

tors; innate immunity genetic polymorphisms in MBL2 affect endothelial dysfunction and risk of atherosclerosis [J]. Atherosclerosis, 2010, 208(1): 32-33.

[15] MEHRI H, ASLANABADI N, NOURAZARIAN A, et al. Evaluation of the serum levels of mannose binding lectin-2, tenascin-C, and total antioxidant capacity in patients with coronary artery disease[J]. J Clin Lab Anal, 2021, 35(10): e23967.

[16] DAI D, XIONG W, FAN Q, et al. Association of decreased serum sTREM-1 level with the severity of coro-

nary artery disease; inhibitory effect of sTREM-1 on TNF-alpha- and oxLDL-induced inflammatory reactions in endothelial cells[J]. Medicine (Baltimore), 2016, 95(37): e4693

[17] FENG X, ZHANG Y, DU M, et al. Identification of diagnostic biomarkers and therapeutic targets in peripheral immune landscape from coronary artery disease [J]. J Transl Med, 2022, 20(1): 399.

(收稿日期: 2023-12-09 修回日期: 2024-03-19)

• 短篇论著 •

## 胃癌患者 miR-618、GPD2 表达与临床病理特征及预后的关系

魏佳楠

中国医科大学附属第一医院胃肠肿瘤外科, 辽宁沈阳 110000

**摘要:**目的 探讨胃癌患者血清微小 RNA-168(miR-618)、甘油-3-磷酸脱氢酶 2(GDP2)表达与临床病理特征及预后的关系。方法 选取 2018 年 2 月至 2020 年 2 月在该院进行治疗的胃癌患者 96 例为胃癌组, 根据预后状况将其分为预后不良组( $n=32$ )和预后良好组( $n=64$ ), 另选取同期该院的 96 例体检健康者为对照组。检测血清 miR-618、GDP2 水平并分析血清 miR-618、GDP2 水平与胃癌患者临床病理特征的关系, 采用 Pearson 相关分析血清 miR-618 水平与 GDP2 的相关性, 采用受试者工作特征(ROC)曲线分析 miR-618、GDP2 对胃癌患者预后的评估价值, 采用 Cox 回归分析胃癌患者预后的影响因素。结果 与对照组比较, 胃癌组血清 miR-618 水平降低, GDP2 水平升高( $P<0.05$ ); 血清 miR-618、GDP2 水平在不同分化程度、淋巴结转移情况、TNM 分期及浸润深度胃癌患者中比较, 差异有统计学意义( $P<0.05$ ); 与预后良好组比较, 预后不良组血清 miR-618 水平降低, GDP2 水平升高( $P<0.05$ ); Pearson 相关分析显示, 血清 miR-618 水平与 GDP2 呈负相关( $r=-0.464$ ,  $P<0.05$ ); ROC 曲线结果显示, miR-618、GDP2 联合评估胃癌患者预后的曲线下面积为 0.954, 灵敏度为 96.9%, 特异度为 82.8%; Cox 回归分析结果表明, 分化程度、淋巴结转移、TNM 分期、浸润深度、miR-618、GDP2 均是影响胃癌患者预后的因素( $P<0.05$ )。结论 胃癌患者 miR-618 水平降低, GDP2 水平升高, 且二者与胃癌患者临床病理特征及预后密切相关, 因此二者的测定对胃癌早期诊断及预后评估具有重要意义。

**关键词:** 胃癌; 微小 RNA-618; 甘油-3-磷酸脱氢酶 2; 预后

**DOI:** 10.3969/j.issn.1673-4130.2024.12.023

**文章编号:** 1673-4130(2024)12-1523-04

**中图法分类号:** R735.2

**文献标志码:** A

胃癌是消化系统常见的恶性肿瘤, 患者早期无明显特异性症状, 病情进展较快, 多数患者在胃癌早期已发生转移<sup>[1]</sup>。目前, 常使用胃镜活检及测定血清肿瘤标志物对胃癌进行筛查和评估, 然而胃镜活检为有创检查, 且切取组织较小可能影响结果, 而常用肿瘤标志物如癌胚抗原、糖类抗原等具有较低的特异度<sup>[2]</sup>。因此, 仍需探寻有效、简易、灵敏的生物学指标, 对提高胃癌早期诊断、改善患者预后意义重大。微小 RNA(miRNA)影响肿瘤细胞的增殖、侵袭、分化等生物学行为, miR-618 作为 miRNA 家族成员之一, 在多种肿瘤的发生、发展过程中发挥关键作用<sup>[3-4]</sup>。甘油-3-磷酸脱氢酶 2(GDP2)是线粒体活性氧(ROS)生成的重要来源, 而 ROS 可促进肿瘤的进展<sup>[5]</sup>。目前关于 miR-618、GDP2 在胃癌患者中的表达及其临床价值的研究较少。本研究旨在检测胃癌患者血清 miR-618、GDP2 水平, 为胃癌患者的早期及时诊治提供参考。

### 1 资料与方法

**1.1 一般资料** 选取 2018 年 2 月至 2020 年 2 月在本院进行治疗的胃癌患者 96 例为胃癌组, 其中男 58 例, 女 38 例; 年龄 44~79 岁, 平均( $62.50 \pm 6.73$ )岁; 肿瘤分化程度: 低分化 62 例, 中高分化 34 例; 有淋巴结转移 57 例, 无淋巴结转移 39 例; TNM 分期: I~II 期 42 例, III~IV 期 54 例; 肿瘤最大径:  $<5$  cm 62 例,  $\geq 5$  cm 34 例; 浸润深度: T1~T2 37 例, T3~T4 59 例。纳入标准: (1)经病理活检确诊为原发性胃癌; (2)依从性好; (3)临床资料完整。排除标准: (1)合并其他恶性肿瘤; (2)存在精神障碍性疾病; (3)胃镜检查禁忌证; (4)免疫系统功能障碍; (5)入组前有放化疗、手术治疗史。另选取同期在本院进行健康检查的体检健康者 96 例为对照组, 其中男 53 例, 女 43 例; 年龄 42~80 岁, 平均( $63.11 \pm 6.82$ )岁。两组性别、年龄比较, 差异无统计学意义( $P<0.05$ ), 具有可比性。本研究通过本院医学伦理委员会审核批准(批

号:1801041605)。

## 1.2 方法

**1.2.1 血清 miR-618、GDP2 水平检测** 抽取研究对象空腹 8 h 后肘静脉血 10 mL, 3 000 r/min 离心 15 min 后取血清检测 miR-618、GDP2 水平, 检测方法为实时荧光定量 PCR 法, 步骤如下: 使用 Trizol 试剂提取总 RNA(Trizol 试剂购自日本 TaKaRa 公司)并逆转录得到 cDNA(大连宝生物公司), 然后使用 PCR 仪(美国 ABI 公司)进行扩增, 引物序列: miR-618 上游引物为 5'-GGGGAACTCTACTTGTCTT-3', 下游引物为 5'-TCGTATCCAGTGCCTGTCGT-3'; GDP2 上游引物为 5'-CTTCATGAGCGTGCCAAC-CTG-3', 下游引物为 5'-AAGGTTTCATCCGTG-CATCGTT-3'。分别选择 U6、GAPDH 为内参, 采用  $2^{-\Delta\Delta C_t}$  法计算 miR-618、GDP2 相对表达水平。

**1.2.2 随访** 术后对胃癌患者进行为期 3 年的随访, 主要以门诊或电话形式进行随访。术后第 1 年, 每月复查 1 次; 术后第 2 年, 每两个月复查 1 次; 术后第 3 年, 每 3 个月复查一次。随访截止时间为 2023 年 2 月或胃癌患者死亡时间。将胃癌患者出现转移、复发或死亡的纳为预后不良组( $n=32$ ), 未出现上述情况的纳为预后良好组( $n=64$ )。

**1.3 统计学处理** 采用 SPSS25.0 统计软件对数据进行分析处理。呈正态分布的计量资料以  $\bar{x}\pm s$  表示, 组间比较采用  $t$  检验; 采用 Pearson 相关分析血清 miR-618 水平与 GDP2 的相关性; 采用受试者工作特征(ROC)曲线评估血清 miR-618、GDP2 水平对胃癌患者预后的诊断价值, miR-618、GDP2 联合诊断与二者独立诊断胃癌患者预后的曲线下面积(AUC)比较采用  $Z$  检验; 采用 Cox 回归分析胃癌患者预后不良的影响因素。以  $P<0.05$  为差异有统计学意义。

## 2 结 果

**2.1 对照组与胃癌组血清 miR-618、GDP2 水平比较** 与对照组比较, 胃癌组患者血清 miR-618 水平降低( $0.53\pm0.14$  vs.  $1.01\pm0.27$ ,  $P<0.05$ ), GDP2 水平升高( $1.48\pm0.33$  vs.  $0.99\pm0.25$ ,  $P<0.05$ )。

**2.2 不同临床病理特征胃癌患者血清 miR-618、GDP2 水平比较** 不同性别、年龄、肿瘤最大径胃癌患者血清 miR-618、GDP2 水平比较, 差异无统计学意义( $P>0.05$ ), 不同分化程度、淋巴结转移情况、TNM 分期及浸润深度胃癌患者血清 miR-618、GDP2 水平比较, 差异有统计学意义( $P<0.05$ )。见表 1。

**2.3 不同预后胃癌患者血清 miR-618、GDP2 水平比较** 预后不良组血清 miR-618、GDP2 水平分别为  $0.36\pm0.10$ 、 $1.81\pm0.37$ , 预后良好组血清 miR-618、GDP2 水平分别为  $0.61\pm0.16$ 、 $1.31\pm0.31$ , 预后不良组血清 miR-618 水平低于预后良好组, GDP2 水平高于预后良好组, 差异均有统计学意义( $t=8.074$ 、 $6.977$ ,  $P<0.05$ )。

**2.4 胃癌患者血清 miR-618 水平与 GDP2 的相关性** Pearson 相关分析结果显示, 血清 miR-618 水平与 GDP2 呈负相关( $r=-0.464$ ,  $P<0.05$ )。

表 1 不同临床病理特征胃癌患者血清 miR-618、GDP2 水平比较( $\bar{x}\pm s$ )

项目	<i>n</i>	miR-618	GDP2
性别			
男	58	$0.51\pm0.14$	$1.50\pm0.34$
女	38	$0.56\pm0.14$	$1.46\pm0.32$
年龄(岁)			
<60	60	$0.56\pm0.13$	$1.46\pm0.30$
≥60	36	$0.51\pm0.16$	$1.49\pm0.35$
肿瘤最大径(cm)			
<5	62	$0.55\pm0.16$	$1.45\pm0.32$
≥5	34	$0.49\pm0.11$	$1.53\pm0.35$
分化程度			
低分化	62	$0.41\pm0.11$	$1.58\pm0.36$
中高分化	34	$0.74\pm0.20$	$1.31\pm0.28$
淋巴结转移情况			
有	57	$0.40\pm0.11$	$1.63\pm0.37$
无	39	$0.71\pm0.19$	$1.27\pm0.28$
TNM 分期			
I~II 期	42	$0.68\pm0.17$	$1.29\pm0.26$
III~IV 期	54	$0.43\pm0.11$	$1.63\pm0.38$
浸润深度			
T1~T2	37	$0.69\pm0.18$	$1.32\pm0.26$
T3~T4	59	$0.43\pm0.11$	$1.58\pm0.38$

**2.5 血清 miR-618、GDP2 水平对胃癌患者预后的预测效能** ROC 曲线结果显示, miR-618 单独评估胃癌患者预后的 AUC 为 0.858(95%CI 0.783~0.933), 最佳临界值为 0.38, 灵敏度为 71.9%, 特异度为 64.1%; GDP2 单独评估胃癌患者预后的 AUC 为 0.846(95%CI 0.757~0.934), 最佳临界值为 1.55, 灵敏度为 78.1%, 特异度为 62.5%; 二者联合评估胃癌患者预后的 AUC 为 0.954(95%CI 0.917~0.991), 灵敏度为 96.9%, 特异度为 82.8%; 二者联合评估的 AUC 大于 miR-618、GDP2 单独评估的 AUC( $Z=2.260$ ,  $P=0.024$ ;  $Z=2.211$ ,  $P=0.027$ )。

**2.6 影响胃癌患者预后的 Cox 回归分析** 将胃癌患者预后作为因变量(预后不良=1, 预后良好=0), 以胃癌患者分化程度(低分化=1, 中高分化=0)、淋巴结转移(有=1, 无=0)、TNM 分期(III~IV 期=1, I~II 期=0)、浸润深度(T3~T4=1, T1~T2=0)、miR-618(实测值)、GDP2(实测值)为自变量进行 Cox 回归分析。结果表明, 分化程度、淋巴结转移、TNM 分期、浸润深度、miR-618、GDP2 均是影响胃癌患者

预后的因素( $P<0.05$ ),见表 2。

表 2 影响胃癌患者预后的 Cox 回归分析

自变量	$\beta$	SE	Wald $\chi^2$	OR	95%CI	P
分化程度	0.600	0.238	6.354	1.822	1.143~2.905	0.012
淋巴结转移	0.654	0.312	4.392	1.923	1.043~3.545	0.036
TNM 分期	0.726	0.354	4.027	2.067	1.032~4.137	0.040
浸润深度	0.595	0.289	4.239	1.813	1.029~3.195	0.040
miR-618	-1.241	0.436	8.106	0.289	0.123~0.679	0.004
GDP2	0.778	0.342	5.162	2.175	1.113~4.252	0.023

3 讨 论

在我国,胃癌死亡率位居第二,仅次于肺癌,对人类生活质量及生命安全产生严重威胁<sup>[6]</sup>。胃癌起病隐匿,发病初期无特异性症状,往往容易被患者忽视,导致大部分患者初诊时已处于中晚期<sup>[7]</sup>。近年来关于胃癌的肿瘤标志物不断涌现,从分子水平对胃癌发生发展的研究越来越多,因此,在分子水平探究胃癌发病的关键分子,开发新的治疗方法,对降低患者死亡率、改善患者预后具有积极意义。

miRNA 属于单链小 RNA,是目前研究最广泛的非编码 RNA。miRNA 可作为肿瘤抑制因子或致癌基因,可通过与靶 mRNA 的 3'-UTR 碱基结合,调控靶基因蛋白和 mRNA 表达,进而在癌症的发生发展中发挥重要作用,且既往研究显示,miRNA 有望成为特定治疗靶点,具有肿瘤治疗潜力<sup>[8-9]</sup>。miR-618 是新报道的 miRNA,miR-618 表达异常可引起人类诸多恶性肿瘤<sup>[10-11]</sup>。本研究结果提示,miR-618 可能参与胃癌的发生、进展,再次证实了 miR-618 在胃癌中发挥抑癌作用。可能是由于 miR-618 通过负调节转化生长因子  $\beta 2$  转录水平,进而抑制胃癌细胞侵袭和迁移能力<sup>[10]</sup>。本研究通过随访 3 年发现,预后不良组患者血清 miR-618 水平低于预后良好组,提示血清 miR-618 水平可在一定程度上反映胃癌患者预后状况。

癌细胞中细胞氧化还原状态失衡,大部分恶性细胞高度糖酵解,并生成高水平的 ROS,促进癌症进展。GDP2 是链接氧化磷酸化和糖酵解的关键酶,同时也为二甲双胍抑制肝糖原异生的重要靶点,与多种肿瘤的发生发展密切相关<sup>[12]</sup>。杨泽宇等<sup>[13]</sup>研究显示,在肺癌组织中 GDP2 水平高于正常组织,且其水平与肺癌患者淋巴结转移及 TNM 分期密切相关。本研究结果显示,GDP2 在胃癌患者中表达异常,且与胃癌的发生密切相关。进一步分析显示,GDP2 可能参与胃癌的进展,可能是由于高度糖酵解环境,使 GDP2 水平升高,促进了 ROS 的生成,进而促进胃癌的恶性进展。此外,预后不良组患者血清 GDP2 水平高于预后良好组,提示血清 GDP2 水平也可在一定程度上反映胃癌患者预后状况。

Pearson 相关分析显示,血清 miR-618 水平与 GDP2 呈负相关,提示二者可能共同作用于胃癌的发

生发展。既往研究显示,在胃癌患者中,miR-618 水平降低,有助于附睾蛋白 3A 水平上调,附睾蛋白 3A 水平上调可增强有氧糖酵解<sup>[14]</sup>,而高度糖酵解环境可促使 GDP2 水平升高。ROC 曲线结果提示,miR-618 和 GDP2 预测胃癌患者预后均存在一定价值,miR-618 联合 GDP2 预测胃癌患者预后的价值更高,且联合预测效能优于单一指标,提示 miR-618 和 GDP2 二者联合预测胃癌患者预后具有较高价值。多因素 Cox 回归分析结果提示,miR-618 和 GDP2 可作为评估胃癌患者预后不良的潜在生物标志物。

综上所述,胃癌患者血清 miR-618 水平降低,GDP2 水平升高,且与患者临床病理特征及预后密切相关,二者有望成为胃癌患者预后不良的潜在生物学标志物,为胃癌诊治和预后评估提供新思路。但本研究样本量较少,且仅探究了二者在胃癌患者中的表达情况,二者对胃癌的具体作用机制仍不明确,因此后续可扩大样本量深入探究 miR-618、GDP2 与胃癌的关系。

参考文献

[1] 黄颖,王北. PLT、PLR、CAR 及 IL-33 与早期胃癌的相关性分析[J]. 国际检验医学杂志, 2023, 44(17): 2070-2073.

[2] MACHLOWSKA J, BAJ J, SITARZ M, et al. Gastric cancer: epidemiology, risk factors, classification, genomic characteristics and treatment strategies[J]. Int J Mol Sci, 2020, 21(11): 4012-1031.

[3] YANG C X, SEDHOM W, SONG J, et al. The role of microRNAs in recurrence and metastasis of head and neck squamous cell carcinoma[J]. Cancers (Basel), 2019, 11(3): 395.

[4] RADANOVA M, MIHAYLOVA G, MIHAYLOVA Z, et al. Circulating miR-618 has prognostic significance in patients with metastatic colon cancer[J]. Curr Oncol, 2021, 28(2): 1204-1215.

[5] 梁中波, 嵇迎春, 朱萌, 等. GDP2 基因敲减对肺癌细胞 H1299 生物学功能的影响[J]. 蚌埠医学院学报, 2020, 45(7): 845-849.

[6] 刘刚, 杜华, 苏秀兰. 胃癌组织中 CKS2 蛋白表达与患者预后的相关性[J]. 临床与实验病理学杂志, 2020, 36(8): 904-909.

[7] WU D, ZHANG P, MA J, et al. Serum biomarker panels for the diagnosis of gastric cancer[J]. Cancer Med, 2019, 8(4): 1576-1583.

[8] NING Q, LIU Y F, YE P J, et al. Delivery of liver-specific miRNA-122 using a targeted macromolecular prodrug toward synergistic therapy for hepatocellular carcinoma[J]. ACS Appl Mater Interfaces, 2019, 11(11): 10578-10588.

[9] WU X, SHEN J, XIAO Z, et al. An overview of the multifaceted roles of miRNAs in gastric cancer: spotlight on novel biomarkers and therapeutic targets[J]. Biochem Pharmacol, 2019, 163(1): 425-439.

[10] XUN J, WANG C, YAO J, et al. Long non-coding RNA

HOTAIR modulates KLF12 to regulate gastric cancer progression via PI3K/ATK signaling pathway by sponging miR-618 [J]. Onco Targets Ther, 2019, 12 (3): 10323-10334.

[11] SHI J, GONG L, CHEN L, et al. miR-618 suppresses metastasis in gastric cancer by downregulating the expression of TGF- $\beta$ 2 [J]. Anat Rec (Hoboken), 2019, 302 (6): 931-940.

[12] MIKELI M, FUJIKAWA M, NAGAHISA K, et al. Contribution of GPD2/mGPDH to an alternative respiratory chain of the mitochondrial energy metabolism and the

stemness in CD133-positive HuH-7 cells [J]. Genes Cells, 2020, 25 (2): 139-148.

[13] 杨泽宇, 郑亚洲, 黄礼年. GPD2 在非小细胞肺癌组织中的表达及临床意义 [J]. 现代肿瘤医学, 2021, 29 (18): 3182-3186.

[14] WU T, YANG Y, ZHANG B, et al. EDDM3A drives gastric cancer progression by promoting HIF-1 $\alpha$ -dependent aerobic glycolysis [J]. Oncogenesis, 2022, 11 (1): 301-309.

(收稿日期: 2023-12-03 修回日期: 2024-03-08)

• 短篇论著 •

## 外周血 CD200、CD200R 及血清 IL-8、TNF- $\alpha$ 在再生障碍性贫血患者中的水平变化及临床意义\*

刘 恋, 张忠印, 吉飞跃

海安市人民医院输血科, 江苏海安 226600

**摘要:**目的 分析外周血 CD200、CD200R 及血清白细胞介素(IL)-8、肿瘤坏死因子(TNF)- $\alpha$  在再生障碍性贫血(AA)患者中的水平变化及临床意义。方法 回顾性分析 2019 年 3 月至 2021 年 3 月该院收治的 86 例 AA 患者的临床资料, 根据患者入院病情严重程度分为轻度组(40 例)及重度组(46 例), 将同期来该院体检的 50 例体检健康者作为对照组。检测并比较各组外周血 CD200、CD200R 及血清 IL-8、TNF- $\alpha$  水平, 采用 Spearman 相关分析外周血 CD200、CD200R 及血清 IL-8、TNF- $\alpha$  水平与 AA 病情严重程度的相关性, 采用受试者工作特征(ROC)曲线分析血清外周血 CD200、CD200R 及血清 IL-8、TNF- $\alpha$  预测 AA 患者预后不良的价值; 采用多因素 Logistic 回归分析 AA 患者预后不良的影响因素。结果 重度组 CD200、CD200R 水平低于轻度组及对照组( $P < 0.05$ ), IL-8、TNF- $\alpha$  水平高于轻度组及对照组( $P < 0.05$ ); Spearman 相关分析结果显示, AA 病情严重程度与 CD200、CD200R 水平呈负相关( $P < 0.05$ ), 与 IL-8、TNF- $\alpha$  水平呈正相关( $P < 0.05$ ); 预后不良组病情重度占比及 IL-8、TNF- $\alpha$  水平均高于预后良好组, CD200、CD200R 水平均低于预后良好组( $P < 0.05$ ); ROC 曲线分析结果显示, 外周血 CD200、CD200R 及血清 IL-8、TNF- $\alpha$  可用于 AA 预后不良的预测, 曲线下面积分别为 0.939、0.961、0.814、0.648。多因素 Logistic 回归分析结果显示, 病情程度为重度、CD200  $\leq 7.641\%$ 、CD200R  $\leq 6.490\%$ 、IL-8  $> 83.197$  pg/mL、TNF- $\alpha > 171.307$  pg/mL 均是导致 AA 预后不良的危险因素( $P < 0.05$ )。结论 AA 患者中外周血 CD200、CD200R 水平降低, 且外周血 CD200、CD200R 及血清 IL-8、TNF- $\alpha$  与 AA 之间存在一定相关性, 各指标可反映 AA 患者病情严重程度。

**关键词:**再生障碍性贫血; CD200; CD200R; 白细胞介素-8; 肿瘤坏死因子- $\alpha$

**DOI:**10.3969/j.issn.1673-4130.2024.12.024

**文章编号:**1673-4130(2024)12-1526-04

**中图法分类号:**R556.5

**文献标志码:**A

再生障碍性贫血(AA)属于多种因素引起的血液系统疾病, 以外周血细胞减少、骨髓造血细胞增生降低为主要特征, 并伴有贫血、出血、体温异常及头昏等主要症状, 多见于中青年群体<sup>[1]</sup>。目前, AA 的发病机制尚不明确, 与化学物质损伤、不良生活环境、免疫系统紊乱及遗传变异等有关, 严重危害患者生命健康<sup>[2]</sup>。目前临床尚缺乏对 AA 的特异性诊断指标, 有研究认为, 该病与细胞免疫异常有关, 免疫异常可能会导致造血功能异常<sup>[3]</sup>。CD200 属于免疫球蛋白, 能活化 T 细胞和滤泡树突细胞等; CD200R 和 CD200 结

构相似, 但表达相对局限; 已有研究表明, CD200R、CD200 在贫血患者外周血中存在表达及功能的异常<sup>[4]</sup>。血清白细胞介素(IL)-8 是一种单核细胞, 在炎症和免疫反应中均起到重要作用<sup>[5]</sup>。肿瘤坏死因子(TNF)- $\alpha$  是一种多肽激素, 也是单核细胞分泌的细胞因子<sup>[6]</sup>。既往研究虽然已明确 IL-8、TNF- $\alpha$  在机体炎症损伤中水平升高<sup>[5-6]</sup>, 但其用于 AA 病情相关的诊断研究较少。基于此, 本研究回顾性分析外周血 CD200、CD200R 及血清 IL-8、TNF- $\alpha$  在 AA 患者中的水平变化, 为临床医生预测 AA 发生和病情监测、

\* 基金项目: 江苏省输血协会爱康生物科研项目(JS AK2022026)。