者的临床资料、实验室检查、活组织检查、治疗效果。

结果 淀粉样变患者中位发病年龄 62.7 岁，原发性 AL 为 47 例，继发性 AL 为 40 例，男女比例为

1.76: 1, 轻链类型以 λ 轻链型多见, 约 74%, 其中心脏累及 49 例, 肾脏累及 23 例, 肝脏累及例 9 例, 所有患者组织病理活检刚果红染色呈阳性, 原发性 AL 轻链类型以 λ 轻链型多见, 心脏[30 例 (64%)]、肾脏累及[19 例 (40%)]、肝脏[7 例 (15%)]较多受累, 发病时血红蛋白水平、碱性磷酸酶水平、NT-proBNP 水平、24 小时尿蛋白定量水平、游离轻链水平均较继发性 AL 更高, β 2-MG 及肌酐水平、骨髓浆细胞百分比较继发性 AL 更低。对细胞遗传学分析发现: 原发性 AL 与继发性 AL 两组患者 1q21 扩增、t (11;14)、RB1、t (14;16) 阳性例数的差异有统计学意义。随访过程中继发性 AL 组 22 例患者死亡, 多考虑为多发性骨髓及淀粉样变双重因素、疾病进展等所致, 原发性 AL 组死亡 11 例, 其中心脏受累者达 81.8 % (9/11), 患者多因心力衰竭、多脏器衰竭死亡。

结论 AL 是一种复杂的涉及多学科的疾病, 其临床表现主要取决于受累脏器, 临床表现复杂多样, 容易漏诊、误诊,

部分患者在确诊时心脏受累已经非常严重, 甚至失去治疗时机, 硼替佐米为主的免疫化疗目前为其主要治疗手段, 通过本文回顾性分析, 我们认识到该类疾病比以前认为的更常见, 因此早期发现及诊治和病情全面评估对于防治淀粉样变性不可逆的器官组织损伤和延长总生存期至关重要。

PO-3328

腹壁脂肪、唇腺及骨髓 3 部位活检联合质谱 分析技术诊断轻链型淀粉样变性的价值

宋丽君、魏玉萍
宁夏回族自治区人民医院

目的 分析腹壁脂肪组织活检、唇腺活检及骨髓活检 3 部位联合活检在诊断轻链型淀粉样变性中的应用, 探讨 3 种微创活检方法在不同器官累及患者中的应用价值及 3 部位联合活检对提高诊断阳性率的意义。

方法 回顾性分析宁夏回族自治区人民医院 2017 年 1 月至 2023 年 12 月期间诊断的 87 例轻链型淀粉样变患者的临床资料, 其中原发性 AL 为 47 例, 继发性 AL 为 40 例, 分析 3 部位微创活检的阳性率, 器官累及情况与不同部位活检的结果, 2019 年 1 月后我中心对于任 1 部位刚果红阳性的病例加做激光显微切割联合质谱(LMD/MS)分析。

结果 各部位活检阳性率继发性 AL 组与原发性 AL 组无明显统计学差异, 总体腹部皮下脂肪活检者 77 例, 63 例阳性, 阳性率 88.1%; 47 例行骨髓活检, 24 例阳性, 阳性率 51.1%; 48 例行唇腺活检, 31 例阳性, 阳性率 64.6%; 同时行上述三部分活检者 47 例, 任一部位部分阳性者 44 例, 阳性率 91.5%; 部分原发性 AL 患者因上述部位活组织检查阴性或因首诊就诊其他科室, 4 例行肾脏活检阳性; 3 例胃肠道或肝脏活检阳性; 1 例舌组织活检阳性, 1 例神经活检阳性, 1 例肌肉活检阳性。对任一部位刚果红染色阳性患者的组织行 LMD/MS, 74 例患者阳性 74 例, 并提示轻链类型与免疫固定电泳的轻链类型一致; (2019 年后我院常规开展该项检查, 故 2019 年前诊断的患者未行该检查, 多为继发性 AL); 2019 年前累计确诊患者仅 10 例 (11.5%), 2019-2023 年确诊患者达 77 例 (88.5%)。

结论 患者延迟诊断和误诊仍是 AL 淀粉样变性较为突出的问题, 很多患者不能及时诊断而错过最佳治疗时机。因此, 一旦临床疑似 AL 淀粉样变性, 采用合理的活检手段尽快确诊是关键。3 部位联合活检可将单部位检出率从 60-70%提高到约 90%; 心脏累及患者多基础情况较差, 无法耐受心肌活检等侵袭性操作, 而 3 部位联合活检可诊断约 90%的患者, 且有助于减少诊断创伤, LMD/MS 技术最终对淀粉样变性的类型起定性作用; 建议临床对怀疑 AL 的患者常规进行腹壁皮下脂肪组织、唇腺、骨髓三部位活检并通过 LMD/MS 进一步印证并进一步分型鉴定, 这对于推动 AL 的早期诊断, 减少误诊及漏诊, 最终达到早期及精准治疗, 具有很高的临床应用和研究价值。

PO-3329

ALK 阳性组织细胞增生症合并肺腺癌 1 例

郭冰凌、李杰平
重庆大学附属肿瘤医院

目的 间变性淋巴瘤激酶（ALK）阳性组织细胞增生症（anaplastic lymphoma kinase-positive histiocytosis, APH）是非常罕见的淋巴造血系统肿瘤，最早于 2008 年报道。本病例报道一例罕见的 ALK 阳性组织细胞增生症合并肺癌，这是目前为止全世界首次报道。

方法 该患者为 32 岁男性，左颈部淋巴结肿大 2 月起病，粗针穿刺活检符合 ALK 阳性组织细胞增生症，免疫组化结果：Vimentin(+),CD68(+),CD163(+),CD10(+),Lysozyme(局灶+),ALK(+),CD34(血管+),SMA(-),Syn(-),Desmin(-),SMA RCA4/BRG1(+),INI-1(+),MyoD1(-),Myogenin(-),TTF-1(-),PAX-8(-),LCA(-),HMB-45(-),Brachyury(-),CK-pan(-),CAM5.2(-),P40(-),S-100(-),CD30(-),Ki-67(+,约 30%)。基因检测到 EML4::ALK 融合基因，为 EML4 基因的 6 号内含子中段与 ALK 基因的 19 号内含子中段发生融合形成。PET-CT 提示左颈IV-V区、左侧锁骨区、左上纵隔、主动脉弓旁、主肺动脉窗多发代谢增高淋巴结；多处骨骼受累；左肺上叶尖后段结节伴代谢稍增高，考虑恶性肿瘤。纵膈淋巴结穿刺活检为转移性肺腺癌，免疫组化结果：上皮区域 CK-pan(+),CAM5.2(+),TTF-1(+),NapsinA(+),PAX-8(-),GATA-3(-),CDX2(-);组织细胞区域 Vimentin(部分+),CD68(部分+),cD163(部分+),CD10(弱+);Lysozyme(灶弱+),s-100(-),P40(-),Ki-67(+,约 10%);全部区域 ALK(VENTANA D5F3)(+),阳性对照(+),阴性对照(-)。

结果 通过 ALK 抑制剂恩沙替尼联合化疗 2 程后，临床症状得到缓解。

结论 ALK 阳性组织细胞增生症非常罕见，目前全世界报道少于 50 例，合并肺腺癌属首次报道。APH 主要的治疗方案选择 ALK 抑制剂，本例患者的治疗仍在探索。

PO-3330

2 例皮肤血管内 NK/T 细胞淋巴瘤报道附文献复习

郭冰凌、胡人之
重庆大学附属肿瘤医院

目的 总结我中心收治的 2 例罕见的皮肤 NK/T 细胞淋巴瘤的诊疗体会。

方法 对 2 例原发于皮肤血管内 NK/T 细胞淋巴瘤患者的临床表现、病理及分子特点、诊治经过等临床资料进行分析，并复习文献。

结果 两名患者均以皮疹为首发症状，经活检，符合皮肤血管内 NK/T 细胞淋巴瘤，治疗上采用 PGEMOX 方案诱导化疗，联合造血干细胞移植。

结论 血管内 NK/T 细胞淋巴瘤属于血管内细胞淋巴瘤的罕见类型。治疗方式有限，疗效不佳，总体生存时间短，1 年内生存时间不足 31%。疾病的侵犯部位多为结外器官，其中皮肤最常见，病理特征为肿瘤细胞局限在血管内生长，免疫组化表达细胞毒性标记物。患病人群的 B 症状多见，且与 EB 病毒感染密切相关。采用强诱导化疗方案联合干细胞移植有效。

PO-3331

家族性噬血细胞综合征一例个案分析

陈晨、张红霞、农卫霞、潘歆
石河子大学医学院第一附属医院

目的 加深对家族性噬血细胞综合征的临床特征和治疗方案、预后的认识；

方法 通过分析患者临床资料来认识一例家族性噬血细胞综合征；

结果 患者发热就诊，完善检查确定后家族性噬血细胞综合征诊断，给予 HLH-2004 方案治疗，患者目前存活超过 6 年；

结论 STXBP2 基因突变阳性的家族性噬血细胞综合征，患者成年后起病，目前长期随访生存，考虑可能不是预后不良的基因突变类型。

PO-3332

基于血友病 A 多维转录组数据构建 miRNA-mRNA 网络及潜在药物预测

耿杰¹、陈浩然²、侯传东³、赵鹏²、卢学春^{1,3}

1. 山西医科大学基础医学院

2. 山西医科大学管理学院

3. 中国人民解放军总医院第二医学中心血液科，国家老年疾病临床医学研究中心（解放军总医院）

目的 本研究旨在利用生物信息学方法构建血友病 A 患者的 miRNA-mRNA 调节网络，收集凝血止血相关基因和信号通路，整合并预测具有潜在治疗作用的中药活性小分子。

方法 从多个生物信息学数据平台（GEO、CNCB、ArrayExpress 等）收集 HA 的 miRNA 测序数据，使用 R 语言 limma 包进行差异表达分析，鉴定差异表达 miRNA；使用高置信度的 miRNA-mRNA 预测平台，鉴定 miRNA 的靶基因。同时本研究纳入 10 例男性 HA 患者进行外周血 RNA-seq，利用 edgeR 包进行差异表达分析，以验证 miRNA 靶基因预测结果。凝血止血相关信号通路基因集来自 DAVID 和 PubMed 数据库。从 TCMSP 和 HERB 数据库获取并下载活性分子 3D 结构文件，构建中药分子数据库。AlphaFold3 用于构建 miRNA 的 3D 结构，随后基于 CADD 方法进行高通量药物虚拟筛选，PyMOL 用于对接结果可视化，同时揭示受配体相互作用力。

结果 结果表明，在 HA 患者中，共鉴定出 29 个表达上调的 miRNA，12 个表达下调的 miRNA，且预测到 1220 个靶基因。患者 RNA-seq 结果显示，有 252 个上调基因，481 个下调基因。凝血止血相关通路基因共收集得到 680 个。最终共纳入 3 个 miRNA（hsa-miR-122、hsa-miR-139、hsa-miR-509）、1 个 mRNA（ROCK2）和血小板活化（Platelet activation）信号通路用于 miRNA-mRNA 调节网络的构建。CADD 药物筛选共得到 4 种中药活性分子：Wikstrosin、isoprincepin、Withanolide D 和 vitamin-e，与目标 miRNA 具有稳定的结合力（小于 -10 kcal/mol）。

结论 本研究鉴定得到 3 个表达上调 miRNA 通过下调 ROCK2 基因表达，抑制血小板活化信号通路，从而影响 HA 患者出血表征；同时预测得到 4 种活性分子（Wikstrosin、isoprincepin、Withanolide D 和 vitamin-e）可能通过抑制这些 miRNA 来预防和改善 HA 患者的出血表征，提高患者生活质量。

PO-3333

构建和验证基于 LASSO 的列线图预测 pre-PMF 进展为 overt-PMF 的风险：一项多中心研究

胡施炜、黄健
浙江大学医学院附属第一医院

目的 早期或纤维化前原发性骨髓纤维化（early/pre-fibrotic primary myelofibrosis, pre-PMF）有进展为明显纤维化期原发性骨髓纤维化（overt primary myelofibrosis, overt-PMF）的风险，本研究目的是探索 pre-PMF 患者进展为 overt-PMF 的风险因素，并构建风险预测模型。

方法 本研究回顾性分析了 2010 年 1 月至 2023 年 5 月在浙江省 17 家血液肿瘤中心就诊并随访的 236 例 pre-PMF 患者。将患者分为训练队列（N=144）和验证队列（N=92），使用 Lasso-Cox 回归分析确定独立危险因素并开发列线图，通过受试者工作特征曲线（Receiver Operating Characteristic Curve, ROC）、校准曲线和决策曲线分析（Decision Curve Analysis, DCA）评估模型。

结果 Lasso-Cox 回归分析筛选独立危险因素包括男性、骨髓纤维化分级 1 级、血小板计数、外周血原始细胞。血小板计数的截断值为 $488 \times 10^9/L$ ，外周血原始细胞的截断值为 1%。列线图 3 年、6 年和 9 年的 AUC 分别为 0.921（95% CI 0.864-0.979）、0.958（95% CI 0.916-0.999）、0.949（95% CI 0.896-1.002），提示模型有较好的区分度，校准曲线和 DCA 曲线提示模型有较好的准确性和临床净收益。验证队列的 3 年、6 年和 9 年的 AUC 分别为 0.789（95% CI 0.568-1.010）、0.828（95% CI 0.672-0.984）、0.783（95% CI 0.608-0.959），校准曲线和 DCA 曲线也提示模型良好的准确性和临床净收益。

结论 本研究开发和验证的列线图对预测 pre-PMF 患者进展为 overt-PMF 具有良好的区分度、准确性和临床净收益，将更好地促进临床决策并使患者受益。

PO-3334

40 例儿童神经母细胞瘤的临床分析

刘翠
遵义医科大学附属医院

目的 通过研究神经母细胞瘤（NB）患儿的临床资料，了解影响患儿预后的因素，为更好地诊断和治疗病情提供依据。

方法 回顾性分析本院儿内科及儿外科确诊的 NB 患儿的临床资料，总结临床特征，评估影响患儿预后的因素。

结果 40 例 NB 患儿，男女发病比例为 1.4: 1，首诊年龄从 23 天至 14 岁不等，中位年龄为 2 岁 10 月。常见的临床症状为腹痛、腹胀或腹部包块（45.7%）、发热（12.8%）、骨关节疼痛（9.6%）等。INPC 分类：神经母细胞瘤 84.7%。INSS 临床分期：II 期 10.2%，III 期 15.6%，IV 期 74.2%。肿瘤原发部位：腹膜后或肾上腺肿瘤 21 例（52.5%），腹腔肿瘤 7 例（17.5%），盆腔肿瘤 5 例（12.5%），纵膈肿瘤 4 例（10.0%），胸腰联合肿瘤 2 例（5.0%），眼眶肿瘤 1 例（2.5%）。尿香草扁桃酸（VMA）升高 43.3%，血神经元特异性烯醇化酶（NSE）升高 97.6%，乳酸脱氢酶（LDH）升高 98.0%。病理：多考虑小圆细胞恶性肿瘤。免疫表型：神经源性标记（NSE、CgA、Syn）多为阳性。5 年生存率为 67.6%。单因素分析结果：肿瘤原发部位、LDH 升高、NSE 升高、INSS 分期为 IV 期、骨髓转移对预后的影响有统计学意义。

结论 儿童 NB 无特异性临床表现，高发于婴幼儿，男性多于女性，以腹膜后或肾上腺好发，骨髓转

移、肿瘤部位、LDH 升高、NSE 升高、INSS 分期为 IV 期对预后有影响。

PO-3335

神经母细胞瘤伴 MYCN 基因突变患儿 1 例并文献复习

刘翠

遵义医科大学附属医院

目的 分析 1 例神经母细胞瘤 (neuroblastoma, NB) 伴 MYCN 基因突变患儿的临床资料, 对神经母细胞瘤的诊断、治疗和预后评价提供依据。

方法 回顾性分析我院小儿血液肿瘤科收治的 1 例 NB 伴 MYCN 基因突变患儿的诊疗过程, 并进行相关文献复习。患儿以“双下肢疼痛 4+天, 发热 2+天”入院, 行尿香草扁桃酸 (VMA)、血神经元特异性烯醇化酶 (NSE)、腹部 CT、骨穿、病理免疫组化等检查明确诊断神经母细胞瘤(IV 期 高危)。行强烈化疗、手术及诱导治疗等综合治疗后效果欠佳, 并出现骨髓、头颅转移, 故进一步行基因、染色体检查。

结果 N-MYC/CEP2 基因扩增阳性 (21%), 提示预后不良。染色体分型: 分析 10 个中期分裂相, 均存在染色体结构异常。FISH 检测: SRD/PBX1 缺失阳性 (48%)、MLL/CEP11 缺失阳性 (57%)。

结论 NB 伴 MYCN 基因突变患儿多数已晚期, 骨髓转移多见, 在综合治疗后预后仍然很差。

PO-3336

妊娠合并凝血功能异常 1 例病因分析

杜依纹、龚玉萍

四川大学

目的 分析本例妊娠合并凝血功能异常患者的病因。探求除获得性血友病外其他原因所致妊娠合并凝血功能异常的常见病因。

方法 完善血常规、肝肾功、电解质、凝血功能、免疫全套、血清蛋白电泳等常规检查, 加做 APTT 纠正实验和药物中毒筛查。

结果 APTT 95 秒, PT 24 秒, INR 2.33, TT 22 秒, 纤维蛋白原 5g/L, D-二聚体 0.64。血常规、肝肾功正常。APTT 纠正试验提示 APTT 89 秒, 加入 1: 1 新鲜冰冻血浆后 34 秒, 37°C 孵育 2 小时后 36 秒。凝血因子 VIII 22%, IX 12%。心磷脂抗体、抗 B2PG 抗体、狼疮样抗凝物 (-), 体液免疫正常, 血清蛋白电泳未见 M 蛋白。外送华西医院附四院 (职业病医院) 查血鼠药浓度提示: 溴敌隆未检出, 杀鼠醚未检出, 溴鼠灵 337ng/ml, 敌鼠未检出。给予维生素 K1 治疗, 并补充新鲜冰冻血浆, 患者凝血异常好转。

结论 妊娠合并凝血异常除考虑获得性血友病外, 还需要排除引起凝血异常的少见原因。

PO-3337

原发免疫性血小板减少症药物治疗的单中心真实世界研究

武文琦、闫振宇
华北理工大学附属医院

目的 在真实世界中观察大剂量地塞米松（HD-DXM）联合重组人血小板生成素（rhTPO）、艾曲泊帕治疗成人原发免疫性血小板减少症（ITP）患者的临床疗效及安全性。

方法 回顾性收集 2012 年 1 月至 2022 年 10 月华北理工大学附属医院血液科收治的成人 ITP 患者 191 例。根据治疗方案，将患者分为激素治疗组（n=66）、激素联合 rhTPO 组（n=40）和激素联合艾曲泊帕组（n=85）。收集患者的一般资料，监测患者治疗前、治疗后 1 个月、6 个月的血小板计数、血小板体积分布宽度、巨核细胞数、出血评分及药物不良反应的发生情况。

结果 1.三组患者一般资料比较，差异无统计学意义（ $P>0.05$ ）。2.三组患者在治疗后 1 月的 CR 以及治疗后 1 个月和 6 个月的总体有效率，组间差异具有统计学意义（ $P<0.05$ ）；两个联合用药组治疗后 1 个月及 6 个月的 CR 及总体有效率都比单纯激素治疗组疗效好。治疗后 1、6 个月时，激素联合 rhTPO 组升高血小板计数效果最好（ $P<0.05$ ）；激素联合 rhTPO 组及激素联合艾曲泊帕组的巨核细胞数都较激素治疗组下降，两组出血评分较激素组下降（ $P<0.05$ ）。3.三组患者不良反应发生率差异有统计学意义（ $P<0.05$ ）。

结论 三组治疗方案对血小板计数有提升作用，且能降低出血评分；激素联合艾曲泊帕组有效率最高，不良反应可耐受。

PO-3338

Maintenance therapy promotes profound organ and hematologic response in light chain amyloidosis patients not undergoing autologous stem cell transplantation

Wenjing Wang, Jing Li, Tianhong Xu, Yang Yang, Chenqi Yu, Pu Wang, Chi Zhou, Peng Liu
Zhongshan Hospital Fudan University

Objective Primary light chain amyloidosis (AL) represents a plasma cell disorder characterized by organ dysfunction resulting from the deposition of monoclonal light chains of κ or λ type. It stands as the prevailing manifestation of systemic amyloidosis. There is a scarcity of evidence regarding the role of maintenance therapy subsequent to initial induction in primary AL cases, particularly among patients who do not undergo autologous hematopoietic stem cell transplantation (ASCT). Herein, we attempted to delineate the clinical benefits of maintenance therapy in AL patients not undergoing ASCT in real-world practice.

Methods We conducted a retrospective analysis of newly diagnosed primary AL patients who received treatment with or without maintenance therapy at Zhongshan Hospital, Fudan University from December 2008 and June 2023. Eligible individuals, aged 18 years and older, had completed their proteasome inhibitor (PI)-based regimen (typically Bortezomib-Cyclophosphamide-Dexamethasone, CyBORd) and underwent response evaluation by the fourth month. Specifically, patients achieving at least a hematologic very good partial response (VGPR) by the fourth month of frontline therapy were included. Patients who achieved maintenance therapy comprised the maintenance group (n=44), while those entering the observation phase were categorized as the observational group (n=24).

Results After a median duration of 7.2 months (interquartile range: 4.7-18.6) of maintenance therapy, notable improvements were observed in hematologic, cardiac, and renal responses among 9 (20.5%), 14 (31.8%), and 5 (11.4%) patients, respectively. Additionally, 5 (11.4%)

patients exhibited conversion from positive to negative minimal residual disease (MRD) status following maintenance therapy. Conversely, within the observation group, no patients experienced hematologic response improvement, although 3 (12.5%) and 1 (4.2%) patients demonstrated enhancements in cardiac and renal responses during the follow-up period. The median overall survival (OS) was not reached in either group. Furthermore, the median progression-free survival (PFS) in the observational group was 43.8 months, contrasting with that of the maintenance group (not reached, $P=0.528$).

Conclusion In conclusion, maintenance therapy subsequent to proteasome inhibitor (PI)-based primary therapy conferred an advantage in promoting minimal residual disease (MRD) negativity conversion, as well as enhancing hematologic and organ responses in patients with primary AL who are not candidates for ASCT.

PO-3339

慢性粒细胞白血病合并 T 淋巴母细胞淋巴瘤病例报告及文献复习

葛琼、华雪菲
贵州省人民医院

目的 白血病、淋巴瘤均为血液系统常见的恶性肿瘤，但同一患者同时发生髓系白血病及淋巴瘤的情况较为罕见，且容易误诊、漏诊，目前治疗手段相当有限，预后极差。我们提供一例我院初诊慢性粒细胞白血病合并 T 淋巴母细胞淋巴瘤，为该类疾病的诊断、治疗提供一定临床数据，减少误诊、漏诊。

方法 对我院一例以颈部淋巴结肿大伴白细胞增多患者，行淋巴瘤活检、骨髓相关检测。

结果 淋巴活检可见 T 淋巴母细胞白血病/淋巴瘤及原始/幼稚髓系肿瘤细胞成分，骨髓符合慢性粒细胞白血病，融合基因 BCR-ABL1 阳性，骨髓染色体核型：46,XY, t(9; 22; 17)(q34; q11.2; q21)；结合患者淋巴活检、骨髓检测、融合基因、染色体核型结果，诊断考虑为慢性粒细胞白血病合并 T 淋巴母细胞淋巴瘤，予伊马替尼治疗 2 月后患者白细胞下降，淋巴结有所缩小。

结论 慢性粒细胞白血病合并 T 淋巴母细胞淋巴瘤在临床较为罕见，容易漏诊，目前治疗手段相对有限，预后差，对此类疾病进行报道，或许可为该类疾病早期诊断及治疗提供临床资料，从而提高患者远期生存。

PO-3340

POEMS 综合征合并血栓性微血管病 和混合型骨病 1 例报告并文献复习

耿晓芊、曹伟杰、王芳
郑州大学第一附属医院

目的 分析 POEMS 综合征合并血栓性微血管病和混合型骨病的临床特点。

方法 报道 1 例 POEMS 综合征合并血栓性微血管病和混合型骨病患者，对其临床资料和诊断思路进行分析。

结果 患者以双下肢水肿、肾功能异常为主要表现。实验室检查显示血小板增多、单克隆免疫球蛋白、睾酮水平降低，存在多发周围神经病变、脾大、淋巴结肿大、多浆膜腔积液，影像学检查示骨质破坏（溶骨-硬化混合型改变），肋骨活组织检查提示为浆细胞瘤，肾活检病理诊断为血栓性微血管病肾损害，最终确诊为 POEMS 综合征。

结论 POEMS 综合征累及多个系统，可累及肾脏少见，POEMS 综合征合并肾小球微血管病的病理活检及全身多部位骨损害的影像学表现均具有一定的特征性，典型的血栓性微血管病肾损害及混合型骨质改变有助于该病的早期诊断。

PO-3341

一例罕见母细胞性浆细胞样树突状细胞肿瘤

陈诗丽

广州华银康医疗集团有限公司

目的 通过对一例疑似单核细胞增生的罕见病例的分析，阐述母细胞性浆细胞样树突状细胞肿瘤（Blastic plasmacytoid dendritic cell neoplasm, BPDCN）的细胞形态学和流式细胞学诊断要点。

方法 运用流式细胞术、临床特征（皮肤病变）、病理改变（细胞形态）、核型分析等多方法学对患者的标本进行检测并进行综合分析。

结果 临床特征：患者为 81 岁男性，有黄疸，全身皮肤斑块状皮疹，和肝占位性病变。血常规显示“单核细胞”增多，小细胞低色素性贫血和血小板减少。细胞形态学检查：骨髓样本中主要见分类不明的原始细胞样单个核细胞，胞体类圆、中等大小，有很高的核浆比，胞浆量不多，呈灰蓝色、可见颗粒，胞核类圆，部分可见偏位，核染色质疏松，可见核仁。过氧化物酶（MPO）染色阴性，样本中异常细胞占比 80%左右。其它有核细胞大大减少，成熟淋巴细胞 8%，粒细胞 6%，单核细胞 0.2%。背景红细胞显示小细胞低色素性贫血，血小板减少。流式细胞学：发现一群占有核细胞总数 85.7%的异常细胞，该细胞群表达 CD4、CD56、CD123，HLA-DR，部分表达 nTdT、CD38，少量表达 CD304，不表达原始标志 CD34、CD117 及髓系淋系 CD15、CD16、CD11b、CD14、CD64、CD33、CD13、CD3、CD8、CD2、CD5、CD7、CD71、cMPO、cCD79a、cCD3、CD303，提示为母细胞性浆细胞样树突状细胞肿瘤（Blastic plasmacytoid dendritic cell neoplasm, BPDCN）。通过综合分析，可以判断这是一例罕见母细胞性浆细胞样树突状细胞肿瘤（Blastic plasmacytoid dendritic cell neoplasm, BPDCN）。

结论 母细胞性浆细胞样树突状细胞肿瘤（blastic plasmacytoid dendritic cell neoplasm, BPDCN）是一种非常罕见的造血系统恶性肿瘤，临床上呈现侵袭性，常以皮肤病损为首发症状，可同时累及骨髓、淋巴结、其他软组织及中枢神经系统等的恶性疾病。根据其免疫表型表达 CD4、CD56、CD123，HLA-DR 特征并结合该病人皮肤病变，细胞形态特征对 BPDCN 具有极高诊断价值。

PO-3342

以红细胞增多为首表现的 TEMPI 综合征 1 例

高飞丹、洪攀、封蔚莹
绍兴市人民医院

目的 探讨 1 例以红细胞增多为首表现的 TEMPI 综合征临床诊治过程，以期对这类患者的诊治起到一定的借鉴作用。

方法 详细分析 1 例 TEMPI 综合征的诊治过程。

结果 患者以红细胞增多起病，EPO 升高，分子检测显示 JAK2、MPL、CALR 均阴性。予干扰素及定期红细胞单采术治疗，门诊随访。起病 4 年后患者出现胸闷气促，完善检查提示多浆膜腔积液及 M 蛋白血症，并最终确诊为 TEMPI 综合征，于 2024.5.7 起予来那度胺联合地塞米松治疗，目前随访中。

结论 TEMPI 综合征是一类罕见的浆细胞肿瘤伴副肿瘤综合征，具有 5 个明显的临床特征：毛细血管扩张，红细胞增多，单克隆免疫球蛋白血症、肾周积液和肺内分流。目前国际上仅有 20 余例 TEMPI 综合征病例报道，且患者常因出现红细胞增多及 M 蛋白而被误诊为真性红细胞增多症或意义未明单克隆丙种球蛋白血症。其发病机制尚不明确，但基于浆细胞导向药物的治疗方案已被证明是有效的。因此，临床遇到难以解释的红细胞增多、肾周积液伴 M 蛋白血症时，应考虑 TEMPI 综合征可能，需注意查体和完善检查明确是否存在皮肤毛细血管扩张和肺内动静脉分流。

PO-3343

异基因造血干细胞移植治疗高 IgM 综合征的回顾性研究

李晓霞、孙媛、陈姣、刘周阳、姜帆、樊世芬、吕琳琳、闫蓓
北京京都儿童医院

目的 北京京都儿童医院血液科行异基因造血干细胞移植治疗的高 IgM 综合征患者临床资料,综合国内外近期临床研究,为临床开展异基因造血干细胞移植治疗 HIGM 提供参考。

方法 回顾性地研究在 2019 年至 2024 年于我院行 allo-HSCT 治疗的 7 例 HIgM 患者的临床资料,总结患者移植前后临床特征,评价移植时机、方案、并发症、生存预后等临床问题

结果 7 例患者均为男性(100%),7 例为 X-连锁高 IgM 综合征,其中 4 例为 CD40L 突变。患者确诊中位年龄为 2.1 岁,移植中位年龄为 5 岁。患者 3 例为非血缘供者外周干细胞, 2 例非血缘脐带血, 2 例同胞供者,并接受清髓性预处理。中性粒细胞与血小板分别在干细胞回输后第 15 天、第 19.8 天植入。在移植相关并发症中, aGVHD 中位时间为 14(7,34)天,II°及以上发生率为 14.28%。1 例出现 cGVHD,发生率为 14.28%。患者在移植后 100 天内 cmv 感染率达到 42%。移植后 1 例患者临床诊断败血症治疗后好转。随访中位时间约为 3 年,患者总体生存率为 100%

结论 异基因造血干细胞移植是当前唯一能治愈 HIGM 的手段, HLA 全相合移植与更好的 EFS 相关。我中心无此病移植后死亡事件发生, 耐受能力较好的患者应接受 BU+CY。移植后并发症发生率明显低于国内相关报道,

本研究为回顾性分析报道,入组样本较少且随访时间有限,未来可纳入新样本并长期随访。

PO-3344

R-PAD 治疗特发性多中心型 Castleman 病 4 例

陆莹婷、尹春荣、侯海珠、蒋雪玮、杜超、赵莉敏、朱欣颖、周翔、杨莉、刘立根
上海交通大学医学院附属同仁医院

目的 Castleman 病 (CD) 是相对罕见的高度异质性淋巴细胞增殖性疾病,分为单中心型(UCD)和多中心型 (MCD), MCD 又分为 HHV-8 阳性、HHV-阴性 (又称为特发性 MCD, iMCD) 和 POEMS-MCD。iMCD 又分为 TAFRO 型和非特指型 (NOS), 常常危及生命。

NCCN 指南推荐 iMCD 优选司妥昔单抗 (siltuximab) 治疗, 其他方案包括利妥昔单抗联合或不联合泼尼松、沙利度胺-环磷酰胺-泼尼松方案。司妥昔单抗价格昂贵, 其他方案疗效有限。本中心采取利妥昔单抗-硼替佐米-脂质体阿霉素-地塞米松联合方案 (R-PAD) 一线治疗 iMCD 4 例, 取得显著疗效且安全性好。

方法 1, 病人资料

1.1 一般治疗 性别: 男 1 例, 女 3 例; 中位年龄: 54 岁 (23-70)。

1.2 分型: TAFRO 型 1 例, NOS 3 例; 合并噬血性淋巴组织细胞增生症 1 例。

2. 治疗方案

诱导缓解方案（R-PAD）：利妥昔单抗 375mg/m² 第 1 天；硼替佐米 1.3mg/m²，第 1、8、15 天；脂质体阿霉素 15mg/m² 第 1 天；地塞米松 20mg 第 1-4、9-12、17-20 天。每 4 周 1 疗程，4-6 疗程。

维持治疗：沙利度胺联合泼尼松或地塞米松（TP 或 Td），

结果 1 例 TRFRO 型患者给予单药利妥昔单抗治疗 1 疗程后疾病进展，随后给予 R-PAD 4 疗程后取得完全缓解（CR），TP 维持治疗至今，随访 64 个月，疾病未再复发；1 例 NOS 患者 R-PAD 3 疗程后 CR，给予 TP 维持，复发 1 次，泼尼松加量后再次 CR，随访 63 个月；1 例 NOS 患者 R-PAD 治疗 6 疗程 CR，Td 维持治疗中，未复发，随访 9 个月；1 例 NOS 合并 HLH 给予 DEP 1 疗程控制噬血活动后给予 R-PAD 5 疗程，疾病稳定，未再复发，随访 6 个月。诱导缓解阶段未见 3 级以上不良反应。

诱导缓解后给予沙利度胺联合地塞米松或泼尼松维持治疗。1 例 NOS 患者 TP 维持治疗期间 2 年泼尼松减量后出现疾病复发，恢复泼尼松剂量后疾病缓解。

结论 iMCD 患者预后不佳，尤其 TRFRO 型和/或合并 HLH 患者死亡率较高。现有治疗或价格昂贵，或不可获得，或疗效不佳。本中心采用 R-PAD 方案治疗 4 例患者均取得缓解，随访 6-64 个月疾病稳定。方案中药物均易于获得，有效性 100%，疗效持久，值得临床进一步探讨。