中華醫學會

第十四次全国检验医学学术会议

The 14th National Congress of Laboratory Medicine

大连

2018年9月5-8日

会议指南

主办单位：

中华医学会

中华医学会检验医学分会

承办单位：

辽宁省医学会

微信扫一扫，关注 CSLM2018
大会信息

微信扫一扫，关注 CSLM2018
参会小助手小程序

一、综合信息

会议注册时间：	2018 年 9 月 5 日 09:00–18:00
会议注册地点：	大连世界博览广场一层 （大连市沙河口区星海广场）
展览会开幕式：	2018 年 9 月 5 日 14:30
地点：	大连世界博览广场一层
会议开幕式：	2018 年 9 月 6 日 08:30–09:00
地点：	大连世界博览广场 M 层多功能厅
学术会议：	2018 年 9 月 5 日 15:00–17:00 2018 年 9 月 6 日 08:30–18:00 2018 年 9 月 7 日 08:30–18:00 2018 年 9 月 8 日 08:30–11:30
学术会议闭幕式：	2018 年 9 月 8 日 11:00–11:30
地点：	大连世界博览广场二层 7A

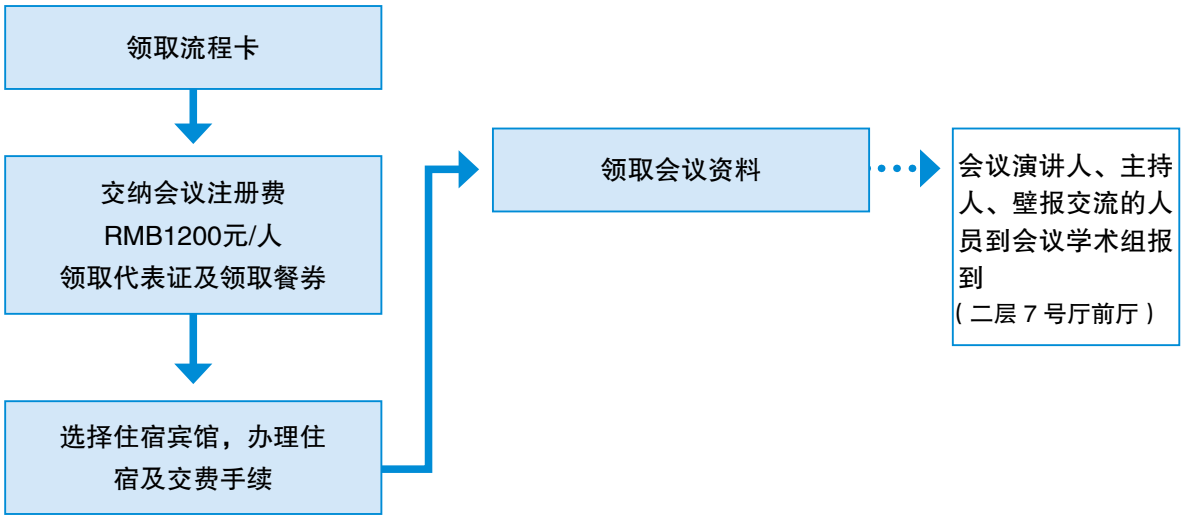
大会秘书处：大连世界博览广场二层 7 号厅前厅

大会学术组（试片室）：大连世界博览广场二层 7 号厅前厅

欢迎用微信扫二维码或直接搜索微信号，
关注检验年会在线官方微信。
公众微信号：CMACSLM

二、注册程序

前期已缴费的凭本人身份证直接到注册台注册报到，领取发票及流程卡
没注册的先到自助注册台，填写信息后缴费报到



1、会议指定宾馆情况

由于各宾馆接待的人员数量有限，请会议代表在注册时根据各宾馆的入住情况选定宾馆办理住宿手续。

2、会议代表证

所有人员均需佩带代表证进入会场。

3、领取会议资料

每位代表注册交费后，可领取会议资料一套，其他情况需有关资料请在 9 月 7 日下午在注册处购买。

4、会议评估

会议期间及会后申领学分之前，大会将对会议的学术及组织工作进行评估。会议期间参与评估的代表填写评估调查表，请全体参会代表积极参与，以便组委会能及时了解代表需求，在以后的会议组织中改进工作，不断提高会议的质量。

5、会议学分证书

所有参加会议的注册代表可获得国家继续医学教育学分，学分为电子学分，项目编号：2018-11-00-443（国）。参会代表请于会后一个月后登录中华医学会官网（www.cma.org.cn），点击“继续教育”栏目，查找已发布项目，选择年度，输入姓名即可查询并打印电子学分证书。

三、学术交流

1、会议主持人须知

a、 主持人应在 9 月 5 日 18:00 前到学术组确认主持会议的时间及会议室。

b、 会议主持人应提前 15 分钟到场，确认演讲安排是否有变动，电脑、投影机及各种设备是否运行良好。

c、 主持人应严格控好制演讲时间，组织讨论交流及会场秩序。

2、会议演讲人须知

a、 会议专题演讲人，请在 9 月 5 日 18:00 前向会议学术组（试片室）提供会议演讲投影文档，并确认演讲时间及会场位置（请演讲人务必在演讲前一天将 PPT 交到试片室）。

b、 演讲人员可在会议试片室对投影文档进行演示及修改。

c、 演讲人请在本单元会议开始前 15 分钟向会议主持人报到，并在前排就坐。

3、壁报展示交流须知

a、 壁报展示交流区设在一层展厅的 C 馆

b、 进行壁报展示的人员请于 9 月 6 日 10:00 前到会议壁报区服务台确认壁报张贴位置完成张贴，并在壁报服务台领取壁报证书。

4、本次会议评选奖项

a、 优秀论文奖：从英文会场及各分会场口头发言中产生优秀论文。

b、 优秀论文奖获奖情况将在会议闭幕式上宣布、颁发，如获奖者本人不在现场则视为放弃不再补发。

5、PPT学术视频回顾区、摄影及休息区

柏定生物工程（北京）有限公司在大连世界博览广场一层为大会提供了 PPT 学术视频回顾区及休息区。

南京澳林生物科技有限公司在大连世界博览广场一层为大会组织了摄影展。

四、会议食宿及交通

1、会议用餐安排

日期	午餐 12:00–12:30 凭餐票	晚餐 18:00–18:30 凭餐票
9 月 6 日	大连世界博览广场二层各分会场门外	大连世界博览广场二层 D 馆休闲区
9 月 7 日	大连世界博览广场二层各分会场门外	大连世界博览广场二层 D 馆休闲区
9 月 8 日	大连世界博览广场二层 7A 会场外	

2、班车时刻表

大会在星海假日酒店、香洲花园酒店、昱圣苑国际酒店设有班车。

9 月 5 日　14:45 由各个酒店发往大连世界博览广场
　　17:00 由大连世界博览广场发往各个酒店
9 月 6, 7, 8 日　07:45–08:10 由各个酒店发往大连世界博览广场
9 月 6 日　17:50–18:30 由大连世界博览广场发往各个酒店
9 月 7 日　17:30–18:00 由大连世界博览广场发往各个酒店
9 月 8 日　会议结束后由大连世界博览广场发往各个酒店

五、展览会信息

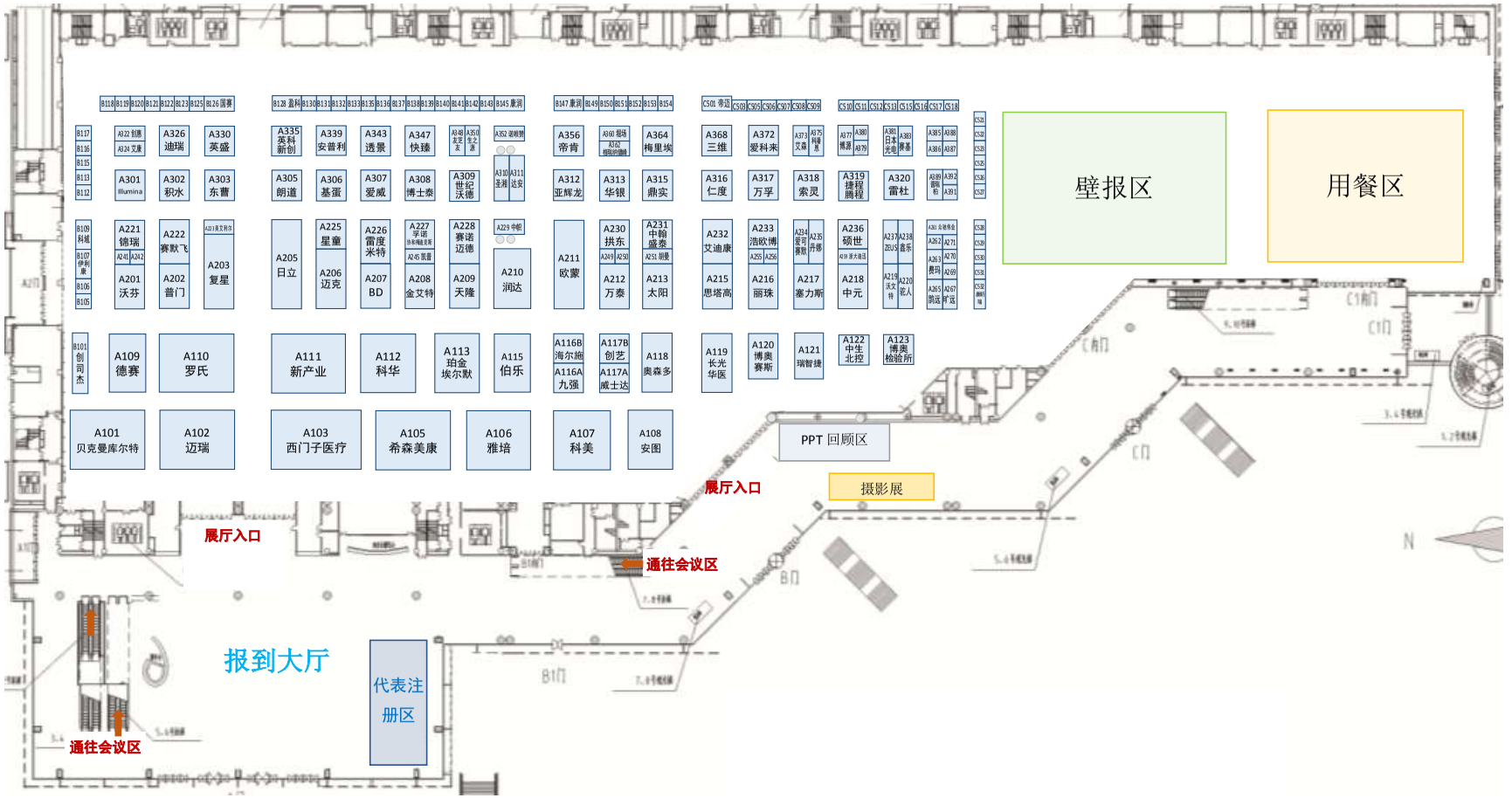
1、展览会开幕式时间地点

展览会开幕时间：9 月 5 日 14:30
地点：大连世界博览广场一层序厅

2、观众参观开放时间

9 月 5 日　14:30–17:00
9 月 6 日　09:00–17:00
9 月 7 日　09:00–17:00
凭参会代表证入场

展览平面图



大连 2018年9月5-8日

大会主要合作伙伴

mindray 迈瑞

SIEMENS Healthineers

Roche

BECKMAN COULTER

Snibe Diagnostic 新产业生物

sysmex

Abbott

chivd Chemclin Diagnostics Corporation 科美诊断

KHB 科华生物

HITACHI Inspire the Next

欧蒙 珀金埃尔默集团成员 中国

DiaSys Greater China 德赛诊断 CHOOSING QUALITY

BIO-RAD

大会合作伙伴

公司名称	展位号
贝克曼库尔特商贸（中国）有限公司	A101
深圳迈瑞生物医疗电子股份有限公司	A102
西门子医学诊断产品（上海）有限公司	A103
希森美康医用电子（上海）有限公司	A105
雅培中国	A106
北京科美生物技术有限公司	A107
郑州安图生物工程股份有限公司	A108
德赛诊断系统（上海）有限公司	A109
罗氏诊断产品（上海）有限公司	A110
深圳市新产业生物医学工程股份有限公司	A111
上海科华生物工程股份有限公司	A112
珀金埃尔默医学诊断产品（上海）有限公司	A113
伯乐生命医学产品（上海）有限公司	A115
北京九强生物技术股份有限公司	A116A
海尔施基因科技	A116B
威士达医疗设备（上海）有限公司	A117A
中山市创艺生化工程有限公司	A117B
奥森多医疗器械贸易（中国）有限公司	A118
苏州长光华医生物医学工程有限公司	A119
博奥赛斯（天津）生物科技有限公司	A120
瑞智捷实验室自动化管理系统	A121
中生北控生物科技股份有限公司	A122
北京博奥医学检验所有限公司	A123
沃芬医疗器械商贸（北京）有限公司	A201
深圳普门科技股份有限公司	A202
复星诊断	A203
日立诊断产品（上海）有限公司	A205
迈克生物股份有限公司	A206
碧迪医疗器械（上海）有限公司	A207
苏州金艾特科技有限公司	A208
西安天隆科技有限公司	A209

公司名称	展位号
上海润达医疗科技股份有限公司	A210
欧蒙医学诊断（中国）有限公司	A211
北京万泰生物药业股份有限公司	A212
上海太阳生物技术有限公司	A213
北京思塔高诊断产品贸易有限责任公司	A215
珠海丽珠试剂股份有限公司	A216
武汉塞力斯医疗科技股份有限公司	A217
重庆中元生物技术有限公司	A218
四川沃文特生物技术有限公司	A219
河南驼人医疗器械集团有限公司	A220
深圳市锦瑞生物科技有限公司	A221
赛默飞世尔科技（中国）有限公司	A222
美艾利尔（上海）医疗器械销售有限公司	A223
星童医疗技术（苏州）有限公司	A225
雷度米特医疗设备（上海）有限公司	A226
孚诺科技（大连）有限公司	A227A
协和梅迪克斯医疗器械（上海）有限公司	A227B
长春赛诺迈德医学技术有限责任公司	A228
武汉中帜生物科技股份有限公司	A229
浙江拱东医疗科技有限公司	A230
中翰盛泰生物技术股份有限公司	A231
杭州艾迪康医学检验中心有限公司	A232
江苏浩欧博生物医药股份有限公司	A233
上海爱可赛默医疗器械有限公司	A234
丹娜（天津）生物科技有限公司	A235
江苏硕世生物科技股份有限公司	A236
美国 ZEUS 公司	A237
河北鑫乐医疗器械科技股份有限公司	A238
广州科方生物技术股份有限公司	A241
深圳市凯特生物医疗电子科技有限公司	A242
广州凯普生物科技有限公司	A245

公司名称	展位号
山东莱博生物科技有限公司	A249
厦门市波生生物技术有限公司	A250
胡曼诊断产品（北京）有限公司	A251
杭州厚泽生物科技有限公司	A255
北京东方日创生物科技有限公司	A256
杭州浙大迪迅生物基因工程有限公司	A259
北京众驰伟业科技发展有限公司	A261
江苏莱尔生物医药科技有限公司	A262
上海费玛生物科技有限公司	A263
上海鹞远生物技术有限公司	A265
苏州旷远生物分子技术有限公司	A267
重庆天海	A269
武汉康录生物技术股份有限公司	A270
Illumina 中国	A301
积水医疗科技（中国）有限公司	A302
东曹（上海）生物科技有限公司	A303
英国朗道实验诊断有限公司	A305
基蛋生物科技股份有限公司	A306
爱威科技股份有限公司	A307
重庆博士泰生物技术有限公司	A308
北京世纪沃德生物科技有限公司	A309
湖南圣湘生物科技有限公司	A310
中山大学达安基因股份有限公司	A311
深圳市亚辉龙生物科技股份有限公司	A312
华银健康集团	A313
苏州鼎实医疗科技有限公司	A315
上海仁度生物科技有限公司	A316
广州万孚生物技术股份公司	A317
索灵诊断医疗设备（上海）有限公司	A318
上海捷程医学科技有限公司	A319A
上海腾程医学科技信息有限公司	A319B
深圳雷杜生命科学股份有限公司	A320

公司名称	展位号
广州创惠信息科技有限公司	A322
艾康生物技术（杭州）有限公司	A324
迪瑞医疗科技股份有限公司	A326
济南英盛生物技术有限公司	A330
英科新创（厦门）科技有限公司	A335
厦门安普利生物工程有限公司	A339
上海透景生命科技股份有限公司	A343
快臻贸易（上海）有限公司	A347
武汉友芝友医疗科技股份有限公司	A348
武汉生之源生物科技股份有限公司	A350
南京诺唯赞医疗科技有限公司	A352
帝肯（上海）贸易有限公司	A356
堀场（中国）贸易有限公司	A360
北京格瑞纳健峰生物技术有限公司	A362
梅里埃诊断产品（上海）有限公司	A364
潍坊三维生物工程集团有限公司	A368
爱科来国际贸易（上海）有限公司	A372
艾森生物（杭州）有限公司	A373
科潘恩贸易（上海）有限公司	A375
苏州博源医疗科技有限公司	A377
毕克气体仪器贸易（上海）有限公司	A380
日本光电	A381
赛基生物	A383
广州洋润生物科技有限公司	A385
无锡博慧斯生物医药科技有限公司	A386
上海奥普生物医药有限公司	A388
宁波普瑞柏生物技术股份有限公司	A389
融智生物科技（青岛）有限公司	A391
杭州意诚默迪生物科技有限公司	A392
上海创司杰医疗科技有限公司	B101
CellaVision	B105
德记巴迪泰（上海）贸易有限公司	B106

公司名称	展位号
浙江伊利康生物技术有限公司	B107
珠海科域生物工程股份有限公司	B109
柏荣诊断产品（上海）有限公司	B112
安捷伦科技（中国）有限公司	B113
新羿生物	B115
上海百傲科技股份有限公司	B116
拜发分析系统销售（北京）有限公司	B117
浙江东瓯诊断产品有限公司	B118
无锡纳奥生物科技有限公司	B119
天津一瑞生物科技股份有限公司	B120
北京泛生子基因科技有限公司	B121
深圳恒特基因有限公司	B122
上海市临床检验中心	B123
中生方政生物技术股份有限公司	B125
深圳市国赛生物技术有限公司	B126
上海盈科医学生物科技有限责任公司	B128
电化生研（上海）贸易有限公司	B130
武汉百泰基因工程有限公司	B131
江苏三联生物工程有限公司	B132
深圳泰乐德医疗有限公司	B133
浙江达美生物技术有限公司	B135
西安金磁纳米生物技术有限公司	B136
郑州人福博赛生物技术有限责任公司	B137
苏州含光微纳科技有限公司	B138
上海鼎晶生物医药科技股份有限公司	B139
南京岚煜生物科技有限公司	B140
深圳品生医学研究所有限公司	B141
沃特世科技（上海）有限公司	B142
康乃格诊断产品（北京）有限公司	B143
广州市康润生物制品开发有限公司	B145
北京博晖创新光电技术股份有限公司	B147
深圳微点生物技术股份有限公司	B149

公司名称	展位号
港龙生物技术（深圳）有限公司	B150
迈盛医疗科技（上海）有限公司	B151
深圳市金准生物医学工程有限公司	B152
烟台普罗吉生物科技发展有限公司	B153
上海命码生物检测有限公司	B154
深圳市帝迈生物技术有限公司	C501
广州和实生物技术有限公司	C503
广州市伊川生物科技有限公司	C505
迈迪思创集团	C506
济南继德生物科技有限公司	C507
厦门福流生物科技有限公司	C508
广州市进德生物科技有限公司	C509
广州市华粤行仪器有限公司	C510
北京丹大生物技术有限公司	C511
门季（上海）生物科技有限公司	C512
北京佳信欧赢贸易有限公司	C513
广州益善医学检验所有限公司	C515
南京汉瑞生物科技有限公司	C516
乐普（北京）诊断技术股份有限公司	C517
青岛高科技工业园海博生物技术有限公司	C518
天津悦和康生物技术有限公司	C520
海口维瑄瑗生物研究院	C521
天津微纳芯科技有限公司	C523
北京健为医学检验实验室有限公司	C525
北京泰利康信科技有限公司	C526
广东天普生化医药股份有限公司	C527
江苏英诺华医疗技术有限公司	C528
泰州赛特生物医药科技有限公司	C529
杭州奥盛仪器有限公司	C530
广州市康立明生物科技有限责任公司	C531
康昕瑞集团	C532

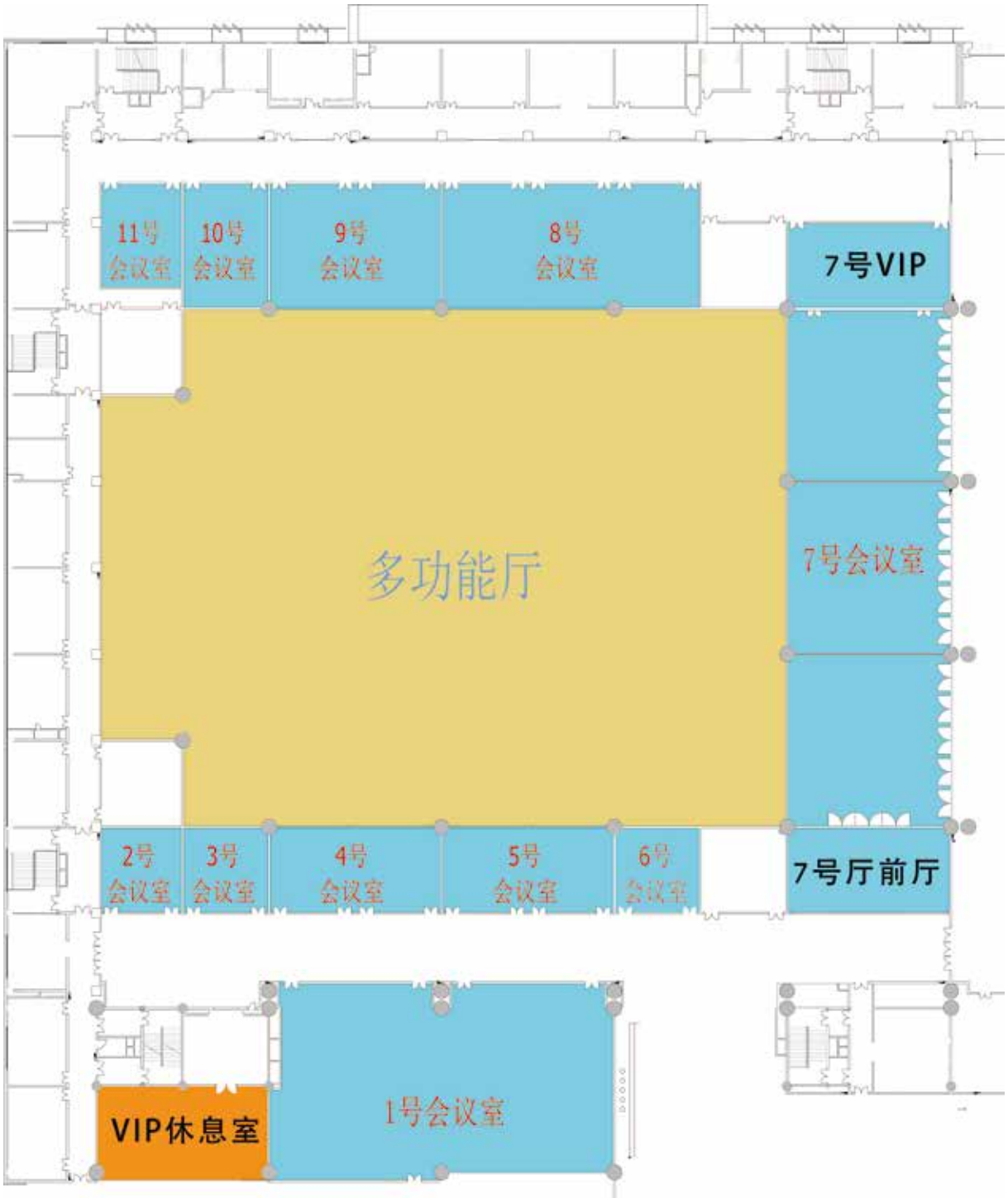
卫星会安排

时间 \ 会场	1号会议室	第7会议室a	第7会议室b	第7会议室c	第8会议室	第3/4会议室	第5/6会议室	第9会议室
9月6日								
11:55-12:45	天隆卫星会	奥森多卫星会	迈瑞卫星会	伯乐卫星会	BD卫星会	科华卫星会	科美卫星会	威士达卫星会
12:50-13:35	贝克曼库尔特卫星会	日立卫星会	迈瑞卫星会	新产业卫星会	雅培卫星会	罗氏卫星会	西门子卫星会	德赛卫星会
17:15-18:00		天普卫星会		圣湘卫星会	鼎实卫星会	欧蒙卫星会	九强卫星会	
7日								
11:55-12:45	益善卫星会		罗氏卫星会	海尔施卫星会	Illumina卫星会	亚辉龙卫星会	东曹卫星会	
12:50-13:35	迈瑞卫星会	希森美康卫星会	雅培卫星会	朗道卫星会	鹞远卫星会	命码卫星会	星童卫星会	

获大会资助参会的边远地区代表名单

姓名	单位
曾淑玲	会宁县中医院
蔡　静	兰州市肺科医院
孟红生	兰州市中医医院
卢丹玉	广西南宁市第五人民医院
宝勿仁必力格	包钢集团第三职工医院检验科
高永胜	包头医学院第二附属医院
温碧艳	石嘴山市妇幼保健所
刘　丹	银川市第三人民医院文化街社区卫生服务中心
马　斌	宝鸡高新人民医院
刘玉军	神木县医院
华　星	陕西省安康市中心医院
周熙浩	富顺县人民医院
张潇潇	四川省旺苍县人民医院
李泳霖	北川羌族自治县人民医院
刘　红	新疆维吾尔自治区人民医院
张生莲	新疆泽普县人民医院
王　莉	新疆兵团第一师阿拉尔医院
胡新凤	新疆生产建设兵团第五师医院
奎少云	云南省通海县中医医院
王利凤	西双版纳州勐海县人民医院
张木芬	云南省曲靖市麒麟区人民医院
雷明德	东南医院

会议室分布图


11号
会议室
10号
会议室
9号
会议室
8号
会议室
7号VIP
多功能厅
7号会议室
2号
会议室
3号
会议室
4号
会议室
5号
会议室
6号
会议室
7号厅前厅
VIP休息室
1号会议室

2018年大会日程一览表

会场 / 时间	多功能厅（M层）	第一会议室	第 7 会议室 a	第 7 会议室 b	第 7 会议室 c	第 8 会议室	第 3/4 会议室	第 5/6 会议室	第 9 会议室	7 号 VIP
9 月 5 日										
15:00-17:00			中青年英文演讲比赛	检验之声演讲比赛						
9 日 6 月										
08:30-09:00	开幕式									
09:00-10:20	大会报告一									
10:20-10:30	休息									
10:30-11:50	大会报告二									
11:55-12:45		天隆卫星会	奥森多卫星会	迈瑞卫星会	伯乐卫星会	BD 卫星会	科华卫星会	科美卫星会	威士达卫星会	
12:50-13:35		贝克曼库尔特卫星会	日立卫星会	迈瑞卫星会	新产业卫星会	雅培卫星会	罗氏卫星会	西门子卫星会	德赛卫星会	
13:35-14:00		休息								
14:00-17:15		临床疑难病多学科讨论	微流控技术及应用论坛	LDT 专题论坛	特殊病原体感染诊断技术论坛	医疗大数据开发与利用论坛	自身免疫性疾病实验室检测与临床应用进展论坛	临床检验对于急性胸痛的诊断和鉴别的价值论坛	细胞外囊泡研究与应用论坛	实验室管理论坛
17:15-18:00			天普卫星会		圣湘卫星会	鼎实卫星会	欧蒙卫星会	九强卫星会		
9 月 7 日										
08:30-10:30	大会报告三									
10:30-10:40	休息									
10:40-11:50	大会报告四									
11:55-12:45		益善卫星会	·	罗氏卫星会	海尔施卫星会	Illumina 卫星会	亚辉龙卫星会	东曹卫星会		
12:50-13:35		迈瑞卫星会	希森美康卫星会	雅培卫星会	朗道卫星会	鹞远卫星会	命码卫星会	星童卫星会		
14:00-17:10		形态学通关大赛	止凝血检验与临床论坛	免疫治疗驱动的检验医学问题与进展论坛	遏制细菌耐药，我们在行动论坛	液体活检论坛	质谱技术与临床论坛	生物标志物转化论坛	流式细胞分析论坛	
17:10-17:20										
9 月 8 日										
08:30-10:55			临床科研设计与论文发表	检验教育模式	第三方实验室论坛					
11:00-11:30			大会闭幕式							

会议日程

会议日程

2018/9/5

第 7 会议室 a

15:00–17:00　中青年英文演讲比赛　主持人：李敏，李珣

第 7 会议室 b

15:00–17:00　检验之声演讲比赛　主持人：闫存玲，张立群

2018/9/6

M 层多功能厅

08:30–09:00　开幕式　主持人：潘世扬，崔巍

09:00–10:20　大会报告一　主持人：潘柏申，王传新

PL-01	09:00-09:40	新技术促进内分泌代谢病学科的发展	宁　光
PL-02	09:40-10:20	HIV 核酸检测在艾滋病防治领域的应用及研究进展	尚　红

10:30–11:50　大会报告二　主持人：府伟灵，李莉

PL-03	10:30-11:10	Saving children's lives by newborn screening for metabolic diseases	Michael J.Bennet
PL-04	11:10-11:50	血流感染诊断面临的问题与挑战	解立新

1 号会议室

11:55–12:45　天隆卫星会　主持人：郝晓柯

	11:55-12:45	分子诊断技术在个性化用药中的应用与发展	李　艳

12:50–13:35　贝克曼库尔特卫星会

	12:50-13:35	血细胞检验诊断报告	屈晨雪

14:00–17:10　临床疑难病多学科讨论　主持人：张炳昌，周琳

C-01	14:00-14:50	“化繁为简、一元论之” 反复粘液血便诊治的多学科讨论	缪应雷等
	14:50-15:00	讨论	缪应雷　张峰睿 段　勇　单　斌 何　波
C-02	15:00-15:50	凝血试验延长伴全血细胞减少临床对策	续　薇等
	15:50-16:00	讨论	谭业辉　续　薇 曲林琳　赵　旭 张　东
C-03	16:10-17:00	穷根究底，揭儿童持续胸腔积液之谜	侯红艳等

	17:00-17:10	讨论	侯红艳　孙自镛 汪　峰　刘　旭 张　真

第 7 会议室 a

11:55–12:45　奥森多卫星会

	11:55-12:45	血脂组合检测在急性病诊疗中的价值	郑亚安

12:50–13:35　日立卫星会　　主持人：李士军

	12:50-13:35	检验报告全程规范化管理	徐国兵

14:00–15:35　微流控技术及其在检验中应用专题及口头发言　　主持人：杨正林，王剑

S-01	14:00-14:25	基于微流控技术的高通量病原微生物检测平台研究	隋国栋
S-02	14:25-14:50	生物芯片及生化试剂与微流体器件的集成	石西增
OR-01	14:50-14:56	焦磷酸测序技术与荧光定量 PCR 技术在基因检测应用中的对比研究	李　军
OR-02	14:56-15:02	Protective Regulatory T Cell Immune Response Induced by Intranasal Immunization with Live Attenuated Pneumococcal Vaccine SPY1 Via TGF-β 1-Smad2/3 Pathway	甘苓伶
OR-03	15:02-15:08	SASH1 在结直肠癌中表达的临床意义及对肠癌细胞 EMT 调控机制的研究	鞠少卿
OR-04	15:08-15:14	RASSF1-A 基因甲基化状态分析在骨髓增生异常综合征进展中的意义	康慧媛
	15:14-15:35	讨论	

15:45–17:15　微流控技术及其在检验中应用专题发言　　主持人：王利新，徐建

S-03	15:45-16:10	基于 CD 微流控芯片检测骨髓增殖性肿瘤标志物 CALR 多重突变研究	关　明
S-04	16:10-16:35	基于微流控技术的液体活检新方法	杨朝勇
S-05	16:35-17:00	免荧光无标记超敏核酸检测技术在临床病原微生物的鉴定研究	应斌武
	17:00-17:15	讨论	

17:15–18:00　天普卫星会　　主持人：高春芳

	17:15-18:00	μ TASWako i30 全自动微流控免疫分析仪在肝癌早期诊断和预后评估中的应用	马　红

第 7 会议室 b

11:55–12:45　迈瑞卫星会　　主持：杨晓莉

	11:55-12:45	再谈量值溯源 - 理解与实施	张传宝

12:50–13:35　迈瑞卫星会　　主持：王书奎

	12:50-13:35	血清肺癌标志物在肺癌早期复查中的应用	崔　巍

14:00–15:45　LDT 专题及口头发言　　主持人：郭健，张军力

S-06	14:00-14:30	中美的差异和目前的思考	王华梁

S-07	14:30-15:00	利用自建方法检测神经系统肿瘤相关基因	张　弢
OR-05	15:00-15:06	A novel method for Carbapenem-Resistant Enterobacteriaceae(CRE) rapid identification using Surface-enhanced Raman spectroscopy	李　佳
OR-06	15:06-15:12	侵袭性抗消化道肿瘤大肠杆菌工程菌株的构建	高冬芳
OR-07	15:12-15:18	已发布血清总胆红素、直接胆红素参考区间行业标准与实际情况的比较与分析	刘佳丽
OR-08	15:18-15:24	不同浓度甘油三酯对血红蛋白测定的影响及三种校正方法的研究探讨	欧财文
	15:24-15:45	讨论	

15:54–17:20　LDT 专题发言　主持人：任建平，张新

S-08	15:54-16:24	台湾临床实验室自行研发试验之开发流程与质量能力要求	张璧月
S-09	16:24-16:54	香港特区 LDT 的做法	彭永恒
OR-09	16:54-17:00	西格玛度量在临床血液学项目分析质量上的应用研究	刘　倩
	17:00-17:20	讨论	

第 7 会议室 c

11:55–12:45　伯乐卫星会　主持人：康辉

	11:55-12:45	分析中的风险管理	张　弢

12:50–13:35　新产业卫星会

	12:50-13:35	胃癌早期筛查的专家共识	张小红

14:00–15:35　特殊病原体感染诊断技术病例分享及口头发言　主持人：伍勇，张樱

S-10	14:00-14:25	HPV 检测在多领域的应用价值	苏建荣
S-11	14:25-14:50	少见真菌感染的发现和诊断	王　辉
OR-10	14:50-14:56	侵袭性真菌深部感染早期实验室诊断	肖晓光
OR-11	14:56-15:02	法尼醇介导转录因子 Sfl2 调控 Ywp1 基因影响白色念珠菌生物膜形成的研究	江　岑
OR-12	15:02-15:08	新型的 ST81 型别与 ST37 型别艰难梭菌生物学特征的比对分析	王保亚
OR-13	15:08-15:14	高毒力肺炎克雷伯菌全基因组序列分析	王丽凤
	15:14-15:35	讨论	

15:45–17:15　特殊病原体感染诊断技术病例分享　主持人：阿祥仁，周宏伟

S-12	15:45-16:10	微生物新技术用于真菌感染诊断案例分享	顾　兵
S-13	16:10-16:35	全国室间质评中特殊病原体鉴定结果分析	胡继红
S-14	16:35-17:00	特殊病原体检测技术及应用	马筱玲
	17:00-17:15	讨论	

17:15–18:00　圣湘卫星会

	17:15-18:00	分子诊断普适化，全场景化在临床检验中的应用实践	陈　鸣

第 8 会议室

11:55–12:45	BD 卫星会		主持人：黄晶
	11:55-12:00	大会主席致辞	黄　晶
	12:00-12:20	吉林省不合格血样量化指标管理	黄　晶
	12:20-12:45	三〇二医院门诊采血中心精益改造项目	刘玉琦
12:50–13:35	雅培卫星会		主持人：李玉中，宗建国
	12:50-13:15	检验科质量管理的问题与挑战	李士军
	13:15-13:35	由您而生，为您所用	施　俊
14:00–15:28	医疗大数据开发与利用专题及口头发言		主持人：康辉，符生苗
S-15	14:00-14:25	大数据云 LIS 与检验医学专科联盟建设	彭永正
S-16	14:25-14:50	大数据的智能检验和患者服务	陈　瑜
OR-14	14:50-14:56	通过移动互联实现检验科与企业间的协同精准管理	凌月明
OR-15	14:56-15:02	宏基因二代测序技术对呼吸道病毒的临床意义分析	缪　青
OR-16	15:02-15:08	SXT 诱导性金黄色葡萄球菌小菌落突变株的转录组特征	何春燕
	15:08-15:28	讨论	
15:40–17:15	医疗大数据开发与利用专题发言		主持人：戴二黑，黄山
S-17	15:40-16:05	医疗健康大数据应用机遇与挑战	廖　生
S-18	16:05-16:30	大数据在人工智能诊断中的应用	徐　建
S-19	16:30-16:55	临床样本资源库与转化医学平台的构建及对医院科研工作的支撑	田亚平
	16:55-17:15	讨论	
17:15–18:00	鼎实卫星会		主持人：秦望森
	17:15-18:00	独立医学实验室当前面临的形势和发展思路	金雨琦

第 3/4 会议室

11:55–12:45	科华卫星会		
	11:55-12:45	孕期感染性疾病管理及实验室完整解决方案	龚　波
12:50–13:35	罗氏卫星会		主持人：应斌武
	12:50-13:35	隐匿性 HBV 感染及乙肝表面抗原突变检测	管世鹤
14:00–15:35	自身免疫性疾病实验室检测。与临床应用进展专题及口头发言		主持人：关秀茹，刘治娟
S-20	14:00-14:25	肿瘤与自身抗体研究及临床应用进展	李永哲
S-21	14:25-14:50	自身抗体临床检测质量保证体系与建立的关键问题及对策	李金明
OR-17	14:50-14:56	Myositis-specific autoantibodies in dermatomyositis/polymyositis with interstitial lung disease	李柳冰
OR-18	14:56-15:02	系统性红斑狼疮骨髓形态学分析及其临床意义初步探讨	廖红艳

OR-19	15:02-15:08	Calreticulin Promotes Synovial Inflammation via up-regulation of ICAM-1 Through PI3K/Akt/eNOS Signaling Pathway in Rheumatoid Arthritis	刘宜昕
OR-20	15:08-15:14	调节性 T 细胞与吲哚胺 2，3- 双加氧酶在乙肝感染者外周血中表达的相关性研究	杨　峻
	15:14-15:35	讨论	

15:45–17:15　自身免疫性疾病实验室检测与临床应用进展专题发言　主持人：范列英，张蕴莉

S-22	15:45-16:10	抗磷脂抗体谱最新临床应用进展	关秀茹
S-23	16:10-16:35	肾脏疾病的精准时代已经到来 - 从两例肾移植病例谈起	于　峰
S-24	16:35-17:00	自身抗体检测在风湿性疾病诊断及鉴别诊断中的临床意义	张江林
	17:00-17:15	讨论	

17:15–18:00　欧蒙卫星会　主持人：李敏

	17:15-18:00	抗核抗体检测的临床应用专家共识解读	胡朝军

第 5/6 会议室

11:55–12:45　科美卫星会　主持人：崔巍

	11:55-12:45	甲状腺激素多系统分析性能比对研究	张　捷

12:50–13:35　西门子卫星会

	12:50-13:35	TSI 检测及临床应用进展	邱　玲

14:00–15:35　临床检验对于急性胸痛的诊断和鉴别的价值专题及口头发言　主持人：谢鑫友，袁慧

S-25	14:00-14:25	超敏肌钙蛋白对于急性胸痛的诊断和鉴别的价值	贾　玫
S-26	14:25-14:50	高敏肌钙蛋白临床应用挑战及对策	张　义
OR-21	14:50-14:56	脑卒中患者同型半胱氨酸、GFAP、BDNF 和超敏 C 反应蛋白水平与血管性认知障碍相关性研究	潘庭荣
OR-22	14:56-15:02	高脂血症人群 APOEApoE/SLCO1B1 基因多态性与他汀类药物疗效和安全性的相关性研究	陈　敏
OR-23	15:02-15:08	帕金森患者血液 Hcy、Aβ1-42 表达及与认知功能的相关性分析	于成勇
OR-24	15:08-15:14	克罗恩病患者血清胆汁酸代谢谱分布及预测模型诊断效能的评价	张　洁
	15:14-15:35	讨论	

15:45–17:15　临床检验对于急性胸痛的诊断和鉴别的价值专题发言　主持人：王昌敏，周洲

S-27	15:45-16:10	高敏肌钙蛋白 I 浓度及变化对于判断急性心肌梗死的中国人群临床应用研究	梁　岩
S-28	16:10-16:35	肌钙蛋白在临床中的应用	骆雷鸣
S-29	16:35-17:00	高敏肌钙蛋白 T 检测在胸痛患者中的应用	曹永彤
	17:00-17:15	讨论	

17:15–18:00　九强卫星会

	17:15-18:00	生化平台快速检测 CKMB_mass	汪俊军

第 9 会议室

11:55–12:45	威士达卫星会		主持人：侯铁英
	11:55-12:45	心血管疾病中血栓精准检验的诊疗新思路	骆雷鸣
12:50–13:35	德赛卫星会		主持人：赵鸿梅
	12:50-13:35	血浆蛋白检测及标准化进展	穆润清
14:00–15:35	细胞外囊泡研究与应用专题及口头发言		主持人：王前，童永清
S-30	14:00-14:25	细胞外囊泡生物标志物研究策略与进展	郑　磊
S-31	14:25-14:50	外泌体靶标在重大传染病中的应用	王　通
OR-25	14:50-14:56	尿液外泌体分离及其 miRNA-141 作为前列腺癌诊断标志物的初步探究	朱迎星
OR-26	14:56-15:02	Long non-coding RNA CCAT1 promotes colorectal cancer progression by regulating miR-181a-5p expression	商安全
OR-27	15:02-15:08	2014-2017 年女性高危宫颈人乳头瘤状病毒 (hrHPV) 基因型流行性研究	王兴宇
OR-28	15:08-15:14	A case-control study identifies six single nucleotide polymorphisms as risk loci for alcoholic liver disease in Chinese Han male population	杨馥宁
	15:14-15:35	讨论	
15:45–17:20	细胞外囊泡研究与应用专题发言		主持人：王小中，杜鲁涛
S-32	15:45-16:10	纳米流式检测技术 -- 细胞外囊泡液体活检的利器	颜晓梅
S-33	16:10-16:35	膀胱癌外泌体来源长链非编码 RNA 的发现与临床验证	陈　葳
S-34	16:35-17:00	外泌体在肿瘤诊断中的应用探索	李　冬
	17:00-17:20	讨论	

7 号 VIP

14:00–15:28	实验室管理论坛专题及口头发言		主持人：翟培军，黄庆
	14:00-14:50	经验非万能，标准铸精诚	
OR-29	14:50-14:56	风险管理指数评估基于患者风险的质量控制策略	黄亨建
OR-30	14:56-15:02	实验室 TAT 的应用探索	张凯歌
OR-31	15:02-15:08	Smart 实验室试剂耗材管理系统的开发与应用	曹　源
	15:08-15:28	讨论	
15:38–17:00	实验室管理论坛专题发言		主持人：胡冬梅，李伯安
	15:38-16:28	上下沟通达共识，左右协调同进步	
OR-32	16:28-16:34	智能机器人标本运送系统在临床实验室的应用	夏良裕
OR-33	16:34-16:40	医学检验科设立检验咨询门诊重要性的探讨	蔡雪梅
	16:40-17:00	讨论	

2018/9/7

M 层多功能厅

08:30–10:30 大会报告三 主持人：崔巍，潘世扬

PL-05	08:30-09:10	荧光与光敏染料的化学：从分子识别到肿瘤诊疗	彭孝军
PL-06	09:10-09:50	组学技术与脂肪肝研究	管又飞
PL-07	09:50-10:30	从分子诊断到基因诊断	张　学

10:40–11:50 大会报告四 主持人：张捷，郝晓柯

PL-08	10:40-11:20	STAT Tandem Mass Spectrometry: Coming Soon to Clinical Practice	Dennis J. Dietzen
PL-09	11:20-11:50	如何从常规检验数据中提炼出 SCI 论文	Qinghe Meng

1 号会议室

11:55–12:45 益善卫星会 主持人：陈鸣

	11:55-12:10	循环肿瘤细胞检测在肿瘤精准医疗中的应用与挑战	张晓莉
	12:10-12:25	循环肿瘤细胞：基础研究推动临床进步	李跃进
	12:25-12:45	循环肿瘤细胞检测技术进展	胡晓芳

12:50–13:35 迈瑞卫星会 主持人：王波

	12:50-13:35	新型血液分析平台对末梢全血血小板检测性能提升的研究进展	秦　雪

14:00–17:15 形态学通关大赛 主持人：魏军，王蓓丽

S-35	14:00-14:25	检验诊断报告与知识服务能力	张　曼
	14:25-17:15	比赛	王建中　屈晨雪 刘贵建　李绵洋 李　佳

第 7 会议室 a

12:50–13:35 希森美康卫星会 主持人：续薇

	12:50-13:35	尿液自动化审核的多中心研究	崔　巍

14:00–15:05 止凝血检验与临床病例讨论及口头发言 主持人：胡丽华，金英玉

OR-34	14:00-14:06	Platelets induce epithelial-mesenchymal transition and increase invasion in ovarian cancer cells by TGF-β/Smad pathway	郭　毅
OR-35	14:06-14:12	血小板聚集功能能够预测转移性结直肠癌接受抗血管生成分子靶向治疗疗效	梁　立
OR-36	14:12-14:18	纤维蛋白原 Aα 链 Arg16His 突变导致 异常纤维蛋白原的功能研究	罗美玲
OR-37	14:18-14:24	深静脉血栓治疗前后凝血四项与 D- 二聚体变化分析	崔　燕
C-04	14:25-14:55	病例一：心血管疾病患者抗栓治疗之检验与临床	许俊堂
	14:55-15:05	提问	许俊堂　张真路

15:05–17:20 止凝血检验与临床病例讨论 主持人：江虹，袁宏

C-05	15:05-15:35	病例二：静脉血栓栓塞症的风险监测之检验与临床	门剑龙
	15:35-15:45	提问	易　群　门剑龙

C-06	15:55-16:25	病例三：APS 凝血检验与临床困惑	乔　蕊
	16:25-16:35	提问	李登举　乔　蕊
S-36	16:35-17:20	与临床沟通我们如何做	王学锋

第 7 会议室 b

11:55–12:45　罗氏卫星会　主持人：王传新

	11:55-12:45	智慧医疗 - 医院联网血糖检测	陈　瑜

12:50–13:35　雅培卫星会　主持人：周洲，刘敏

	12:50-13:35	高敏肌钙蛋白 I 在急诊人群中的应用优势及中国多中心研究	詹　红

14:00–15:35　免疫治疗驱动的检验医学问题与进展专题及口头发言　主持人：曹颖平，赵敏

S-37	14:00-14:25	检验医学在 CAR-T 细胞治疗患者中的应用	王传新
S-38	14:25-14:50	免疫抑制剂对肾移植受者 Th17/Treg/Tfh 细胞亚群的免疫耐受调节作用研究	王兰兰
OR-38	14:50-14:56	循环 CTLA4+Tfh 细胞和 CTLA4+Tfr 细胞免疫失衡在产科抗磷脂综合征中的作用	郑佳佳
OR-39	14:56-15:02	Establishment and validation of a cytokine index to predict recurrence of hepatocellular carcinoma	王蓓丽
OR-40	15:02-15:08	BLNK 基因慢病毒载体构建及其稳定表达的人乳腺癌 MDA-MB-231 细胞株的筛选	肖　斌
OR-41	15:08-15:14	乙型肝炎病毒 YMDD 突变室间调查品制备及其应用	蒋玲丽
	15:14-15:35	讨论	

15:45–17:20　免疫治疗驱动的检验医学问题与进展专题发言　主持人：谢风，李俊明

S-39	15:45-16:10	检验医学在肿瘤免疫治疗中的应用	尤　强
S-40	16:10-16:35	肿瘤精准医学新热点：PD-1/PD-L1 单抗治疗与伴随诊断	高春芳
S-41	16:35-17:00	感染性疾病免疫治疗驱动的精准诊断	欧启水
	17:00-17:20	讨论	

第 7 会议室 c

11:55–12:45　海尔施卫星会　主持人：应斌武

	11:55-12:20	HPV 检测新趋势：E6/E7 DNA 检测的技术及应用优势分享	崔　巍
	12:20-12:45	多重核酸检测在临床病原体快速筛查和鉴别诊断中的应用	王旻晋

12:50–13:35　朗道卫星会

	12:50-13:35	溯源性在现代临床实验室中的角色	Edward Hill

14:00–15:35　遏制细菌耐药，我们在行动专题及口头发言　主持人：徐元宏，杜艳

S-42	14:00-14:25	遏制细菌耐药国家抗菌药物管理相关政策	李大川
S-43	14:25-14:50	临床感染病例之凶险	刘正印
OR-42	14:50-14:56	mcr 基因阴性的肺炎克雷伯菌对粘菌素耐药的分子机制探究	孙世俊
OR-43	14:56-15:02	小儿沙门菌感染临床特点及耐药性分析	陈　玲
OR-44	15:02-15:08	湖南地区结核分枝杆菌耐药基因分布情况分析	潘建华

OR-45	15:08-15:14	Drug resistance evolution and regulation in patients with human immunodeficiency virus-1/acquired immune deficiency syndrome with long-term antiretroviral treatment-failure in Yunnan Province, China	李健健
	15:14-15:35	讨论	

15:45–17:20　遏制细菌耐药，我们在行动专题发言　主持人：穆红，魏超君

S-44	15:45-16:10	病原微生物组合检验技术应用与思考	鲁辛辛
S-45	16:10-16:35	WHO 关注的耐药菌株的流行趋势	徐英春
S-46	16:35-17:00	如何控制耐药菌株传播问题	刘　勇
	17:00-17:20	讨论	

第 8 会议室

11:55–12:45　Illumina 卫星会

	11:55-12:20	实现 NGS-ctDNA 临床有效应用需关注的核心问题	李金明
	12:20-12:45	NGS-ctDNA 液体活检最新进展	郭　玮

12:50–13:35　鹍远卫星会

	12:50-13:15	cfDNA 多靶点甲基化检测在结直肠癌早筛的应用	王　辉
	13:15-13:35	cfDNA 多靶点甲基化检测在肺结节良恶性鉴别的应用	李　喆

14:00–15:35　液体活检专题及口头发言　主持人：单保恩，桑梅香

S-47	14:00-14:25	分子诊断引领检验亚学科发展	李　艳
S-48	14:25-14:50	结直肠癌早期筛查和术后残留的分子检测的研究与临床应用进展	徐国兵
OR-46	14:50-14:56	Detection of actionable mutations in plasma cfDNA samples from patients with non-small cell lung cancer using a novel amplicon-based FireflyTM NGS assay	王　琳
OR-47	14:56-15:02	PARK5 联合 CTC 早期精准预测 IIIB 期胃癌患者术后复发转移的研究	史　健
OR-48	15:02-15:08	分支 DNA 技术定量检测非霍奇金淋巴瘤患者外周血中游离 DNA 研究	陆　伟
OR-49	15:08-15:14	无创产前测序技术检测胎儿染色体非整倍体疾病的临床效果评价	刘　玲
	15:14-15:35	讨论	

15:45–17:20　液体活检专题发言　主持人：张展，陈鑫苹

S-49	15:45-16:10	外周血循环肿瘤细胞检测技术	刘　毅
S-50	16:10-16:35	液体活检的高灵敏度检测新技术策略	葛东亮
S-51	16:35-17:00	基因测序技术在遗传性肿瘤中的应用	于世辉
	17:00-17:20	讨论	

第 3/4 会议室

11:55–12:45　亚辉龙卫星会　主持人：李士军

	11:55-12:45	肺炎支原体实验室检测	黄　晶

12:50–13:35　命码卫星会

	12:50-13:10	血清 MicroRNA 与胰腺癌	张春妮
	13:10-13:35	血清 MicroRNA 与胰腺癌	陈　熹

14:00–15:22 质谱技术与临床专题及口头发言 主持人：王玉明，郑培烝

S-52	14:00-14:25	Next Generation Clinical and Translational Mass Spectrometry Applications enabling Personalized/Precision Medicine for Cancer and Pain Management/Addiction Pharmacometabolomics	Steven H. Wong
S-53	14:25-14:50	Practical Strategies to Establish and Maintain High Quality Clinical Mass Spectrometry Services for Clinical Diagnosis	Y. Victoria Zhang
OR-50	14:50-14:56	液相色谱 - 串联质谱检测血浆 17-a 羟基孕酮在先天性肾上腺增生疾病中的应用	彭颖斐
OR-51	14:56-15:02	基于液质联用平台的非放射性小分子受体结合分析方法的建立	吴丹丹
	15:02-15:22	讨论	

15:35–17:10 质谱技术与临床专题发言 主持人：胡敏，黄燚

S-54	15:35-16:00	Quality Control and Results Harmonization of Mass Spectrometry	Yusheng Zhu
S-55	16:00-16:25	MALDI-TOF-MS 在临床微生物学的应用与思考	黄艳飞
S-56	16:25-16:50	质谱技术检测 20 种类固醇激素的临床应用	郭　玮
	16:50-17:10	讨论	

第 5/6 会议室

11:55–12:45 东曹卫星会 主持人：许俊堂

	11:55-12:45	BNP 与 NT-ProBNP 在临床应用上的定位	张真路

12:50–13:35 星童卫星会 主持人：李玉中

	12:50-13:35	高敏肌钙蛋白（hs-Tn) 临床应用需面临的问题	张真路

14:00–15:35 生物标志物转化专题及口头发言 主持人：苏海翔，任丽

S-57	14:00-14:25	新肿瘤标记物 SP70 的研究及临床应用	潘世扬
S-58	14:25-14:50	肿瘤精准诊断技术研究及临床治疗应用	席建忠
OR-52	14:50-14:56	Using SP70 Targeted Immuno-magnetic Separation in Differential Diagnosis of Benign and Malignant Serous Fluids	张丽霞
OR-53	14:56-15:02	Circulating APP, NCAM and Aβ serve as biomarkers for Alzheimer's disease	陈克平
OR-54	15:02-15:08	Methylation of NBPF1 as a novel marker for the detection of plasma cell-free DNA of breast cancer patients	李丹丹
OR-55	15:08-15:14	PGD2/PTGDR2 Signaling is a New Marker of Gastric Cancer Stem Cells	张　斌
	15:14-15:35	讨论	

15:45–17:20 生物标志物转化专题发言 主持人：许建成，托娅

S-59	15:45-16:10	三种神经遗传变性病关键基因变异的筛选及初步临床应用	王培昌
S-60	16:10-16:35	儿童罕见病基因标记的筛选及临床应用	黄　昱
S-61	16:35-17:00	氧化脂蛋白及 microRNA 在动脉粥样硬化疾病中的临床价值和转化前景	汪俊军
	17:00-17:20	讨论	

第 9 会议室

14:00–15:22 流式细胞分析论坛专题及口头发言 主持人：彭林，李锋

S-62	14:00-14:25	Advancements in Clinical Flow Cytometry	Guang Fan
S-63	14:25-14:50	流式血小板功能分析 - 问题与对策	王建中
OR-56	14:50-14:56	多重微球流式荧光免疫技术检测抗核抗体的评价与临床应用	刘明军
OR-57	14:56-15:02	Relationship between infertility and semen quality: analysis of 4479 men in fertility clinics	陈涓涓
	15:02-15:22	讨论	

15:35–17:10 流式细胞分析论坛专题发言 主持人：丁海涛，张钧

S-64	15:35-16:00	淋巴细胞亚群参考范围能指导临床诊疗吗?	崔　巍
S-65	16:00-16:25	流式细胞术在免疫细胞功能检测中的应用	张子宁
S-66	16:25-16:50	CyTOF 技术的基本原理和肿瘤微环境免疫细胞亚群分析	沈立松
	16:50-17:10	讨论	

2018/9/8

第 7 会议室 a

08:30–10:50 临床科研设计与论文发表 主持人：王琳，黄宪章

S-67	08:30-09:00	休言年少不封侯，祸福由人不由天	陈　鸣
S-68	09:00-09:30	国家自然科学基金撰写的体会	胡炎伟
S-69	09:30-10:00	坚持到底就是胜利：与杂志编辑沟通中的技巧	秦　燕
S-70	10:00-10:30	知己知彼百战不殆 - 浅谈论文撰写技巧	秦　雪
	10:30-10:50	讨论	

11:00–11:30 闭幕式 主持人：关明

第 7 会议室 b

08:30–10:55 检验教育模式 主持人：吕建新，彭海

S-71	08:30-08:55	医学检验人才培养的职业与学科导向思考	许文荣
S-72	08:55-09:20	检验医学教育：机遇与挑战	徐克前
S-73	09:20-09:45	医学检验认证标准	樊绮诗
S-74	09:45-10:10	检验医学技术的交叉融合	丁春明
S-75	10:10-10:35	技术发展将对检验医学教育的冲击与思考	赵建宏
	10:35-10:55	讨论	

第 7 会议室 c

08:30–10:55 第三方检验论坛 主持人：王清涛，明亮

S-76	08:30-08:55	政府主导的第三方区域检验中心的建设探索	李　莉
S-77	08:55-09:20	临床基因检测管理方案	许　斌
S-78	09:20-09:45	香港第三方检验机构的发展—内地如何借鉴?	黄利宝
S-79	09:45-10:10	新形势下第三方检验的发展趋势	方荣峰
S-80	10:10-10:35	特异性质量指标模型—基因检测质量改进工具	周　睿
	10:35-10:55	讨论	

目　录

大会报告

PL-01　新技术促进内分泌代谢病学科的发展……宁光 (32)
PL-02　HIV 核酸检测在艾滋病防治领域的应用及研究进展……尚红 (33)
PL-03　Saving children s lives by newborn screening for metabolic diseases……Bennet Michael(34)
PL-04　血流感染诊断面临的问题与挑战……解立新 (35)
PL-05　荧光与光敏染料的化学：从分子识别到肿瘤诊疗……彭孝军 (36)
PL-06　组学技术与脂肪肝研究……管又飞 (37)
PL-07　从分子诊断到基因诊断……张学 (38)
PL-08　STAT Tandem Mass Spectrometry: Coming Soon to Clinical Practice……Dennis J. Dietzen(39)
PL-09　如何从常规检验数据中提炼出 SCI 论文……Qinghe Meng(40)

专题发言

S-01　基于微流控技术的高通量病原微生物检测平台研究……隋国栋 (42)
S-02　生物芯片及生化试剂与微流体器件的集成……石西增 (42)
S-03　基于 CD 微流控芯片检测骨髓增殖性肿瘤标志物 CALR 多重突变研究……关明 , 曹国君 (43)
S-04　基于微流控技术的液体活检新方法……杨朝勇 (44)
S-05　免荧光无标记超敏核酸检测技术在临床病原微生物的鉴定研究……应斌武 (44)
S-06　中美的差异和目前的思考……王华梁 (45)
S-07　利用自建方法检测神经系统肿瘤相关基因……张弢 (46)
S-08　台湾临床实验室自行研发试验之开发流程与质量能力要求……张璧月 (46)
S-09　香港特区 LDT 的做法……彭永恒 (47)
S-10　HPV 检测在多领域的应用价值……苏建荣 (48)
S-11　少见真菌感染的发现和诊断……王辉 (49)
S-12　微生物新技术用于真菌感染诊断案例分享……顾兵 (49)
S-13　全国室间质评中特殊病原体鉴定结果分析……胡继红 (50)
S-14　特殊病原体检测技术及应用……马筱玲 (51)
S-15　大数据云 LIS 与检验医学专科联盟建设……彭永正 (51)
S-16　大数据的智能检验和患者服务……陈瑜 (52)
S-17　医疗健康大数据应用机遇与挑战……廖生 (53)
S-18　大数据在人工智能诊断中的应用……徐建 (54)
S-19　临床样本资源库与转化医学平台的构建及对医院科研工作的支撑……田亚平 (54)
S-20　肿瘤与自身抗体研究及临床应用进展……李永哲 (55)
S-21　自身抗体临床检测质量保证体系与建立的关键问题及对策……李金明 (56)
S-22　抗磷脂抗体谱最新临床应用进展……关秀茹 (57)
S-23　肾脏疾病的精准时代已经到来 - 从两例肾移植病例谈起……于峰 (57)
S-24　自身抗体检测在风湿性疾病诊断及鉴别诊断中的临床意义……张江林 (58)

S-25 超敏肌钙蛋白对于急性胸痛的诊断和鉴别的价值.....贾玫 (59)
S-26 高敏肌钙蛋白临床应用挑战及对策.....张义 (60)
S-27 高敏肌钙蛋白 I 浓度及变化对于判断急性心肌梗死的中国人群临床应用研究.....梁岩 (61)
S-28 肌钙蛋白在临床中的应用.....骆雷鸣 (62)
S-29 高敏肌钙蛋白 T 检测在胸痛患者中的应用.....曹永彤 (63)
S-30 细胞外囊泡生物标志物研究策略与进展.....郑磊 (63)
S-31 外泌体靶标在重大传染病中的应用.....王通 , 罗彦彰等 (64)
S-32 纳米流式检测技术 -- 细胞外囊泡液体活检的利器.....颜晓梅 (65)
S-33 膀胱癌外泌体来源长链非编码 RNA 的发现与临床验证.....陈葳 (65)
S-34 外泌体在肿瘤诊断中的应用探索.....李冬 (66)
S-35 检验诊断报告与知识服务能力.....张曼 (67)
S-36 与临床沟通我们如何做.....王学锋 (68)
S-37 检验医学在 CAR-T 细胞治疗患者中的应用.....王传新 (69)
S-38 免疫抑制剂对肾移植受者 Th17/Treg/Tfh 细胞亚群的免疫耐受调节作用研究.....王兰兰 (70)
S-39 检验医学在肿瘤免疫治疗中的应用.....尤强 (71)
S-40 肿瘤精准医学新热点：PD-1/PD-L1 单抗治疗与伴随诊断.....高春芳 (71)
S-41 感染性疾病免疫治疗驱动的精准诊断.....欧启水 (72)
S-42 遏制细菌耐药国家抗菌药物管理相关政策.....李大川 (73)
S-43 临床感染病例之凶险.....刘正印 (73)
S-44 病原微生物组合检验技术应用与思考.....鲁辛辛 (74)
S-45 WHO 关注的耐药菌株的流行趋势.....徐英春 (75)
S-46 如何控制耐药菌株传播问题.....刘勇 (75)
S-47 分子诊断引领检验亚学科发展.....李艳 (76)
S-48 结直肠癌早期筛查和术后残留的分子检测的研究与临床应用进展.....徐国兵 (77)
S-49 外周血循环肿瘤细胞检测技术.....刘毅 (77)
S-50 液体活检的高灵敏度检测新技术策略.....葛东亮 (78)
S-51 基因测序技术在遗传性肿瘤中的应用.....于世辉 (79)
S-52 Next Generation Clinical and Translational Mass Spectrometry Applications enabling Personalized/Precision Medicine for Cancer and Pain Management/Addiction Pharmacometabolomics. ..... Steven Wong(80)
S-53 Practical Strategies to Establish and Maintain High Quality Clinical Mass Spectrometry Services for Clinical Diagnosis ..... Y. Victoria Zhang(82)
S-54 Quality Control and Results Harmonization of Mass Spectrometry..... Yusheng Zhu(83)
S-55 MALDI-TOF-MS 在临床微生物学的应用与思考.....黄艳飞 (84)
S-56 质谱技术检测 20 种类固醇激素的临床应用.....郭玮 (85)
S-57 新肿瘤标记物 SP70 的研究及临床应用.....潘世扬 (85)
S-58 肿瘤精准诊断技术研究及临床治疗应用.....席建忠 (86)
S-59 三种神经遗传变性病关键基因变异的筛选及初步临床应用.....王培昌 (87)
S-60 儿童罕见病基因标记的筛选及临床应用.....黄昱 (88)
S-61 氧化脂蛋白及 microRNA 在动脉粥样硬化疾病中的临床价值和转化前景.....汪俊军 (89)
S-62 Advancements in Clinical Flow Cytometry.....Guang Fan(90)
S-63 流式血小板功能分析 - 问题与对策.....王建中 (91)
S-64 淋巴细胞亚群参考范围能指导临床诊疗吗？.....崔巍 (91)

S-65 流式细胞术在免疫细胞功能检测中的应用.....张子宁 (92)
S-66 CyTOF 技术的基本原理和肿瘤微环境免疫细胞亚群分析.....沈立松 (93)
S-67 休言年少不封侯，祸福由人不由天.....陈鸣 (93)
S-68 国家自然科学基金撰写的体会.....胡炎伟 (94)
S-69 坚持到底就是胜利：与杂志编辑沟通中的技巧.....秦燕 (95)
S-70 知己知彼百战不殆 - 浅谈论文撰写技巧.....秦雪 (96)
S-71 医学检验人才培养的职业与学科导向思考.....许文荣 (97)
S-72 检验医学教育：机遇与挑战.....徐克前 (98)
S-73 医学检验认证标准.....樊绮诗 (98)
S-74 检验医学技术的交叉融合.....丁春明 (99)
S-75 技术发展将对检验医学教育的冲击与思考.....赵建宏 (100)
S-76 政府主导的第三方区域检验中心的建设探索.....李莉 (100)
S-77 临床基因检测管理方案.....许斌 (101)
S-78 香港第三方检验机构的发展—内地如何借鉴？.....黄利宝 (102)
S-79 新形势下第三方检验的发展趋势.....方荣峰 (103)
S-80 特异性质量指标模型—基因检测质量改进工具.....周睿 (103)

病例讨论

C-01 “化繁为简、一元论之”，反复粘液血便诊治的多学科讨论.....缪应雷 , 张峰睿等 (106)
C-02 凝血试验延长伴全血细胞减少临床对策.....续薇 , 谭业辉等 (108)
C-03 穷根究底，揭儿童持续胸腔积液之谜.....侯红艳 , 孙自镛等 (110)
C-04 病例一：心血管疾病患者抗栓治疗之检验与临床.....许俊堂 , 张真路 (112)
C-05 病例二：静脉血栓栓塞症的风险监测之检验与临床.....易群 , 门剑龙 (113)
C-06 病例三：APS 凝血检验与临床困惑.....李登举 , 乔蕊 (115)

中文口头发言

OR-01 焦磷酸测序技术与荧光定量 PCR 技术在基因检测应用中的对比研究.....李军 (118)
OR-02 Protective Regulatory T Cell Immune Response Induced by Intranasal Immunization with Live Attenuated Pneumococcal Vaccine SPY1 Via TGF-β 1-Smad2/3 Pathway.....Lingling Gan(118)
OR-03 SASH1 在结直肠癌中表达的临床意义及对肠癌细胞 EMT 调控机制的研究.....鞠少卿 (119)
OR-04 RASSF1-A 基因甲基化状态分析在骨髓增生异常综合征进展中的意义.....康慧媛 (120)
OR-05 A novel method for Carbapenem-Resistant Enterobacteriaceae(CRE) rapid identification using Surface-enhanced Raman spectroscopy.....Jia Li, Bing Gu(121)
OR-06 侵袭性抗消化道肿瘤大肠杆菌工程菌株的构建.....高冬芳 , 王鹏等 (121)
OR-07 已发布血清总胆红素、直接胆红素参考区间行业标准与实际情况的比较与分析.....刘佳丽 , 王薇等 (122)
OR-08 不同浓度甘油三酯对血红蛋白测定的影响及三种校正方法的研究探讨.....欧财文 (123)
OR-09 西格玛度量在临床血液学项目分析质量上的应用研究.....刘倩 , 杨伏猛等 (123)
OR-10 侵袭性真菌深部感染早期实验室诊断.....肖晓光 (124)
OR-11 法尼醇介导转录因子 Sfl2 调控 Ywp1 基因影响白色念珠菌生物膜形成的研究.....江岑 , 倪琪等 (124)
OR-12 新型的 ST81 型别与 ST37 型别艰难梭菌生物学特征的比对分析.....王保亚 (125)

OR-13 高毒力肺炎克雷伯菌全基因组序列分析……王丽凤 , 沈定霞 (125)
OR-14 通过移动互联实现检验科与企业间的协同精准管理……凌月明 (126)
OR-15 宏基因二代测序技术对呼吸道病毒的临床意义分析……缪青 , 胡必杰 (127)
OR-16 SXT 诱导性金黄色葡萄球菌小菌落突变株的转录组特征……何春燕 , 刘庆中 (127)
OR-17 Myositis-specific autoantibodies in dermatomyositis/polymyositis with interstitial lung disease ……Liubing Li, Qian Wang, etc(128)
OR-18 系统性红斑狼疮骨髓形态学分析及其临床意义初步探讨……廖红艳 , 袁琴等 (129)
OR-19 Calreticulin Promotes Synovial Inflammation via up-regulation of ICAM-1 Through PI3K/Akt/eNOS Signaling Pathway in Rheumatoid Arthritis……Yixin Liu, Yang Wang, etc (129)
OR-20 调节性 T 细胞与吲哚胺 2，3- 双加氧酶在乙肝感染者外周血中表达的相关性研究……杨峻 , 王前等 (130)
OR-21 脑卒中患者同型半胱氨酸、GFAP、BDNF 和超敏 C 反应蛋白水平与血管性认知障碍相关性研究……潘庭荣 , 袁云华 (131)
OR-22 高脂血症人群 APOEApoE/SLCO1B1 基因多态性与他汀类药物疗效和安全性的相关性研究……陈敏 , 唱凯等 (131)
OR-23 帕金森患者血液 Hcy、Aβ 1-42 表达及与认知功能的相关性分析……于成勇 (132)
OR-24 克罗恩病患者血清胆汁酸代谢谱分布及预测模型诊断效能的评价……张洁 , 徐润灏等 (132)
OR-25 尿液外泌体分离及其 miRNA-141 作为前列腺癌诊断标志物的初步探究……朱迎星 (133)
OR-26 Long non-coding RNA CCAT1 promotes colorectal cancer progression by regulating miR-181a-5p expression……Anquan Shang, Weiwei Wang, etc(134)
OR-27 2014-2017 年女性高危宫颈人乳头瘤状病毒 (hrHPV) 基因型流行性研究……王兴宇 (134)
OR-28 A case-control study identifies six single nucleotide polymorphisms as risk loci for alcoholic liver disease in Chinese Han male population……Funing Yang, Jing Huang(135)
OR-29 风险管理指数评估基于患者风险的质量控制策略……黄亨建 , 蒙立业等 (135)
OR-30 实验室 TAT 的应用探索……张凯歌 , 王刚等 (136)
OR-31 Smart 实验室试剂耗材管理系统的开发与应用……曹源 , 王延群等 (137)
OR-32 智能机器人标本运送系统在临床实验室的应用……夏良裕 , 程歆琦等 (137)
OR-33 医学检验科设立检验咨询门诊重要性的探讨……蔡雪梅 , 郭翀等 (138)
OR-34 Platelets induce epithelial-mesenchymal transition and increase invasion in ovarian cancer cells by TGF-β /Smad pathway……Yi Guo, Wei Cui, etc(138)
OR-35 血小板聚集功能能够预测转移性结直肠癌接受抗血管生成分子靶向治疗疗效……梁立 , 崔越宏等 (139)
OR-36 纤维蛋白原 Aα 链 Arg16His 突变导致 异常纤维蛋白原的功能研究……罗美玲 , 向立群等 (140)
OR-37 深静脉血栓治疗前后凝血四项与 D- 二聚体变化分析……崔燕 , 张李玲 (141)
OR-38 循环 CTLA4+Tfh 细胞和 CTLA4+Tfr 细胞免疫失衡在产科抗磷脂综合征中的作用……郑佳佳 , 崔丽艳 (141)
OR-39 Establishment and validation of a cytokine index to predict recurrence of hepatocellular carcinoma……Bei-Li Wang, Xiaolu Ma, etc(142)
OR-40 BLNK 基因慢病毒载体构建及其稳定表达的人乳腺癌 MDA-MB-231 细胞株的筛选……肖斌 , 庄玉格等 (142)
OR-41 乙型肝炎病毒 YMDD 突变室间调查品制备及其应用……蒋玲丽 , 肖艳群等 (143)
OR-42 mcr 基因阴性的肺炎克雷伯菌对粘菌素耐药的分子机制探究……孙世俊 (144)
OR-43 小儿沙门菌感染临床特点及耐药性分析……陈玲 , 陈小丽等 (144)
OR-44 湖南地区结核分枝杆菌耐药基因分布情况分析……潘建华 , 石国民 (145)

OR-45 Drug resistance evolution and regulation in patients with human immunodeficiency virus-1/acquired immune deficiency syndrome with long-term antiretroviral treatment-failure in Yunnan Province, China ..... Jianjian Li(145)
OR-46 Detection of actionable mutations in plasma cfDNA samples from patients with non-small cell lung cancer using a novel amplicon-based FireflyTM NGS assay ..... Lin Wang, Qiaomei Guo, etc(146)
OR-47 PARK5 联合 CTC 早期精准预测 IIIB 期胃癌患者术后复发转移的研究 ..... 史健 (147)
OR-48 分支 DNA 技术定量检测非霍奇金淋巴瘤患者外周血中游离 DNA 研究 ..... 陆伟 , 鞠少卿 (147)
OR-49 无创产前测序技术检测胎儿染色体非整倍体疾病的临床效果评价 ..... 刘玲 , 赵敬杰等 (148)
OR-50 液相色谱 - 串联质谱检测血浆 17-a 羟基孕酮在先天性肾上腺增生疾病中的应用 ..... 彭颖斐 , 秦嘉倩等 (149)
OR-51 基于液质联用平台的非放射性小分子受体结合分析方法的建立 ..... 吴丹丹 , 彭丽朵等 (149)
OR-52 Using SP70 Targeted Immuno-magnetic Separation in Differential Diagnosis of Benign and Malignant Serous Fluids ..... Lixia Zhang, Shiyang Pan, etc(150)
OR-53 Circulating APP, NCAM and A β serve as biomarkers for Alzheimer's disease ..... Keping Chen, Tianli Gao, etc(150)
OR-54 Methylation of NBPF1 as a novel marker for the detection of plasma cell-free DNA of breast cancer patients ..... Dandan Li, Ling Qiu(151)
OR-55 PGD2/PTGDR2 Signaling is a New Marker of Gastric Cancer Stem Cells ..... Bin Zhang, Qingli Bie, etc(152)
OR-56 多重微球流式荧光免疫技术检测抗核抗体的评价与临床应用 ..... 刘明军 , 尚晓莹等 (153)
OR-57 Relationship between infertility and semen quality: analysis of 4479 men in fertility clinics ..... Juanjuan Chen, Man Zhang(153)

英文口头发言

Y-01 New design of probe and central-homo primer pairs to improve TaqMan PCR accuracy for HBV detection ..... Wencan Jiang(156)
Y-02 An improved in-house MALDI-TOF MS protocol for direct cost-effective identification of pathogens from blood cultures ..... Menglan Zhou, Qiwen Yang, etc(156)
Y-03 Study on the mechanism of protease activated receptor 4 (PAR4) regulate the endothelial cell permeability in sepsis ..... Hao Chen, Yansong Li, etc(157)
Y-04 Identification of three proteins in synovial fluid as promising biomarkers for periprosthetic joint infection (PJI) by Quadrupole-Orbitrap Mass Spectrometry ..... Chi Wang, Rui Li, etc(158)
Y-05 Exosomal lncRNA expression signatures in urine serve as novel noninvasive biomarkers for diagnosis of bladder cancer ..... Yao Zhan, Chuanxin Wang(159)
Y-06 Toward naked-eye point-of-care testing for respiratory pathogens on a portable polymer/paper microchip ..... Hua Wang, JunXiu Qin, etc(159)
Y-07 Combined application of untargeted metabolomics analysis and gene expression profiling find a new glucose metabolism regulator C19orf12 ..... Meng Zhao, Li Ren(161)
Y-08 Screening predictive biomarkers for hypertensive disorders complicating pregnancy and constructing early prediction model for late-onset hypertensive disorders complicating pregnancy ..... Kai Chang, Li Chen, etc(162)
Y-09 Establishment of normal reference values of NT-proBNP and its application in diagnosing acute heart failure in children with severe HFMD ..... Sai Li, Liya Mo(163)

Y-10 Role of the LncRNA-FA2H-2-MLKL pathway in atherosclerosis by regulating autophagy flux and inflammation through mTOR-dependent signaling.....Fengxia Guo(164)
Y-11 Identification of methylation sites and signature genes with prognostic value for luminal breast cancer .....Bin Xiao, Lidan Chen, etc(165)
Y-12 Evaluation of serum exosomal lncRNAs as potential diagnostic and prognostic biomarkers for esophageal squamous cell carcinoma.....Suzhen Yan, Lutao Du, etc(166)
Y-13 A Simple Sample Preparation Method for Direct Microbial Identification and Susceptibility Testing from Positive Blood Cultures ..... Hongwei Pan, Wei Li, etc(166)
Y-14 Smartphone based point-of-care microfluidic platform for multi-types nucleotide mutation detection using isothermal dual signal amplification in clinical samples ..... Huan Xu, Anyue Xia, etc(167)
Y-15 The screening and verification for novel biomarkers of atherosclerosis based on microarray and bioinformatics analysis technology.....Li Ding(168)
Y-16 Circulating MiR-451a as a Potential Biomarker to Predict Prognosis in Patients with Multiple Myeloma .....Ling Zhong, Tao Jiang, etc(169)
Y-17 Comparison of isolation methods of exosomes and exosomal RNA from cell culture medium and serum .....Yueting Tang, Yi-Yao Huang, etc(170)
Y-18 Exploration on plasma miR-33a as a noninvasive diagnostic biomarker of coronary artery disease.....Chunyan Peng(171)
Y-19 G-MDSC derived exosomal miR-93-5p attenuate collagen-induced arthritis by regulating Th17 cells ..... Dongwei Zhu, Shengjun Wang(171)
Y-20 Comparison of Clin-Tof II, Pyrosequencing and Sanger Sequencing for Clopidogrel Efficiency Genotyping in Routine Molecular Diagnostics.....Chen Chen(172)
Y-21 Identification of Novel Serological Biomarkers for Takayasu Arteritis Diagnosis Using Protein Array .....Xiaoting Wen, Yongzhe Li(173)
Y-22 Clinical Application of an Improved Mini Flow Cytometry Score in the Differential Diagnosis and Prognosis of Myelodysplastic Symptoms .....Jinjing Guo, Huiping Wang, etc(173)
Y-23 Direct Detection of Circulating Free DNA extracted from Serum Samples of Breast Cancer Using Locked Nucleic Acid Molecular Beacon ..... Mingchen Zhu, Feng Yan, etc(174)
Y-24 National antimicrobial stewardship and fluoroquinolone-resistant Clostridium difficile in China .....Meng Xiao, Jingwei Cheng, etc(175)

壁报列表.....(177)

大会报告

PL-01

新技术促进内分泌代谢病学科的发展

宁　光
国家代谢病临床研究中心，上海交通大学医学院附属瑞金医院

宁光，教授，中国工程院院士，上海交通大学医学院附属瑞金医院终身教授。现任上海交通大学医学院附属瑞金医院副院长，国家代谢疾病临床研究中心主任，复旦大学中丹监管科学研究中心主任，上海医药发展基金会理事长，中国医师协会内分泌代谢科医师分会会长，中华医学会内分泌学分会前任主任委员，《中华内分泌代谢杂志》总编辑，Journal of Diabetes 主编，是国家杰出青年科学基金获得者、教育部长江学者特聘教授、973 项目首席科学家。

宁光教授长期从事内分泌代谢病临床与科研工作，尤其在内分泌肿瘤与糖尿病诊治及研究领域成果丰硕。在 Science、JAMA、Nat Cell Biol、JACC、Nat Med 等 SCI 杂志发表论文 500 余篇，获国家科技进步二等奖 4 项（2 项排名第一，1 项第二）及上海市科技进步一等奖 3 项（排名第一）。宁光教授获评 2017 年度树兰医学奖，2014 年度中国医师奖、吴阶平医药创新奖、美国内分泌医师协会 International Endocrinologist Award 及以色列糖尿病学会与以色列卫生部共同授予的 Lifetime Award in Diabetes。

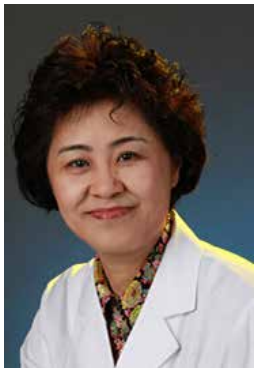
医学的突破性的进展往往来源于相关学科的进步。例如光学的进步 X 射线的发现，促成 X 光成像技术在医学中的应用，至今影像学已成为我们诊断甚或治疗不可或缺的手段。目前，相关领域，包括互联网、物联网、大数据等 IT 技术，深度学习等人工智能，基因组学、蛋白质组学、代谢组学等泛组学 (pan omics)，使得我们有更高效和准确及快速的研究及诊治内分泌代谢疾病的可能性。如何能更好规划和实施相关技术在内分泌代谢疾病诊治中的应用，也成为我们追求的目标。

PL-02

HIV 核酸检测在艾滋病防治领域的应用及研究进展

尚　红

中国医科大学附属第一医院



尚红，教授，博士生导师，现任中国医科大学副校长、附属一院院长、检验科主任、国家卫计委艾滋病免疫学重点实验室主任，兼任国务院学位委员会学科评议组成员、中国医师协会检验医师分会会长、中国性病艾滋病防治协会副会长等职。

系统阐述了我国艾滋病流行新特点及疾病转归关键因素；建立了国人临床常用检验项目参考值并在全国推广应用。

在 Nature、Lancet Infect Dis、Clin Chem 等杂志发表 SCI 论文百余篇，以第一完成人获国家科技进步二等奖 2 项，何梁何利科学与技术进步奖，法国医学科学院－塞维雅奖等多项奖励。

HIV 核酸检测是重要的 HIV 感染辅助诊断手段。HIV 核酸检测分为定性检测及定量检测。定性检测主要用于婴儿感染早期诊断、HIV-1 感染补充试验及急性期和晚期感染者的诊断及耐药性监测。定量检测主要用于治疗效果监测、病程监控及预测，也可用于辅助诊断。2015 年新版的《全国艾滋病检测技术规范》增加 HIV 核酸试验作为诊断 HIV 感染的补充试验。来自综合性医院的临床数据表明，HIV 核酸检测对于常规血清学筛查、确证试验的疑难样本，发挥重要的辅助诊断作用，能有效减少窗口期感染者的漏检。

HIV 耐药性基因型检测可用于传播耐药监测及抗病毒治疗过程中耐药发生情况的检测。常规耐药检测的基因数据还可用艾滋病传播链的监测。除了上述临床常规开展的核酸检测外，HIV 潜伏感染储存库检测主要用于评价抗病毒治疗后储存库缩小情况，可预测停药后病毒反弹的情况，对于探索 HIV 感染治愈策略研究是非常关键的实验室指标。

PL-03

Saving children s lives by newborn screening for metabolic diseases

Michael J. Bennett

Professor of Pathology & Laboratory Medicine, Perelman School of Medicine, University of Pennsylvania

Prof Michael J. Bennett has had over 35 years of experience in the field of biochemical genetics, in particular in the area of methods development for the measurement of metabolomic biomarkers for diseases, primarily using separation technology and mass spectrometry. His research laboratory was the first to identify biomarkers of medium chain acyl-coenzyme A deficiency in the newborn period; thus providing evidence that eventually led to the current screening paradigm using tandem mass spectrometry. His clinical laboratory is responsible for the confirmatory diagnosis of newborns with positive newborn screens that are directed to Children's Hospital of Philadelphia, and also for the laboratory evaluation of patients suspected of having Mendelian disorders of energy metabolism, in particular fatty acid oxidation defects. He has collaborated extensively with many of the leading investigators in the field of metabolism and metabolic diseases. Some of these defects that they have collaborated on are not currently screened for in the whole population but are strong candidates for next generation screening programs. His laboratory has also had 30 years of research experience in the study of the pathophysiology of Juvenile batten disease (CLN3) a severe untreatable neurodegenerative disease. They identified a functional role for the CLN3 protein as a palmitoylated protein desaturase and continue to evaluate this novel role and metabolic pathway. In addition, they have identified targets for potential future therapeutic intervention. He believes strongly in collaboration across scientific disciplines as a route to identifying solutions at a faster rate and in doing so, gladly provide his analytical expertise in biomarker measurement to multiple collaborations involving metabolism both on campus and globally.

Newborn screening for metabolic diseaseswas initially introduced in the 1960 s with a program for the early diagnosis of phenylketonuria, a severe neurodegenerative disorder of phenylalanine metabolism which if diagnosed early can have excellent outcomes. Guidelines for the introduction of additional conditions to newborn screen required that the condition was sufficiently common in the population to merit screening, that it was treatable and that the cost of diagnosis was not prohibitive. Additional conditions added to the screen included congenital hypothyroidism and congenital adrenal hyperplasia. The recognition of medium-chain acyl-CoA dehydrogenase deficiency in the 1980 s coupled to the advent of tandem mass spectrometry as a diagnostic tool allowed for the inclusion of many more conditions into newborn screening programs with as many as 50 disorders now being screened for on a single blood spot using multiple biomarkers. Some of the additional screened disorders do not fit the original criteria for inclusion in newborn screening programs as they are very rare and treatments are not yet fully established. However, recent data is demonstrating improved outcomes for many of these conditions. Presymptomatic diagnosis by newborn screening is also an excellent mechanism for determination of disease frequency in the population and has been used to identify the most common conditions prevailing in specific populations. This presentation will discuss the history, current state and future of newborn screening for metabolic diseases and report on clinical outcomes measures of some conditions identified by the screening process. I will also focus on genetic conditions that are more frequently encountered in the Asian population and results of early treatment intervention for these conditions.

PL-04

血流感染诊断面临的问题与挑战

解立新
中国人民解放军总医院

解立新，解放军总医院呼吸与危重症医学科科主任，博士研究生导师；中华医学会呼吸病分会全国委员兼危重症学组组长；中国急救与灾难医师协会副会长；中国呼吸医师协会危重症专业委员会副主委；中国康复学会肺康复专委会副主委；中国感染病专业委员会常委兼副秘书长；专业方向：呼吸危重症、感染；获得包括国家十三五重大课题、国家自然科学基金等资助，在研科研经费 1000 余万元；发表论文 180 余篇，其中 SCI 累计影响因子 160 余分

血流感染是 ICU 相关感染的首要原因，也是导致危重症患者病情恶化乃至死亡的独立危险因素，其最主要的高危因素是血管内置管继发感染，主要治病病原菌包括金黄色葡萄球菌、念珠菌、表皮葡萄球菌等，近些年来革兰氏阴性杆菌有明显增多趋势，包括大肠埃希菌、肺炎克雷白杆菌，非发酵菌如鲍曼不动杆菌等。目前临床存在的问题是血培养阳性比例明显偏低，存在着大量的漏诊现象，血培养阳性率甚至不到 10%，明显低于国外 30% 左右的水平。这其中的原因诸多，包括临床大夫不能按照指南要求及时留取双份标本，不能及时送检，也与附诊检验科室和临床沟通和交流不够，最关键的问题是目前相关病原学诊断还主要停留在培养技术这个层面，有关核酸二代测序技术、质谱技术等虽然已逐渐应用于临床，但是都存在时效性不够，不能在第一时间对临床提出快速建议。有关病原学特征性生物标记物目前依然是水中月、镜中花。期待能够有新的突破，为临床及时救治患者服务。

PL-05

荧光与光敏染料的化学：从分子识别到肿瘤诊疗

彭孝军
大连理工大学

彭孝军，大连理工大学教授、国家杰出青年基金获得者，教育部“长江学者”特聘教授、中国科学院院士。精细化工国家重点实验室主任、国务院学科评议组成员。大连理工大学学士、硕士、博士学位，南开大学博士后，瑞典斯德哥尔摩大学和美国西北大学访问学者。主要从事精细化工研究，包括高性能染料、荧光探针、光学材料，在数码彩色打印、血液细胞分析系统等领域获得产业化应用，分别获得 2006 年国家技术发明二等奖和 2013 年国家自然科学二等奖。2015 起连续入选 Thomson Reuters 全球“高被引科学家”。2017 年当选中国科学院院士。

通过分子设计，调控染料激发态的释能过程，提升分子识别、肿瘤早期诊断、手术引导与光动治疗等应用功能。

荧光具有快速响应和灵敏的特点，但要在细胞和体内建立获取定量信息，必须克服生物分子自发荧光等不利因素，因此，近红外比率荧光探针设计分子平台极为重要。通过在染料分子上引入识别基团，可以创制出众多荧光染料分子探针系列，对不同客体和环境具有荧光响应。例如，研制出癌细胞高表达特征酶的荧光成像，可实现癌组织、炎症组织和普通组织的区分，为肿瘤精准诊疗提供依据。

肿瘤的光动治疗（PDT），已获得美国 FDA 正式批准，用于食管癌、肺癌、膀胱癌、宫颈癌、皮肤癌等肿瘤的治疗，与影像学技术的密切结合，临床应用的范围扩大到肝癌、胰腺癌、胆管癌、间皮瘤以及胸腹腔广泛种植瘤等肿瘤的治疗。PDT 治疗的核心是染料光敏剂，其靶标选择性、光敏性与暗毒性、特别是设计具有三线态长激发态寿命和高活性氧产率的光敏染料，成为提高治疗效率的关键。

PL-06

组学技术与脂肪肝研究

管又飞
大连医科大学

管又飞，教授，博士生导师，肾脏、代谢和心血管疾病研究专家。教育部长江学者特聘教授（2005）、国家杰出青年基金获得者(2007)、科技部973“脂肪肝及高脂血症防治”重大基础研究计划首席科学家（2012）、人事部百千万人才工程“有突出贡献中青年专家”(2013)、深圳市国家级领军人才（2013）、大连市国家级领军人才（2015），国务院特殊津贴获得者（2015）、药明康德生命化学奖获得者（2017）、辽宁省高等学校攀登学者（2017）。任教育部基础医学教指委秘书长、中国生理学会副理事长、中国营养学会基础营养分会副主任委员、辽宁省医学会副理事长；国家自然科学基金委生命科学部战略咨询组专家，国家科技奖、中华医学奖、国家级人才项目评审专家。现任大连医科大学副校长，医学科学研究院院长。曾任北京大学基础医学院副院长、生理与病理生理学系主任、深圳大学医学部主任和医学院院长。长期从事前列腺素系统和代谢性核受体家族在重大肾脏、代谢和心血管疾病发病及治疗中的作用，在Nat Med、J Clin Invest、Diabetes、Hepatology、PNAS等国际知名杂志上发表150余篇原著文章，连续4年入选“中国高被引学者榜单”(医学领域)。研究受到美国NIH-NIDDK RO1和PPG、国家自然科学基金委重大研究计划、重大项目、重点基金和科技部973项目等的资助，担任或曾担任《Kidney Int》、《Journal of Diabetes》和《PPAR research》等杂志副主编或编委，百余次被国际和国内重要学术组织以及国内外知名大学邀请做学术报告。此外，管又飞教授为我国知名医学教育专家，曾在北京大学领导并实施了在我国医学教育界有深远影响的基础医学教育教学改革，曾获得宝钢教育基金会全国优秀教师特等奖、国家级教学成果二等奖和北京市教学成果一等奖，长期担任普通高校国家规划教材《医学生理学》主编。

脂肪肝是一组肝细胞中性脂质蓄积的肝脏疾病，在我国患病率高达20%，是肝脏纤维化、肝硬化和肝癌的重要病因，严重威胁人民健康。据其病因脂肪肝可分为酒精性、非酒精性、药物性和妊娠相关性脂肪肝等。其中，非酒精性脂肪肝（NAFLD)影响广泛，机制不清，临床缺乏有效治疗手段。近年来，由于高通量组学技术及生物信息学方法的发展，基于基因组学、蛋白组学和代谢组学的研究有力推动了NAFLD防治的进展。通过比较正常肝脏和NAFLD患者或动物肝脏的基因、蛋白和代谢物谱，人们发现了一批可能参与NALFD发生和发展的致病基因，为NAFLD机制的阐明提供了新的证据，也为其临床干预提供了新的靶点。

PL-07

从分子诊断到基因诊断

张　学
中国医学科学院 / 中国协和医科大学

张学，教授现任中国医学科学院副院长，北京协和医学院副校长，中国医学科学院基础医学研究所－北京协和医学院基础学院医学遗传学系主任，北京协和医院临床遗传学实验室主任。

主要从事单基因病和基因组病的分子遗传学研究，发现多种单基因病的致病基因和基因组病的致病 DNA 重排，在 Science 和 Nature Genetics 等杂志发表系列高水平论文。2001 年获国家杰出青年科学基金，2007 年入选教育部长江学者特聘教授，2014 年以第一完成人获国家自然科学二等奖，2017 年获全国创新争先奖和何梁何利奖。现任中华医学会医学遗传学分会前任主任委员和国家卫生计生委罕见病诊疗与保障专家委员会主任委员。

PL-08

STAT Tandem Mass Spectrometry: Coming Soon to Clinical Practice

Dennis J. Dietzen

Washington University School of Medicine and St. Louis Children's Hospital

Dennis J. Dietzen, PhD, is currently a Professor of Pathology & Immunology, and Pediatrics at Washington University School of Medicine and Medical Director of Laboratory Services at the St. Louis Children's Hospital in St. Louis, Missouri, USA. He received a B.S. (Summa Cum Laude) in Chemistry from Marian College in Indianapolis, Indiana, USA, and his Ph.D. in the field of Biochemistry and Molecular Biology from Indiana University School of Medicine in the USA. He completed his fellowship in Clinical Chemistry at Washington University School of Medicine in 1995. Dr. Dietzen is a member of the Society for Pediatric Research, the Society for Inborn Metabolic Disorders, the Academy of Clinical Laboratory Physicians and Scientists and received the AACC Award for Outstanding Contributions to Pediatric Clinical Chemistry in 2012. Dr. Dietzen serves on the Editorial Board for Clinical Biochemistry and Critical Review in Clinical Laboratory Science and serves as an Associate Editor for the Journal of Applied Laboratory Medicine. Dr. Dietzen s early research interests focused on studies of membrane lipids and coagulation. More recently he has concentrated on mass spectrometry applications in pediatrics including drug screening, rapid detection of inborn errors of metabolism, liver failure, pre-eclampsia, and neonatal hypoglycemia. He has authored or co-authored more than 100 peer-reviewed publications, monographs, editorials, and book chapters on these and other subjects.

Drug-screening immunoassays suffer from a limited menu, lack of analytic specificity, and cutoff concentrations that are often too high for clinical use. These limitations are particularly consequential in neonatal and pediatric toxicology testing where drug detection has serious medico-legal repercussions. As a replacement for immunoassay screening, our laboratory developed and implemented a LC tandem MS (LC-MS/MS) approach to pediatric drug testing capable of detecting 50 illicit and prescription compounds at concentrations limited primarily by the signal to noise profile of the analytic system. Molecular specificity was ensured by matching retention time and fragment ion ratios empirically determined with highly pure drug or metabolite standards. During the first year after implementation of MS testing, drug detection rates increased by 60% over the prior year. False-positive rates were near zero using MS in contrast to rates of 14% and 60% using immunoassay in general pediatric and nursery populations, respectively. Turnaround times for MS-positive specimens ranged from 60-90 minutes while those for immunoassay-positive specimens ranged from 2-4 days when confirmatory analytic time was included. The use of LC-MS/MS as a primary drug screening tool eliminates the need for costly and time-consuming confirmatory testing and provides a dynamic platform capable of adapting to local patterns of drug supply and abuse. Provision of rapid, conclusive drug identification enables immediate and appropriate targeted care of pediatric patients exposed to both illicit and prescription compounds.

PL-09

如何从常规检验数据中提炼出 SCI 论文

Qinghe Meng

The University of Texas MD Anderson Cancer Center

孟庆贺，教授现任美国德克萨斯大学 MD 安德森癌症中心教授和临床化学实验室主任。主要从事肿瘤诊断和肿瘤生物化学和分子生物学标志物的研究。孟教授任多个杂志的编委和审稿专家。曾任加拿大临床生化学会的主席和北美华人临床化学协会主席，现任美国临床化学协会 AACC 营养学会主席、AACC 肿瘤标志物和诊断学委员候任主席、世界华人检验与病理医师协会副会长、以及国际临床化学联合会（IFCC）质量管理委员会委员。已发表 SCI 论文 120 多篇，H-index 指数 26，参与起草多部 CLSI 临床实验室标准指南，并获得几十个科研基金和十几种重要奖项。

科研和发表 SCI 论文是检验人员职业和学术的重要部分，检验人员如何在繁忙的工作中，利用自身的优势搞好科研，特别是如何利用临床实验室资源和数据，通过总结分析，发表有价值的文章呢？本讲座将介绍科研的类型及其特点，临床实验室科研论文的类型及其特点。针对检验人员，

如何利用检验科各种资源，大量数据样本，设备优势特别是中心实验室，开展独立或协作性研究活动，进行科学研究。讲者将结合自己的工作和学术经历，并以已发表的各种类型的文章为例，谈谈如何通过解决从日常检验工作中遇到的问题并有效利用检验科资源，通过调查研究，总结分析，写出检验 SCI 科研论文，既是对工作中经验的总结，促进创新发展，同时又能和同行分享，改进提高服务质量。

专题发言

S-01

基于微流控技术的高通量病原微生物检测平台研究

隋国栋
复旦大学生物医学研究院

隋国栋，复旦大学环境科学与工程系 / 复旦大学生物医学研究院 PI，教授博导。1994 年上海交通大学双学士学位，1997 年复旦大学硕士学位，2002 年 University of Miami 博士学位。2004 加州大学洛杉矶分校（UCLA）医学院 SOMI fellow。2006–2012 年美国 FAU 助理教授，目前复旦大学任职。入选教育部新世纪优秀人才，上海市“东方学者”特聘教授。从事生物分析工作，整合微流控芯片技术、前沿生物分析技术、光电技术于分析领域，开发了多种以芯片为核心的蛋白核酸检测技术和系列仪器系统，相关领域发表 SCI 论文 64 篇，授权专利多项。

我国幅员广阔，人口众多，各种突发传染病，包括呼吸道，消化道传染病和热带病持续在我们国家发生。针对各种体液样本的高通量病原快速检验是这类疾病诊断、治疗和疾病控制防疫的重要手段。本课题通过微流控芯片搭载恒温扩增技术，整合光电技术，针对各种突发传染病，构建了系列用于传染病临床样本的高通量快速分析的试剂芯片和配套平台仪器。（1）试剂方面，针对细菌 / 病毒样本，建立了完整的破壁和扩增试剂体系，包括反转录酶，扩增酶，缓冲液和荧光染料的试剂体系均自己调配，实现一锅煮的反应，无需中间处理，全部国产化。（2）芯片和配套仪器方面。在多种芯片设计方案的基础上，开发了板式和盘式两种高通量微流控芯片，均可进行 8 通量以上的临床样本检测。（3）临床样本的测试仪器系统方面，已经成功研发了针对呼吸道细菌、病毒；消化道细菌；热带病病原的高通量检测试剂、微流控芯片和配套仪器。目前可以对 40 种左右的病原微生物进行快速检测。此外，我们开发了能够对空气中的病原微生物进行并行高通量分析检测的仪器系统，开发了便携式全自动的分析仪器，可以对每立方米少于 100 个细菌的情况下进行有效富集，检测极限在 10 细菌数。

S-02

生物芯片及生化试剂与微流体器件的集成

石西增
东莞市博识生物科技公司

石西增，于 1994 年获得美国卡耐基梅隆大学 (Carnegie Mellon University) 电子与计算机工程博士学位，其后在美国“硅谷”工作 20 年，拥有 70 几项国际专利、20 几项国内专利，发表过几十篇学术论文。2003 年在美国硅谷创建 Applied Spintronics 公司，开发基于磁敏传感器的大规模集成电路生物芯片。2012 年创办博识生物科技，开发基

于微阵列生物芯片和微流体器件的先进免疫检测平台。所开发的微流控磁敏检测系统是免疫检测行业 20 几年来产品化的第一款全新的 POCT 检测平台。石西增是东莞市创业领军人才和特色人才，是广东省珠江计划引进人才。

理论上，我们可以把传统上需要一个实验室来完成的工作集成在一个芯片实验室 (Lab-on-chip) 上来完成，但是从理论到实践的转化过程确存在着极大的挑战。基于微流体器件的芯片实验室集成了生物化学、表面化学、微流体力学、精细加工、电子、自动控制等多个交叉领域的尖端科学，实施过程非常困难。石西增将从理论上阐述微流体体系的工作原理及存在的问题，从工程及产品角度论述芯片实验室的实施方案。

S-03

基于 CD 微流控芯片检测骨髓增殖性肿瘤标志物 CALR 多重突变研究

关明，曹国君
复旦大学附属华山医院

关明，博士生导师、教授、研究员、复旦大学上海医学院临床检验诊断学博士，美国NIH 博士后。复旦大学附属华山医院中心实验室主任、华山医院检验医学科副主任、现任中华医学会检验医学分会秘书长、上海医学会检验医学分会侯任主任委员、中国医师协会检验医学分会委员等。担任 Clinica Chimica Acta 编辑，Clinical Biochemistry 编委、《中华检验医学杂志》副总编辑、《检验医学与临床》副总编辑等。

经典的骨髓增殖性肿瘤（myeloproliferative neoplasm，MPN），主要包括真性红细胞增多症（polycythemia vera, PV）、原发性血小板增多症（essential thrombocythemia, ET）和原发性骨髓纤维化（primary myelofibrosis, PMF）。随着医学的不断发展多个分子标志物如 JAK2、MPL 和 CALR 等突变相继被发现，其诊断和预后价值已被医学界高度重视，世界卫生组织（WHO）“关于 Ph 染色体阴性 MPN 疾病的诊断标准指南（2016 修订版）”将 JAK2、MPL 和 CALR 的基因突变谱的检测纳入 MPN 的最主要诊断标准。

本研究将快速、高灵敏度的环介导等温扩增 (Loop-mediated isothermal amplification，LAMP) 技术与可以集约、高通量的微流控技术进行有机整合，实现了 CALR 基因的多指标、同步快速检测；同时，在 LAMP 体系内引入肽核酸 (PNA) 和锁核酸（LNA），使得传统 LAMP 检测的检测效果加稳定，具体表现为检测结果的灵敏度、特异性和重复性等检测指标得到大幅改良。此外，由于在 LAMP 检测体系内加入了目视化染料，检测结果可以通过肉眼进行直观的判断（反应体系颜色的变化），无需复杂的辅助设备。这使分子检测项目对传统的实验室条件和硬件条件的依赖程度大大降低，为将来分子检测项目床旁检测（POCT）的实现和常规应用于条件简陋的偏远落后地区创造了良好的条件。

S-04

基于微流控技术的液体活检新方法

杨朝勇
上海交通大学医学院分子医学研究院

杨朝勇，国家杰出青年科学基金获得者、上海交通大学医学院分子医学研究院研究员、厦门大学化学生物学系教授、英国皇家化学会 Fellow、中国化学会化学生物学专业委员会副主任、ACS Applied Bio Materials 副主编。主持科技部 973 课题、国家自然科学基金委重点项目等。先后获得中国青年分析化学家奖、中国化学会－英国皇家化学会青年化学等。主要研究领域为生物分析化学和化学生物学，在微流控芯片、信号放大、单细胞分析等方向发表 SCI 论文 150 余篇。

循环肿瘤细胞（CTC）的检测在肿瘤分期诊断、动态监测、疗效评估、药物开发和预后监测等方面具有重大意义，是一种可望用于替代肿瘤组织活检的液体活检新技术。然而，目前依赖于单一上皮源性抗体的 CTC 免疫富集及计数检测方法无法对不同分型的 CTC 进行全面捕获、难于无损释放 CTC、无法提供深度的分子病理信息。基于微流控技术，我们发展了高效核酸适体筛选方法，获得多条可识别不同 CTC 的高亲和力、高特异性核酸适体序列；利用流体调控与表界面调控技术，我们构筑了基于细胞尺寸与生物识别特性协同捕获的微流控微柱阵列芯片，实现了 CTC 的高效捕获与无损释放；借助微流体器件的精准操控优势，我们开发了一系列高通量单细胞分析方法，用于揭示 CTC 的分子病理信息。所发展的肿瘤细胞的识别探针、捕获芯片与高通量单细胞分析方法在癌症的精准诊断、用药指导、疗效评估方面具有重要的应用前景。

S-05

免荧光无标记超敏核酸检测技术在临床病原微生物的鉴定研究

应斌武
四川大学华西医院

应斌武，工商管理硕士，医学博士，博士后，教授，博士研究生导师。四川大学华西医院实验医学科主任 / 四川大学华西临床医学院医学检验系主任。中国医师协会第四届检验医师分会常委委员，中华医学会检验专委会第九届青年委员会委员，中华医学会检验专委会临床实验室管理学组委员，世界华人检验与病理医师协会委员，四川省医师协会检验医师分会委员兼秘书长，四川省医学会临床检验专委会常务委员。获得四川大学优秀青年学者基金，四川大学五粮春优秀青年教师奖。担任《检验医学与临床》杂志副主编，承担国家自然基金（面上和重点）等多项课题。已发表论文 180 余篇，其中 SCI 收录第一作者 / 通讯作者 65 篇，累计影响因子达 190 分。获国家发明专利 6 项。作

为第一完成人获四川省医学会医学科技（青年奖）一等奖 1 项。参编人卫社教材《临床分子生物学检验》等。

鼠伤寒沙门氏菌目前已发展成为世界范围内最常见的人畜共患病原和食物源疾病之一。菌株检测在公共卫生、医疗诊断中具有重要意义。鼠伤寒沙门氏菌传统微生物培养方法耗时、费力。荧光传感器、光纤生物传感器、电化学传感器、微流控生物传感器等已经发展成为鼠伤寒沙门氏菌的快速检测方法，但是使用修饰的或荧光染料标记的 DNA 作为检测探针不仅昂贵，而且不能直接检测鼠伤寒沙门氏菌，也不能区分活菌和死菌，限制了它们的应用。开发基于恒温链置换反应的免标记荧光传感器对活鼠伤寒沙门氏菌的快速检测具有重要意义。化学合成鼠伤寒沙门氏菌适配体及与之部分互补的传导序列（TS）、模板 1、模板 2。在活鼠伤寒沙门氏菌存在时，活鼠伤寒沙门氏菌特异性地结合适配体，释放出 TS，继而结合模板 1、2，加入内切酶 Nb.Bpu10I、Bsm DNA 聚合酶促发级联链置换反应，生成大量银纳米簇模板。Ag+ 在还原剂 NaBH4 作用下在银纳米簇模板上还原形成银纳米簇，产生显著增强的荧光信号。研究对荧光传感器的灵敏度、特异性进行了验证。结果表明，首次成功构建 3 步链置换反应，实现了目标序列的级联循环放大，并能产生纳米荧光物质，实现了从生物信号到化学荧光信号的转换；灵敏度：活鼠伤寒沙门氏菌检出限达 50 CFU/mL，检测范围为 102–107 CFU/mL，较传统的抗体检测法灵敏度有显著提高；特异性：对活鼠伤寒沙门氏菌检测为阳性，对热失活的鼠伤寒沙门氏菌，肠炎沙门氏菌、鸡白痢沙门氏菌、大肠杆菌、金黄色葡萄球菌检测为阴性；检测时间为 2 h。本文构建了一种新型免标记、免修饰、免 DNA 提取的超灵敏荧光传感器，成功应用于活鼠伤寒沙门氏菌检测，并能够区分死活鼠伤寒沙门氏菌，实现了对活致病菌灵敏、简单、快速、准确、经济的直接检测。

S-06

中美的差异和目前的思考

王华梁

上海市临床检验中心

王华梁，医学博士、二级教授、博士生导师，国务院政府特殊津贴专家，上海市临床检验中心主任，《检验医学》主编。

现任全国卫管协会实验医学专业委员会主任委员、中国医院协会临床检验管理专业委员会副主任委员、中国检验医师分会分子诊断专家委员会主任委员等。获上海市科技进步一等奖、军队医疗成果奖多项。

现阶段我国应用于临床的分子诊断项目不到百项，与国外分子诊断项目动辄数千项相比有很大差距。在临床实践中，医学的迅速发展与商品化产品的滞后甚至缺乏这一矛盾，往往会导致临床上有需求，而市场上无产品供应的尴尬局面。医务人员有技术和方法解决临床遇到的实际问题，但碍于政策规定而无法开展，这种管理方式不仅使许多本可以被明确诊断及时治疗的患者得不到应有的救助，也严重阻碍了医学的创新发展。此外，还有一种现象，因市场需求总量不多（如罕见病、地方病的诊断产品），厂商投入产出比

偏低而没有开发热情，尽管技术非常成熟，但市场上却没有产品供应，造成患者不能得到及时的诊断和治疗，而 LDT 项目的开展可以逐步解决此类问题。转化医学和个体化医学成为现代医学发展的新动力，实验室新技术的涌现，以及将这些新技术新科技与临床疾病的诊断相结合，让患者可以得到个性化的、可预测的、可预防的以及可参与的一体化医疗服务。临床实验室自建项目（LDT）以分子和蛋白组学技术为基础，为“从实验室到病床旁的快速转化”提供可能，越来越多的临床决策将倚重 LDT 的检测结果，其影响范围越来越广。

S-07

利用自建方法检测神经系统肿瘤相关基因

张　弢
复旦大学附属华山医院

张弢，现任复旦大学附属华山医院质控办副主任，负责全院 POCT 质量管理工作。华山医院检验科医疗副主任，具有检验医师和临床医师双重资质。负责检验科医疗质量管理制度的制定及具体实施，带领科室近年持续通过 CAP 和 CNAS ISO15189 认可，使华山检验科的质量管理水平处于国内领先地位。作为美国病理家协会（CAP）检察官，负责督查 CAP 认证的实验室。上海市规培基地督导专家。

神经系统恶性肿瘤病人由于恶性程度高、加上手术方法的缺陷，容易发生脑脊液转移以及软脑膜转移，因此术后极易复发。而常规病理学检测脑脊液中脱落细胞的方法，由于脑脊液中肿瘤细胞数量不足，很难发现脱落的肿瘤细胞。而我们使用高通量测序技术的方法检测循环肿瘤 DNA，灵敏度高，可以检测出痕量的突变。本项目组基于高通量测序平台，开发针对脑脊液中 ctDNA 液体活检方法，针对胶质瘤分子分型标记，自行设计并开发了脑脊液中胶质瘤基因panel，从而达到了脑脊液液体活检，无创检测胶质瘤的目的。

S-08

台湾临床实验室自行研发试验之开发流程与质量能力要求

张璧月
台湾林口长庚医院

张璧月，台湾林口长庚医院检验医学科医检副主任
台湾林口长庚纪念医院检验医学科 / 医检副主任，
长庚大学医技系 / 部定助理教授
社团法人全国医检师联合公会国际事务组副召集人
桃园市医检师公会常务理事

检验医学科分子诊断组组长，检验医学科检验试剂组组长，血清免疫组教学医检师

临床实验室自行研发检验 (Laboratory developed test, LDT) 以做为临床诊断参考的需求日益增加，且多为精准医学类之分子诊断检验项目，除了检验步骤本身具高复杂性，高通量平台如次世代定序仪 (NGS) 所产出之大数据分析，亦非传统检验背景训练出来的医检师 / 病理医师所能全盘掌握。为了保护病人的权益，美国 FDA 已经于 2014 年公布 LDT 技术监管架构草案，认为 LDT 是需要进一步运用 CLIA(Clinical Laboratory Improvement Amendments) 的验证要求来做产品的监督。目前台湾有能力执行 LDT 者皆为大型之医学中心，这些临床实验室主要依循 CLIA 或 ISO15189 之质量管理系统要求，开发之流程通常为临床医学研究成果之转译，检验条件经过参考物质 (如已知突变点之细胞株或商用标准品) 优化调整后，执行分析确校，确认方法之敏感度、特异性、准确性及精密度，再进行临床有效性分析。自费 LDT 提供临床服务之前还需经地方卫生局核准自费金额之适当性，以避免有医疗行为用作商业图利之嫌，提供上线服务之后还需监控内外部品管之表现，目前国际认证机构如 CAP (College of American Pathologist) 在分子病理稽核条文中，针对 NGS 有 Dry lab (生物信息分析) 及 Wet Lab (检验步骤) 共 18 条条文作规范，亦有能力试验件 (Proficiency test survey) 可供实验室对检验前、中、后及人员素质作把关。

S-09

香港特区 LDT 的做法

彭永恒

香港医务化验学会

彭永恒，毕业于台湾国立大学医学技术学系，获医学技术学士学位。其后获香港理工大学医务化验科学硕士学位。大学毕业后，先后在玛丽医院、威尔斯亲王医院、私营医院、脐带干细胞血库、独立医疗机构化验所等从事医务化验工作，现任卓健医疗集团 中央化验室总监。

现出任全国卫生产业企业管理协会实验医学（转化）专家委员会副主任委员、国际检验医学杂志特邀编委、实验医学前沿（英文刊）编辑委员、世界华人检验与病理医师协会委员、亚洲检验医学科学会董事兼审计总监。现为香港临床生化学会会员、英国生物学会会员、和英国医事生化科学学会院士。

在香港医务化验师管理委员会中，现任医务化验师考试考官 – 临床生化学和曾经担任以下公职：香港医务化验学会会长、医务化验师考试题目制定 – 临床生化学 组长委员、持续专业发展评审及管理小组 委员和考试组及考试大纲小组委员。

LDTs 为医学化验所自行开发、制造，并且仅限在该化验所使用的试验。过去，LDTs 通常是检验需求量小、非商业用途并且在医院的化验所内使用的产品，然而随着基因研究与分子技术的持续进步，特别是人类基

因体计划的完成，使得 LDTs 成为一个快速成长的服务领域，许多化验所包括医院及商业化验所，因此进入或正在进入这个潜在有利可图的市场。

正是因为越来越多化验所自行开发，所以为了保障病人的权益，避免造成检验结果的不准确性，基本的评估报告项目包括准确度、精度、线性、参考值验证等，所有项目结果都达到目标，才可应用在临床上。

S-10

HPV 检测在多领域的应用价值

苏建荣
北京友谊医院

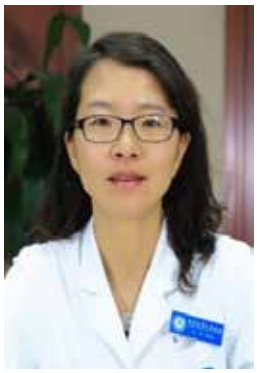
苏建荣，医学博士、主任医师、教授、博士研究生导师。首都医科大学附属北京友谊医院临床检验中心主任，首都医科大学临床检验学系副主任。任职于北京检验学会副主任委员等 30 余个学术组织。主要研究方向是微生物感染的病原诊断与抗菌药物合理使用。先后获得国家“十一·五”科技支撑计划分课题、国家自然科学基金等研究项目资助。主编、副主编和参编著作 10 余部，获得国家发明专利 3 项，制定国家行业标准 4 项。为国家卫计委临床重点检验专科学科带头人。

子宫颈癌是全球第二大妇科恶性肿瘤，是女性生殖系统最常见的恶性肿瘤。人乳头瘤病毒（papillomavirus，HPV）感染与宫颈癌有直接关系。HPV 感染是一种极为常见的病毒感染，高达 75% 的女性在其一生中可能感染 HPV，但这种感染通常是“一过性”，多数可以清除，并不会发展为癌前病变。高危型 HPV 持续性感染是子宫颈癌前病变和子宫颈癌发生的元凶。美国癌症学会（ACS）、美国阴道镜检查与子宫颈病理学会（ASCCP）和美国临床病理学会（ASCP）推荐高危型 HPV 检测联合细胞学检查作为子宫颈癌筛查有效手段。HPV 检测的目的是发现宫颈癌风险的人群，而不是检测 HPV 感染。HPV16、18 型基因分型以及其他生物学标志物有助于更好地对子宫颈癌高风险人群进行风险分层管理。阴道镜结合宫颈癌筛查和治疗癌前病变，在降低宫颈癌的发病率和死亡率方面发挥了关键作用。宫颈癌疫苗（HPV 疫苗）是人类第一个预防恶性肿瘤的疫苗。国家食品药品监督管理总局（CFDA）分别于 2016 年、2017 年、2018 年批准了二价、四价、九价 HPV 疫苗。

S-11

少见真菌感染的发现和诊断

王　辉
北京大学人民医院



王辉，医学博士，教授，博士生导师、检验科主任
北京大学医学部检验学系主任
国家杰出青年基金获得者
中华医学会微生物学和免疫学分会常务委员兼临床微生物学学组
美国 CLSI 药敏分会折点制定工作者委员
中国医促会临床微生物与感染分会主任委员
围绕感染病的病原诊断和细菌耐药机制

真菌感染日益威胁着公共卫生健康，主要病原体包括念珠菌属、隐球菌属和曲霉菌属等。对于免疫缺陷和 ICU 的患者，少见真菌已成为重要病原体，主要包括其他真菌、酵母菌、霉菌等，可造成严重和威胁生命的侵袭性感染，死亡率较高。此外，念珠菌的一个新种属（C. auris）已出现，可能对住院患者产生新的潜在威胁。由于早期诊断对罕见真菌感染的治疗至关重要，临床医生应予以高度重视。少见真菌感染的发现和诊断极具挑战。传统的诊断方法（如镜检、培养和组织病理学）目前仍是鉴定的基础手段，而用于发现和鉴定感染的更加快速和精准的分子技术（如基于 PCR 的方法、MALDI-TOF MS 等）正在开发中，并有望应用于早期靶向治疗。此外，宏基因组学分析和测序技术也是识别和鉴定培养困难罕见真菌的有力手段。

S-12

微生物新技术用于真菌感染诊断案例分享

顾兵
州医科大学附属医院

顾兵，医学博士，副研究员，硕士研究生导师，徐州医科大学医学技术学院副院长，徐州医科大学附属医院检验科副主任，江苏省“科教强卫”医学重点人才，江苏省医学会检验分会青委会副主任委员，主持国家自然科学基金 3 项、省级课题 6 项，以第一或通讯作者发表 SCI 论文 40 篇，编写专著 31 部，获专利 4 项。

通过两个真实的临床真菌感染病例的重现，如“侦探破案”展现如何通过临床的“蛛丝马迹”、实验室检查及其他检查结果寻找感染病原菌的方向，如何将临床微生物

检验新技术（如质谱检测技术、高通量测序技术）用于病原菌的快速鉴定，以及如何帮助临床医生对感染性疾病进行鉴别诊断？直至找到“真凶”（病原菌），成功进行抗感染治疗。通过临床案例的分享，展现临床微生物实验室人员与临床医生的沟通，共同努力，携手真菌感染的诊疗。通过挖掘这两个真菌感染案例背后的“临床亮点”，并结合文献查阅与学习，探讨如何在临床工作中寻找 SCI 论文的写作点，达到临床工作与科研工作的完美融合。

S-13

全国室间质评中特殊病原体鉴定结果分析

胡继红
卫生部北京医院卫生部临床检验中心

胡继红，主任技师 ，卫生部临床检验中心微生物室主任。

主持完成 3 项临床检验行业标准；参加“八五”、“863”等国家重大课题 7 项，获局级科研成果 2 项。

现学术任职：中国微生物学会临床微生物学专业委员会副主任委员、中国医药生物技术协会理事、中国医药生物技术协会实验室生物安全专业委员会常委委员、卫生部生物安全专家委员会委员、中国装备学会检验医学

每年的全国临床微生物室间质评活动方案，设计不同标本来源、不同致病菌引起的感染，除了常见的感染致病菌外，还有部分苛养菌（对培养基的营养要求比较高，常需要 5–10%CO2 环境），如引起血流感染的 HACEK 菌群，根据菌落特征和基本的生理生化试验可以区分；而引起化脓性脓肿的奴卡菌，非结核分枝杆菌培养不难，但培养时间比快生长细菌要长。如果想鉴定到种水平，需要借助 MOLDI–TOF 时间飞行质谱仪。当然，不是说质谱仪可以解决所有的鉴定问题，象大肠艾希菌和志贺菌属、肺炎链球菌和草绿色链球菌等，质谱仪的区分就有困难，但常规的筛查试验就可以鉴别。

因此，微生物实验室应具备多种染色及鉴定手段，对于仪器鉴定结果，还需有丰富经验的实验人员最终确认。了解每种鉴定手段的优势和局限性，提高鉴别病原菌的能力。此外，还要与临床症状相符，报告符合临床的病原菌鉴定结果。

S-14

特殊病原体检测技术及应用

马筱玲
中国科技大学附属第一医院

马筱玲，医学博士，主任医师，二级教授，博士研究生导师。
中国科技大学附属第一医院感染病院副院长兼临床微生物学检验专科主任
中华医学会检验分会委员
中国医师协会检验分会常务理事
安徽省检验分会主任委员
安徽省微生物与免疫学分会副主任委员
先后主持国家自然基金面上项目等课题 8 项，作为第一完成人获省科技进步二等奖 2 项，三等奖 2 项，发表论文 140 余篇，其中 SCI 论文 20 余篇，主编著作 2 部，副主编著作 3 部，参编著作 3 部。

病原学诊断是指导临床感染性疾病正确治疗和有效防控的关键环节。但由于病原体种类繁多，且近年来结核、真菌、病毒、非典型病原体感染显著增多，传统的细菌培养和显微镜检测技术难以满足临床需求。国家卫生与健康委员会在文“关于持续做好抗菌药物临床应用管理有关工作的通知”（9 号文）中明确要求“临床微生物实验室应联合使用传统微生物学、分子生物学和免疫学检验方法，提高临床微生物检验能力”。本讲座将结合临床案例介绍二代测序等分子生物学检测技术在特殊病原体感染诊断中的应用。

S-15

大数据云 LIS 与检验医学专科联盟建设

彭永正
南方医科大学珠江医院

彭永正，南方医科大学珠江医院检验医学部副主任，博士，硕士研究生导师，主要研究方向为病原微生物与宿主的相互作用，候选益生菌—嗜黏蛋白阿克曼氏菌的功能研究及产品研发。从事临床检验诊断学工作 34 年，美国伊利诺伊大学香槟分校病原生物学系访问学者。近 5 年来发表 SCI 论文 5 篇，主持国家自然科学基金应急管理项目、广东省自然科学基金面上项目、广东省科技计划项目各 1 项；作为主要研究人员，参加国家自然科学基金 2 项。申请专利 3 项，其中国家发明专利 2 项、美国专利 1 项。现任广东省医疗行业协会医学检验管理分会副主任委员，广东省医学会检验分会常委兼检验信息工程学组组长，广东省临床检验质量控制中心专家组专家。

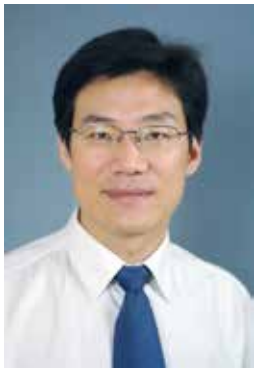
按照国家要求，所有三级公立医院都要参与医联体并发挥引领作用。医联体建设有利于调整优化医疗资源结构布局，促进医疗卫生工作重心下移和资源下沉，提升基层服务能力，提升医疗服务体系整体效能，更好实施分级诊疗和满足群众健康需求。在临床医疗工作中，约 70% 的临床决策是基于实验室数据而做出的。因此，检验医学专科联盟建设在医联体建设中占据重要位置，可为建成有明显成效的医联体提供实验诊断保障。

通过检验医学专科联盟建设，加强基层临床检验的质量控制工作，实现医联体内医疗机构间临床检验结果互认。基于互联网云架构的云检验信息管理系统（简称云 LIS）作为检验医学专科联盟建设的最重要抓手之一，打通了医联体内各医疗机构的 LIS，解除机构间的信息孤岛，实现检验数据互换和质控流程监控，达成医联体内各实验室室内质控室间化、实时比对、及时反馈本机构室内质控情况；大医院协助基层医疗机构及时纠正失控，降低实验室室间差异性，为实现检验结果互认提供质量保证；实现跨单位、跨区域检测结果历史比对，形成检验大数据，挖掘检验结果与疾病发生、发展、归转的关系；通过在线知识培训，促进基层检验人员能力提升，推动区域检验学科协同发展；减少患者多点就医带来的重复检验，做到医疗资源互通有无、优化利用、节约成本。

S-16

大数据的智能检验和患者服务

陈　瑜
浙江大学医学院附属第一医院



陈瑜，教授，博士生导师，浙江大学医学院附属第一医院检验中心主任，浙江省临床体外诊断技术研究重点实验室主任，传染病诊治国家重点实验室副主任。中国医师协会检验医师分会常委，中华医学会检验分会委员，浙江省检验学会候任主任委员，国家“万人计划”领军人才。主要研究方向：感染性疾病发病机制研究及新型实验诊断技术研发。承担国家重大专项、国家自然基金等课题 17 项，获国家科技进步一等奖等 5 项。在 Lancet 等发表 SCI 论文 100 余篇，获国家发明专利 11 项，主编参编专著 12 部。

智能检验是运用大数据和人工智能技术，建立高质量、专业化的规则库、知识库、模型和算法，实现检验后的智能管理和决策辅助支持，对检验结果进行自动审核、分析和解释，并提供诊断性建议等。软件系统包括规则库、适配器、知识库、机器学习和基于大数据的算法等。如采用 Spring MVC + Hibernate 的 J2EE 框架和 Oracle 数据库。采用 Drools 进行规则解析，设计 Bayes 校验算法、差值校验、比值校验、复检检验、危急值、报警和极值校验等专用算法，设计决策树、人工神经网络、支持向量机等机器学习算法等。

智能检验包括自动审核、结果解释、全面知识支持、远程发布和咨询服务等功能。基于机器学习的自动审核，不仅快速高效，能显著缩短检验周转时间，而且，易于实现标准化，均衡城乡不同水平医院的检验诊断差别。目前基于 AI 的远程检验咨询服务正在兴起，将推动检验医师走向健康服务更广阔的领域。

智能检验是具有人机对话和自我学习能力的“智能机器人”，检验医师或其他操作人员日常应用中，对智能系统进行训练，训练水平的高低决定着智能系统自我学习的效果。因此，智能检验系统的发展需要更多高水平的专业检验医师或技术专家，客观上，倒逼检验医学的内涵建设。

S-17

医疗健康大数据应用机遇与挑战

廖　生

四川大学华西口腔医院

廖生，长期从事口腔基础医学、临床医学及医疗信息化相关专业的教学，科研及管理工作，结合交叉学科优势在相关专业发表 SCI 论文 20 余篇，负责国家自然科学基金面上项目 2 项，青年基金 1 项，教育部博士点基金 1 项，科技部国家重点实验室开放基金 1 项，四川大学青年基金 1 项，作为主研参与多项国家及省部级基金研究及国际合作项目。

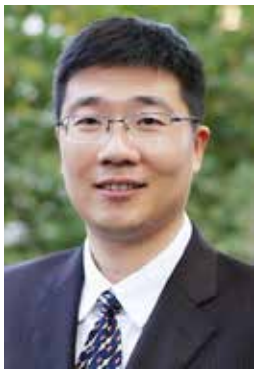
现任四川大学华西口腔医院 / 医学院信息中心主任，中国卫生信息学会理事，国家卫健委医院绩效考核专家，国家卫健委信息中心专家，中华口腔医学会口腔信息管理专委会副主任委员，中华口腔医学会信息技术专委会理事，四川省卫生信息学会理事，成都市科普专家，国际牙科学会会员 (IADR)。

我国存在的医疗资源总量不足，分布不平衡，导致的各种矛盾必然要求行业发生内生性变革而。随着计算机行业的高速发展，计算能力的不断增强，医疗行业也不可避免进入大数据时代。近年来医疗行业产生的数据呈井喷式增长，只有合理高效利用医疗大数据方能够提高医疗资源运转效率，提升医疗质量，降低医疗成本。目前我国医疗行业大数据研究及应用仍处于初级阶段，为了真正能够利用大数据使医疗行业形成本质飞跃，大量学者及医疗从业人员以及做了诸多有益探索。报告从大数据历史出发，厘清各种关键概念，并对讲者学习 / 参与多个经典案例进行分享，并对大数据在检验科学中的可能应用进行探讨。最后，对目前看似风光无限的医疗大数据应用面临巨大的挑战及瓶颈问题进行解析，以期达到打开脑洞，抛砖引玉的作用。

S-18

大数据在人工智能诊断中的应用

徐　建
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）



徐建，博士，副教授，硕士生导师，南京医科大学第一附属医院（江苏省人民医院）检验学部副主任，南京医科大学检验学系副主任，江苏省医学会检验分会常委、青年委员会副主委，中华医学会检验分会青年委员，《临床检验杂志》常务编委。主要从事临床分子生物学检验的医教研工作。曾获南京医科大学扬子江特等奖教金。

面对检验医学大数据爆炸式的增长，传统的数据分析方法只能获取一些表层信息，无法发现数据的内在联系和隐藏知识，因此数据挖掘（data mining，DM）技术应运而生。DM 技术是对大量观察到的信息进行分析，从中发现事先未知的联系和规律，是数据库知识创新的一种重要方法，其中数据的精炼、聚集和组合等子过程相互迭代进行，为回顾性研究的创新性发现提供了有效的分析方法。它能对具有相同病因、共同发病机制的患者亚群实现精准诊断、评估、预测、治疗和预防。这种智能的数据分析技术将对实验室信息系统中积累和沉淀的海量数据进行多维度的挖掘，从而为医生、患者、检验人员提供有价值的参考信息。根据大数据可以通过机器学习的方法，针对各种疾病，建立诊断、疾病风险评估和预后判断的医学专家系统，为临床诊疗提供重要支持。

S-19

临床样本资源库与转化医学平台的构建及对医院科研工作的支撑

田亚平
中国人民解放军总医院

田亚平，主任医师 / 教授；博士导师；解放军总医院转化医学实验室、出生缺陷干预救助示范中心和临床数据与样本资源库主任。作为项目或课题负责人先后承担了科技部科技基础性工作专项、国家 863 计划课题和国家十三五重点研发计划等 20 余项。所从事的科研工作先后获军队和北京市科技进步一、二等奖六项，三等奖十四项。国内、外学术刊物发表论文 400 余篇。三次获“军队优秀专业技术人才一类岗位津贴”，获国务院颁发的“政府特殊津贴”。

近年来随着免疫学、分子生物学、基因组学和蛋白质组学等理论与技术的发展，寻找与发现可靠的早期诊断与治疗靶点成为目前生物医学研究的一前沿和热点。如何利用临床常规诊疗过程中积累的临床数据、生物样

本等资源，探索高效发现、研究、乃至推广到临床应用的研发体系，需要一个完善的基于大型研究型医疗机构构建的转化医学资源平台。达到集中整合科研、临床、生物医学和生物技术等资源，包括实体样本、样本相关临床信息及利用样本产生的科学数据等。为充分利用和深度挖掘高质量多维度大数据，我院初步建立了三大技术平台：即标准化临床生物样本库、转化医学分析平台和深度利用信息系统。

临床生物样本库采集、处理、存储临床样本，并通过标准化的体系建设和质控环节保障样本的质量，同时存储样本相关的制备信息、存储位置信息、冷冻状态信息、用于追踪临床数据的基本临床信息等；进一步通过转化医学技术平台，实现高质量样本在基因组、转录组、蛋白质和代谢组、亚细胞显微成像、单细胞精准分析等多个维度的深度检测和分析，获得多组学和影像数据；以上临床和生命科学数据信息汇总到转化医学数据中心，在大数据分析平台上，与自动关联的临床检查、诊疗过程、各种影像等信息融合，实现更为精准、更高维度的挖掘分析以支撑重大疾病相关生物标志与靶点的发现。

利用完善的转化医学平台和临床数据与样本资源体系，促进了我院一批国家重点研发计划的申请与实施，一批国家临床医学研究中心的建设及一批科研成果的形成，为研究型医院的深入发展提供了有力支撑。

S-20

肿瘤与自身抗体研究及临床应用进展

李永哲

北京协和医学院

李永哲，教授，北京协和医院研究员，教授，博士/博士后研究生导师。主要从事自身免疫病发病机制及实验诊断技术临床应用等研究工作。现任中国医师协会检验医师分会常委、中国医师协会风湿免疫科医师分会常委、中国中西医结合学会检验医学专业委员会副主任委员及免疫性疾病学术委员会主任委员、中国研究型医院学会检验专业委员会副主任委员、中国分析测试协会标记免疫分析专业委员会副主任委员、中国医疗保健国际交流促进会风湿病学分会副主任委员、中国免疫学会临床免疫分会委员、中华医学会微生物与免疫学分会委员、中华检验医学杂志等多种核心期刊任编委等。以课题负责人承担国家自然科学基金项目7项。获发明专利8项。以第一作者或通讯作者在Nat Genet、Mol Cell Proteomics、J ProteomeRes等国际著名学术期刊发表SCI论文82篇（总IF＞275分，单篇最高IF 35分）。以第一完成人获中华医学会中华医学科技奖、北京市科学技术奖、中国医疗保健促进会华夏医学科技奖等奖励。

1909年Ehrlich提出肿瘤免疫概念，60年代末Burnet Thomas提出免疫监视概念，肿瘤免疫理论体系建立，近50年来陆续发现肿瘤相关自身抗体，并部分在临床应用。肿瘤产生自身抗体机制：免疫耐受缺陷及炎症应答；肿瘤相关抗原（TAA）过表达，在异常部位表达；蛋白质结构改变；细胞死亡机制导致细胞内抗原异常释放。肿瘤相关自身抗体具有独特免疫信号放大功能，自身抗体肿瘤标志物具有高特异性特点，只在肿瘤细胞发生发展的过程中存在，可做为肿瘤预警、早期诊断指标。上世纪80年代始，临床开始应用抗乙酰胆碱受

体 (AChR) 抗体、抗骨骼肌抗体诊断并预警重症肌无力（MG）患者合并胸腺瘤（自身抗体阳性 MG 10% 和并胸腺瘤），目前副瘤综合症 (PNS) 自身抗体谱（anti-Yo、HuD、Ri、CV2、VGCC、PCA-2、amphiphysin 、Ma1、Ma2、GAD65、SOX1、Tr、Zic4、AChR、NMDAR）临床已广泛应用于 PNS 诊疗。结缔组织病（CTD）与肿瘤关系密切，临床最常见皮肌炎 / 多发性肌炎和肿瘤并发（7%-34%），多为上皮肿瘤（如乳腺癌、肺癌、卵巢肿瘤、结直肠癌等），抗 TIF1-γ 抗体在肌炎伴发肿瘤诊断、预警具有重要临床应用价值，敏感性 60%，特异性大于 90%。近年各种实体肿瘤相关自身抗体研究进展迅速，已陆续由研究阶段进入临床验证、转化应用阶段，如肺癌、乳腺癌等，对肿瘤预警、早期诊断等具有重要价值。

S-21

自身抗体临床检测质量保证体系与建立的关键问题及对策

李金明
卫生部临床检验中心

李金明，研究员，医学博士。国家卫生健康委员会临床检验中心副主任兼临床分子与免疫室主任。北京协和医学院和北京大学医学部博士生导师，获国务院政府特殊津贴，2009-2010 年度卫生部有突出贡献中青年专家。

自上世纪 90 年代中期以来，在国内系统提出了临床分子诊断质量管理和标准化的概念和方法。研究方向为：临床分子诊断方法及标准化。先后以项目负责人承担多项国家自然科学（6 项）和国家重大专项课（2 项）。以第一和通讯作者发表论文 200 多篇（其中 SCI 论文 118 篇）。个人独立编著专著 2 部；共同主编（第一主编）全国高等院校本科教材 1 部；共同主编（第二主编）专著 3。以第一完成人获北京市科技奖二等奖 1 次和三等奖 2 次。

自身抗体是自身免疫诊断不可或缺的检测标志物，其检测具有“三多一难”的特点，“三多”即项目多、方法多和手工操作多，“一难”是不同方法不同检测试剂间结果的一致化和标准化难。自身抗体检测的质量保证与其他临床检验项目的质量保证的关键环节一样，包括分析前的检测申请单、标本采集运送和保存，分析中的实验室环境条件及设施、仪器设备的正确使用及日常维护和定期校准、试剂方法的性能验证（批准的商品化试剂）及批质检、人员培训及能力评估、SOP 的可操作性及全员遵循、质量持续改进（针对差错、投诉、失控以及评审的不符合项），以及分析后的结果报告与解释，使得临床医生能适当将检测结果用于患者疾病的临床诊断和治疗。上述关键环节中的任一环节存在问题，均有可能会导致不正确的临床决策。尽管我们的临床实验室知道这些环节的可能存在的质量风险，但如何采取有效的措施去管控，仍有诸多值得我们去思考的问题，从而改变长期以来存在的那些不注重质量的“不良习惯”，树立新的理念，从而使自身抗体临床实验室检测的质量管理从“必然王国”走向“自由王国”。

S-22

抗磷脂抗体谱最新临床应用进展

关秀茹
哈尔滨医科大学附属第一医院

关秀茹，现任哈尔滨医科大学附属第一医院检验科主任、主任医师、教授、硕士生导师，博士后。

兼任黑龙江省医学会检验分会主任委员、中华医学会检验分会委员、中国医师协会检验分会委员、美国临床化学学会会员、《临床化学》中文版编委、《Frontiers in Laboratory Medicine》等杂志编委。

长期从事临床检验工作，主要研究方向是感染性疾病、自身免疫性疾病等疾病的实验研究。主编著书 3 部。主持国家自然科学基金等各级各类课题 10 项。获得各级各类成果奖 8 项，近五年发表论文 50 余篇。

抗磷脂抗体综合征是一种系统性自身免疫性疾病，主要表现为抗磷脂抗体持续阳性的患者发生血栓栓塞事件。某些抗磷脂抗体阳性者可能没有相关症状，而是在评估早期流产、APTT 延长、梅毒试验假阳性时发现抗磷脂抗体阳性。也有的患者由于血栓、产科事件或其他抗磷脂抗体相关的临床表现而就诊。根据修订后的札幌抗磷脂综合征分级标准，该疾病的特点是血栓形成、妊娠并发症或抗磷脂抗体（狼疮抗凝物、抗心磷脂抗体或抗 β 2GPI 抗体）持续阳性。由于目前的分类标准中没有包含抗磷脂综合征的全部临床表现，我们使用经修订的 Sapporo 标准作为抗磷脂综合征的分类的指南，而不是作为一个严格的分类标准。持续的中度到高危的抗磷脂抗体谱阳性的患者和任何具有抗磷脂抗体相关表现的患者应考虑抗磷脂抗体综合征的诊断。虽然抗磷脂抗体综合征的诊断需要抗磷脂抗体阳性，但是并非所有阳性的抗磷脂抗体都有诊断价值。对症状和体征认识不足导致的误诊、或者对抗磷脂抗体的过度解读较常见。

S-23

肾脏疾病的精准时代已经到来 – 从两例肾移植病例谈起

于　峰
北京大学第一医院

于峰，北京大学第一医院肾内科主任医师、教授、医学博士、博士生导师
北京大学国际医院肾内科主任、科研教育部主任
中国免疫学会临床免疫学分会青年委员
中华医学会内科学分会青年委员会委员
北京医学会内科学分会青年委员会委员

学术成就：

作为课题负责人主持国家自然科学基金课题 3 项，主持 2007 年北京市科技新星计划、2008 年北京大学医学部青年学者奖励计划、2009 年教育部“新世纪优秀人才支持计划”等课题，以第一作者 / 通讯作者发表 SCI 收录论文 40 余篇。

2015 年，美国在国情咨文演讲中宣布了一个生命科学领域新项目——精准医疗计划（Precision Medicine Initiative），依据个人基因信息为癌症及其他疾病患者制定个体医疗方案，给恰当的人在恰当的时间使用恰当的治疗，继续引领医学进入全新的时代。虽然该计划的重点扶持项目是肿瘤和健康管理等领域，但其理念也可扩展到医学界的其他专业，即应用现代遗传技术、分子影像技术、生物信息技术，结合患者生活环境和临床数据，在病生理基础上实现精准的疾病分类和诊断，制定具有个性化的治疗方案。

肾脏疾病是我国常见病之一，如何早期甄别、明确诊断及实施个体化治疗是改善患者预后的重要因素。本文将从真实世界的两例血栓性微血管病肾移植病例谈起，针对其虽是同一临床综合征，但却有着不同的发病机制表型，在肾移植手术前，基于常规实验室、特殊的“生物学标记物”以及遗传背景等方面全面评价其术后复发的风险，并启动了合理的预防方案，从而得到了良好的临床反馈。

我们认为，对现代肾脏疾病理想诊治的理念，应是以发病机制中的病生理背景为理论基础，结合临床和病理学特点对患者进行“精准分型”，从而开展个体化的“精准治疗”，才能最大限度地发挥药物的治疗作用，并将副作用的风险降至最低，使患者最大获益。

S-24

自身抗体检测在风湿性疾病诊断及鉴别诊断中的临床意义

张江林

中国人民解放军总医院

张江林，主任医师、副教授，解放军总医院风湿科主任。1990 年毕业于第三军医大学，其后一直在解放军总医院风湿科从事临床工作，98 年获医学博士学位，曾获军队科技进步一等奖一项、解放军总医院科技进步一等奖一项、军队医疗成果一等奖 1 项，中华医学奖二等奖一项。现为中国医师协会风湿病分会委员，北京医学会风湿病分会委员。北京医师协会风湿免疫分会副会长。

风湿性疾病泛指影响骨、关节、肌肉及其周围软组织，如滑囊、肌腱、筋膜、血管、神经等一大组疾病。包含以往所称的胶元性疾病、结缔组织病及自身免疫病。此概念已大大扩展了，无论其发病原因是感染性的、免疫性的、代谢性的、内分泌性的、退化性的、地理环境性的、遗传性的，只要以累及骨、关节、肌肉为主的均属风湿病范畴。自身抗体是风湿病的主要特征，自身抗体可能在发病前多年存在，可用于风湿病的筛选试验，一些抗体的出现对特定的疾病具有诊断价值；某些抗体的水平可以反映疾病的活动

性，因此能指导治疗；一些抗体的出现与特定临床特征具有相关性；某些自身抗体可用于预测、诊断和随访。从抗核抗体谱、抗中性粒细胞浆抗体谱、磷脂抗体谱、自免肝抗体谱等方面介绍自身抗体在风湿病诊断及鉴别诊断中的应用。同时强调自身抗体阳性并不一定会发展成为有明显临床症状的风湿性疾病，自身抗体阴性不能排除风湿性疾病。自身抗体应该结合临床表现进行选择，它们将有助于鉴别许多风湿性疾病，同时在监测疾病活动性方面亦可能有价值。

S-25

超敏肌钙蛋白对于急性胸痛的诊断和鉴别的价值

贾　玫

北京大学人民医院

贾玫，北京大学人民医院检验科副主任，主任医师，硕士生导师。

主要社会兼职：中国医师协会检验医师分会总干事，中国医师协会检验医师分会动脉粥样硬化检验医学专家委员会主任委员，中华医学会检验分会委员，北京医学会检验分会副主委。《中华检验医学杂志》等杂志编委。

近5年来以第一作者或通讯作者发表核心期刊文章20余篇，其中SCI 5篇；著书10余本，其中主编1本、主译1本、副主编3本。以课题负责人主持“首都临床特色应用研究”、“北京市科技计划项目”及863计划子课题各1项。

急性冠状动脉综合征是指由急性心肌缺血引起的一系列临床症候群，临床表现差异大、可不典型，且与其他疾病难以区分。2007年ESC指南中，Troponins已成为唯一推荐对ACS进行疾病分级的心肌标记物。

高敏肌钙蛋白定义：IFCC的两个标准：1. 正常人群第99百分位值（切点值）处的CV% 10%；2. 健康人群中的检出率至少为50%。

高敏肌钙蛋白的本质在于反映心肌损伤，因此在其他疾病导致的心肌损伤中也会有所升高，应通过其变化值进一步排除，即从慢性升高cTn，区别出急性升高的cTn，从MI中，区分鉴别出稳定的病人。

当高敏肌钙蛋白有升高和/或降低，同时有心肌缺血的临床证据时，考虑心肌梗死的可能。连续及动态观察cTn变化有助于判断急性、慢性心肌损伤。干扰因素的存在，针对cTn升高结果解释不能孤立、脱离临床背景，务必要结合临床症状和其他临床检测数据进行分析。

S-26

高敏肌钙蛋白临床应用挑战及对策

张　义
山东大学齐鲁医院

张义，医学博士，教授，博士研究生导师。

山东大学齐鲁医院检验医学中心主任。兼任中华医学会检验分会委员，中国医师协会检验医师分会委员，中国医促会基层检验标准化委员会副主任委员，中国中西医结合学会检验医学技术学术委员会副主任委员，中国研究型医院学会生物标志物分会常委，山东省免疫学会免疫技术及标准专业委员会主任委员等。2011 年 -2012 年美国 MD 安德森癌症中心访问学者。主要研究方向为肿瘤分子生物学，临床生物化学及分子生物学。

最新公布的《中国心血管病报告 2017》显示，心血管病占居民疾病死亡构成 40% 以上，尽管近年来心血管病防治工作已取得初步成效，但仍面临严峻挑战。如能对急性胸痛患者进行及时诊断及治疗，可有效降低心血管病事件发生。

心肌肌钙蛋白（cardiac troponin，cTn）具有高度的心肌特异性和敏感性，美国心脏学会、欧洲心脏病学会和世界心脏联盟等均推荐将 cTn 作为急性心肌梗死诊断的首选标志物。随着临床需求和检验技术的不断发展，hs-cTn 检测应被广泛应用于临床，尤其是 hs-cTn 1 小时检测在心血管病事件风险预测、诊断、鉴别诊断及预后危险分层等方面具有重要的临床价值。与此同时，hs-cTn 的大量检测需求也给临床医师及检验人员带来了较大的挑战。如深入探讨 hs-cTn 检测影响因素分析，单一升高结果需及时与临床沟通，及时复查，必须结合患者病史综合临床症状及心电图变化综合评估，要强调 hs-cTn 动态连续监测的重要性；如何确定 cut-off 值、性别及年龄特异的诊断阈值问题；如何规范 hs-cTn 检测流程，包括复查及间隔时间等。上述问题仍有待进一步解决，并经过大规模临床试验进行证实。

随着 hs-cTn 检测规范化和标准化的提高以及多中心大数据资源的丰富，需要更好地了解高敏方法的“双刃剑”作用，并加强与临床的交流，更好地关注 hs-cTn 在心血管疾病一级预防和二级预防中的重要作用，最终使患者早期获益。

S-27

高敏肌钙蛋白 I 浓度及变化对于判断急性心肌梗死的中国人群临床应用研究

梁　岩

中国医学科学院阜外医院

梁岩，50 岁，回族，博士，中国医学科学院阜外医院主任医师，博士研究生导师。现任阜外医院急诊室及 19 病房副主任。

在阜外医院从事临床一线工作 20 余年，具有丰富的临床诊治经验及处理疑难杂症的水平和能力。主要研究领域为心血管病急重症、心衰、心律失常、抗凝抗血小板治疗等。曾在加拿大人群健康研究所（PHRI）博士后工作 2 年，为多项国际大规模临床试验中国协调中心的主要负责人。以第一作者及通讯作者发表 SCI 文章十余篇，SCI 影响因子 >30。

现任国内多个学会的常委、秘书长或委员。为教育部学位论文评审专家，北京市科委及自然科学基金项目评审专家，北京医学会鉴定专家等。

（国家卫计委脑防委房颤卒中防治专业委员会委员及秘书长，中国高血压联盟理事，中国生物医学工程学会心律分会急症工作委员会委员兼秘书，中国医疗保健国际交流促进会胸痛分会常委，中国老年学和老年医学学会老年病学分会心血管病精准医疗专家委员会常委，北京医学会心血管病学分会心血管病交叉学组委员，北京药理学会临床药理专业委员会委员，中国医师协会检验医师分会心脑血管病专家委员会委员等。）

目的：在中国人群中按照 2015 年欧洲心脏病学会（ESC）非 ST 段抬高型急性冠脉综合征（NSTE-ACS）管理指南中高敏肌钙蛋白（hs-cTn）的 3 小时诊断流程，确定疑似 ACS 患者最终诊断的可行性及准确性，并推算在中国人群中确诊心肌梗死的界值，以探索适合中国人群的 hs-cTn 临床运用流程。

方法：纳入北京阜外医院自 2017 年 1 月至 2018 年 2 月急诊就诊的怀疑 NSTE-ACS 的患者。分别在就诊时及 3 小时进行 ARCHITECT hs-TnI 检测（检验判定），同时按常规流程进行病史采集及血液学检测。检验判定组按照 2015 ESC NSTE-ACS 指南中 hs-TnI 的 3 小时诊断流程，参照 ARCHITECT 检测标准进行心肌梗死的判定；由未参与课题设计且不知 ARCHITECT hs-TnI 检测结果的心脏科专家按照常规流程，结合临床资料进行心梗判定，且以此作为最终诊断依据（临床判定），并进行一致性统计分析。

结果：本研究共纳入分析 398 例患者，中位年龄 61（54，67）岁，其中女性 142 例（35.7%）。检验判定 3 小时流程总体及性别特异结果与临床判定结果的一致率分别为 95.7% 和 95.2%。中国急性胸痛患者心梗诊断的 3 小时流程总体界值为 0.0255ng/ml（性别加权后），男性诊断界值为 0.0335ng/ml，与 ARCHITECT 说明书中一致；女性诊断界值为 0.0110ng/ml（略低于说明书中女性界值 0.0156 ng/ml）。

结论：本研究显示 2015ESC NSTE-ACS 指南中 hs-TnI 的 3 小时诊断流程在中国大型医院中可行性强且准确性较高，并推算了中国人群中 NSTEMI 的总体和性别特异的界值，与西方人群数据无显著差异。

S-28

肌钙蛋白在临床中的应用

骆雷鸣
中国人民解放军总医院

骆雷鸣，医学博士。现任中国人民解放军总医院南楼临床部心血管内科副主任，主任医师、教授，博士研究生导师。

从事心血管病专业工作 34 年，擅长动脉硬化与血管结构功能异常、高血压及器官损害、动脉粥样硬化与冠心病及周围血疾病、结构性心脏病与心力衰竭、心肾联合损害、房颤与血栓性疾病等的预防、诊断及治疗工作。

近 5 年间，承担国家重点基础研究发展计划（973 计划）子课题、军队“十一五、十二五”课题、国家工信部课题、中央保健课题、国家老年疾病中心课题等多项。获军队医疗成果 1 等奖、北京科技进步 2 等奖、中保委优秀课题奖各一项。近 5 年间，出版学术专著 4 部，以第 1 或通讯作者，发表中文核心期刊 42 篇，SCI 论文 38 篇。担任慢性心衰精准医学北京重点实验室 PI，中华预防医学会循证预防医学委员会委员、中国医师协会心力衰竭专业委员会委员、中国老年学学会心脑血管专业委员会委员、中国药理学会药源性疾病专业委员常务委员、中国老年保健医学研究会老年晕厥分会常委、北京精准医学会预防与康复专委会委员。中华高血压杂志、中国循证心血管医学杂志、中华临床医师杂志、中华老年医学杂志、中华多器官功能杂志、实用老年医学杂志、中国全科医学杂志、药物不良反应杂志、中国老年心血管病杂志（英文版）、心血管外科杂志的编委和审稿人。

肌钙蛋白是心肌细胞的组织成分，附着于肌纤蛋白上，负责调控肌节上桥粒的功能，完成粗细肌丝间的滑动，完成肌肉的收缩过程。通常，心肌细胞胞浆中有少量脱落的肌钙蛋白，采用高敏的检测方法可以测出，老年人可能脱落的更多。另外，各种原因导致的细胞损害，包括肌纤维的损伤，细胞膜的损伤，都可以导致血浆中溢出的肌钙蛋白增加，血浆中的含量与细胞损伤程度正相关。因此，缺血，炎症，化学物质，严重应激等均可以导致血浆肌钙蛋白显著升高，其中，严重心肌缺血特别是心肌坏死引起大面积心肌损伤和坏死，所以导致的血浆升高的幅度最大。另外心肌缺血和坏死导致的肌钙蛋白升高，还具有随时间变化的动态演变特征，与过去的心肌酶谱的变化规律一致。因此，当今，肌钙蛋白，特别是高敏肌钙蛋白检测，不仅用于心肌梗死诊断，还用于急性冠脉综合症、稳定性冠心病的危险分层和预后评价，用于急慢性心衰的危险分层、预后评价和疗效评价，还用于房颤、高血压、糖尿病等疾病的危险分层，甚至对于表观健康的社区具有中低心血管风险的人群，也用于预后评估。

S-29

高敏肌钙蛋白 T 检测在胸痛患者中的应用

曹永彤
中日医院

曹永彤，男，医学博士，主任医师，硕士研究生导师。现任中日友好医院检验科、输血科主任。相继从事临床外科、临床检验、临床输血治疗工作 20 余年，承担、参与国家科技部支撑课题、国家自然科学基金课题、国家“863”专项及北京市首都特色专项课题。学会任职情况：中华医学会检验医学分会常委；中国医师协会检验医师分会常委；中国中西医结合学会检验专业委员会常委。

“胸痛”是急诊科或心内科常见的就诊症状，涉及多个器官系统，快速、准确地鉴别诊断心源性和非心源性胸痛是急诊处理的难点和重点。而心源性胸痛的病因 – 急性心梗严重威胁生命，每延迟 30 分钟救治就会增加 1 年内的相关死亡风险 7.5%，如何通过临床症状、心电图结合生物标志物快速诊断和排除急性心梗至关重要。随着新心脏标志物 – 肌钙蛋白的出现，特别是近几年的高敏肌钙蛋白的出现，使得心梗更早诊断和更安全排除，同时作为心肌损伤的标志物，其能反映不易察觉的临床疾病。2015 年 ESC 指南推荐通过连续检测、动态评估，运用快速高敏肌钙蛋白检测 0–3 小时，0–1 小时算法可快速诊断和排除 NSTE–ACS，多项多中心研究也证明了 0–1 小时算法的可靠性。高敏肌钙蛋白在提高急诊科分诊效率起着非常重要的作用，能快速识别高危胸痛，转诊至心内科救治，减少患者死亡，同时也能快速并且安全排除低危胸痛，避免漏诊和减少留观病人的堆积。介绍 2015 年发表的《高敏感方法检测肌钙蛋白临床应用中国专家共识》重要摘要，指出高敏肌钙蛋白单位 / 结果报告及检测时间，检测方法，早期诊断、连续监测等的建议。

S-30

细胞外囊泡生物标志物研究策略与进展

郑　磊
南方医科大学南方医院

郑磊，教授，博士生导师
南方医科大学南方医院检验科（系）副主任
中华医学会检验医学分会委员
广东省医学会检验分会主任委员
国际细胞外囊泡学会亚太区执行委员
世界华人检验与病理医师协会副会长
中国研究型医院学会细胞外囊泡研究与应用分会 副主任委员

细胞外囊泡（Extracellular vesicles，EVs）是由细胞合成释放到胞外的具有膜结构的囊泡结构。在生理活动中，目前众多研究表明 EVs 参与到能量代谢、免疫防御、器官发育以及信息传递等多种生物过程；而在病理过程中，EVs 在恶性肿瘤、自身免疫性疾病、病原体感染等多种疾病发挥重要功能。由于 EVs 几乎存在于血液、尿液、乳汁等所有标本中，有望为疾病的诊疗提供重要信息。我们团队在前列腺癌、肺癌等肿瘤的 EVs 研究成果表明 EVs 可在肿瘤诊断中发挥重要价值，有望成为新一代的生物标志物。

S-31

外泌体靶标在重大传染病中的应用

王通[1]，罗彦彰[1]，张新[2]，邓可基[2,3]，崔毅峙[1]
1. 暨南大学生命科学技术学院
2. 东莞微量精准检测研究院
3. 广州海力特生物科技有限公司

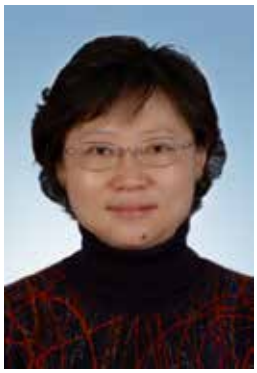
王通，暨南大学教授，博士研究生导师；广东省企业科技特派员。广州市创新领军团队带头人，中国研究型医院学会细胞外囊泡研究与应用专业委员会常务理事，广东省外科学重点学科肿瘤基础与临床方向学术带头人。其主要研究领域，1）重大传染病和癌症的微量精准检测，2）感染、炎症和癌症相关分子系统生物学。主持包括十三五国家科技重大专项（传染病专项子课题）等科研项目 21 项；发表学术论文 80 余篇。他领导完成国内首个药监局备案的外泌体分离试剂盒的产业化。

虽然外泌体 miRNA 在癌症中具潜在的诊断和预后临床意义，但是，领域内各种外泌体携带的特定靶标罕见大规模临床验证。作为主要原因之一，检验医学领域中还缺乏标准化、快速分离纯化外泌体的方法。为了解决该问题，我们开发了一种基于叠层法的外泌体分离装置，并且获得了中国食品药品监督局的批准。该方法的主要特点是可用常规离心机在 20 min 内从血清 / 血浆中分离出符合临床检验核酸要求的外泌体组分。在本报告中，我们用电镜、纳米颗粒追踪分析系统以及纳米流式细胞仪确定了上述方法获得的外泌体粒径分布主要在 30–150 nm 之间。经 Triton–100 裂解后，我们发现 41% 的外泌体组分颗粒可被裂解，表明这些颗粒具磷脂双分子层结构。相较差速超速离心法获得的外泌体组分，58% 的颗粒具上述结构。利用我们的方法，我们发现与多数报道不同，外泌体 miR–21 和 miR–92a 在结直肠癌中无显著诊断效力（n=286）。而在肝癌中，我们发现外泌体 miR–21 可显著区分肝癌和正常人，AUC=0.78，（n=21）。值得强调的是，上述 miRNA 的定量均可溯源到企业参考品，确保了结论的可靠性。因此，我们在此报道一种可直接用于 miRNA 临床检验的外泌体分离方法，并展示了其在癌症标志物研究中的临床意义。

S-32

纳米流式检测技术 –– 细胞外囊泡液体活检的利器

颜晓梅
厦门大学化学与化工学院



颜晓梅，厦门大学特聘教授、博士生导师，国家杰出青年科学基金获得者，国家“万人计划”科技创新领军人才。主要从事生化分析与生物传感研究，在 J. Am. Chem. Soc., Angew. Chem. Int. Ed., ACS Nano, Anal. Chem. 等期刊发表 SCI 论文 80 多篇。该课题组研制成功国际上最灵敏的纳米流式检测装置，使得研究人员可以像传统流式细胞仪分析细胞那样对细菌、病毒、亚细胞器、细胞外囊泡、纳米药物等在单颗粒水平进行高通量、多参数定量分析，在诸多领域具有重要的应用前景和市场价值。

细胞外囊泡（Extracellular vesicles, EVs）是一种由细胞释放到细胞外基质中的纳米尺度的膜性小囊泡，参与细胞通讯、细胞迁移、血管新生、肿瘤生长、免疫调节等过程，广泛地存在于各种体液中，在疾病诊断、预后和治疗中显示出巨大的应用前景。由于 EVs 的粒径及其携载的蛋白、核酸、脂类等“货物分子”随细胞来源、细胞状态以及分泌途径的不同而存在高度的异质性和多样性，因此亟需发展一种单颗粒水平的高通量、多参数定量分析技术。针对这一难题，我们课题组结合瑞利散射和鞘流单分子荧光检测技术，研发成功具有完全自主知识产权的纳米流式检测技术（NanoFCM），实现了对粒径低至 40 nm 的细胞外囊泡的单颗粒水平多参数定量检测。NanoFCM 的分析速率高达每分钟 10, 000 个颗粒，仅需几分钟即可获得具有高度统计代表性的 EVs 粒径分布特征，分辨率和准确性媲美冷冻透射电镜。结合免疫荧光标记和单颗粒计数，我们测定了 CD9、CD63、CD81 阳性和同时表达其中两种蛋白的 EVs 比率。在临床样本分析中，我们通过对 50 mL 血浆中 CD147 阳性 EVs 的颗粒浓度测定，实现了结直肠癌的早期诊断（$P < 0.001$）和预后分析（$P < 0.05$）。纳米流式检测技术具有速度快、统计精确性好、实用性强等优点，将为基于EVs的癌症生物学研究、诊断及治疗提供先进的分析手段。

S-33

膀胱癌外泌体来源长链非编码 RNA 的发现与临床验证

陈　葳
西安交通大学医学院第一附属医院

陈葳，二级教授，博士生导师。现任西安交通大学第一附属医院检验科主任。

兼任中华医学会检验医学分会委员、中华医学会医学遗传学会委员、中国医师协会检验医师分会常委、中国老年学会检验医学分会常委、中国老年保健医学研究会检验医学分会副主任委员、中国医用临床实验室和体外诊断系统标准化技术委员会委员、陕西省医学会检验学分会副主任委员、陕西省医学会遗传学分会副主任委员。

担任 American Journal of Biomedical Sciences、中华检验医学杂志等杂志编委。主编“临床诊疗丛书？检验科手册”，参编“分析前因素对临床检验结果影响”等书籍。

主持国家自然科学基金 4 项、陕西省级科研项目 3 项。获得陕西省政府科技二等奖 2 项，发表研究论文 150 余篇，其中 SCI 收录 50 余篇。

专长：(1)肿瘤标志物研发与临床应用 (2)临床实验室管理

细胞外囊泡(Extracellular Vesicles，EVs)是一种膜小泡，由多种细胞类型(包括凋亡小体、微泡和外泌体)分泌的。而外泌体通过运输细胞内的蛋白质、RNA 和 DNA 等促进细胞间通讯。值得注意的是，RNAs 是肿瘤细胞来源外泌体的主要分子物质，很多类型的非编码 RNA 富集在外泌体上，如 microRNAs、circular RNAs 和长非编码 RNAs (long non-coding，lncRNAs)。这些外泌体来源的非编码 RNAs 可调控受体细胞基因表达，促进原发肿瘤生长、浸润与转移。UCA1 是一个长度为 1442nt 在膀胱癌中高表达的 lncRNA，研究发现 UCA1 可在膀胱癌细胞来源的外泌体中分泌。与常氧环境比较，缺氧环境下外泌体分泌的 UCA1 表达上调，同时可以在体内外参与膀胱癌细胞 EMT 过程。进一步发现膀胱癌患者血浆外泌体 UCA1 表达高于健康对照者，采用 ROC 曲线下面积评估血浆外泌体 UCA1 的诊断价值，其 AUC 为 0.8783，其敏感性和特异性分别为 80% 和 83.33%。由此可见，循环外泌体 UCA1 可作为膀胱癌诊断的潜在非侵入性生物标志物。

S-34

外泌体在肿瘤诊断中的应用探索

李　冬
上海同济大学附属同济医院

李冬，同济大学附属同济医院检验科主任，实验诊断学教研室主任。德国自然科学博士(Dr. rer. nat.，PhD)，主任技师，博士生导师。上海市医学会检验医学分会委员、临床生化专业组组长，上海市医师协会检验医学分会委员，中国医疗保健国际交流促进会基层检验技术标准化分会副会长，中国中西医结合学会检验医学分会青年副主任委员，上海市中西医结合学会检验医学分会委员。

专业领域为肿瘤发病与治疗的分子机制、调控及分子标志物的筛查；分子遗传学诊断技术及 ISO15189 医学实验室质量管理体系。以项目负责人获得国家自然科学基金面、省部级、局级等课题近 10 项。以第一/通讯作者在 PNAS，Oncogene 等国际著名杂志发表 10 余篇 SCI 论著。入选 2013 年上海市科委浦江人才计划，2012 年同济大学附属同济医院优秀学科后备人才“杰出青年”计划，曾经获得 2006 年上海市医学会“申威基金”优秀论文一等奖，2007 年上海市研究生优秀成果(学位论文)奖，2013 年、2014 年上海市医学会检验医学分会优秀青年科研成绩奖三等奖，2014 年同济大学“十佳医务青年”和 2015 年上海市“十佳医技”工作者提名奖。以主要完成人员获得省部级以上科技进步奖 4 项，包括 2016 年华夏医学科技奖二等奖，2011 年中华医学科技奖一等奖，2009 年第七届上海医学科技奖一等奖，2008 年教育部高等学校科学研究优秀成果奖自然科学一等奖。

目前临床上大部分中晚期肿瘤患者无法获得用于精准检测的组织样本，而且由于时空和组织特异性，活检样本也无法实时监测患者的病情和肿瘤突变的全貌。随着科学技术的发展，肿瘤临床诊疗由组织分型决定治疗转变为根据分子分型指导治疗决策模式。虽然血液样本检测能够弥补组织样本的先天不足，但传统的肿瘤标志物敏感性及特异性较低，难以满足当今精准医疗时代下肿瘤的诊疗需求。

液体活检作为传统组织活检的替代技术，是一项最新最有前途的精准检测技术，其内含物主要包括 CTC、ctDNA 和 exosome。血液中游离循环 ctDNA 由肿瘤组织或细胞释放到血液循环 DNA，其丰度可反映肿瘤负荷，突变谱动态变化反映实时肿瘤负荷大小，用于分子诊断和靶向药物耐药监测；循环肿瘤细胞 CTCs 从实体瘤中脱离出来并进入血液的循环肿瘤细胞，外周血 CTCs 计数值可用于辅助诊断和疗效评估；Exosomes 由肿瘤细胞脱落的囊泡，携带肿瘤非编码 RNA、DNA 与蛋白等信息，能够对肿瘤进行早期诊断、治疗监测、预后评估以及寻找肿瘤药物治疗失败的原因。

由于发现细胞外囊泡运输机制，2013 年诺贝尔生理与医学奖被授予 3 位科学家，以奖励他们在研究外泌体方面做出的突出贡献。研究发现，外泌体与许多疾病的发生发展密切相关。外泌体介导肿瘤的发生，促进肿瘤细胞增殖、侵袭、转移和铂类化疗耐药等。通过检测 Exosomes 携带的 RNA、DNA 与蛋白等信息，从分子水平检测肿瘤信号，可以精确到具体的基因型或亚型，使诊断更具有个体化特点，从而指导临床医生合理用药，真正实行个体化精准治疗，因此外泌体是应用价值很高的液体活检标本。例如通过检测 NSCLC 外泌体中 EGFR 敏感突变和耐药突变用于指导临床个体化治疗，检测外泌体中miRNA、蛋白质标志物用于诊断晚期NSCLC等。

S-35

检验诊断报告与知识服务能力

张　曼

首都医科大学附属北京世纪坛医院

张曼，主任医师，教授，博士生导师

首都医科大学附属北京世纪坛医院 检验中心主任

北京大学医学部博士生导师

首都医科大学博士生导师、博士后流动站导师

专业特长：

专注肿瘤早期诊断相关研究。从事检验工作二十余年，注重检验与临床相结合，在疑难检验结果病理分析以及诊断、鉴别诊断、治疗效果评价和预后判断方面具有特色。注重检验医学人才培养，培养了大批检验医师与检验技术骨干。

主要社会兼职：

中国医师协会检验医师分会第三届委员会 会长

世界华人检验与病理医师协会 会长

妇幼健康研究会检验医学专业委员会 主任委员

毕业后医学教育检验医学专业委员会 主任委员

全国医师定期考核检验医学专业委员会 主任委员

中华医学会检验医学分会 常务委员

学术成就：

承担多项国家 863、科技部专项和首发基金等科研课题，发表文章百余篇，主编论著 4 部，获科技进步奖 3 项。

随着循证医学向个体化和精准医疗的飞跃，检验医学也越来越向个体化、精细化发展。检验项目之多使已负荷过重的临床医生没有时间深入、系统的了解检验结果背后的病理意义，故分析后知识体系的完善对检验医学的发展至关重要。建立检验诊断报告体系是顺应时代发展的需要，他将检验医学知识与临床医学内容有机结合，将复杂零散的检验信息进行系统的分析与描述，使临床医生能从繁杂的数据中解脱出来，更好的为病人服务。同时，他的应用将充分发挥检验医学知识服务的积极性，提高分析后知识服务内涵，提升检验结果应用效率，为循证医学、精准医疗提供了重要的客观证据。

S-36

与临床沟通我们如何做

王学锋

上海交通大学医学院附属瑞金医院

王学锋，主任医师，教授，博士生导师，上海交通大学医学院检验系主任，附属瑞金医院实验诊断中心主任，检验科主任，临床输血科主任

主要学术兼职 上海医学会检验分会副主任，全国临床输血委员会副主任委员。曾担任中华医学会血液学分会血栓与止血学组副组长，检验分会血液学和体液学学组副组长

长期从事出血病及血栓病诊治的研究，对各种出血病尤其是严重的出血的诊断与治疗有较丰富的经验。2016 年入选上海市领军人才。

日常工作中，与临床保持双向沟通，是保障实验室结果准确的前提，可以对疾病的诊治提供有益的信息。通常的沟通发生在以下环节：

1. 定期互动 临床可以及时反馈检测质量，提出新的检测需求；实验室可以针对临床的反馈进行及时地改进，积极创造条件，满足临床对疾病新的检测需求。

2. 出现问题时的沟通 无论临床还是实验室，均能发现不能用常规知识解释的异常结果，此时的沟通是非常重要的。一方的主动提出，另一方的积极配合，双方寻找原因，往往可以使问题迎刃而解。

（1）检测前 抽血、标本类型的失误，可以造成结果的偏差。患者的病理生理状态，也是不容忽视的因素之

一。如法乐四联症患者，由于长期缺氧刺激可以造成血细胞比容过高，而后者是造成凝血检测异常的重要原因。必须经过及时的抗凝调整，才能得到可靠的结果。

（2）检测中 由于试剂、仪器及检测方法等原因造成结果的偏移，需要实验室寻找自身的原因。临床用患者的现实情况与检验结果明显不相符时，应该积极联系实验室查找原因。如口服抗凝治疗监测时，不同的药物应该使用不同的检测试剂。如低分子量肝素的监测，就不能使用活化部分凝血活酶时间 (APTT)；新型口服抗凝剂的监测，也有方法学匹配的要求。

（3）检测后 实验室与临床双向沟通，异常结果的合理解释，对临床疾病诊治的作用至关重要。实验室可以对结果在方法学上进行评估，临床可以根据患者病理生理改变，来提出对结果的看法。

总之，为保证检测结果的准确性，实验室和临床均要主动积极地与对方进行沟通。尤其是检验医师，因为肩负着二者之间的桥梁作用，努力做好这一工作，就显得非常重要。

S-37

检验医学在 CAR–T 细胞治疗患者中的应用

王传新

山东大学第二医院

王传新，博士，山东大学二级岗教授，博士生导师，国家卫计委有突出贡献中青年专家，山东省卫生系统杰出学科带头人，泰山学者特聘教授。现任山东大学第二医院院长，兼任中华医学会检验医学分会候任主任委员，中国医师协会检验医师分会副会长，山东省医学会副会长，山东省医学会检验医学分会主任委员，《中华检验医学杂志》、《中华临床实验室管理电子杂志》等杂志副总编，“Journal of Cellular Biochemistry”、“Molecular Cancer”、“Clinica Chimica Acta”等杂志特邀审稿专家。

主持国家重点研发计划、国家自然科学基金等课题 12 项。获教育部科学技术一等奖 1 项、科技进步二等奖 1 项；山东省科技进步一等奖 1 项、二等奖 3 项、三等奖 3 项。授权国家发明专利 12 项，其中 2 项实现产业化。以通讯作者在“Clinical Cancer Research”等杂志发表 SCI 论文 100 余篇；参编“十一五”“十二五”国家规划教材 5 部。

嵌合抗原受体 T 细胞疗法（CAR–T 疗法）在肿瘤治疗中的作用成为近年关注的焦点。CAR–T 免疫疗法是通过整合嵌合抗原受体的基因修饰的 T 细胞来抵抗肿瘤细胞的疗法。嵌合抗原受体（CAR）可以特异性识别肿瘤相关抗原靶点，识别结合后将激活增殖 T 细胞的信号传递至胞内，引起 T 细胞激活和增殖，从而有效杀伤肿瘤细胞。美国 FDA 在 2017 年接连批准诺华和 Kite 公司两款 CAR–T 疗法相关药物上市，这具有里程碑意义，标志着细胞药物时代的来临。随着基因测序、分子生物学技术、大数据等快速发展，手术、化疗、放疗结合特异性治疗如 CAR–T 疗法等有可能成为未来肿瘤综合治疗的主要模式。

检验医学在 CAR–T 细胞治疗患者中的应用与支持，是提高临床应用成功率的重要保证。第一，严格筛查临床研究受试者或患者：如病毒及其细菌、真菌感染检查，肝肾功能检查以及应用流式对病人肿瘤细胞进行免

疫细胞学鉴定等；第二，开展 CAR-T 细胞的质量控制，如无菌检测、分子及细胞生物学检测等；第三，监测 CAR-T 临床治疗过程中免疫相关毒副反应，如细胞因子检测等，及时有效的实验室监测手段将为临床治疗提供重要的指导作用。检验医学超前布局，整合检测项目，开发新型检测技术，推动 CAR-T 在研究及临床应用中不断向前。

S-38

免疫抑制剂对肾移植受者 Th17/Treg/Tfh 细胞亚群的免疫耐受调节作用研究

王兰兰
四川大学华西医院

王兰兰，医学博士生导师，工商管理学博士生导师，宝钢教育奖优秀教师。四川大学华西医院实验医学科学科主任，临床检验医学研究中心主任。四川省卫生计生委首席专家、学术技术带头人。任中国免疫学会临床免疫分会副主任委员，中国研究型医院协会检验分会副会长、中国医院协会临床检验管理专委会委员、中国医院协会临床检验标准委员会委员、四川省医师协会检验医师分会会长、四川省医学会检验医学专委会副主任委员、成都检验分会主任委员等。

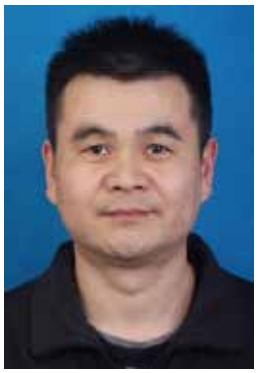
主编、副主编了人民卫生出版社的《临床免疫学与检验》、《医学检验项目选择与临床应用》及《实验诊断学》等教材和专著 10 余部。承担国家自然科学基金等国家级、省级课题 20 余项。获四川省科技进步 1 等奖 2 项，四川省科技厅科技成果 3 等奖 1 项。

器官移植后为保证移植物的存活，维持受者体内的移植免疫耐受，有效控制同种异体排斥反应的发生，移植受者必须终身服用免疫抑制药物。他克莫司和西罗莫司等免疫抑制药物的应用使移植后的急性排斥反应发生率显著降低，但移植受者的长期存活率提高并不明显，移植受者持续的慢性炎性损伤导致移植物慢性失功及其他并发症的发生是发生移植物失功的重要因素，与免疫药物作用下移植受者体内免疫平衡偏移所致不同 T 细胞亚群对移植物的慢性炎性损伤及免疫耐受的调节的作用密切相关。不同的免疫抑制药物的作用靶点不同，它们对机体 T 细胞亚群的调节以及免疫耐受的影响也存在差异。研究分析使用他克莫司和西罗莫司的肾移植受者体内 Th17、调节性 T 细胞（Treg）、滤泡辅助性 T 细胞（Tfh）以及相关炎性细胞因子的表达，发现使用他克莫司的肾移植受者体内 Th17 和 Treg 细胞间的平衡向 Th17 偏倚，Tfh 细胞的表达上调，炎性细胞因子的表达增加，机体处于炎症状态，不利于免疫耐受的形成；而西罗莫司则可促进机体负性调节细胞 Treg 的表达上调，抑制 Th17 细胞的表达及功能，维持正常的 Tfh 细胞水平，炎性细胞因子的分泌减少，有利于肾移植受者的免疫耐受状态的维持。深入探究不同免疫抑制药物对 T 细胞亚群的调节作用及与免疫耐受调节的关系，将能为减少移植物的慢性失功，提高移植受者移植器官长期存活率，指导临床合理用药提供实验室的支撑依据。

S-39

检验医学在肿瘤免疫治疗中的应用

尤　强
南京医科大学第二附属医院



尤强，南京医科大学教授和博士生导师，江苏省双创团队领军人才，江苏特聘医学专家，江苏省六大人才高峰，江苏省 333 人才，江苏省科协首席专家，南京医科大学第二附属医院生物治疗中心主任，致力于肿瘤免疫治疗及肝脏免疫学研究。2004 年至 2013 年在美国科罗拉多大学医学中心从事研究工作，在 Hepatology 等杂志上发表 24 篇 SCI 文章，目前主持国家自然科学基金面上项目 2 项，申请国家发明专利 3 项。

肿瘤免疫治疗是利用免疫系统控制和杀伤肿瘤细胞的治疗方法，已经和外科手术、放射疗法和化学疗法一起成为治疗肿瘤的主要手段，通常包括治疗性抗体、免疫检查点调节剂、免疫细胞、肿瘤疫苗和免疫系统调节剂等方法。近年来随着肿瘤免疫治疗技术飞速发展，对检验医学技术的要求十分迫切。本报告将从肿瘤免疫治疗的各种技术以及治疗过程中对检验技术的需要出发，介绍检验医学在肿瘤免疫治疗中的应用，并初步探讨两者之间的密切联系。

S-40

肿瘤精准医学新热点：PD-1/PD-L1 单抗治疗与伴随诊断

高春芳
海军军医大学东方肝胆外科医院

高春芳，现任第二军医大学第三附属医院暨上海东方肝胆外科医院实验诊断科主任、教授、主任医师、博士生导师，上海领军人才、上海市优秀学科带头人、全国三八红旗手、上海市三八红旗手标兵。兼任上海市医学会分子诊断专科分会首届主任委员、上海免疫学会肿瘤免疫分会主任委员、中国中西医结合学会检验医学专委会副主委、上海市医学会检验医学分会副主委、中国医师协会检验医师分会常委、中华医学会检验医学分会委员兼临床免疫学组副组长、检验医学杂志副主编等职。

主持国家自然科学基金项目 9 项、上海市科委重点项目 5 项，科技部中比国际项目 1 项，国家十二五、十三五重大专项子课题 2 项。第一或通讯作者 SCI 收录 55 篇，总影响因子超过 160 分。获国家发明专利授权 3 项。曾获军队科技进步一等、二等、上海市科技进步奖二等奖、总后育才银奖等多个奖项。

程序性死亡蛋白 1/ 程序性死亡蛋白配体 1(programmed death 1/programmed death ligand 1，PD-1/PD-L1) 是目前肿瘤治疗的最为热门的靶点之一。PD-1 是机体重要的免疫哨卡（immune checkpoint），为 B7/CD28 家族成员，主要表达于 CD4 和 CD8 阴性的胸腺细胞上，诱导后可表达于活化性 T 细胞、B 细胞、骨髓细胞、树突状细胞、自然杀伤细胞及单核细胞等。免疫哨卡是机体共同刺激或抑制信号转换的开关，能控制 T 细胞应答的幅度和持续时间。1992 年，日本科学家 1992 年，Tasuku Honjo 团队从凋亡的 B 细胞系中首次克隆了 PD-1。2002 华人科学家陈列平首次发现报道 PD-L1。PD-1/PD-L1 单抗是肿瘤治疗领域中最耀眼的“广谱抗癌神药”。2014 年 9 月，FDA 首次批准 PD-1 抗体 (Keytruda) 用于晚期黑色素瘤患者治疗，晚期恶性黑色素瘤患者使用 PD-1 抗体后 5 年生存率显著提高甚至达到临床治愈。多个研究表明，晚期非小细胞肺癌患者使用 PD-1 抗体后 PFS（progress free survival）及 OS（overall survival）获益。全球有上千个临床试验用于探索 PD-1 抗体的广谱抗肿瘤效果，包括肾癌、胃癌、乳腺癌、膀胱癌、头颈癌、肠癌和脑瘤等。研究表明，肿瘤微环境中存在 PDL1/ 肿瘤组织中 PDL1 阳性细胞数、肿瘤组织中浸润的免疫细胞、MSI high、错配修复基因缺陷 dMMR、肿瘤细胞有意突变总负荷 (TMB) 等均是重要的伴随诊断指标用于临床个体化应用指导。这些伴随诊断检测技术的正确应用对于临床抗肿瘤精准医疗具有重要意义。

S-41

感染性疾病免疫治疗驱动的精准诊断

欧启水
福建医科大学附属第一医院

欧启水，主任技师、教授、博士生导师，任福建医科大学医学技术与工程学院副院长、附属第一医院检验科主任。主要学术兼职为中国医师协会检验医师分会副会长，中华医学会检验医学分会常务委员、福建省医学会检验医学分会主任委员，国家自然科学基金二审专家，福建省科技创新领军人才。

主持完成国家自然科学基金等国家级、省级课题 20 余项。在国内外杂志上发表论文 70 余篇，其中 SCI 收录 30 篇。主编、副主编和参编了人民卫生出版社的《临床免疫学检验》等教材和专著 10 余部。持有国家发明专利 4 项，以第一完成人获得福建省科技进步奖一等奖 1 项，三等奖 2 项，曾获得福建青年科技奖、福建运盛青年科技奖等奖项。

感染性疾病是一组由病原微生物侵入机体，引发病原成分直接损伤或机体免疫应答损伤所导致疾病的总称。全球每年因感染性疾病导致的死亡人数占疾病总死亡人数的 25.9%，针对感染性疾病的免疫治疗及预防控制手段是近年来研究的重点。

本报告概述了感染性疾病的免疫治疗的最新进展，结合本实验室的工作，以 HBV 感染为例，从血清标志物和分子标志物角度叙述了慢性乙型肝炎的精准诊断思路和策略；探讨了肠道微生物组学研究最新进展对疫苗精准诊疗的启示，籍此，未来可能帮助实验室工作者寻找到与疫苗应答效果密切相关的生物标志物；最后，结

合新型隐球菌感染和 HIV 感染免疫治疗的最新进展，进一步突出了免疫治疗离不开精准诊断。

总而言之，免疫治疗在感染性疾病防治方面仍将不断发展，实验工作者应继续关注由此驱动的精准诊断，并为此努力创建更好的检测平台、更优的诊断策略。

S-42

遏制细菌耐药国家抗菌药物管理相关政策

李大川
国家卫生和计划生育委员会医政医管局

李大川，国家卫生计生委医政医管局医疗与护理处处长

工作经历：

2014.5- 至 国家卫生计生委医政医管局医疗与护理处处长

2009.12-2014.5 卫生部医政司医疗机构管理处处长

2007.12-2009.11

卫生部医政司医疗机构管理处副处长

2006.6-2007.12 卫生部医政司血液管理处主任科员

1996.7-2006.5 卫生部医政司医疗管理处科员、副主任科员、主任科员

（其中 2001.9-2002.12 在澳大利亚新南威尔士大学学习，获卫生管理硕士）

1991.9-1996.6 在中国医科大学临床医学专业学习，获得相应专业学士学位

S-43

临床感染病例之凶险

刘正印
北京协和医院

刘正印，北京协和医院感染内科 博士，博士研究生导师

中华医学会感染性疾病分会委员 兼细菌真菌学组副组长

中国研究型医院学会感染性疾病循证与转化专业委员会副主任委员

中华医学会抗感染和临床微生物专家委员会委员；

中国医药教育协会感染疾病委员会理事

北京医学会感染病分会副主任委员；

北京医师协会感染病分会常务理事；

国家卫健委艾滋病临床专家工作组专家；

国家卫健委抗生素合理应用全国普及计划核心专家；

ISHAM 亚洲真菌工作组 成员

国家卫健委抗菌药物临床应用与细菌耐药评价专家委员会委员

《中华内科杂志》、《中华传染病杂志》、《中华临床感染病杂志》、《中国感染与控制杂志》、《中国感染化疗杂志》、《临床合理用药杂志》、《中国临床医生》、《中国医刊》、《中国真菌学杂志》、《临床肝胆病学杂志》等编委。

S-44

病原微生物组合检验技术应用与思考

鲁辛辛

首都医科大学附属北京同仁医院

鲁辛辛，首都医科大学检验学系副主任，教授，主任医师，博士生导师；首都医科大学附属北京同仁医院检验科主任。从事病原学诊断、研究及教育工作 35 年。担任多个学术团体委员或常委及多种杂志编委，主持 NSFC 面上课题 5 项、主持国家重大传染病专项 1 项，发论著百余篇。

微生物检验是采用综合分析手段，找出标本中致病微生物，为临床提供病原学证据及抗菌药物选择的学科。而致病微生物复杂、庞大、未知；检验方法繁多，如微生物学、生物学、化学、免疫学及物理学等技术；同时又是专业性极强，理论与检验技术发展十分迅速的学科；病原微生物流行病专家发挥决定作用，即这份标本中是否有病原微生物存在、什么样的病原微生物、如何选择治疗方案以及用药指导。

从目前发展的趋势看，病原微生物检验技术种类将越来越多，对学科建设和检验人员的素质要求也越来越高，而驾驭这些技术的专家是病原学诊断的主体，即微生物流行病学专家。每当我们遇到疑难病例时，常会将所能及的手段仔细滤过，诸如（1）感染标志物，如 CRP、PCT、IGRA、CD8/CD4…；（2）抗原、抗体检测，如军团菌 / 肺链尿抗原、TB 尿抗、CSF 隐球菌荚膜多糖抗原、呼吸道病毒 IgM/G、嗜肺军团菌分型 IgM…；（4）形态学；（5）特殊培养；（6）质谱鉴定；（7）核酸检测；（8）测序等，但是如此之多的技术如何选择才能快速锁定病原微生物呢？它考验微生物专家对临床路径、病原学诊断程序、方法学选择及结果解释等专业能力，同时暴露微生物实验室定位。

本讲通过临床实例，介绍微生物实验室如何通过组合技术应用及与临床医生共同讨论解决病原学诊断问题。

S-45

WHO 关注的耐药菌株的流行趋势

徐英春
北京协和医院

徐英春，研究员、教授、博士 / 博士后研究生导师

北京协和医学院检验科主任、北京协和医学院临床检验诊断学系主任、临床生物标本管理中心主任。北京市重点实验室主任。

科研方向：主要研究临床病原菌实验室诊断、耐药机制及其分子流行病学 。

主要学术兼职：

中央保健委员会会诊专家

国家卫计委抗菌药物临床应用与细菌耐药评价专家委员会委员兼办公室主任；、

国家卫计委全国细菌耐药监测网质量管理中心负责人；

中国医师协会检验医师分会常委

中华医学会检验分会委员

欧洲临床抗菌药物敏感实验委员会 华人抗菌药物敏感实验（ChiCAST）分委会主任委员

全球华人临床微生物感染病学会（GCACMID）理事长

世界华人医师协会世界华人检验與病理医师协会副会长

WHO 关注的耐药菌株，特别是碳青霉烯类耐药的鲍曼不动杆菌、铜绿假单胞菌及肠杆菌科菌、没有药物可用、严重威胁人类健康。根据目前报告细菌耐药的状况、预测至 2050 年，全球将每 3 秒钟因为耐药菌感染而夺走一个人的生命、耐药菌感染的病死率超过肿瘤的病死率，我国前卫生部、国家卫计委及今天的国家健康委高度重视抗菌药物应用及微生物耐药问题、2010 年至今出台一些类的管理文件，与 WHO 同步开展遏制细菌耐药的行动计划、细菌耐药的进程初步得以控制。

S-46

如何控制耐药菌株传播问题

刘　勇
中国医科大学附属盛京医院

刘勇，56 岁，中共党员，教授，现任中国医科大学检验系副主任，中国医科大学附属盛京医院医学检验中心主任。 刘勇教授致力于感染性疾病的流行病学调查和细菌耐药状况分析等方面的研究，主持完成了多项省部级课题，发表论文数十篇，培养研究生十余名。

对耐药菌进行监测，了解其发生和传播的状况是制定控制策略的起点和重要环节。包括对疑似感染患者在抗菌药物使用前送检标本，对高危人群定植状况进行主动筛查等。

控制耐药菌株的产生与传播，需要全社会的通力合作。首先从政策层面，应规范畜牧业抗菌药物使用的方式和品种，并严格杜绝人类对于抗菌药物的随意使用。控制医疗机构中耐药菌株的产生与传播，需要临床医生、微生物室工作人员和感控人员的通力合作。

医生应能了解现有耐药菌株的耐药机制，根据药敏试验结果，PK/PD 原则，结合细菌的耐药机制对抗菌药物使用的剂量、频次、给药方式进行科学的个性化的调整，避免采用容易筛选耐药菌产生的用药方式。微生物室工作人员应协助医生做好病原菌的分离和筛查工作，提供快速准确的药敏试验结果，定期发布多重耐药菌相关数据，进行耐药机制研究和同源性分析。医院感控人员应根据微生物室监测结果，及时督促医生对感染患者和定植者做好隔离。监督医生和护士在临床诊疗过程中规范诊疗行为。做好手卫生，阻止耐药菌株在医院内的播散。

S-47

分子诊断引领检验亚学科发展

李　艳

武汉大学人民医院

李艳，现任武汉大学人民医院检验科主任。兼任中国医师协会检验医师分会常委，中国医院协会临床检验管理专业委员会常委，中华医学会检验分会委员，中国老年保健医学研究会检验医学分会副主任委员，湖北省医学会检验分会主任委员，教育部高等学校医学技术类教学指导委员会委员，《微循环学杂志》主编，《中华检验医学杂志》副总编，2013 年被评为“湖北省医学领军人才”。

从事临床检验工作 30 余年，在个体化医疗与分子诊断等方面的研究与临床应用上取得一定的进展。在国内外重要刊物上以第一作者（或通讯作者）发表相关论文 300 余篇，其中中华牌期刊 49 篇，SCI 收录 46 篇。

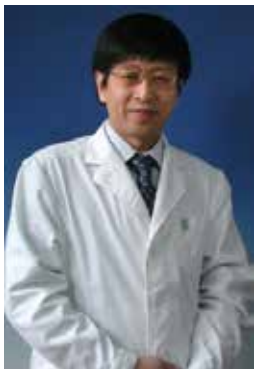
临床分子诊断技术作为检验医学中最为前沿的专业，如何建立和发展分子诊断亚学科，如何组合分子生物学检测技术平台，如何将分子诊断技术融合到临床化学、临床免疫学等其他亚学科中促进共同发展，是决定学科发展的重要促进因素。

本学科首先组建了检验医师和技师队伍，通过检验医师阅读疾病诊疗指南，分析临床路径，构建了定性 / 定量 PCR、sanger 测序、高通量测序、基因芯片、质谱等分子诊断技术平台，开展了如肿瘤个体化医疗、疾病风险评估、感染性疾病个体化治疗、基因多态性与个体化用药、遗传病分子诊断等检测项目。本次主要通过案例的形式分享分子诊断亚学科的发展和分子诊断技术在促进其他亚学科发展中的经验与教训。

S-48

结直肠癌早期筛查和术后残留的分子检测的研究与临床应用进展

徐国兵
北京大学肿瘤医院



徐国兵，1984 年毕业于上海医科大学，1996 年于北京大学医学部研究生院在职攻读临床检验诊断学硕士学位。现任北京大学肿瘤医院暨北京市肿瘤防治研究所研究员、博导，检验科主任、GCP 一期实验室代理主任、分子诊断中心副主任、病理与医学检验教研室副主任。兼任北京大学医学部研究生培养与学位建设专家组成员、检验医学学系副主任，北京医学会检验分会副主任委员兼临床化学组组长、中国医院协会临床实验室管理委员会委员、中国分析测试协会标记与免疫分析专委会副主委、中华检验医学杂志顾问、医学参考报检验医学频道副主编、中华医学会检验分会委员。主要从事液体活检临床应用研究工作。

我国结直肠癌发病率位列第 3，病死率第 5，发病率上升快，发病年龄逐渐年轻化。我国首诊患者仅 8.7% 为 I 期肿瘤，美国为 39%。早期发现并切除癌前腺瘤可以预防癌症。传统结直肠癌实验室筛查有粪便潜血愈创木脂化学检测（gFOBT）和高敏粪便免疫化学检测（FIT）两种方法，其筛查的敏感性只有 30–65%，假阳性高达 20% 以上，对癌前腺瘤（≥ 1cm) 筛查的阳性率更低，可改进空间不大。肠镜筛查准确，但具有侵入性，需要肠道准备，右侧肠道肿瘤也有遗漏，依从性差。近些年来基因甲基化检测在结直肠癌筛查中的研究和应用有着喜人的进展。2018 年 5 月美国肿瘤学会发布了结直肠癌筛查指南，指南对于一般风险人群开始结直肠癌筛查的年龄、各种筛查方法（包括粪便隐血、肠镜、分子标志物）的筛查频率都做了明确的推荐。基线和术后检测 CEA 对于Ⅱ期和局部进展的结直肠癌患者的预后具有一定价值。结直肠癌患者术后行二代深度测序检测循环血相关基因突变较蛋白质标志物 CEA 水平可以更加有效的筛出预后不良但经辅助治疗后部分获益的患者。本主题将介绍结直肠癌早期筛查和术后残留的分子检测的研究与临床应用进展。

S-49

外周血循环肿瘤细胞检测技术

刘　毅
解放军 307 医院

刘毅，博士，副研究员，硕士研究生导师，解放军 307 医院，全军肿瘤中心，肿瘤学研究室工作，负责科室的肿瘤分子诊断项目，目前担任 CSCO 中国肿瘤驱动基因分析联盟（CAGC）执行委员会常委，中国医药教育协会乳腺癌专业委员会常员，北京医学奖励基金会肺癌医学青年专家委员会常委兼病理学组副组长，北京医学会乳腺疾病委员

会青年常委，中华医学会病理学分会分子病理学组委员，中国抗癌协会肿瘤标志物委员会青年委员。

主要从事肿瘤分子诊断的转化医学研究，尤其侧重于外周血中与肿瘤个体化治疗相关标记物的探索，近5年来建立并开展了10余项新技术新业务，多次在全国范围内作相关经验交流和学术报告，促进了相关技术的推广和普及；目前共计发表SCI文章10余篇，累计影响因子60余分，其中第一作者或通讯作者10篇，累计影响因子近40分，累计引用70余次；参编专著3部，译著3部；获得国家科技发明专利1项；承担或参加国家、北京市自然科学基金，首都临床特色应用研究、首都医学发展基金等多项课题。

发明专利：

1、国家科技发明专利：术中辅助鉴定前哨淋巴结是否发生乳腺癌细胞转移的引物组及其应用，专利号ZL2013 1 0412299.7，第一发明人

远处转移是导致癌症患者死亡的主要原因，而循环肿瘤细胞（CTC）则是这个过程的关键步骤。CTC的出现及其数量，一方面代表了原发肿瘤浸润进入血管的能力，另一方面代表了在远端器官形成转移灶的可能性。因此，在患者中检测并计数CTC会具有重要的预后价值。此外，CTC还是“液体活检”的重要组成部分，能够弥补难以动态获取肿瘤组织的不足，通过对其进行分子分型和功能分型，不仅可以提供指导患者精准治疗的实时信息，还将有助于深入了解肿瘤转移的内在机制，为未来特异性的药物研发或者预防/抑制策略的制定提供重要依据。

S-50

液体活检的高灵敏度检测新技术策略

葛东亮
南方科技大学

葛东亮，博士是南方科技大学教授，创新创业学院助理院长，国家科技部精准医学计划评审专家。

2012年入选为中国国家青年千人计划专家，主攻方向为精准医疗、基因组学大数据及其临床应用。截至目前，他共发表学术论文70余篇，被引用17000余次，其中在英国Nature发表5篇，在美国Science杂志发表1篇，Nature子刊若干篇。他于2009年首次在英国Nature发表人类IL28B DNA变异与丙型肝炎临床治疗效果有显著关联，单篇文献被引用3700余次，并被成功开发为精准医疗临床应用，在美国临床诊断应用。葛博士此前曾担任美国杜克大学医学院助理教授，美国国立卫生研究院NIH项目评审委员会委员，中国先声药业百家汇及先声诊断有限公司总裁，世界500强企业美国吉利德科学公司（Gilead Sciences）研发部门任总监。葛博士1999年毕业于上海医科大学预防医学专业；2004年毕业于中国协和医科大学及中国医学科学院，取得博士学位；2005年赴美于佐治亚医学院、美国杜克大学接受博士后训练。

葛博士于2009年被美国基因组科技杂志命名为“科技新星”；2015年被英国Phacilitate机构命名为“全球对生物医药大数据最具影响力50人”。葛博士创立的美国Apostle公司入选为2018年北美生物医药新锐20

强榜单，也是唯一一家上榜的华人主导的基因组学生物科技新锐企业。

液态活检技术是一种检测人类体液，包括血液、尿液、脑脊液等中的游离核酸，以实现疾病的筛查、诊断、监测和预后等的技术。液态活检技术可以成为临床的有效工具，但必须对其进行准确灵敏的检测。液态活检的技术发展，也是精准医学中的重要应用课题。当肿瘤 DNA 被释放到血浆时，其浓度很低（通常低于每 10ml 血中 100 纳克）。因此，在这一领域，目前国际科研及临床学界遇到了一个挑战：目前已有的“液态活检”策略，对存在于外周血血浆中的极低浓度肿瘤 DNA 进行检测时，无法提供早期诊断所需的准确度（统计学上包括：sensitivity, specificity, NPV, PPV）。由于高通量测序等技术方法有本身无法避免的误差（~0.1–0.3%），造就了技术难于逾越的障碍。同时，癌症是一种遗传学上高度异质性的疾病。这些技术挑战，亟待解决。

我们旨在探讨一种高灵敏度检测新技术策略，具体可以分为三个技术层面：（1）新型的化学和生物化学材料和方法，以实现体液中微量遗传物质的高效率富集、保存、抽提、靶向操作。（2）肿瘤大数据平台和人工智能机器学习技术，帮助高效地从高质量肿瘤基因组大数据进行深度机器学习，从而帮助解决肿瘤基因组高度异质性的问题。（3）上述技术的有机融合。通过研究这些新型的技术方法和策略，有望根本上解决液体活检在临床应用中的一些关键挑战，从而提高液体活检的临床可用性，提高临床精准诊疗水平。

S-51

基因测序技术在遗传性肿瘤中的应用

于世辉

西雅图儿童医院

于世辉，博士，MD & PhD，FACMG，西雅图儿童医院临床基因及基因组诊断实验室主任，华盛顿大学医学院检验医学系教授，哈尔滨医科大学特聘教授及博士生导师，金域检验首席科学家兼基因组中心医学总监。于世辉博士在哈尔滨医科大学先后获得医学学士学位（1985），医学遗传学硕士学位（1988），及医学遗传学博士学位（1993，与中国科学院上海生化所联合培养）。于 1994 年被哈尔滨医科大学破格提升为副教授。1994–1996 年在日本滨松医科大学从事生化遗传学及分子遗传学博士后研究；1996 年至今先后就职于明尼苏达大学医学院，Mayo Clinic，迈阿密大学医学院，堪萨斯儿童医院，及华盛顿大学医学院和西亚图儿童医院，从事人类基因及基因组病和肿瘤标记物的研究和临床诊断。于 2004 年在迈阿密大学医学院建立了当时世界上仅有的 5 个基因芯片临床诊断实验室之一；于 2007 年在堪萨斯儿童医院最早将全基因组高分辨芯片扫描平台应用于临床；于 2008 年首次系统的将瞬时 PCR 方法应用于基因芯片检测结果的验证；开发了多种基于下代 DNA 测序技术为核心的临床检测项目；在世界上首先鉴定了多种基因病及基因组疾病（如 :15q13.3 homozygousmdeletion syndrome, 12p13.3 deletion disorder, 16p13.3 duplicationmdisorder 等）；发表了 70 多篇为第一作者或通讯作者的论文；参加编写多部专著。

遗传性肿瘤约占所有肿瘤的 5–10%，导致其发生的因素是肿瘤风险基因的胚系致病突变。通过基因检测明确这类肿瘤患者和家族成员，无论是对患者的治疗还是对携带者的监测、预防甚至优生优育都具有重要意义。目前已知有 50 多个基因与遗传性肿瘤高风险相关，并且有更多的肿瘤风险基因被认识。下代测序（NGS）技术以其“多、快、好、省”的优势（较传统技术如 Sanger，更多的基因、更快的 TAT、更全面的变异类型、更低的测序成本），在遗传性肿瘤临床检测中的应用越来越广。截止至 2017 年底，金域遗传性肿瘤基因检测样本约 2000 例，其中 NGS 多基因检测的占比高达 70%。NGS 提高了遗传性肿瘤的检出率，并且拓展了我们对风险基因相关的肿瘤表型的认识，但同时也带来了挑战：如不同 NGS 检测的选择；意义不明变异（VUS）的增多；特殊基因或特殊变异的检测技术问题；新鉴定的肿瘤风险基因尚缺乏临床管理指南等。未来随着技术的发展、研究数据的累积以及信息的共享，遗传性肿瘤基因检测可能得到更广泛的应用。

S-52

Next Generation Clinical and Translational Mass Spectrometry Applications enabling Personalized/Precision Medicine for Cancer and Pain Management/Addiction Pharmacometabolomics.

Steven Wong

Wake Forest University School of Medicine, Winston-Salem, NC, USA

Steven H. Wong, Ph.D., DABCC (TC), FACB, is Professor of Pathology with tenure, Director of Clinical Chemistry and Toxicology/Core Laboratory, Department of Pathology, Wake Forest School of Medicine. He is Co-Director of Clinical and Translational Mass Spectrometry Center. Dr. Wong s current scientific and clinical interests encompass clinical and translational applications of omics biomarkers for enabling personalized medicine and personalized justice: pharmacogenomics, proteomics, metabolomics, and mass spectrometry for clinical chemistry., TDM with emphasis on immunosuppressant and pain management therapy with adjunct pharmacogenomics and metabolomics., and oral fluid proteome and metabolome for clinical and forensic toxicology/workplace testing. In addition to over 125 publications and 157 abstracts, he edited/co-edited four books including Pharmacogenomics and Proteomics: Enabling the Practice of Personalized Medicine. Prior to joining Wake Forest, Dr. Wong was a Professor of Pathology, Director/Co-Director, Clinical Chemistry/Toxicology, TDM, Pharmacogenomics and Proteomics, Department of Pathology, Medical College of Wisconsin. He also served as the Toxicology Scientific Director at the Milwaukee County Medical Examiner s Office. He was an Associate Professor, and Director, Drug Analysis Division of the Department of Laboratory Medicine, University of Connecticut School of Medicine., and Associate Professor of Pathology and Associate Director of Clinical Chemistry, Johns Hopkins University School of Medicine. An active American Association for Clinical Chemistry (AACC) member since 1980, Dr. Wong was the 2014 AACC President. He is a member of NACB, and of four divisions: TDM-CT (Founding Chair), Proteomics (Past Chair), Molecular Pathology (Past Chair), and Mass Spectrometry and Separation Science (Founding

member). Outside AACC, Dr. Wong is a member of the Drug Testing Advisory Board of Substance Abuse and Mental Health Services Administration/DHHS, and a member of the Antibody Committee of the National Cancer Institute/NIH, and the newly established Foundation of NIH - Cancer Steering Committee/Biomarkers Consortium Working Group on Proteomic Assay Harmonization. In 2016, as part of the NCI Cancer Moonshot, he was appointed as a member of the Applied Proteogenomics Organizational Learning and Outcomes Network (APOLLO)/Technology Working Group. In 2017, he was appointed to the Pain Committee of Wake Forest School of Medicine. He was a reviewer for NIH Glue grants. He served on the American Board of Clinical Chemistry. He received the Young Investigator s Award from the Association of Clinical Scientists., Seligson/Golden and the Samuel Natelson Awards of AACC., and the FDA–CDRH Certificate of Appreciation from the FDA/Stakeholder TDM Review Development Team. He was the founding President of the International Association for TDM and Clinical Toxicology. He is an editorial board member for Clinical Mass Spectrometry, Pharmacogenomics, Therapeutic Drug Monitoring, Annuals of Clinical & Laboratory Science, and a past board member for Clinical Chemistry and Laboratory Medicine and Journal of Analytical Toxicology.

Innovations of mass spectrometry have enhanced molecular analysis for Personalized/Precision Medicine. Automated liquid chromatograph and mass spectrometry had been recently developed and the clinical applications are pending on governmental regulatory approvals. Other developments would include extractions with antibodies, commercially available reagent kits and others. This presentation would focus on three areas – preanalytical considerations, cancer pharmacometabolomics and pain management/addiction pharmacometabolomics. Similar to a previous publication for proteomics, a recent White Paper on metabolomics reviewed the sample processing and biobanking with some standardization recommendations. With the recent Cancer Moonshot initiative, LCMSMS would be able to provide proteomics and metabolomics analysis. Our clinical laboratory recently developed and validated a LCMSMS pharmacometabolomic test for paclitaxel. Other major current and developing opportunities include pain management and opioid epidermic testings. While laboratory testing for compliance for pain management has been on-going, opioid addiction is being addressed with federal support and might represent a new opportunity and challenges for the clinical laboratory. One new area is the umbilical cord tissue drug screening. This is being increasingly used as part of new born testing. The above clinical and translational applications amply demonstrate the advent of Next Generation Clinical Mass Spectrometry applications.

S-53

Practical Strategies to Establish and Maintain High Quality Clinical Mass Spectrometry Services for Clinical Diagnosis

Y. Victoria Zhang

University of Rochester Medical Center

Dr. Victoria Zhang is the Vice Chair and Associate Professor for Pathology and Laboratory Medicine at the University of Rochester Medical Center. She also serves as the Medical Director of Ambulatory Services, Director of the Clinical Mass Spectrometry and Toxicology Laboratory, and Associate Director of the Clinical Chemistry and Hematology Lab at URMC.

Dr. Zhang earned her PhD in Biochemistry and Bioinformatics from the University of Minnesota after she studies for her bachelor degree from the Shandong University and Master Degree in Biochemistry Engineering at the Chinese Academy of Sciences and Tsinghua University. She pursued her Fellowship training in Clinical Chemistry at the Harvard Medical School.

Dr. Zhang has been taken on multiple national and internal leadership functions and global initiatives functions in area of Clinical Chemistry and Clinical Mass Spectrometry. She was the Founding Chair of the AACC (American Association of Clinical Chemistry) Mass Spectrometry and Separation Sciences Division (MSSS). She was the President and on the Executive Board of the North American Chinese Clinical Chemists Association, the Chair and Executive Committee of the AACC Upstate New York Local Section. She is now leading the AACC Global Lab Quality Initiatives for the Asian Pacific Region and functioned as the founding Faculty Chair. Her research interests include clinical chemistry, toxicology, applications of mass spectrometry in clinical diagnostics, transitioning research and test utilization. She has published over 50 peer-reviewed articles and book chapters, more than 15 other journal publication, over 90 podium presentations including more than 50 national and international invited presentations, and over a dozen media reports and interviews. Dr. Zhang has been on organizing committee for over 40 standalone conferences and international and national symposia, workshops and short courses. She is on several the Editorial Boards in the field of clinical chemistry and laboratory medicine.

Mass spectrometry is a very powerful platform in the clinical diagnostic field. The increasing application of mass spectrometry in clinical analysis, such as drug of confirmation, hormones, steroids, and peptide measurement, have brought a tremendous amount of excitement in the field of clinical chemistry and clinical diagnostics.

While there are significant developments in this area, there are some challenges in building sustainable programs from the beginning. It is not an easy undertaking to establish a clinical mass spectrometry platform in the lab, particularly a lab that delivers high quality results and sustainable structure. This presentation will provide some insights into the strategic plans to establishing and maintain a high quality clinical mass spectrometry services. The insights are based on

the experiences in the United States, as well as various workshops and trainings that I have participated nationally and internationally, as well as the discussions with the FDA and regulatory bodies that are related to the laboratory developed tests.

The presentation will mainly cover three areas: fundamental considerations to set up the lab, the personnel training and developing sustainable quality and competency programs in the lab for long-term growth.

S-54

Quality Control and Results Harmonization of Mass Spectrometry

Yusheng Zhu

Pennsylvania State University Hershey Medical Center

Dr. Zhu is Professor of Pathology and Pharmacology and Medical Director of Clinical Chemistry /Automated Testing Laboratory, Co-Director of Pathology Core Reference Laboratory, Director of Postdoctoral Clinical Chemistry Training Program, and Chair of Laboratory Utilization Committee at the Pennsylvania State University Hershey Medical Center. He is board certified by the American Board of Clinical Chemistry (ABCC) in Clinical Chemistry, Toxicological Chemistry, and Molecular Diagnostics and a Fellow of the AACC Academy (formerly NACB) since 2007. He served as the President of the North American Chinese Clinical Chemists Association (2012), President of the Commission on Accreditation in Clinical Chemistry (ComACC), Chair of American Association for Clinical Chemistry (AACC) Southeast Section in 2015, Chair of Clinical Translational Science Division (2015-2016), and Secretary of Proteomics & Metabolomics Division (2013-2015) of AACC. Currently, he is the Vice Present of ABCC, Member of AACC Academy Council, and Chair-Elect of Mass Spectrometry & Separation Science Division. Yusheng is on the Editorial Boards of three medical journals and an invited reviewer of seven international medical journals. He has given many presentations at national and international conferences. He is interested in clinical and translational research in clinical chemistry, toxicology, hemoglobinopathy, pharmacogenetics, proteomics, and clinical application of mass spectrometry. He has over 100 publications including peer-reviewed papers, editorials, book chapters, and abstracts. He has received 34 awards from AACC, NACB, and other organizations.

This presentation will discuss the requirement of quality control (QC) and process of results harmonization in clinical mass spectrometry. Quality control includes intra- and inter-laboratory assessments. General intra-laboratory QC rules are applicable to assays of mass spectrometry, however, there are additional unique requirements for mass spectrometry. Primary considerations of mass spectrometry QC include matrix effect and stability of QC materials. QC materials for mass spectrometric assays should resemble the patient sample matrix as closely as possible. Clinical laboratories should validate storage conditions, concentrations, magnitude of changes over time, and limit of freeze-thaw

cycles of QC material based on criteria of acceptability. Compared to other clinical laboratory assays, mass spectrometry requires more core concentrations as well as more frequent QC testing. In addition to regular QC samples, mass spectrometry assays need other quality assurance samples such as system suitability, double blank, and blank samples. Regarding inter-laboratory QC, the College of American Pathologists accuracy based proficiency testing program and other external quality assessment programs will be introduced. In order to harmonize the results of mass spectrometry assays, CDC has developed several method standardization programs. In this presentation, the CDC Vitamin D Standardization Program (VDSP) and Hormone Standardization Program (HoSt) will be discussed.

S-55

MALDI-TOF-MS 在临床微生物学的应用与思考

黄艳飞
首都医科大学附属北京同仁医院

黄艳飞，硕士，副主任检验师。首都医科大学附属北京同仁医院检验科微生物室技术主管，首都医科大学实验诊断学系《临床微生物学检验》教学秘书，中国临床微生物学会青年委员，中国合格评定国家认可委员会技术评审员，北京医学检验学会医学实验室与诊断产品质量管理专业委员会委员。在国内外期刊上发表 SCI、中华及核心期刊论著 20 余篇，完成 863 子课题一项和同仁医院青年基金课题一项，承担传染病重大专项子课题一项，参与多项国自然、首发基金项目课题研究。获国家技术发明专利 1 项，参编书籍 3 部。

基质辅助激光解析电离飞行时间质谱（MALDI-TOF-MS）作为近十年来快速发展的技术，其在临床微生物的常规细菌鉴定、无菌体液及血培养的快速鉴定、分枝杆菌、奴卡菌、厌氧菌、放线菌等临床不常见菌的鉴定、丝状真菌的鉴定、细菌耐药性监测、同源性分析等方面尤其突出。以其快速、简单、高通量、准确、低成本和鉴定范围广等优势完胜传统的细菌培养鉴定技术和分子生物学技术。其在蛋白质组学、代谢组学、分子病理成像、生物标志物、药物作用机理、蛋白表征等方面也有了一定的研究进展。但近缘菌株的鉴定、蛋白提取技术的规范化及标准化、开放数据库的自建、仪器的维护及保养、质量控制等问题也有待进一步规范及探讨。

S-56

质谱技术检测 20 种类固醇激素的临床应用

郭　玮
复旦大学附属中山医院

郭玮，复旦大学附属中山医院检验科主任，博士、博士生导师。

中华医学会检验医学分会第十届委员会常务委员、中国医师协会检验医师分会委员、上海市医学会检验医学分会第十届委员会委员及质谱学组组长、上海市抗癌协会检验医学专业委员会副主任委员、《中华检验医学杂志》等多本杂志编委。

近年来主持国家自然科学基金、癌变与侵袭原理教育部重点实验室开放课题基金、上海市科委基金多项；参与完成“十二五”国家科技支撑计划子课题、卫生部医政司课题、国家自然科学基金、国家科技重大专项课题多项，曾获上海市医学科技奖二等奖，国家技术发明专利两项。在国内外统计源期刊发表论文 70 余篇，以第一作者或通讯作者在 Clinical Cancer Research、BMC Cancer、Clinica Chimica Acta、CCLM、Hepatology Research 等杂志上发表多篇液体活检及肿瘤标志物临床应用相关研究论著。主编、参编专业专著 7 部。

LC–MS/MS 技术在小分子多肽类激素检测的应用中具有高度灵敏、高度特异、抗干扰、多目标分析物同步检测等独特的优势，是目前临床微量激素检测的最佳手段。随着技术的不断发展与管理模式的日趋完善，LC–MS/MS 将成为未来临床激素检测的重要应用趋势。

复旦大学附属中山医院检验科于国内较早开始采用 LC–MS/MS 技术服务临床检测，结合临床各科室在高血压病、肾上腺疾病、生殖系统疾病等常见疾病诊疗中的实际需求，利用 LC–MS/MS 小分子激素检测技术平台开发了醛固酮及性激素等 20 项类固醇激素、间甲肾上腺素类激素、肾素等激素项目检测方法，服务临床开展检测已逾万例。LC–MS/MS 技术在激素检测中的应用较传统免疫方法显著提升了结果的准确度，填补了既往重要的检测项目空缺，有效协助临床提升了相关疾病的诊疗水平。

S-57

新肿瘤标记物 SP70 的研究及临床应用

潘世扬
江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）

潘世扬，教授、研究员、主任医师和博士生导师。江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）检验学部主任，医学检验系主任。中华医学会检验医学分会副主任委员，中国医师协会检验医师分会常务理事，江苏省医学会检验分会前任主任委员。

主要从事临床重大疾病诊断与治疗的分子标志物研究，新发现并命名了具有肿瘤诊

断与治疗双功能分子标志物 SP70，首次建立了系列检测诊断技术。基于新肿瘤标志物 SP70 液体活检技术，已在国内外开展转化与应用；同时，牵头一项注册国际多中心临床研究。主持 10 多项省级以上课题，主编国家十二五重点专著《临床分子诊断学》，获得美国、澳大利亚及中国发明专利共计 10 项，发表 SCI 收录研究论文 50 余篇。

肿瘤标志物在肿瘤发生发展过程中特异性存在，并且其量的变化与病情严重程度及转归等密切相关。核心肿瘤标志物可能是疾病发生与发展的重要因素。

对于临床肿瘤等重大疾病核心标志物的研究始终是基础医学、临床医学和检验医学研究的核心。由于肿瘤等绝大多数复杂性疾病存在多病因多阶段的过程，机制复杂；虽然到目前为止，已经发现了许多具有重大临床诊断价值的标志物分子，但是已发现的肿瘤标志物多半与肿瘤的关联度不高，对于临床肿瘤精准医疗的帮助仍然不明显。

肿瘤标志物发现与转化应用又是一个漫长的过程，通常需要经历数十年！在此过程中，需要包括各种现代实验技术手段和大量的临床资源，因此非一个单位所能够独立完成。新肿瘤标志物 70 蛋白（SP70）的发现及转化应用是国内外合作的重要成果之一，可为未来包括非小细胞肺癌等肿瘤的临床诊治提供重要的帮助，并推动包括肿瘤液体活检在内等新技术的进展。

S-58

肿瘤精准诊断技术研究及临床治疗应用

席建忠
北京大学生物医学工程系

席建忠，北京大学教授，博士生导师。国家杰出青年基金获得者。1996 年毕业于北京理工大学化工与材料学院，2000 年在清华大学生物系获得细胞与分子生物学硕士，2004 年在加州大学洛杉矶分校获得生物医学工程专业博士学位。2005 年，加入北京大学工学院生物医学工程系。目前担任中国医师协会临床精准医疗专业委员、中国化学会化学生物学专业委员会委员、国际材料学会 (Material Research Society) 和国际生物物理学会 (Biophysics Society) 会员、中国医药生物技术协会生物芯片分会常务委员、中国生物医学工程学会生物医学测量分会委员等职务。

席建忠教授在化学、生物、微电子加工等多个领域，有良好的海内外教育与工作经历，是前沿交叉研究领域难得的领军人才。主持或承担过国家级课题 15 项。主要从事功能组学技术的研发，在新药靶点、活性分子筛选、药效评估动物模型等方面，取得了突出成绩，在 Nature, Nature Biotechnology, Nature Cell Biology, Nature Communication, PNAS, Angew. Chem. Int. Ed., 等专业杂志，发表 50 余篇高水平学术论文，申报 6 项国家发明专利，其中 2 项授权。在成果应用转化方面，取得良好的进展，已经为赛诺菲、雅诗兰黛等国际知名企业和清华、北大、中科院、医院等上百家科研单位提供有力的技术支持。

近五年来，基因编辑技术得到了长足的发展。特别是，从 2013 年 CRISPR/Cas 技术首次在哺乳动物细胞中实现靶向基因敲除以来，该技术在生命科学、临床医学、农业育种等各方面均取得了重大进展。CRISPR/Cas 体系是细菌、古细菌等在抵御病毒过程中，进化获得的一系列适应性免疫机制。尽管在短短的五年时间内，CRISPR/Cas9 技术取得了极大进步，但是，本身还存在脱靶效应、靶向递送等诸多不足之处。在本报告中，汇报人将从以下三个方面对该领域近年来的进展进行介绍：（一）CRISPR 等功能组学技术的研究进展；（二）功能组学技术在精准医学检测等方面的应用；（三）自组装细胞芯片技术。

S-59

三种神经遗传变性病关键基因变异的筛选及初步临床应用

王培昌
首都医科大学宣武医院

王培昌，博士、博士后。现为首都医科大学宣武医院检验科主任、主任检验师、教授、临床检验诊断学博士研究生导师。兼任中华医学会检验医学分会常委、中国医师协会检验医师分会常委、北京医学会检验医学分会副主任委员等学术职务，任《检验医学》副主编，《中华检验医学杂志》、《临床检验杂志》、《国际检验医学杂志》等杂志编委或常务编委。先后入选了北京市医管局“登峰”计划、北京市卫生系统十百千人才培养计划、北京市优秀人才培养计划等，同时担任了首都医科大学第一临床学院学位委员会委员及学术委员会委员。

王培昌教授主要从事复制性衰老及老年病生物标志物筛选及分子机制研究，神经系统疾病诊断技术研究，先后主持国家自然科学基金 5 项、首都特色重点项目、北京市自然科学基金、教育部博士点基金等 15 项基金资助课题的研究，在国内外学术期刊发表研究论文 150 余篇，SCI 收录论文 25 篇，其在复制性衰老、AD 分子机制领域的研究成果引起国际国内同行的广泛关注；主编、主译、副主编著作 6 部，参编著作 10 部，获北京市科学技术奖一等奖 1 次，等。

阿尔茨海默病（Alzheimer disease, AD）、家族性帕金森病（Parkinson s disease，PD）、伴有皮质下梗死和白质脑病的常染色体显性遗传脑动脉病（cerebral autosomal dominant arteriopathy with subcortical infarcts and leuko-encephalopathy，CADASIL）、脊髓小脑性共济失调（Spinocerebellar ataxia，SCA）、强制性肌营养不良（myotonic dystrophy，DM）等疾病的发生、发展均与遗传变异存在密切关系，目前，其诊断多以临床表现为主要依据，多缺少特异性诊断标志物，部分疾病已有的标志物又缺乏临床适用性。

首都医科大学宣武医院检验科从上述 5 种疾病已发现的遗传变异检索入手，通过遗传变异谱建立、遗传度高且特异的变异富集，进而建立了多重 PCR+sanger 测序法，通过临床验证，筛选了上述 5 种疾病的诊断变异位点，并将上述检测体系引入临床常规检验诊断，从而提高了上述 5 疾病的诊断率，得到了临床的较高评价。

S-60

儿童罕见病基因标记的筛选及临床应用

黄　昱
北京大学医学部医学遗传学系

黄昱，男，讲师，博士学历，1974 年 11 月出生。1992 至 1999 年在原华西医科大学药学院获得药学本科和生化和分子生物学硕士学位。2005 年 7 月北京大学医学部基础医学院生物化学和分子生物学专业博士毕业后留校工作至今，其间于 2006 年赴美国纽约 New York State Institute for Basic Research in Developmental Disabilities 研究所，作为访问学者学习和研究溶酶体贮积症等遗传代谢病的诊断和治疗技术。现任北京大学医学部基础医学院医学遗传学系讲师，行政副主任，生化遗传实验室负责人。主要研究方向是生化和分子遗传学，细胞衰老分子机制。曾主持国家自然基金青年基金一项“HG 早衰综合症致病基因 –Lamin A 基因的调控研究”(2009–2011)项目，面上项目一项“细胞衰老过程中 B–myb 的作用及其调控机理的研究”(2013–2016)。

北京市医学会医学遗传分会委员，北京市医学会罕见病分会委员，中国溶酶体贮积病研究协作组成员，《中国罕见病》杂志编委，Rett 病友会，Dravet 病友会，Gaucher 病友会，肯尼迪病友会，尼曼匹克病友会，Pompe 病友会等多个罕见病组织的发起人或医学顾问，重症肌无力协会监事。

随着传染性疾病得到有效控制，目前遗传物质的改变成为儿童神经系统疾病的主要因素。针对遗传性疾病的检测主要包括三大类技术：细胞遗传学技术 (检测染色体数目和结构)，生化遗传学技术 (检测蛋白质及其代谢产物)，分子遗传学技术 (检测 DNA 或 RNA 序列)。对包含神经系统异常的多系统障碍病例，G 显带核型分析技术和 SNP array 技术已成为对染色体数目和大片段结构异常的常规检测和筛查技术。针对代谢障碍导致的神经系统异常，使用串联质谱检测有机酸和氨基酸代谢物变化，筛查和确诊遗传代谢病，已经从儿科扩展到新生儿筛查。DNA 序列改变 (基因突变) 检测已经历了从 PCR, Sanger 测序，二代测序，三代测序等发展阶段，针对不同的基因突变类型：点突变，动态突变，片段缺失 / 重复突变，应选择不同的检测方法；针对不同的临床表型特征：综合征型，非综合征型，应选择不同的检测策略。在对单个基因的变异 / 突变类型和频率与其致病性等方面仍需要更多研究和数据积累，才能更好建立遗传物质改变与临床疾病诊断和预后间的关系。

S-61

氧化脂蛋白及 microRNA 在动脉粥样硬化疾病中的临床价值和转化前景

汪俊军

东部战区总医院（南京军区总医院）

汪俊军，南京总医院国家临床重点专科、全军临床检验医学研究所检验科主任，教授，博士生导师。现任“中国中西医结合学会检验专业委员会”、“中国生物化学与分子生物学会脂质与脂蛋白专业委员会”常委，“中华医学会检验分会临床生物化学专业组”副组长，“中国人民解放军生物化学专业委员会”及“江苏省医学检验分会”副主任委员等。主要从事脂蛋白与动脉粥样硬化发病机理的基础和临床研究，以第一作者（或通讯作者）发表论文 160 多篇，其中 SCI 论文 40 多篇；以第一完成人获省部级科技进步一、二等奖 5 项。

动脉粥样硬化（As）性心脑血管疾病患者发生急性冠脉和脑卒中事件具有突发性，致死率高。传统检测指标均无法早期预警、有效监控疗效，亟需寻找新型生物标志物。

氧化脂蛋白 (a)[ox-Lp(a)] 具致高效 As 作用，循环微小核糖核酸（miRNA）是潜在生物标志物；但 ox-Lp(a) 和 miRNA 对 As 诊断和病情监控的临床价值及其参与 As 机制尚不明确。课题组分析了冠心病等患者 ox-Lp(a)、复合物及循环 miRNA 水平，探讨了氧化脂蛋白及相关 miRNA 与 As 的关系。我们成功建立了 ox-Lp(a) 及其复合物系列检测方法；发现高 ox-Lp(a) 及其复合物是 As 性疾病强危险因素，可来源于 As 斑块破裂释放，与 As 程度及发生、发展相关，对 As 疾病早期监测、病情监控价值较传统指标更灵敏、特异；发现脂代谢异常相关 miRNA 可作为 As 性疾病危险分层新指标，有助于评估脑卒中的神经损伤程度以及短暂性脑缺血后的卒中风险；发现脂代谢异常刺激单核细胞等分泌的 miRNA 可进入内皮细胞并诱导细胞迁移和凋亡，从 miRNA 角度阐明氧化脂蛋白致 As 机制。

该系列研究发表论文 98 篇，其中 SCI 收录 44 篇，成果编入《Coronary Artery Disease – New Insights and Novel Approaches》、《全国临检操作规程（第四版）》和《临床分子诊断学》等多部书籍；制定了国家卫生行业标准“血清脂蛋白（a）的测定”；研发的试剂被多家医院应用，已通过多种途径转化。

S-62

Advancements in Clinical Flow Cytometry

Guang Fan

Oregon Health & Science University, USA

Graduated from Medical School Beijing University in1989, received PhD, and completed pathology trainings in University of Cincinnati and Indiana University, joined department of pathology as director of hematology Laboratory, Oregon Health & Science University, Portland, Oregon, USA in 2001. Became director of Hematopathology Fellowship program and director of Clinical Flow Cytometry Laboratory. She is editorial board member of Human Pathology for more than 10 years and journal reviewer for numerous journals. She received several research grants from NIH/NCI and other funding agents for studies related to Leukemia / Lymphoma pathogenesis and diagnosis; and published more than 50 research articles. She is also a grant reviewer for multiple NCI/NIH programs. Currently, she plays multiple leadership rules in CAP; including Oregon state commissioner, CAP Northwest Regional Commissioner (responsible for more than 300 laboratories accreditation of 9 states in US and Canada). In 2012, she was appointed to be the member of CAP Accreditation Education Committee, then Vice Chair; then became the member of CAP Accreditation Complaints Investigation Committee. She is the committee member of World Association of Chinese Doctors and involved in education & research activities in China, US, and several other countries.

Flow cytometry is a powerful tool with the capacity of analyzing thousands of single cells within seconds, while obtaining multiple cellular parameters that yield important diagnostic information. Flow cytometry is one of the most important and commonly used clinical diagnostic tests for various hematologic malignancies (leukemia and lymphoma diagnosis and minimal residual disease detection), immunologic disorders (autoimmune disease and immunodeficiency), stem cell enumeration and immune reconstitution for bone marrow transplantation, maturation pathway of progenitor cells, and platelet abnormalities, red blood cell abnormalities (hemolytic anemia), cell cycle analysis in cancer cells, and detecting rare circulating tumor cells. This presentation will use clinical case examples to discuss advancements of clinical flow cytometry in several aspects: 1. flow cytometry instrumentation, including imaging flow cytometry, flow sorting, and flow cytometer automation. 2. Fast and easy to use Flow data analysis software. 3. Different forms antibody cocktails. 4. New clinical diagnostic applications with advanced flow cytometry tools for initial diagnosis, post therapy monitoring, detecting drug sensitivity –resistance in heterogenetic leukemia or other cancer cells.

S-63

流式血小板功能分析 – 问题与对策

王建中
北京大学第一医院

王建中，北京大学第一医院检验科主任医师、教授、美国 Virginia 大学医学院高级访问学者，检验医学住院医师培训项目委员会主席与培训基地主任。主要从事临床检验诊断学、临床血液学检验诊断的医教研工作，主编 7 部国家级规划教材和 4 部专著，在国内外医学专业刊物上发表论文 70 余篇，获国家教育部科技进步二等奖一项（第一完成人）。兼任中国医师协会检验医师分会常委及造血与淋巴组织肿瘤检验医学专家委员会主任委员，世界华人检验与病理医师协会常委，中国抗癌协会血液肿瘤专业委员会血液病理工作组副组长，检验医学杂志等专业期刊编委等。

血小板是一种多功能无核细胞，在机体的血栓与止血、炎症反应、免疫防御、血管功能调节及肿瘤生物学等多种生理病理过程中发挥重要功能。血小板功能检测与评价的方法与技术较多，特别是用于血小板的血栓与止血功能分析技术在临床实验室已沿用多年，但其固有的缺陷也是显著的。多参数流式细胞术用于血小板功能分析，简称流式血小板功能分析，具有标本用量少、检测灵敏度与特异性高，在临床与血小板功能缺陷病或血小板功能亢进症的检验诊断、抗血小板治疗监测及血小板功能研究等多方面是传统方法的重要补充、深化与扩展。然而，流式血小板功能分析也存在一些关键问题，如果处理不好，很可能导致实验失败或结果难以解释。针对临床或研究目的不同，采取合理的对策，才能使流式血小板分析发挥其独特的，有时甚至是决定性的作用。随着质谱流式细胞术（Mass Cytometry）的出现，特别是多种金属标记组合抗体的应用，有可能较大提升流式血小板功能分析与研究的水平。

S-64

淋巴细胞亚群参考范围能指导临床诊疗吗?

崔　巍
中国医学科学院肿瘤医院

崔巍，中国医学科学院肿瘤医院检验科主任，研究员，博士研究生导师。中国协和医科大学博士，哈佛大学波士顿儿童医院博士后。现任中华医学会检验分会副主任委员，中华检验医学杂志副主编，北京医师协会检验医师（技师）专业委员会会长等。主持和参与国家自然科学基金、北京市科委基金等 10 余项。荣获中华科技奖、北京市科技进步奖等 6 项。发表文章 150 余篇，编著学术著作 10 余本。

流式细胞术淋巴细胞亚群分析是评价机体免疫状态，诊断与监测免疫性疾病如艾滋病、原发性免疫缺陷病、自身免疫病及监测恶性肿瘤和器官移植等常规指标。近年来，临床发现，根据淋巴细胞亚群参考范围，淋巴细胞亚群的升高或降低不能有效的反映临床对机体免疫功能的评估。考虑到机体淋巴细胞亚群在短期（一天）内或长期（不同季节或年间）内会发生变化，需对机体淋巴细胞亚群的生物变异度进行分析。本文将从个体内变异（CVI）、个体间变异（CVG）、分析变异（CVA）、个体指数 (II) 及参考变化值（RCV）等参数，讲解淋巴细胞亚群的生物变异度变化，是否适合使用参考区间评估机体免疫功能的变化，以及在参考区间不适合的情况下如何做?

S-65

流式细胞术在免疫细胞功能检测中的应用

张子宁
中国医科大学附属第一医院

张子宁，中国医科大学附属第一医院检验科 / 国家卫健委艾滋病免疫学重点实验室教授，博士生导师，从事临床免疫检验及传染病免疫调控研究。兼任中国性病艾滋病防治协会学术委员会实验室及检测学组成员、中国医师协会临床精准医疗专业委员会青年委员会委员。主持国家自然科学基金、国家科技重大专项子课题等课题 6 项，在“Clin Chem”等杂志发表 SCI 收录论文 50 余篇，获 5 项国家发明专利，作为主要完成人之一于 2008 年获国家科技进步奖二等奖。

免疫系统具有免疫防御、监视及自稳作用，其功能失调是肿瘤、自身免疫性疾病、感染性疾病等疾病发生发展的重要原因。流式细胞仪是免疫细胞功能检测的重要手段，可辅助临床进行免疫相关疾病的预测、诊断、预后判断及疗效评估。基于目前已经取得临床注册证的试剂，可满足应用流式细胞仪进行 T 细胞、NK 细胞及 B 细胞数量及免疫活化等表型检测的需求。免疫细胞种类众多，新的功能亚群不断出现，细胞数量仅是免疫检测的基本指标。免疫细胞功能的全面评估，包括检测细胞数量、表型、增殖、存活、细胞周期、细胞因子分泌等。目前，在临床方面，美国等国家一些医疗机构常规应用流式开展淋巴细胞增殖等免疫功能的检测，为临床疾病诊疗提供依据。在科研方面，采用免疫细胞功能分析技术，对于解决免疫相关疾病发生、发展及转归中存在的关键科学问题，发现诊疗相关创新标志物及转化具有重要意义。质量控制是检验的根本，CAP 认证流式细胞术检查表中，要求检测项目在能力验证、质量管理和质量控制、程序和检测系统等方面满足相应要求，保证检测质量。

S-66

CyTOF 技术的基本原理和肿瘤微环境免疫细胞亚群分析

沈立松
上海交通大学医学院附属新华医院

沈立松，医学博士，主任医师，博士研究生导师，1984 年毕业于中国医科大学，同年加入新华医院。现为上海交通大学医学院附属新华医院检验科主任。社会兼职情况：任中华医学会检验分会常委（管理学组组长）、上海市医师协会理事、上海市医师协会检验医师分会会长、上海市医师协会检验专科医师培训专家组组长、上海市医学会理事、上海市医学会检验医学分会前任主任委员、上海免疫学会理事。任《中华检验医学杂志》、《检验医学》等期刊编委。

主要研究方向为恶性肿瘤发病机制的基础和临床研究。近 5 年来发表国内外论文百余篇，其中 SCI 近 20 篇，参编专著 6 部，承担国家自然科学基金 3 项，市科委基础研究重点项目 1 项，市科委生物医药重点基金 1 项，市科委医疗器械重点定向项目 1 项。培养多名研究生。

CyTOF 质谱流式细胞术，通过对传统流式技术和质谱技术的整合，采用感应耦合等离子质谱（ICP–MS）为检测手段，利用金属元素作为抗体标签，拥有高通量，无需补偿计算等优点，可以单管标记多达 40 余个蛋白质、核酸等标志物，进行细胞表型、功能、凋亡，细胞周期等分析；并通过强大的数据获取能力，与现代信息生物学分析手段紧密结合，对生物学多个领域的研究具有重大的推动作用。CyTOF 可以对骨髓细胞进行精细分群；可以进行免疫细胞精细的表型功能分析；也可以深入探讨干细胞群体的异质性。而肿瘤浸润淋巴细胞表型具有极大的异质性，与机体的抗肿瘤能力以及肿瘤的预后相关。本课题组利用 CyTOF 技术对肺癌组织中浸润的淋巴细胞亚群进行高通量多维度的单细胞分析研究，结合 SPADE，viSNE, R 语言等数据分析方法，探讨肺癌中浸润淋巴细胞亚群分布特点及功能，研究结果有助于理解机体抗肿瘤免疫学机制及增强抗肿瘤免疫治疗。

S-67

休言年少不封侯，祸福由人不由天

陈　鸣
陆军军医大学大坪医院

陈鸣，医学博士、教授、博士生导师。现任陆军军医大学药学与检验医学系主任、兼西南医院检验科主任。中华医学会检验医学分会委员、中国医师协会检验医师分会委员、中国生物物理学会临床分子诊断分会副会长、中国医疗保健国际交流促进会临床检验专委会副主任委员、中国中西医结合学会检验专委会常委、重庆市中西医结合学会检验专委会主任委员、重庆市医学会检验专委会副主任委员。承担国家 863、国

家自然科学基金重点项目等课题 12 项。获国家科技进步二等奖（2010-2、2016-5）、重庆市技术发明一等奖（2003-2）、军队科技进步二等奖（2017-1、2013-1）等奖项 10 项。获首批重庆市医学领军人才、重庆青年科技奖、重庆市十大杰出青年等称号。发表 SCI 论文 36 篇。

科研是非常考验人类智力的一个游戏，它探索的是未知世界的一个本源规律。在这条道路上，有人历经坎坷、终其一生，方才在他的研究领域结出硕果。更多的人可能是碌碌一生，也没有什么展示性的成果。但确实也有很多青年才俊，充分利用当时的实际条件，结合自己的聪明才智，年少成名、一战封侯！本次课讲述的是三个青年学者的故事。一个成功的励志故事——Watson 和 Crick 的 DNA 双螺旋结构的发现历程；以及一个失败的故事——小保方晴子的 STAP 细胞从最初的万众瞩目到最终被证伪的历程。从正反两方面，既鼓励大家不畏艰难努力摘取科学皇冠上的那颗明珠；又告诫青年学子们千万不要灵台蒙尘、急功近利，以至于做出令自己终生蒙羞的事情。

S-68

国家自然科学基金撰写的体会

胡炎伟
南方医科大学南方医院

胡炎伟，南方医科大学南方医院检验科，医学博士，博士研究生导师，主要从事心血管疾病新型生物标志物开发和相关机制研究。

国家自然科学基金要求充分了解国内外科技发展现状与动态，瞄准科技发展前沿或结合国家战略需求，认真构思，立论依据充分、选定创新性强的研究方向、研究内容和研究方案，开展具有重要科学意义或重要应用前景的基础研究，开展前瞻性、创新的探索性研究，力图通过研究得到新的发现或取得重要进展，具有基础性、创新性、科学性和前瞻性的特点。获得国家自然科学基金资助是从事基础研究最重要的科研经费的来源，是学术界从事基础研究最重要的一个指标，也是衡量同行认可度的一个最客观指标，无论是职称评定、岗位聘任，还是学术人才评价、科技奖申报，都将其作为一个最重要的指标。讲着从 2008 年开始每年参与撰写、修改和评审各类型的国家自然科学基金，经历过失败的痛苦，也享受过成功的喜悦，借用 2018 年全国检验年会的机会，把这些体会和教训说出来，供大家参考。

S-69

坚持到底就是胜利：与杂志编辑沟通中的技巧

秦　燕

中科院生物物理所

秦燕，2006 年从德国马－普分子遗传所引进中国科学院生物物理研究所，担任创新研究员独立建立实验室工作至今。12 年来，申请人以“核糖体与翻译调控在细胞命运中的作用”为科学问题开展研究，建立首个蛋白质体外翻译体系和核糖体功能分析的研究平台，开展细胞内的蛋白质翻译调控分子机制的研究，首次发现了“核糖体的倒退运动及其生理意义”，相关工作以第一或通讯作者发表于 Cell, Nature Structural & Molecular Biology, PNAS 等国际著名杂志上。至今发表 SCI 论文 27 篇，总影响因子 216；基于这些研究进展在生物医药方面的应用申请到了 3 个专利，在肿瘤 / 癌症的诊断和治疗方面获得了应用。 秦燕研究员于 2013 年获得“国家优秀青年基金”资助。近五年，申请人以中国科学院生物物理所第一单位、通讯作者先后发表了 4 篇 Nat. Struct. Mol. Biol.（3 篇独立通讯作者，1 篇最后一位的共同通讯作者），2 篇 Nucleic Acids Research（最后一位的共同通讯作者）的研究论文，以及多篇专业领域杂志的学术论文。在上述研究论文发表的同时，申请人受到 Nature Reviews Microbiology, Free Radical Biology and Medicine, Biochemical Journal以及 RNA Biology 等国际学术杂志主编、编辑之邀撰写综述和评论文章，并受邀在国际学术会议如“戈登研究会议”(Gordon Research Conference) 做主题报告、在“国际核糖体大会”(Ribosome Conference) 做大会报告等。同时，作为3个专利(1个国际专利，2个国内专利)的持有人，在积极推进新的肿瘤 / 癌症的诊断和治疗的标记物的产业化。

“学术文章的撰写与发表”是科研工作者的重要工作任务，也是研究工作的阶段性进展的总结与提升，涵盖了数据获得、数据分析、理论凝练、以及思想发表的全部过程。本报告，主要就“文章发表的过程”进行经验交流和介绍，包括：

1. 杂志编辑的分类
2. 与编辑的交流沟通
3. 投稿前咨询
4. 投稿信
5. 对投稿意见的回复

S-70

知己知彼百战不殆 – 浅谈论文撰写技巧

秦　雪
广西医科大学第一附属医院

秦雪，医学博士，二级教授，硕士、博士研究生导师，现任广西医科大学第一附属医院检验科副主任。中华医学会检验分会常务委员，中国医师协会检验医师分会常务委员，中华医学会医学病毒学分会委员，中国医院协会临床检验管理专业委员会委员，广西医学会检验学分会主任委员，主持国家自然科学基金课题 3 项，省级科研课题 6 项，蛋白质组学国家重点实验室项目 1 项，2007 年“广西高校优秀人才资助计划”资助人选。发表 SCI 论文 100 多篇，获发明专利 1 项，实用新型专利 9 项。参编教材 20 多本，担任《中华检验医学杂志》等杂志编委。

一、医学科研论文

1．信息交流和新知识传播；公布研究成果；学科建设

2．有一定的临床经验；科研工具；文献积累

3．学术道德规范

二、常见医学论文的种类

1．研究论文（research paper，以 original article 为主）

2．综述（review，包括 meta 分析）

3．病例报告（case report）

4．研究简报（brief report）

5．评述（包括 book review）

6．信稿（letter）

三、临床研究的优势

1 大数据

2．标本充足

3．系列文章

四、科研的基本思路

1．临床研究：

研究方案 PICO 原则；

四种方法，分别举例说明：文献阅读、借鉴、从临床出发、筛选。

2．基础研究：

重点：选题；

举例说明机制研究思路。

五、举例说明论文写作技巧

1．广西医科大学第一附属医院儿科、皮肤科发表在新英格兰（N Engl J Med，IF=79.258）上的病案报道

2．文章

①基因多态性系列

②临床大数据挖掘系列

③参考值范围制定系列

④基础研究系列

⑤其他（方法学比较、差异蛋白质组学分析等）

S-71

医学检验人才培养的职业与学科导向思考

许文荣

江苏大学附属医院

许文荣，教授，博导，医学院院长，江苏省检验医学重点实验室主任。全国高等医学院校医学检验校际协作理事会理事长，教育部教指委委员，中华医学会检验分会委员，江苏省医学会检验学会候任主任委员，负责完成和在研国家自然科学基金项目6项，其中重大研究计划1项，发表学术论文200余篇，第一和通讯作者SCI收录论文100篇，发表在ACS Nano，Oncogene，Gut，Stem Cells，Theranostics等国际权威刊物上，获省部级奖6项。江苏省医学领军人才和创新团队带头人，江苏省“333”工程中二层次领军学科带头人。

在双一流学科建设背景下，医学检验技术专业人才培养的目标也呈分类和层次化趋势。医学检验技术专业人才培养的职业和学科导向成为一个重要的问题。三十年的人才培养，初步思考得出：本科生以学科为牵引，以职业为主体导向的高素质、应用或复合型人才。研究生以职业为引领，以学科为主体的强素质、高层次创新型人才（专业型硕士徐外）。在OBE理念的影响下，注重以学生为主体，实现知识向能力、技能向思维、理论向实践、机械向探索、经典向创新六大转化。在实现这六大转化中，体现医学检验技术的临床能力、沟通能力和创新能力的培养，形成高素质、强能力的优秀人才的培养体系。

S-72

检验医学教育：机遇与挑战

徐克前
中南大学湘雅医学院

徐克前，教授，博士生导师。现任中南大学湘雅医学院医学检验系主任，中国仪器仪表学会医疗仪器分会常务理事，全国高等院校医学检验专业校际协作理事会候任理事长。国家级精品课程“临床生物化学与检验”课程负责人，主编国家级规划教材 2 本，副主编 2 本，参编 21 本。研究方向分子诊断学、DNA 损伤与修复，主持多项国家级科研课题，近 5 年发表论文 30 余篇，获“宝钢优秀教师奖”。

检验医学经历最快速的发展，正从医学舞台的边缘走向中央。检验医学已经成为循证医学的重要组成、转化医学的重要途径和精准医学的技术核心。这些新的进展为检验医学教育提出了新的挑战和机遇。目前，检验医学人才比较单一，毕业后教育没有形成体系。如何培养创新型人才、检验医师、医学检验科学家和适应个体化医学需要的人才将是检验医学教育工作者今后面临最紧迫的任务。

S-73

医学检验认证标准

樊绮诗
上海交通大学医学院附属瑞金医院

樊绮诗，主任医师，上海交通大学医学院教授、博士生导师。教育部高等学校医学技术类教学指导委员会主任委员、全国高等学校医学检验技术专业教学教材建设指导委员会主任委员。

历任上海交通大学医学院医学检验系主任、上海交通大学医学院附属瑞金医院和附属瑞金北院检验科主任、上海市医学会检验分会副主任委员、中华医学会检验分会委员、中国医师协会检验医师分会常务委员、上海市住院医师规范化培训医学检验专家组组长、《检验医学》和《诊断学理论与实践》等杂志副主编等职。

教育部 2014 年启动的研究制定高等学校本科专业类教学质量国家标准是一项关系高等学校教育长远发展和高等教育改革全局的基础性工作。

研制工作开展之前教育部高教司组织了数次专门研讨会，与会人员达成共识作为制定《标准》时必须遵循的依据，主要包括：明确《标准》的定位是本专业类人才培养质量的基本要求，不能把目前已经开设专业的现

状作为标准的底线；

《标准》要力争成为专业准入标准、专业建设标准和专业评价标准，最低要求是作为专业准入标准；准入标准中应有一定的定量指标;《标准》应根据专业类建设现状、专业改革要求，以及国际通行标准确定课程体系；《标准》研制要尊重学科发展规律和人才培养规律，要有广阔的视野，既与国际接轨，又具有中国特色。

医学技术类教学指导委员会组织研制了本专业类 8 个相关专业的教学质量国家标准。以医学检验技术专业为例，在深入调研院校的基础上形成初稿，先后征求了 80 余所院校的意见，几经修改而成。

本次研制的《国家标准》体现了既有“规矩”又有“空间”、既有“底线”又有“目标”、既有“定性”又有“定量”的特点。根据教育部的精神，各地教育行政部门、各高校要根据《国标》制定人才评价标准，修订人才培养方案，培养多样化、高质量人才，形成我国高等教育教学质量标准体系。依据“国家标准”做好本科教育“兜住底线、保障合格、追求卓越”三级专业认证工作。

S-74

检验医学技术的交叉融合

丁春明

温州医科大学

丁春明，博士生导师，国家“青年千人计划”人才。现任温州医科大学检验医学院、生命科学学院院长。曾任新加坡临床研究所研究员（PI）及表观遗传中心主任、香港中文大学医学院助理教授。

主要从事重大疾病的分子诊断、疾病机制和检测技术研究，聚焦基因检测技术在恶性肿瘤和遗传病中的临床应用。发表 SCI 文章 40 多篇，有 10 多篇发表在 Science, Nature 子刊，PNAS 等权威期刊，引用 3300 多次，总影响因子超过 310。在中国、美国等国获得超过 70 项专利（其中美国专利 18 项）。

现主持国家“青年千人”计划项目、国家自然科学基金面上项目、浙江省卫计委创新学科项目，曾主持多项国际科研项目，累计获得过超过 500 万美元的研究资助。

过去 30 年，检验医学技术飞速发展，除了传统的形态学、生物化学、免疫学等实验室技术，分子诊断技术、高度自动化分析系统、信息化系统、即时检验（Point-of-care）等技术日趋成熟，大幅提升了对健康和疾病的预测和诊断。除了技术以外，我们对生命科学和临床医学的研究进展也催生了更准确、更符合临床需求的诊断标志物。检验医学技术成了新技术、新知识和新想法的临床转化先驱试验田。在技术和知识飞速发展的背景下，如何将新技术、新知识融合与现有的检验医学体系，服务于新的临床治疗和健康管理体系，是检验医学未来发展的核心主题，也是检验医学教育改革，从而更好服务社会需求的主要问题。

S-75

技术发展将对检验医学教育的冲击与思考

赵建宏
河北医科大学第二医院

赵建宏，医学博士（留日），主任检验师/教授。现任省临床检验中心主任、河北医大检验系副主任（主持工作）、医大二院检验科副主任，博士生导师。

赵建宏长期在实验室一线从事临床、教学、科研及管理工作，致力于临床微生物的致病和耐药机制、分子诊断及临床实验室管理研究。近年着重于艰难梭菌感染的流行病学、实验诊断、分型及其致病力、耐药性等研究。近年受卫生行政部门委派，参加督导、调研以及重大感染事件的处置等。ISO15189 和 ISO17043 技术评审员。

近年来，临床检验的技术发展迅猛，变化日新月异。技术的飞速发展已经将医学带入了“4P”医学时代，即预测性、预防性、个体化和参与性。分子诊断的普及应用：基因扩增、生物芯片等分子生物学技术广泛应用到对感染性疾病的检测、遗传性疾病和恶性肿瘤等疾病的诊断中，提高了诊断的特异性和灵敏度。

预测医学检验发展，必须要考虑高科技引擎带来的冲击，如近年逐渐进入我们工作和生活的智能手机、云计算、3D 打印、基因测序、无线传感器、超级计算机等，逐渐改变着我们的生活，也必将带来一场史无前例的检验医学革命。

拟以分子诊断为例，窥视临床检验专业的未来发展趋势，思考检验医学教育的改革问题，如课程体系设计等问题，以便未雨绸缪，积极应对。

S-76

政府主导的第三方区域检验中心的建设探索

李　莉
大西安区域医学检验中心

李莉，国家微检测系统工程技术研究中心副主任，陕西精准医学基因检测示范中心负责人，大西安区域医学检验中心筹建负责人。中国致公党第十五届中央委员会医药卫生专门委员会委员、陕西省国际医学交流促进会副会长，陕西省优生优育协会儿童成长委员会副会长，陕西省致公党企业家协会副会长，陕西省应急产业协会副会长。西北大学工商管理硕士，经济学在读博士。

自 2015 年以来，国务院、国家卫计委和发改委等部门多次发文，提倡建设独立的

区域医学检验中心，推进分级诊疗制度落地。区域医学检验中心通过建立标准化、专业化、集约化的检验技术平台、信息系统和质量管理体系，可为区域内的各级医疗机构和家庭医生提供全面、先进、高质量的医学检验服务，特别是临床诊疗需要的、医院目前无法开展或不愿开展的检验项目，可快速提升基层区域的检验水平，有效降低检验成本，减轻政府重复投入，是促进医疗检验资源合理配置的有效举措。区域医学检验中心对推动各医疗机构间的检验结果互认、减少患者重复检验，可有效缓解群众“看病贵、看病难”的问题，改善患者就医体验，提升就医品质，是分级诊疗、医联体和家庭医生等医改政策有效实施的基石。

S-77

临床基因检测管理方案

许　斌

江苏省临床检验中心

许斌，江苏省临床检验中心常务副主任，研究员。从事临床免疫学、分子生物学质量管理及方法学研究。

社会职务：中华医学会检验医学分会委员；中国医院协会临床检验管理专业委员会副主任委员；中国医师协会检验医师分会常务委员；中国合格评定国家认可委员会（CNAS）技术委员会委员、主任评审员；国家卫计委临床检验标准委员会委员；江苏省医学会检验医学分会主任委员。《临床检验杂志》主编。

我国医药行业的管理包括三方面：卫生健康行政部门负责医疗机构（实验室）和医疗技术准入；食药总局（CFDA）负责仪器试剂（产品）准入；医保局负责医疗项目、物价准入、社保支付等。临床基因扩增检验同样也是由三方约束规范。国家卫健委从实验室（机构）的管理（2002年）发展到了机构、技术同时管理（2010年）。重新明确了临床基因扩增检验定义，是指通过扩增检测特定的DNA或RNA，进行疾病诊断、治疗监测、预后判定和用药指导等。扩增检测技术涵盖更宽广的范围，包括靶基因扩增（PCR聚合酶链式反应，TAS转录依赖的扩增，LCR连接酶链式反应）；探针扩增如Qβ复制酶系统；信号扩增/放大如bDNA。医疗机构涉及多个学科如检验科、病理科、药剂科、肿瘤科、生殖医学中心等。国家授权：指定由省级临检中心或省级卫生行政部门指定的机构负责实验室准入工作，包括制定评审办法，组建专家组和现场评审。《江苏省临床基因扩增检验技术管理规范（试行）》（苏卫办医〔2010〕76号），强调：1、凡开展与基因扩增技术相关的如分子病理、遗传学等专业检测项目，以及基于基因扩增技术的分子杂交、基因突变、序列分析等技术的实验室均按照本规范执行。2、不同建筑位置、不同科室的实验室分别进行验收和备案。3、同一收费项目只允许在同一医疗机构的一个实验室开展，并严格执行国家物价、财务政策，按照规定收取相应的检验费用。以科研为目的的检测项目不得向临床出具检验报告，不得向病人收取任何费用。 为此，江苏省临床检验中心于2014年起，按照新的验收表进行实验室和技术二个层次的评审。实验室分为感染相关、生殖与遗传相关、肿瘤相关、代谢病相关等4个领域，所有技术类别都纳入评审范围且与项目需要关联。需试运行3个月：1）方法学性能验证；2）临床标本管理、检测过程、质控、结果分析与报告的预实验；3）人员比对；4）实验室间比对（相同分析方法）。对基

因检测相关的方方面面做出了详细的规定。

S-78

香港第三方检验机构的发展—内地如何借鉴?

黄利宝
香港大学医学院

黄利宝，博士，分子病理及诊断技术专家，从事分子诊断专业二十年，现任凯普香港分子病理检验中心主任

2003 年香港大学医学院博士学位毕业

2004 年分别取得英国生物医学协会院士和英国生物学会特许生物学家资格

2006 年取得美国临床病理学会院士资格

2007 年获得 ISO15189 医学实验室认证评选员资格

2012 年获得澳大利亚皇家病理学院科学院创立院士资格

曾分别担任香港大学医学院微生物学系荣誉助理教授和澳门大学健康科学学院客座助理教授。

2015–2016 年间出任美国分子病理学协会 (Association for Molecular Pathology) 国际事务委员会主席和协会董事

多年以来参与多项不同医学科研项目，范围涵盖传染病、血液科、遗传病和癌症基因等，在国外学术期刊发表专业论文 30 余篇，在国际医学会议发表文章 20 余篇。

除香港政府对检测行业的支持外，香港第三方检测行业发展成功的经验可从两方面来分析：从宏观上讲，香港是亚洲的贸易和航运中心，背靠中国市场和“世界工厂”，有公正的法制管理和开放的营商环境；从微观上讲，香港检测机构具有国际企业顶尖的管理水平和高效运作能力，具有多年建立起来的商业公信力，并且香港检测市场相对成熟，专业人才储备雄厚。

2018 年 6 月 19 日，国家卫生健康委员会公布《关于进一步改革完善医疗机构、医师审批工作的通知》，推出了一批简政放权举措，补充和加强了医疗资源供给、集约利用和共享。对于第三方医学检验行业来说，政策环境已越来越好。随着医院需求的多元化，国内第三方医学检验的发展除了平台和垂直领域的专业服务能力的建设，对机构的资源整合和运营管理水平要求也不断提升。

凯普香港分子病理检验中心于 2012 年成立，提供世界先进的分子病理检测服务。第一家获取国际 ISO15189:2012 医学检验所资格，至今第一及唯一一所取得相关癌症基因检测的检验中心，香港第一及唯一取得赛默飞世尔科技提供第二代测序服务的认可资格的检验中心，与欧洲分子基因诊断质量联盟 (EMQN) 的室间质评质控品合作，致力于国内基因检测水平的提升。

S-79

新形势下第三方检验的发展趋势

方荣峰
广州凯普医学检验发展有限公司

方荣峰，凯普医检集团副执行官，公共卫生管理专家。长期致力于第三方检验管理、互联网＋医疗健康产业研究与推进，参与了全国医联体各模式平台设计、开发、推广、运营。对于医改政策有深刻认识理解，积极推进医联体落地运行。

自 2009 年新一轮医改以来，国家频繁出台系列医疗改革政策以解决人民看病难、看病贵问题，如《关于促进社会办医加快发展若干政策措施》、《关于推进医疗联体建设和发展的指导意见》等等，国家医改方针已明确要求：通过有计划、有步骤地引导社会力量参加医疗卫生发展事业，优化资源配置、转变服务模式。医疗改革对医院发展提出的巨大挑战，为第三方医学检验发展提供了良好的契机。

第三方医学检验先进的检测服务技术，更完善的管理体系，高端医疗人才资源共享等，为提升医院整体医疗水平，更好的推进优质医疗资源下沉、人才流动和资源共享，落实分级诊疗制度提供强大的服务支撑。未来第三方的发展方向主要是独立医学实验室和建立在医院的区域检验中心，第三方独立医学实验室进行检验样品的集中检测，为医院提供检测服务，医院则可以专注于临床医疗能力的建设发展，但对于医院整体的综合服务能力和影响力提升帮助有限；另一个发展方向则是依托于大型综合医院合作共建区域检验中心，引入优质资源，提高区域检验水平，实现区域资源整合共享，减少重复投入，降本增效，形成辐射整个区域的检验服务体系。

S-80

特异性质量指标模型—基因检测质量改进工具

周　睿
首都医科大学附属北京朝阳医院

周睿，副主任检验师，副教授，主要研究方向为医学实验室质量管理及临床应用研究。现任国际临床化学和实验室医学联盟“实验室误差与患者安全”工作组委员（IFCC，WG-LEPS），CNAS ISO 15189 评审员及内审员教师，CNAS ISO15189 医学实验室认可技术评审员，CNAS 生物安全实验室认可技术评审员，CNAS ISO 17043 技术评审员，美国病理家学会（CAP）国际质量大使，CAP 医学实验室认可国际评审员，CAP- 北京朝阳医院培训中心中国区项目负责人，中国装备协会 POCT 分会常务委员，北京市医学检验质量控制与改进中心专家委员，中国医师协会检验医学

分会老年病检验医学专家委员会委员，北京医学会检验分会青年委员，首都医科大学实验诊断学系委员，《检验医学杂志》编委。多次参加内地、港、台地区及亚太地区医学实验室的现场评审工作。在研国家级子课题 2 项，省部级重点课题及推广应用项目各 1 项，市局级课题 2 项。获科技部软件著作权 1 项，起草北京市地方标准 1 项，参与编写中英文教材 4 部。以第一作者在 SCI 类期刊发表论著 5 篇，在国家级核心期刊发表论著 20 余篇。

背景：检验全过程（the total testing process, TTP）的误差直接影响检验结果的准确性。质量指标 (quality indicator, QI) 作为持续监控和评价 TTP 中各个关键步骤的性能满足要求程度的工具，可以量化评估 TTP 的质量，继而对薄弱环节持续改进。目前，国际和地区组织（如 IFCC、CAP 等）已建立相关的质量指标。但随着新技术不断应用于临床，QI 面临新的要求。本研究基于现有的 IFCC 通用的 QIs，旨在建立分子诊断专业个性化的 QIs，为分子诊断的质量改进提供新的思路。

方法：对全国 46 家独立实验室开展问卷调查和现场调研，结合实验室具体工作流程建立基于分子诊断专业个性化的 QIs，并收集 3 家实验室数据用于验证上述 QIs 的有效性。

结果：在调查的 46 家实验室中，95.7% 实验室开展分子诊断专业。个性化 QIs 包括 6 项分子诊断专业通用的质量指标和 7 项个性化用药领域特殊质量指标。3 家实验室预评估数据充分体现了质量指标在误差识别和风险规避方面的突出优势。

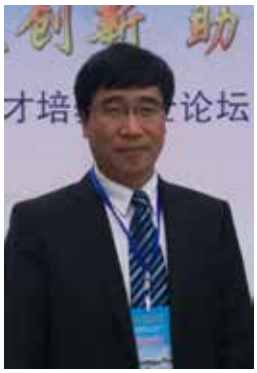
结论：初步建立了适用于分子诊断专业个性化的质量指标模型，适合于监测分子诊断专业 TTP 的误差，改进实验室性能，以确保患者安全。

病例讨论

C-01

“化繁为简、一元论之”，反复粘液血便诊治的多学科讨论

缪应雷，张峰睿 ，段勇 ，单斌，何波
昆明医科大学第一附属医院



缪应雷，博士，主任医师，博士生导师，科主任。

主要研究方向炎症性肠病，担任中华医学会内科学分会、中华医学会消化病学分会委员，云南省医学会消化病学分会主任委员，在国内外重要学术刊物上发表论文 150 余篇，SCI 收录 16 篇，出版专著 8 部；主持国家、省级科研项目 16 项，国家自然科学基金 4 项，其中面上项目 1 项，地区基金 3 项，已结题 2 项；国家百千万人才，国务院政府特殊津贴，国家有突出贡献专家，云南省卫生系统领军人才、学科带头人，云南省消化疾病多学科诊治省创新团队、云南省重点专科负责人。获得云南省政府科技进步奖 9 项，其中“炎症性肠病诊疗技术及临床应用”获 2015 年科技进步奖一等奖。

张峰睿，博士，住院医师。

主要从事炎症性肠病临床诊疗及基础研究。目前，参与国家自然科学基金面上项目 1 项；参编学术专著 1 部，发表北大版核心期刊论文 8 篇，参与发表 SCI 论文 3 篇。

段勇、男、医学博士、教授、主任医师、博士生导师，昆明医科大学第一附属医院医学检验科主任。现为中华医学会检验分会常务委员、卫生部临床检验标准专业委员会委员、中国医院协会临床检验管理专业委员会常务委员、《中华检验医学杂志》等杂志编委或常务编委、云南省检验医学重点实验室（筹备）主任、云南省云岭名医、云南省中青年学术和技术带头人、云南省医学领军人才、云南省医学会检验分会主任委员。

单斌，主任医师，硕士生导师，科副主任。

1991 年毕业于上海医科大学，现为卫生部合理用药专家委员会全国细菌耐药监测网学术委员会专家委员，中华医学会微生物与免疫学分会临床微生物学组委员，Chi-CAST 专家委员，CARSS 云南省技术中心负责人，CHINET 专家组成员。

具有 26 年从事实验诊断学医疗、教学、科研和管理工作的经历。目前，主持国家自然基金 1 项；获省科技进步三等奖 6 项；主编或参编学术专著 8 部，参编高校教材 4 部，发表论文 60 余篇。

何波，博士，副主任医师，硕士研究生导师，昆明医科大学第一附属医院医学影像科副主任。美国密西根大学附属医院放射科访问学者。中华医学会放射学分会青年委员、中国医师协会放射学分会骨肌学组委员、中国医师协会消化学分会影像学组委员，云南省放射学分会青年委员会副主任委员、云南省放射学分会秘书等。近五年主持或参与各级科研项目多项，发表文章十余篇，获专利一项，主编或主译专著两本。

患者男，69 岁，云南昆明人，退休工人，因“反复粘液血便、腹胀 12 年余，再发加重 1 月”于 2016 年 11 月 23 日首次入院。主要病史：患者 12 年前无明显诱因出现腹泻，每日 10 余次，便中带粘液及鲜血，约 20ml，大便与血混合，伴里急后重感，并出现腹胀，伴有纳差、乏力、盗汗、消瘦，无发热、呕血、呕吐等症状，伴双下肢中度水肿，呈凹陷性水肿。1 月前患者再次出现进行性腹胀，伴有纳差、乏力、盗汗、消瘦，无发热、黄疸、呕血、呕吐等症状，伴双下肢中度水肿，呈凹陷性水肿，大便 2 次 / 天，无粘液及血便。体重下降 12 公斤。住院期间行相关实验室及影像学检查提示多器官损害，诊断不清，经肠内营养、硫唑嘌呤等治疗好转后出院。2017 年 1 月及 2017 年 4 月两次分别因急性肾功能衰竭及胸腹水再次入院治疗，仍存在多器官损伤，经检验科、影像科、心内科、呼吸内科、病理科、肾内科等多学科会诊后，综合患者近 13 年检验及影像学资料，考虑患者长期存在原因不明的多系统损害，相关检验结果长期异常，反复多次 ANCA 及 PR3 阳性，最终患者诊断为 ANCA 相关性血管炎累及肺、肠道、肾脏、肝脏。目前服用 75mg 沙利度胺维持缓解，未再出现胸腹腔积液及急性肾功能衰竭等危及生命的临床情况，恢复状况良好。

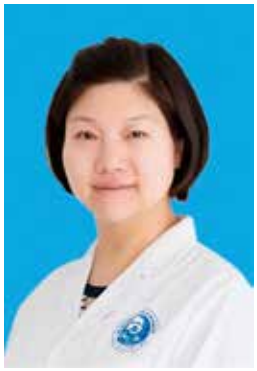
C-02

凝血试验延长伴全血细胞减少临床对策

续薇，谭业辉，曲林琳，赵旭，张东
吉林大学白求恩第一医院

续薇，女，主任医师、教授、博士研究生导师，现任吉林大学第一医院临床检验（质控）中心主任、白求恩医学部一系实验诊断学系主任。先后在天津血液病医院、日本仙台市立医院、加拿大 Laval 大学病院研修临床检验及细胞病理诊断。主持国自然面上项目及省科技厅课题多项，发表 SCI、EI、核心期刊论文多篇。主要社会兼职：中华医学会检验分会委员、中华医学会检验分会血液体液学组副组长、中国医师协会检验医师分会常委、中国医院管理协会临床检验专业委员会委员、中国研究型医院学会检验医学专业委员会质谱学组顾问、吉林省医学会检验分会主任委员、吉林省抗癌协会副理事长、省抗癌协会临床细胞学专业委员会主任委员、吉林省检验质量控制中心副主任，教育部高等学校医学技术专业教学指导委员会委员、中华检验学杂志等多家杂志编委。

谭业辉，医学博士、主任医师、教授、硕士生导师，现任吉林大学第一医院肿瘤中心血液科副主任。主要专业为白血病诊治及造血干细胞移植。2002 年 7 月 ~2004 年 4 月加拿大多伦多大学学习，2007 年 2 月到 2008 年 1 月北京大学人民医院进修。社会兼职：中华医学会血液学分会第九届、第十届抗感染学组委员，中华医学会血液学分会第十届青年委员，中国老年医学学会血液学分会第一届委员会移植感染学术工作委员会委员，中国抗癌协会肿瘤营养与支持治疗专业委员会肿瘤免疫营养学组委员，中国研究型医院学会精准医学与肿瘤 MDT 专业委员会肿瘤临床协作组（东北）副主任委员，中华医学会吉林省血液学分会常委，吉林省医师学会血液学分会常委，中华医学会长春市血液学分会副主任委员。



曲林琳，医学博士、副主任医师，吉林大学第一医院检验科副主任、临床检验（质控）中心质量主管。专业方向为临床血液学与遗传学的实验诊断。先后以国家公派访问学者身份到荷兰 Utrecht 大学医学中心、美国西奈山医学院分子病理诊断中心研修。承担吉林大学临床医学实验诊断教学及住院医师培训工作。近五年发表 SCI、EI 及核心期刊多篇，参与及主持国家级、省级课题多项。兼任中国优生科学协会细胞遗传分会委员、中国研究型医院学会检验医学专业委员会质谱学组委员、吉林省医学会检验分会青委会委员 / 秘书、吉林省医师协会检验医师分会委员、吉林省健康管理学会精准医疗与基因诊断专业委员会副秘书长、长春市医学会检验分会委员，《国际检验医学杂志》编委等。

赵旭，主治医师，在读博士。

本科就读于吉林大学临床医学专业，毕业后攻读第一医院消化内科专业硕士及博士学位。2016 年晋升为吉林大学第一医院肝胆胰内科主治医师。

擅长肝胆胰内科常见病及急危重病的诊治，参加科室院内会诊工作及 MDT 疑难病例会诊。担任科室教学秘书，负责科室住院医师规范化培训及管理工作。

近 5 年参与发表 SCI 文章 2 篇，国内核心文章 6 篇。

张东，医学博士、主任医师、教授、硕士生导师，现任吉林大学第一医院 ICU 二组副主任，曾于 2006 年 9 月 ~2007 年 9 月在日本北里大学病院救急救命中心研修一年。现兼职中华医学会重症医学分会青年委员，吉林省医学会重症医学分会常委兼秘书，吉林省健康管理学会急救医学专业委员会副主委，吉林省老年学学会危重病专业委员会副主委，吉林省中西医结合急救医学专业委员会副主委。《中华重症医学电子杂志》第一届通讯编委。

多学科协作（MDT）是临床多个相关学科针对一种临床疾病或一个特殊 / 疑难病例，以多学科讨论的方式，解决疾病诊断、治疗中的问题，通过各个学科发挥自身特长，制定最合理的规范化、个体化、连续性的综合诊治方案。本病例讨论中，患者为胆管结石引流术后 1 个月，出现凝血指标异常、全血细胞减少、自发性腹膜炎、心肺功能衰竭等情况。本次多学科 MDT 由吉林大学第一医院检验科、血液科、肝胆胰内科、ICU 科等检验与临床团队组成，针对患者表现、症状、体征的不断变化，指出应提出哪些实验诊断项目？通过分析实验室指标变化，指出为什么凝血功能检测结果异常？通过对血液系统的异常结果的分析，指出为什么输血仍不能纠正贫血？病例中还针对腹水常规及针对性特殊检查结果，分析腹膜炎原因及引发的全身病情变化状态。从而为患者诊断与治疗提出个体化的综合方案。该病例分析引发检验路径，拓展检验及临床思维。通过本次 MDT 的情景再现，展示多学科团队的协作和专业技术的优势整合对患者个体化、专业化的“一站式”的精准医疗。

C-03

穷根究底，揭儿童持续胸腔积液之谜

侯红艳，孙自镛，汪峰，刘馗，张真
华中科技大学同济医学院附属同济医院

侯红艳，医师，华中科技大学同济医学院临床检验诊断学博士毕业。目前就职于华中科技大学同济医学院附属同济医院检验科。研究方向为感染免疫及宿主免疫功能评估。以第一作者身份发表 SCI 论著 3 篇。

孙自镛，教授，博士研究生导师，华中科技大学同济医学院附属同济医院检验科主任。现任国家卫生计生委临床检验标准专业委员会委员、全国细菌耐药性监测网专家委员会成员、中国合格评定国家认可委员会医学实验室认可主任评审员、湖北省细菌耐药性监测中心主任。主要从事细菌耐药性监测、感染性疾病实验诊断和控制领域的临床、科研、教学工作。

汪峰，助理研究员，华中科技大学同济医学院临床检验诊断学博士毕业。目前就职于华中科技大学同济医学院附属同济医院检验科。研究方向为结核病诊断方法及宿主免疫功能评估。目前主持国家自然科学基金 1 项。共计以第一作者或通讯作者身份发表 SCI 论著 22 篇。

刘馗，主治医师，华中科技大学同济医学院呼吸内科学博士毕业。目前就职于华中科技大学同济医学院附属同济医院呼吸与危重症医学科。研究方向为睡眠呼吸暂停、肺癌等。目前主持国家自然科学基金 1 项，已发表 SCI 论著 5 篇。

谭业辉，医学博士、主任医师、教授、硕士生导师，现任吉林大学第一医院肿瘤中心血液科副主任。主要专业为白血病诊治及造血干细胞移植。2002 年 7 月 ~2004 年 4 月加拿大多伦多大学学习，2007 年 2 月到 2008 年 1 月北京大学人民医院进修。社会兼职：中华医学会血液学分会第九届、第十届抗感染学组委员，中华医学会血液学分会第十届青年委员，中国老年医学学会血液学分会第一届委员会移植感染学术工作委员会委员，中国抗癌协会肿瘤营养与支持治疗专业委员会肿瘤免疫营养学组委员，中国研究型医院学会精准医学与肿瘤 MDT 专业委员会肿瘤临床协作组（东北）副主任委员，中华医学会吉林省血液学分会常委，吉林省医师学会血液学分会常委，中华医学会长春市血液学分会副主任委员。

10 岁，男性，因无明显诱因出现发热伴咳嗽一周入院，肺部 CT 示“左侧胸腔积液伴膨胀不全”。患儿血常规、尿常规、大便常规、肝肾功能（白蛋白轻度降低）、电解质、凝血功能、风湿全套、抗心磷脂抗体、肿瘤标志物、免疫球蛋白、淋巴细胞亚群检测均无明显异常。EBV、CMV 检测阴性。肺炎支原体 IgM 阳性，肺炎衣原体阴性。G 试验、Gm 试验均为阴性。痰和胸水细菌、真菌涂片，普通细菌培养、真菌培养无异常发现。血培养无细菌生长。胸水癌胚抗原阴性。患儿血沉增高、IL-6 增高。胸腔积液提示为渗出液，但多次胸水和痰液抗酸染色、结核 PCR 检测，均为阴性。外周血 T-SPOT 呈弱阳性结果，否认结核病接触史。结合患儿炎性指标增高，肺炎支原体 IgM 阳性，诊断肺炎支原体引起的胸腔积液可能性大，合并细菌性肺炎可能。遂行抗感染治疗，包括头孢哌酮钠 / 他唑巴坦、替考拉宁、阿奇霉素、左氧氟沙星，以及伏立康唑，病情无明显改善。随后，行异烟肼、利福平、吡嗪酰胺诊断性抗结核治疗 2 周，仍存在发热、咳嗽症状，CT 显示仍有少量胸腔积液。

初步诊断：支原体肺炎

鉴别诊断：结核性胸膜炎，细菌性肺炎，肿瘤性疾病，自身免疫性疾病，低蛋白血症

C-04

病例一：心血管疾病患者抗栓治疗之检验与临床

许俊堂[1]，张真路[2]
1、北京大学人民医院
2、武汉亚洲心脏病医院

许俊堂，博士学位，博士后学历，北京大学人民医院心内科主任医师。

主要研究方向为血栓栓塞性疾病防治，主要临床特长为血栓相关疾病预防与治疗。曾任中华医学会血液学会血栓止血专业委员会委员，中华检验医学杂志第五、六、七届编委会委员，现任北京医师协会医学检验专科医师（技师）分会常务理事，中国医学装备协会 POCT 装备技术专业委员会委员，中华医学会检验分会临检血液学组委员，中华医学会动脉粥样硬化检验医学专家委员会委员，北京医学会心血管病学分会血栓与止血学组委员，中国医师协会心血管内科医师分会血栓防治专业委员。卫生部临床医生科普项目医学科普专家，北京市健康科普专家。共计发表各类学术论文 100 余篇，主编《心血管血栓的溶栓与抗栓疗法》，参加编写或者翻译教材和书籍 20 部，发表科普文章百余篇，在国内中央电视台健康之路、中央电视台法制频道、北京电视台养生堂、北京科教频道健康北京等电视台举办健康讲座 40 余场次。

张真路，职务 / 职称：检验中心主任 / 主任技师教授（医学博士）

工作单位：武汉大学附属亚洲心脏病学院；武汉亚洲心脏病医院检验中心主任

主要兼职：

1）中国生物化学与分子生物学会脂质与脂蛋白专业委员会委员

2）中国心胸血管麻醉学会临床与检验分会副主任委员

3）中华医学会病理分会心血管病专业委员会副主任委员

4）中国医师协会检验分会心脑血管疾病专业委员会副主任委员

5）中国抗癌协会肿瘤病理专业委员会心脏肿瘤病理学组委员

6）中华医学会检验学会武汉市检验分会副主任委员

7）中华临床实验室管理电子杂志第一届编辑委员会委员

8）《中华检验医学杂志》编审专家

学术方向：

从事临床检验、病理诊断工作 33 年。有较丰富的临床检验技术、临床病理诊断及实验室管理经验。近年来多次在临床心血管专业及检验专业全国性学术会上做大会专题报告。参入“NT-proBNP 临床应用中国专家共识”和“高敏肌钙蛋白在 ACS 诊断中的应用中国专家共识”等中国专家共识 6 项，负责起草“血小板功能检测在抗血小板治疗中应用共识”。近几年就心血管疾病相关检验，在《中华医学杂志》,《中华心血管病杂志》,

《中华检验医学杂志》，和《中华病理学杂志》等发表“共识”及“述评 / 专家论坛”文章 12 篇。

第一部分：血小板功能检测在 ACS 患者抗血小板治疗中的应用价值。目前临床抗血小板治疗现状与困惑有 1，抗血小板药物目前多采用固定剂量给药，但不同患者对抗血小板治疗的反应性存在明显差异，有高反应性，有低反应性。 2，血小板功能检测可发现抗血小板治疗后患者反应性的差异。 差异是否与临床不良事件相关？ 血小板高反应性是否会增加血栓事件风险？ 血小板低反应性是否又会增加出血事件风险？ 依据血小板功能检测结果调整药物后是否会改善患者临床结局？ 3，针对上述问题及困惑国际相关共识为Ⅱ b 推荐。为什么会如此？临床与检验还要做哪些交流及检验要做哪些努力？

第二部分：实验室检查在 HIT 诊断中的价值。肝素是非常常见、非常有效及非常廉价并可控制的抗凝药，临床应用非常广泛，特别是心血管疾病和骨科相关疾病。但有 1%–3% 肝素使用患者会发生 HIT，其中又有相当比例（30%–50%）会出现 HITT，临床结局非常严重，近几年已引起临床的高度关注（中国 HIT 专家共识 2017 年已发布）。关于 HIT 的诊断实验室起什么作用？有哪些注意事项？临床有什么需要检验帮助等都需要检验与临床相互讨论交流。

C-05

病例二：静脉血栓栓塞症的风险监测之检验与临床

易群[1]，门剑龙[2]

1、四川大学华西医院

2、天津医科大学总医院

易群，博士，主任医师 教授 硕士生导师，四川省卫生计生委学术技术带头人。曾任四川大学华西医院呼吸科副主任兼党支部书记，2015 年至今挂职乐山市人民医院党委书记兼院长。

四川省医院协会城市医院工作委员会常务理事兼副秘书长、四川省女医师协会副会长，乐山市医学会副会长，中华医学会呼吸专委会肺血管疾病学组成员、省医师学会呼吸专委会常委，四川省医学伦理委员会常委、省医学会呼吸专委会委员、省医学会内科专委会常委、亚太血栓与止血学会会员、中国医学促进会血栓抗凝学组成员、华西医院血管中心肺血管病诊治分中心主任，《中华内科杂志》等多本学术期刊的审稿专家。

门剑龙，教授，主任检验师，生物医学工程博士。天津医科大学总医院精准医学中心主任，司法医学鉴定中心司法鉴定人，国家重点研发计划精准医疗集成应用示范基地负责人。天津市卫计委临床检验质控中心副主任委员，中国医师协会检验医师分会委员。主持十三五国家重点研发计划子课题、天津市科技计划项目，担任《中华医学杂志》等编委审稿专家。国内外发表论文 100 余篇；主编参编专著 10 部；获天津市科学技术进步奖一、二、三等奖各 1 项、中国中西医结合学会科学技术二等奖 1 项；执笔《中国血栓性疾病防治指南》、《中国肺栓塞诊疗指南》等 6 部。

对于静脉血栓栓塞症（VTE）的风险监测模式可大致分为两类：

1、整体评估：如 Caprini 评估量表、Padua 评估量表等。

上述 VTE 风险评估量表能够对各类 VTE 风险人群进行有效的血栓危险度评估，指导临床进行有针对性地抗凝干预，降低 VTE 发生风险。Caprini 评分为高危和极高危的患者如无出血禁忌症，均需进行预防性抗凝。Caprini 模型由于高效且易于执行，近年来已作为国内医院 VTE 防控体系的重要预警手段。需注意，其中涉及多项实验室指标，但临床不应对患者进行普遍性化验筛查，而是应依据检测适应证决定是否对患者进行检查，以避免过度使用检验资源，如（1）FV Leiden 和凝血酶原 G20210A 检测应限定于高加索人群，（2）狼疮抗凝物和抗心磷脂抗体检测应限定于符合抗磷脂综合征高度临床可能性的患者，（3）肝素诱导的血小板减少症抗体检测应限定于有肝素暴露（史）且验前概率评分为中、高度临床可能性的患者，（4）易栓症相关实验室检查应限定于病史和 / 或家族史初筛阳性的疑似患者。

2、实验室检测：如 D– 二聚体、狼疮抗凝物、抗凝血蛋白活性、凝血时间等。

依据既往研究和循证证据，这些指标在应用范围和用途上可大致将其分为排除诊断、辅助诊断、风险评估和药物监测等四个方面。其中排除诊断主要包括 D– 二聚体、HIT 抗体等，辅助诊断包括抗凝血蛋白活性、狼疮抗凝物等，风险监测包括 D– 二聚体、血栓易感基因、药物代谢基因等，药物监测包括 PT、APTT、anti–Xa（LMWH 和利伐沙班）、血小板功能试验等。

C-06

病例三：APS 凝血检验与临床困惑

李登举[1]，乔蕊[2]

1、华中科技大学同济医学院附属同济医院

2、北京大学第三医院

李登举，血液病学医学博士，教授，主任医师。华中科技大学同济医院血液科副主任；中国抗癌协会髓系肿瘤学组委员；中国老年医学学会血液学分会委员；湖北医学生物免疫血液专委会常务委员；湖北省 ESCO 淋巴瘤专委会常务委员；湖北省多发性骨髓瘤专业协作组副组长；泰康同济（武汉）医院首批导师。

2010-2011 曾在美国宾夕法尼亚大学从事研究工作。承担和参与国家级和省市级课题 8 项。作为 PI/Sub—PI 先后参与 40 多项国际 / 国内多项新药临床研究。SCI 收录 12 篇（第一或通讯作者）。华中科技大学（医学）外文版，Oncology and Translational Medicine 编委，内科急危重症杂志编委。参编专著《血栓与止血》、《白血病基础与临床》等 8 部。

乔蕊，博士，副主任医师 / 副教授 / 硕士研究生导师。北京大学第三医院 临床实验室质量控制中心副主任。研究领域：出血与血栓性疾病的实验室诊断、抗凝和抗血小板治疗的监测和个体化治疗。

累计发表文章 30 余篇。承担国家自然科学基金 2 项，北京市课题 1 项；参与卫生部课题和十二五课题各 1 项。

社会兼职：

北京医学会检验医学分会青年委员；中华医学会检验医学分会临床血液体液学组委员；中国医师协会检验医师分会出凝血疾病检验专家委员会委员；中国医院协会临床检验管理专业委员会青年委员。

患者男，28 岁，右第三足趾疼痛、发黑一月入院，否认糖尿病、高血压等慢性病史，超声检查示右侧股总静脉血栓、髂外动脉血栓。诊断动、静脉血栓形成、足趾缺血性坏死，放置动脉支架，应用阿加曲班、肝素抗凝，凝血检查示 APTT 显著延长，但 TT 无明显延长，提示 APTT 延长主要非上述抗凝药物所致，需进一步探查原因。

检测狼疮抗凝物（LA）：DRVVT 标准化比值 2.49，提示 LA 强阳性。抗心磷脂抗体、B2GPI 抗体 IgG 均高滴度阳性。

患者多发血栓累及动静脉及小血管，考虑诊断灾难性抗磷脂综合征（catastrophic APS）。

该综合征临床及实验室表现均较一般 APS 更严重，病死率高，急性期除抗凝、糖皮质激素等常用治疗方案外，还可应用血浆置换等。该例即给予了血浆置换治疗。其诱因包括感染，药物，外科手术，妊娠等，但有近一半患者无明确诱因。大量研究已经证实了该灾难性病变发病率低，仅见于约 1% 的 APS 患者。其相关资料多来自 CAPS 国际登记系统——于 2000 年由欧洲抗磷脂抗体论坛建立。随后，针对 APS 患者的鉴别诊断进行了标准分类。CAPS 治疗尚未标准化，但通常包括抗凝、糖皮质激素、血浆置换。

中文口头发言

OR-01

焦磷酸测序技术与荧光定量 PCR 技术在基因检测应用中的对比研究

李　军
中国人民解放军总医院

目的：随着精准医学的发展，临床精准用药逐渐在各大医院开展。药物代谢酶活性受到代谢酶基因型的影响。

方法：目前焦磷酸测序技术与荧光定量 PCR 技术为临床常用的两种检测代谢酶基因型的方法。

结果：两种检测方法在实际临床检测过程中各有优缺点。

结论：本综述将从两种方法的原理以及本科室使用过程中遇到的问题进行总结。

OR-02

Protective Regulatory T Cell Immune Response Induced by Intranasal Immunization with Live Attenuated Pneumococcal Vaccine SPY1 Via TGF– β 1–Smad2/3 Pathway

Lingling Gan
1.Chongqing Medical University
2.Key Laboratory of Diagnostic Medicine Designated by the Ministry of Education, Chongqing Medical University

Objective: To investigate the generation of SPY1–specific Treg cells and the underlying mechanisms responsible for the protection induced by SPY1–specific Treg cells.

Methods: 1. Female C57BL/6J mice were intranasally received vaccine (group CT+SPY1) or adjuvant alone (group CT) for four times at 1–week intervals. During the whole vaccination progress, half of mice from group CT+SPY1 were randomly chosen to be intraperitoneally injected with 100 μg of peptide P17 daily (group CT+SPY1+P17). The other half of mice in group CT+SPY1 received sterile PBS as control. Similarly, mice from CT group were also injected with P17 or PBS daily. All the mice were mucosally challenged with either strain 19F (1×10^8 CFU) or strain D39 at one week after the final immunization, with P17–treated mice receiving 500 μg of P17 both 2 h and 4 h before challenge.

2. Mice weights were monitored during the whole immune process. After challenged by pneumococcal strain D39, mice weights and survival time were observed to detect the effect of P17 on SPY1 protection.

3. Cytokines secreted by mice splenocytes stimulating with 70% ethanol–killed SPY1 were measured with ELISA (IL–6，TNF–α，IL–12p70，IFN–γ，IL–4，IL–5，IL–17A，IL–10). Pulmonary injuries were analyzed by H&E staining post 19F challenge and cytokine levels in lung homogenate were detected by ELISA.

4. The levels of active TGF–β1 in lung homogenate, spleen homogenate and splenocyte supernatant were detected by ELISA on day 7 post the final SPY1 vaccination, respectively. After strain 19F challenge, levels of tgf1–β1 mRNA and active TGF–β1 in lung were detected by PCR and IHC, respectively. The related molecule expressions of Smad–dependent and Smad–independent pathways in TGF–β signalling were measured by PCR, WB and IHC were used to fur-

ther verification.

5. The role of PD–1 and CTLA–4 were analyzed by flow cytometry post 19F challenged.

Results: 1. In murine model of pathogenic S. pneumoniae strain D39 infection, the survival time of P17–treated SPY1–immunized mice were significantly shorter than that of untreated immunized mice, further proofed the immune protection of SPY1.

2. P17 treatment further increased the immune cytokines (IL–12p70, IFN–γ, IL–4, IL–5, and IL–17A) and infection–associated inflammatory cytokine TNF–α in SPY1–immunized mice. The upregulation of both immunosuppressive cytokine IL–10 and anti–inflammatory cytokine IL–6 were reversed by P17 to some extent. H&E staining showed that pulmonary injuries and inflammatory response in P17–treated SPY1–immunized mice were more intensive than that in untreated immunized mice. The changes of cytokines detected in lung homogenates were consistent with those in splenocytes supernatant.

3. By using PCR and IHC, results showed that SPY1 immunization significantly up–regulated the production of Foxp3 in lungs. The increased levels of active TGF–β1 in lungs, spleens and splenocytes of SPY1 immunized mice were detected by ELISA. Simultaneously, the upregulation of TGF–β1 by SPY1 immunization reversed by P17 treatment were further proofed by PCR and IHC post 19F infection.

4. In SPY1 immunized mice, the mRNA levels of smad2, smad3, and smad4 were increased, the mRNA level of smad7 was decreased. The increased productions of Smad2/3 and phosphor–Smad2/3 and decreased Smad7 in SPY1–vaccinated mice were further proved by WB. All the changes could be inverted by P17 treatment, demonstrating SPY1 immunization active the TGF–β1–Smad2/3 signaling pathway.

5. Flow cytometry results showed that the expression of PD–1 and CTLA–4 on SPY1–induced Treg cells was elevated post 19F challenged.

Conclusions: Inhibition of TGF–β1 dramatically attenuates the SPY1–induced acquired protection against pulmonary injury caused by pneumococcal colonization. Besides, SPY1–elicited TGF–β1 is essential for the balances among systemic protective immune responses triggered by SPY1 vaccination. The activated TGF–β1–Smad2/3 signaling is responsible for the generation of SPY1–specific Treg cells, which plays protective role in SPY1 protection through the elevated expressions of PD–1 and CTLA–4.

OR-03

SASH1 在结直肠癌中表达的临床意义及对肠癌细胞 EMT 调控机制的研究

鞠少卿

南通大学附属医院

目的：探讨候选抑癌基因 SASH1 基因在结直肠癌中的表达及其与结直肠癌临床相关病理特征的相关性。并且探讨 SASH1 对结直肠癌细胞生物学行为的影响及作用机制，研究 SASH1 是否参与了结直肠癌的 EMT 进程，进一步探究 SASH1 在结直肠癌发生发展中的作用与意义。

方法：免疫组化法检测 211 例结直肠癌患者癌组织、176 例结直肠癌患者切缘组织及 84 例不典型增生组织

中 SASH1 的表达水平，同时结合相关临床资料分析 SASH1 与结直肠癌临床指标的相关性。实时荧光定量 PCR 法检测 36 对结直肠癌患者癌与癌旁组织中 SASH1 的表达量。检测 SASH1 在结直肠癌各细胞株中的表达水平，免疫荧光检测 SASH1 在 Caco2 细胞中的定位，将 SASH1 的过表达、敲除及各阴性对照转染进 Caco2 细胞株中，通过 WST 实验检测细胞增殖能力的变化，Transwell 小室实验和划痕实验检测细胞侵袭迁移能力的变化，流式细胞术检测细胞周期的改变。Western blot 检测 SASH1 对细胞周期相关蛋白 caspase3、parp 等的影响，检测 EMT 相关蛋白 E- 钙粘蛋白（E-cadherin）、N- 钙粘蛋白（N-cadherin）和波形蛋白（Vimentin）的蛋白水平变化，研究其对 Akt 信号通路的影响。

结果：SASH1 在结直肠癌中的阳性率明显低于正常肠腺体组织。并且 SASH1 与结直肠癌的 TNM 分期、分化有关。细胞株功能学研究表明，转染过表达质粒后，细胞增殖侵袭能力受到抑制；流式细胞仪技术检测细胞周期变化，发现 G0/G1 期细胞比值增多，而 S 期细胞比值下降。Western 显示 SASH1 过表达增加了 caspase3 裂解，剪切 parp；EMT 相关蛋白发生变化。

结论：SASH1 在结直肠癌患者中低表达，并且在结直肠癌病程进展中发挥作用，检测其表达水平对结直肠癌患者的临床诊断和预后判断具有一定的临床应用价值。SASH1 受到抑制则能够促进细胞增殖，促进 EMT 及癌细胞的侵袭迁移，抑制细胞凋亡，SASH1 表达下降可缩短 G0/G1 期，促进癌细胞的增殖分化。并且 SASH1 过表达可能参与抑制 Akt 信号通路。提示 SASH1 可作为结直肠癌治疗的潜在靶点。

OR-04

RASSF1-A 基因甲基化状态分析在骨髓增生异常综合征进展中的意义

康慧媛
中国人民解放军总医院

目的：探讨 RASSF1-A 基因甲基化检测在骨髓增生异常综合征（Myelodysplastic Syndrome，MDS）疾病进展及向急性髓系白血病（acute myeloid leukemia，AML）转化中的临床意义，为 MDS 病情监测提供理论基础及实验依据。

方法：运用亚硫酸氢盐侧序 PCR（bisulfite sequencing PCR，BSP）方法检测 1 例 MDS 系列标本 RASSF1-A 基因在其 MDS-RA、MDS-RAEB、AML 阶段的甲基化状态。采用甲基化特异性 PCR（methylation specific PCR，MS-PCR）方法检测 RASSF1-A 基因在 15 例正常骨髓标本（normal bone marrow，NBM）、35 例 MDS、25 例 AML 中的甲基化状态

结果：1 例 MDS 系列标本，随疾病进展，在 MDS-RA、MDS-RAEB、AML 阶段中，甲基化位点阳性频率存在明显差异（P<0.005），AML 组阳性频率最高（42.71%，205/480）。RASSF1-A 基因在 NBM、MDS、AML 中的甲基化阳性率存在明显差异（P<0.005），NBM 组未发现甲基化阳性者，MDS 组阳性率居中（17.12%，6/35），AML 组阳性率最高（24.00%，6/25）。MDS/AML 患者 RASSF1-A 基因甲基化阳性组髓系原始细胞比例更高（P<0.005）。

结论：RASSF1-A 基因启动子区的高甲基化可发生于 MDS/AML 患者中，并随着恶性克隆增多，RASSF1-A 基因甲基化阳性率及甲基化位点阳性频率越来越高，在一定程度上可预示 MDS 疾病进展，监测 NDS 病情变化，进一步提示 RASSF1-A 基因甲基化检测可成为监测 MDS 患者急性白血病转化的新指标。

OR-05

A novel method for Carbapenem–Resistant Enterobacteriaceae(CRE) rapid identification using Surface–enhanced Raman spectroscopy

Jia Li, Bing Gu

Department of Laboratory Medicine, Affiliated Hospital of Xuzhou Medical University, Xuzhou

Objective: Nowadays, as a result of extensive and non–standard use of antimicrobial agents, clinical antimicrobial drug resistance is becoming increasingly serious , especially the emergence of CRE. Conventional methods for micro-organism detection, such as culturing and growing, suffer from a time–consuming and laborious enrichment process. Thus, we used surface–enhanced resonance Raman scattering (SERRS) method for the accurate detection and identification of carbapenem–resistant and carbapenem–sensitive Escherichia coli .

Methods: We performed a label–free SERS test on 89 E. coli samples including 41 strains of carbapenem–sensitiveEscherichia coli (CSEC) and 48 CREC by mixing Au@Ag NRs with bacteria directly. High–quality SERS spectra from all bacteria samples were acquired and analyzed using the orthogonal partial least squares discriminant analysis (OPLS–DA) algorithm.

Results: The positions of all the major peaks of CSEC and CREC are very similar because the two bacteria belong to a single species, but the relative intensities of the vibrational peaks showed some differences.Data points are clustered into two completely separated groups without overlap, indicating that the SERS spectra of the CSEC and CREC samples can be clearly distinguished.

Conclusions: we presented an efficient SERRS method to identify CSEC and CREC. We detected the SERS signals of 41 strains of CSEC and 48 strains of CREC using plasmonic Au@Ag NRs as SERRS substrate and analyzed the SERS spectra with OPLS–DA. Results show that the proposed method has almost 100% accuracy rate for CSEC and CREC identification.

OR-06

侵袭性抗消化道肿瘤大肠杆菌工程菌株的构建

高冬芳，王鹏，张璐，郭艳霞，陈元

山东大学第二医院

目的：癌症是目前人类致死率最高的疾病之一，传统的癌症治疗主要为放疗和化疗。但是传统的治疗手段无法准确的定位于目标肿瘤、不能有效穿透肿瘤组织并且对正常组织细胞具有杀伤作用，导致治疗效果有限、副作用明显。随着合成生物学的发展，构建可特异性杀伤肿瘤细胞的工程菌是肿瘤生物治疗的全新发展方向。由于静脉注射的安全性及机体耐受性尚缺乏保证，口服是生物工程菌肿瘤治疗的理想给药方式，但细胞因子易受消化酶降解影响其应用。因此，用基因工程技术编辑非致病性细菌表达细胞因子，保护其不受胃酸降解，进入肠道直接释放细胞因子到效应部位，从而减少细胞因子剂量，减轻全身副作用，在应用于消化道肿瘤的治疗

时具有良好的前景。

方法：本实验选取益生菌 E. coli Nissle 1917 作为平台菌株。利用前期工作中构建的大肠杆菌融合表达平台（Cel–CD），融合表达细胞因子 IL–18（携带肠激酶酶切位点），一方面借助细菌载体融合表达可以减少胃内酸性环境及蛋白酶的降解；同时 Cel–CD 的分泌特性使 IL–18 被工程菌株分泌到胞外。到达肠道后，在肠激酶的作用下分离融合蛋白 Cel–IL 得到活性 IL–18，IL–18 与肠上皮细胞的细胞因子受体结合，激发一系列的机体抗肿瘤免疫应答。 利用 E. coli Nissle 1917 在消化道肿瘤组织处聚集生长的特性，借助来源于海洋发光细菌费氏弧菌 (Vibrio fischeri) 的 LuxI/LuxR 群体感应系统构建大肠杆菌工程菌。通过感应菌体密度启始来源于假结核耶氏菌（Yersinia pseudotuberculosis）侵袭素 inv 的表达，侵染肿瘤组织并借助内源性 CDase 杀伤肿瘤细胞。

结果：1) 构建大肠杆菌细胞因子 IL–18 融合分泌系统；2）群体感应（Quorum Sensing, QS）模块的构建 ；3）单质粒的靶向性平台菌株的构建；4）工程菌对消化道肿瘤杀伤作用的检测

结论：本实验将 Cel–CD 融合表达平台应用于生物治疗工程菌的构建，提高了细胞因子的药物利用率，为肿瘤细菌治疗提供了全新的应用实例，具有良好的临床应用前景。

OR-07

已发布血清总胆红素、直接胆红素参考区间行业标准与实际情况的比较与分析

刘佳丽，王薇，何法霖，钟堃，袁帅，张志新，杜雨轩，王治国
北京医院 国家老年医学中心 卫生部临床检验中心 / 北京市临床检验工程技术研究中心

目的：调查我国血清总胆红素（TBIL）、直接胆红素（DBIL）项目参考区间现状，并与已发布的行业标准 WS /T404.4–2018 进行比较。

方法：利用基于 WEB 的室间质量评价系统，收集参加 2016 年常规化学参考区间调查室间质量评价计划的所有实验室的 TBIL、DBIL 项目结果。包括实验室参考区间的来源、是否对参考区间进行验证、参考区间上下限、所用方法、仪器、试剂和校准品等信息。使用 SPSS 17.0 分析所有回报实验室的结果，获取均值、中位数、第 5 百分位数和第 95 百分位数，采用单样本均数 t 检验比较实验室使用参考区间与已经发布的行业标准 WS /T404.4–2018 的差异；并根据使用比例较高的 3 个检测系统进行分组分别比较各组所用参考区间和已经发布的行业标准间的差异。

结果：TBIL 和 DBIL 剔除无效数据后的实验室分别为 1091 和 1018 家，其中实验室参考区间来源为仪器试剂厂家说明书的比例分别为（56.67% 和 56.37%），其次为《全国临床检验操作规程》（比例分别为 34.00% 和 33.37%），实验室自己确定（5.62% 和 5.73%）和教科书（1.33% 和 1.78%）。分别有 588 和 524 家实验室在使用参考区间之前对其进行了验证（52.95% 和 51.43%）。除 DBIL 上限（P=0.356）外，其他实验室的参考区间上下限与行业标准比较差别均有统计学意义（P<0.05）。按照检测系统分组比较，除 TBIL Beckman 系统上限 (P=0.934), DBIL HITACHI 系统上限（P=0.439）, ROCHE 上下限 P 值分别为 0.167 和 0.806 之外，其余检测系统参考区间上下限与行业标准比较差别均有统计学意义。

结论：目前实验室实际工作中所应用的参考区间与行业标准差异显著。实验室应该按照相关规定制定合适的参考区间，如果在实际工作中使用行业标准所给出的参考区间，至少应在使用前进行评估和验证。

OR-08

不同浓度甘油三酯对血红蛋白测定的影响及三种校正方法的研究探讨

欧财文
广东省中医院

目的：分析不同浓度的甘油三酯（TG）对血红蛋白 (Hb) 及其相关参数 (MCH、MCHC) 测定的影响，并对三种校正方法进行比较。

方法：将新鲜正常全血标本在 Mindary BC–6000 全血细胞分析仪上进行全血细胞计数（CBC）后，低速离心后用相同体积的脂肪乳液置换出血 浆，使血液中的甘油三酯（TG）>1.70mmol/L, 制成人工脂血标本，再用相同的方法对其进行 CBC 分析，了解脂血对 Hb 及其相关参数的影响；对进行了 CBC 分析的标本进行二次低速离心 后分别用等量生理盐水和仪器配套的稀释液替代上层浑浊脂血血浆，混匀后进行二次 CBC 分 析 ，同时根据 Hb 估算公式进行估算，对三种校正方法进行比较。

结果：当 TG>4.14mmol/L 时，可使血红蛋白（Hb）及其相关参数假性增高，且差异有统计学意义（P<0.05）；通过生理 盐水、仪器稀释液置换及公式校正之后的 Hb 及其相关参数明显低于人工脂血标本组，差异具 有统计学意义（P<0.05）。生理盐水组、仪器稀释液组与公式校正组两两比较差异均无统计 学意义（P>0.05）。

结论：当血液中 TG>4.14mmol/L 时，Hb 及其相关参数会假性增高，需要 进行校正，且干扰随 TG 浓度的增高而增强。通过生理盐水、仪器稀释液置换与公式估算可消 除高脂血的干扰，并对受干扰结果进行校正。

OR-09

西格玛度量在临床血液学项目分析质量上的应用研究

刘倩，杨伏猛，梁伟，付梅，朱文俊，马丽萍
连云港市第二人民医院连云港市肿瘤医院

目的：探讨四个不同来源的允许总误差 (TEa) 导出的西格玛 (σ) 度量在临床血液学项目分析质量上的应用价值。

方法：应用四个不同的 TEa 标准、2017 年第一次卫计委临检中心室间质量评价的数据作为偏倚以及室内质控数据累积的变异系数 (CV) 作为不精密度来计算 2 个批次的 σ 值，分析不同标准的 σ 度量在临床血液学项目分析质量上的差异；并依据 σ 度量水平选择合适的质量控制规则。

结果：依据生物学变异标准得出的 σ 值较低，σ ≥ 6 的比例为 0%–60% 之间；美国 CLIA'88 标准得出的 σ 值处于中间，σ ≥ 6 的比例为 60%–80% 之间；我国卫生行业标准和德国 RiliBAK 标准得出了较高的 σ 值，σ ≥ 6 的比例均为 80%；依据我国卫生行业标准得到的 σ 值水平，白细胞计数 (WBC)、红细胞计数 (RBC)、血红蛋白 (Hb) 和血细胞比容 (HCT) 项目采用单规则 13s，血小板计数 (PLT) 采用多规则 13s/22s/R4s/41s/8x。

结论：6σ 理论能够对临床血液学项目的性能进行合理的评估，对于室内质控规则的选择具有重要的指导价值。

OR-10

侵袭性真菌深部感染早期实验室诊断

肖晓光
大连医科大学附属第一医院

目的：探讨念珠菌甘露聚糖抗原和甘露聚糖 (IgG/IgM) 抗体、曲霉菌半乳甘露聚糖抗原和烟曲霉（IgG）抗体在侵袭性真菌病早期临床诊断中的应用价值。

方法：收集已确诊侵袭性念珠菌病患者血清 18 例，侵袭性烟曲霉病患者血清 6 例，单纯细菌感染患者血清 20 例，浅部真菌感染患者血清 20 例，正常无真菌感染体者血清 20 例，通过酶联免疫吸附（ELISA）方法检测患者血清中念珠菌甘露聚糖和甘露聚糖 (IgG/IgM) 抗体以及曲霉菌半乳甘露聚糖抗原和烟曲霉（IgG）抗体浓度，通过灵敏度、特异性、阳性预测值、阴性预测值和 ROC 曲线下面积对实验数据进行分析。

结果：经 X^2 检验，侵袭性念珠菌病组与细菌感染组，浅部真菌感染组和正常对照组间甘露聚糖抗原和甘露聚糖（IgG/ IgM）抗体，半乳甘露聚糖抗原和烟曲霉菌抗体阳性率，具有显著性差异（$p<0.05$）；甘露聚糖抗原和甘露聚糖（IgG/ IgM）抗体联合测定的敏感度为 66.7%，特异性为 83.3%，阴性预测值为 100%，阳性预测值为 85.7% ，ROC 曲线下面积为 0.956（95% 可信度区间 0.854–0.963）；半乳甘露聚糖抗原和烟曲霉 IgG 抗体联合测定的敏感度为 66.7%，特异性为 95.0%，阴性预测值为 98.2%，阳性预测值为 100.0% ，ROC 曲线下面积为 0.961（95% 可信度区间 0.868–0.975）。

结论：甘露聚糖抗原和念珠菌 (IgG/IgM) 抗体、半乳甘露聚糖抗原和烟曲霉（IgG）抗体联合检测和动态监测对深部真菌感染的早期诊断具有重要意义。

OR-11

法尼醇介导转录因子 Sfl2 调控 Ywp1 基因影响白色念珠菌生物膜形成的研究

江岑，倪琪，董丹凤，彭奕冰
上海交通大学医学院附属瑞金医院

目的：白色念珠菌是临床分离率最高的念珠菌，容易在医学植入装置表面形成生物膜，给临床治疗带来很大难度。白色念珠菌生物膜形成过程中存在群体感应现象，群体感应分子法尼醇可以抑制生物膜的形成，但其具体机制未知。因此，本研究旨在探究法尼醇介导下影响白色念珠菌生物膜形成的转录调控。

方法：在生物膜培养条件下，利用 50 mM 法尼醇对 211 株不同转录因子缺失的白色念珠菌进行筛选。通过与野生株 SN250 的比较，对生物膜形成量有显著差异的菌株抽提生物膜 RNA，进行 RNA 测序。

结果：在 50 mM 法尼醇作用下，SN250 几乎减少了一半生物膜的量，而转录因子 Sfl2 缺失株 (sfl2Δ /sfl2Δ) 生物膜减少的比例远低于 SN250。通过 RNA 测序和 real time RT–PCR 验证，我们发现法尼醇对转录因子 Sfl2 存在抑制作用。同时，在法尼醇作用下，sfl2Δ /sfl2Δ 株生物膜中 Ywp1 基因的表达显著降低。

结论：法尼醇可能通过介导转录因子 Sfl2 调控 Ywp1 基因影响白色念珠菌生物膜形成。该研究将有助于更进一步阐明法尼醇在白色念珠菌群体感应中的作用，及其抑制白色念珠菌生物膜形成的发展过程。

OR-12

新型的 ST81 型别与 ST37 型别艰难梭菌生物学特征的比对分析

王保亚
首都医科大学附属北京友谊医院

目的：通过对比分析 ST81 型别和 ST37 型别艰难梭菌的分子分型特征，对喹诺酮类药物的耐药性及氨基酸突变特征，毒素 B 的 RNA 表达水平和毒素 B 产量，及芽孢形成能力等生物学特征，初步探讨 ST81 型别艰难梭菌取代国内流行型别 ST37 型别，成为我院主要核酸型别的主要原因。

方法：应用 toxinotype 和 PCR– 核糖体两种分子分型技术分析 ST81 型别和 ST37 型别艰难梭菌菌株的分子型别；采用琼脂稀释法测定 26 株ST81 型别和 6 株ST37 型别的艰难梭菌菌株对环丙沙星和莫西沙星的MICs值；提取艰难梭菌株的基因组 DNA，PCR 扩增喹诺酮类药物耐药相关基因（GyrA 和 GyrB），测序并分析氨基酸突变位点；Real–time PCR 测定两种 ST 型别艰难梭菌菌株的 tcdB 和 spoA RNA 的表达水平，Vidas 仪测定两种 ST 型别艰难梭菌菌株的毒素 B 产量，细胞毒素试验进一步验证毒素 B 对 Vero 细胞的病变效应；采用体外芽孢形成试验计算两种型别艰难梭菌的芽孢形成量。

结果：ST81 型别和 ST37 型别艰难梭菌被鉴定为同一种 toxinotype 型别 –toxinotype VIII 型。但 ST81 型别与 ST37 型别被鉴定为不同的 PCR– 核糖体分型，ST81 型别与 ST37 型别的 PCR– 核糖体条带相比少一条，条带大小约 300 bp。所有的 ST81 型别菌株对环丙沙星 (MICs ≥ 64 μg/mL) 和莫西沙星 (MICs ≥ 128 μg/mL) 均显示高水平的耐药，且 ST81 型别菌株其 GyrA 和 GyrB 基因编码的氨基酸同时发生突变；而 ST37 型别对环丙沙星 (4–64 μg/mL) 和莫西沙星 (4–16 μg/mL) 的 MICs 值较低 ，ST37 型别其 GyrA 基因编码的氨基酸发生单突变或无突变。与 ST37 型别相比，ST81 的 tcdB 基因表达水平和毒素产量较低，但细胞毒素试验证明 ST81 和 ST37 型别均能引起 Vero 细胞的病变效应。与 ST37 型别相比，ST81 型别菌株的 spoA RNA 表达水平和芽孢形成量明显高于 ST37 型别（$P>0.05$）。

结论：ST81 型别艰难梭菌显示对喹诺酮类药物的高水平耐药及高芽孢形成能力，这可能是其为我院流行的主要原因。

OR-13

高毒力肺炎克雷伯菌全基因组序列分析

王丽凤，沈定霞
中国人民解放军总医院

目的：高毒力肺炎克雷伯菌（Hypervirulent Klebsiella pneumoniae, HvKP）携带调节荚膜多糖合成的 rmpA/A2 基因，合成较厚的荚膜；HvKP 分泌一系列铁载体包括气杆菌素、沙门菌素和耶尔森菌素等，摄取铁离子的能力更强。荚膜多糖和铁摄取系统被认为是 HvKP 毒力增强的物质基础。然而，将这些毒力因子转入 cKP，不能完全复制 HvKP 的毒力特征，提示 HvKP 还存在其他毒力因子。为了揭示 HvKP 高致病性及高毒力的遗传基础，选取了 6 株 HvKP 进行全基因组测序和分析。

方法：选取不同荚膜血清分型的 6 株 HvKP 菌株（K1、K2、K57 型 HvKP 各 2 株），利用 PacBio 第三代单分子实时测序技术（SMRT）进行测序，主要从毒力基因、耐药基因两方面展开分析。

结果：本研究测序的 6 株 HvKP 菌株含有的毒力基因数量明显多于 cKP 菌株，其中编码气杆菌素的 iucA-BCD 基因和编码沙门菌素的 iroBCDN 基因为 HvKP 菌株的特异基因。K1 型 HvKP 菌株携带的毒力基因数量明显高于 K2 型和 K57 型 HvKP 菌株携带的毒力基因数量，K1 型特异基因有 21 个，包括 3 个与铁摄取相关的 kfuABC 基因和 18 个氮摄取基因。编号为 11420 和 11492 菌株分别含有碳青霉烯类耐药基因 blaKPC–2 和 β 内酰胺类耐药基因 blaCTX–M–24。

结论：利用第三代测序技术获得 6 株 HvKP 全基因组图谱，引起 HvKP 毒力显著增强的原因在于其携带的毒力基因明显多于 cKP，且 K1 型 HvKP 菌株含有 21 个特异毒力基因，这可能是导致 K1 型 HvKP 毒力最强的主要原因。高耐药及高毒力的肺炎克雷伯菌已经出现，要高度警惕并防止高耐药 HvKP 在医院内的播散。

OR-14

通过移动互联实现检验科与企业间的协同精准管理

凌月明
中国人民解放军第 180 医院

目的：在运用移动互联技术成功系统构建医学检验精准管理平台的基础上，进一步拓展其作为应用功能，实现检验科与企业间的协同精准管理（简称检企协同管理）。

方法：在精准管理平台组建一个或多个外部服务小组，将与科室工作相关的企业技术服务人员、维修维护人员、经销服务人员、委托检验服务人员等纳入其中统一管理，一方面可以通过任务、签到、审批、三基训练与考核等功能模块，实现对这些人员事务的随时分配发布和监督管理，另一方面还可以将这些人员加入到科室特别建立的仪器共管项目、业务共管项目、课题协作项目以及委托检验管理等项目管理体系，充分发挥企业技术、资源等服务支持优势，让企业相关技术服务人员、保障人员等与检验科相关负责同志共同参与相应项目的协同管理。另外在仪器管理方面我们拟建立检验仪器物联网状态信息采集与监控云平台，所得数据由企业和检验科共享，进一步让检企双方共同掌握仪器各项实时状态。

结果：检验科与企业服务人员通过移动互联拓展应用，很好地实现了各个仪器、项目、课题和委托检验等的维护或协作，同时移动物联网云平台将进一步形成仪器运行状态大数据，便于厂家和检验科及时干预，也便于厂家持续改进仪器设备性能。

结论：基于移动互联医学检验精准管理平台作为检企管理中间桥梁，可有效发挥其在仪器、检测业务、课题项目、委托检验等方面协同管理功能，是企业内部管理和检验科内部管理的重要补充，可进一步保障和提高检验为临床服务水平

OR-15

宏基因二代测序技术对呼吸道病毒的临床意义分析

缪青，胡必杰
复旦大学附属中山医院

目的：本研究旨在分析宏基因二代测序技术检测出呼吸道病毒的临床意义。

方法：本研究采用随机扩增法、DNA 纳米球、BGI–500 测序平台、BWA 比对法等技术进行呼吸道标本的二代测序，以痰标本中病毒序列数大于 100 为入选标准，比较分析其临床特点、检出病毒类型、病毒序列数、丰度值等参数。

结果：共纳入 9 例，其中 7/9 患者合并存在免疫抑制因素，共检测出 EBV 病毒 4 例，HSV1 病毒 2 例，CMV 病毒、人博卡病毒、腺病毒 D 型各 1 例，同时合并检出的病毒类型为细环病毒、猪内源性病毒 E。研究发现，各测序参数进行排序时得出的结果不一致，其中 RPKM 与患者氧分压指标存在一定的相关性。

结论：呼吸道病毒感染及定植多发生在免疫抑制宿主，其中 EBV 病毒及 HSV 病毒居多，并且可同时合并细环病毒、猪内源性病毒 E 检出，RPKM 可能与肺部病变严重程度有关，具有一定的临床意义。

OR-16

SXT 诱导性金黄色葡萄球菌小菌落突变株的转录组特征

何春燕，刘庆中
上海市第一人民医院

目的：探索复方新诺明 (trimethoprim–sulfamethoxazole, SXT) 诱导形成的金黄色葡萄球菌小菌落突变株 (Small Colony Variants, SCVs) 的可能机制；了解 SXT 诱导形成的金黄色葡萄球菌 SCVs 代谢、毒力及其调控特点

方法：1.收集上海及浙江省共 5 所医院临床分离的的无菌体液金黄色葡萄球菌共 30 株（菌株编号为 1–30），用 240μg/ml SXT 的脑心浸液肉汤（BHI）过夜摇菌，连续数天获得稳定 SCVs 表型。2. 采用质谱技术和 16sRNA 测序鉴定诱导的 SCVs 是否为金黄色葡萄球菌；采用高压脉冲场凝胶电泳分型技术（PFGE）分析诱导的 SCVs 与亲本株间基因的同源性；采用多位点序列分型（MLST）、辅助基因调节因子 (agr) 分型技术对 SCVs 及亲本株进行分子分型分析；采用 SXT 药敏试验（纸片扩散法、微量肉汤稀释法）、胸腺嘧啶补偿试验、生长曲线测定鉴定 SCVs 的表型。3. 对 SCVs 及亲本株进行全基因组测序。4. 对 SCVs 和亲本株的转录组数据进行生物信息学分析并验证转录组测序的结果。

结果：1. 经过数天 SXT 诱导传代试验的重复，最终有 4 株（2、15、28、29 号菌株）临床菌株出现 SCVs 表型。它们的亲本株均分离自血培养阳性标本。2. 16sRNA 测序以及质谱鉴定结果确认这些 SCVs 和亲本株均为金黄色葡萄球菌；PFGE 结果显示这些 SCVs 确实来源于相应的野生株；从生长曲线看，15 号亲本株的生长速度要远远快于相应 SCVs。3. 对 15 号亲本株及其 SCVs 进行全基因组测序发现，与亲本株相比，SCVs 仅发生少数点突变事件，且多为同义突变。4. 转录组分析发现差异基因主要涉及代谢过程，SCVs 同亲本株相比，前者的

糖酵解、丙酮酸代谢及嘌呤、嘧啶代谢水平发生显著下调。

结论：本研究利用 SXT 诱导临床菌株成功获得 SCVs 表型，鉴定并确认 SCVs 为金黄色葡萄球菌，且与亲本株基因型具有 100% 同源性；全基因组测序表明该 SCVs 主要为表型变异；转录组分析显示 SCVs 较亲本株在转录水平上发生了深刻的变化，主要涉及糖代谢及嘌呤、嘧啶代谢通路，这些代谢的改变很可能与 SCVs 表型的形成有关。

OR-17

Myositis–specific autoantibodies in dermatomyositis/polymyositis with interstitial lung disease

Liubing Li, Qian Wang, Chanyuan Wu, Chenxi Liu, Yanfang Zhang, Linlin Cheng, Xiaofeng Zeng, Fengchun Zhang, Yongzhe Li

Peking Union Medical College Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences

Objective: : Myositis–specific autoantibodies (MSAs) and myositis–associated autoantibodies (MAAs) are useful biomarkers that assist in the diagnosis of dermatomyositis/polymyositis (DM/PM). The objective of our study was to determine the prevalence and diagnostic values of MSAs and MAAs in DM/PM, and DM/PM with interstitial lung disease (ILD).

Methods: : A commercial immunoblot assay with 16 autoantigens was used to detect MSAs and MAAs in serum samples from 130 DM/PM patients, 60 disease controls, and 25 healthy subjects.

Results: : The prevalence of anti–MDA5 and anti–TIF1γ was significantly higher in DM/PM than in other CTDs. Moreover, anti–MDA5 and anti–Ro–52 was significantly higher in DM/PM with ILD than in DM/PM without ILD, while that of anti–TIF1γ and anti–NXP2 was significantly lower in DM/PM with ILD than in DM/PM without ILD. For distinguishing DM/PM from other CTDs, the sensitivity, specificity, and positive predictive value (PPV) for anti–MDA5 were 28.46, 98.33, and 97.37%, respectively, and the positive likelihood ratio (LR+) was 17.08—and 46.15, 58.33, and 70.59%, respectively, for anti–Ro–52 with an LR+ of 1.11. For distinguishing DM/PM with ILD from DM/PM without ILD, the sensitivity, specificity, and PPV for anti–MDA5 were 45.57, 100.00, and 100.00%, respectively, and 60.76, 73.91, and 80.00%, respectively, for anti–Ro–52. Ten of the MSA–positive DM/PM patients were positive for the two autoantibodies.

Conclusions: : MSAs and MAAs are helpful in the diagnosis of DM/PM and serve as biomarkers for differentiating DM/PM from other CTDs as well as distinguishing DM/PM with ILD from DM/PM without ILD. The MSAs in DM/PM were not mutually exclusive.

OR-18

系统性红斑狼疮骨髓形态学分析及其临床意义初步探讨

廖红艳，袁琴，粟军
四川大学华西医院

目的：初步探讨骨髓形态学检查对狼疮的疾病进程，尤其是血液系统受累表现的诊断价值和临床意义

方法：回顾性分析我院 219 例确诊系统红斑狼疮的住院患者资料，包括临床信息、外周血象、骨髓穿刺检查、自身抗体结果与疾病活动度等

结果：在 219 例患者中，不同程度贫血有 153 例（69.9%），其中中度及重度贫血者有 117 例（53.4%），血小板减低有 123 例（56.2%），白细胞减低有 45 例（20.5%）；在骨髓检查中，132 例（60.2%）出现骨髓检查异常，包括 54 例（24.7%）增生极度活跃，18 例（8.2%）增生低下，138 例（63.0%）红系增生低下或形态异常，61 例（28.8%）巨核细胞减少或血小板难见，54 例（24.7%）粒系增生低下或形态异常；骨髓象异常变化与外周血象相关联

结论：SLE 患者是一种多脏器受累的自身免疫性疾病，常累及血液系统，骨髓形态学检查对探索其血液系统受累机制有十分重要的诊断意义。

OR-19

Calreticulin Promotes Synovial Inflammation via up–regulation of ICAM–1 Through PI3K/Akt/eNOS Signaling Pathway in Rheumatoid Arthritis

Yixin Liu[1], Yang Wang[1], Yingyu Bai[1], Xiaoli Zhang[1], Xuguo Sun[1], Wei Wei [1], Fang Zheng[1]
1.Tianjin Medical University
2.Tianjin Medical University General Hospital

Objective：：The cell adhesion molecules ICAM–1 and VCAM–1 are multifaceted regulators of rheumatoid arthritis (RA) pathogenesis and inflammatory process. Extracellular calreticulin (CRT), now regarded as a member of damage–associated molecular patterns (DAMPs), exerts proinflammatory activity in the pathogenesis of RA. The present study was undertaken to determine whether CRT participates in RA synovial inflammation via up–regulation of ICAM–1 expression through PI3K/Akt/eNOS signaling pathway.

Methods：：CRT, ICAM–1 and VCAM–1 levels in RA serum and synovial fluid were examined by ELISA. Their expressions in synovial tissue were detected by immunofluorescence staining. Human umbilical vein endothelial cells (HUVECs) were isolated and cultured for in vitro experiments including flow cytometry, western blot and real–time PCR for different levels research.

Results：：ICAM–1 and VCAM–1 levels in RA serum and synovial fluid were positively correlated with CRT, respectively. Increased co–expressions of CRT and ICAM–1 in vascular endothelium and perivascular areas of RA synovial tissue, and elevated co–location of CRT and VCAM–1 in synovial membrane localized predominantly to lining

layer were observed compared to those of OA. Enhanced ICAM–1expression and increased phosphorylation levels of Akt and eNOS were measured in HUVECs following CRT stimulation. Furthermore, The effect of CRT on eNOS or ICAM–1can be significantly inhibited by a specific PI3K inhibitor or both the inhibitors of PI3K and eNOS.

Conclusions：：Our results suggested that CRT promotes ICAM–1 expression in endothelial cells through activating PI3K/Akt/eNOS signaling pathway. The present study describes a new proinflammatory mechanism of CRT in RA that involves the up–regulation of synovial tissue endothelial adhesion molecule, which further supports a potential pathogenic role of CRT in RA synovitis.

OR-20

调节性 T 细胞与吲哚胺 2，3– 双加氧酶在乙肝感染者外周血中表达的相关性研究

杨峻[1,2]，王前[2,3]，石青峰[1]
1. 桂林医院学院附属医院
2. 南方医科大学
3. 珠江医院

目的：探讨乙肝病毒（HBV）感染者在不同病程下，吲哚胺 –2，3 双加氧酶（indoleamine 2, 3–dioxygenase, IDO）表达水平及其与调节性 T 细胞（regulatory T cell, Treg）、丙氨酸氨基转移酶 (Alanine aminotransferase，ALT) 的相关性。

方法：对 142 例 HBV 感染者及 28 例正常对照者分别采用流式细胞术、实时荧光定量 PCR 技术和全自动生化分析仪检测受检者外周静脉血 IDO mRNA、调节性 T 细胞及丙氨酸氨基转移酶（ALT）活性；进行各组间检测结果比较及相关性分析。

结果：IDO mRNA 从高到低依次为 HCC 组、AHB 组、CHB 组、LC 组、对照组。 LC 组与对照组均明显低于其余 3 组（$P < 0.01$），其他各组间两两比较，差异无统计学意义（$P > 0.05$）。Treg 计数从高到低依次为 HCC 组、AHB 组、CHB 组、LC 组和对照组；AHB 组、对照组明显高 于 HCC 组（$P < 0.05$），除 CHB 组外，各组 Treg 细胞均与对照组有统计学意义（P 均 < 0.05）。ALT 检测，总体组间比较，除 LC 组外，各组 ALT 活性均与对照组有统计学意义（P 均 < 0.05）。Treg 细胞、ALT、IDO m RNA 相关性分析：ALT 活性与 IDO mRNA 表达基本无相关性（$r=0.061$，$P=0.432$），Treg 细胞与 IDO mRNA 表达呈正相关（$r=0.272$，$P<0.01$）。

结论：HBV 感染者 IDO 表达明显增强，与 Treg 细胞正相关，其早期升高有利于病毒清除，但持续升高会导致 HBV 特异性 T 淋巴细胞功能抑制，使 HBV 慢性化，IDO 表达与 Treg 细胞的持续增高提示预后不良。

OR-21

脑卒中患者同型半胱氨酸、GFAP、BDNF 和超敏 C 反应蛋白水平与血管性认知障碍相关性研究

潘庭荣，袁云华
泸州市人民医院泸州市红十字医院

目的：探讨脑卒中患者体内同型半胱氨酸 (Homocysteine，Hcy)、胶质纤维酸性蛋白 (glial fibrillary acidic protein，GFAP)、脑源性神经营养因子(brain derived neurotrophic factor，BDNF)和超敏C反应蛋白(hypersensitive C–reactive protein，hs–CRP) 水平与血管性认知障碍的相关性研究。

方法：选取 2014 年 5 月—2017 年 5 月本院收治 120 例脑卒中患者为观察组，分为无痴呆型血管性认知障碍组 (vascular cognitive impairment no dementia, VCIND) 40 例、血管性痴呆组 (vascular dementia，VD) 40 例和混合性痴呆组 (mixed dementia，MD) 40 例，另选取 40 例健康体检者为对照组。收集患者血液并检测同型半胱氨酸 (Hcy)、胶质纤维酸性蛋白 (GFAP)、脑源性神经营养因子 (BDNF) 和超敏 C 反应蛋白 (hs–CRP) 含量。

结果：脑卒中患者血管性认知障碍的分型无痴呆型血管性认知障碍组 (VCIND)、血管性痴呆组 (VD) 和混合性痴呆组 (MD) 均与血清 Hcy、GFAP 和 hs–CRP 蛋白存在显著的正性相关关系，随着血管性认知障碍程度加重，血清 Hcy、GFAP 和 hs–CRP 含量水平显著升高，差异具有统计学意义 ($p<0.05$)；与血清 BDNF 蛋白存在显著的负相关关系，随着血管性认知障碍程度加重，血清 BDNF 含量水平越低，差异具有统计学意义 ($p<0.05$)。

结论：脑卒中患者体内同型半胱氨酸 (Hcy)、胶质纤维酸性蛋白 (GFAP)、脑源性神经营养因子 BDNF) 和超敏 C 反应蛋白 (hs–CRP) 水平明显改变，且与血管性认知障碍的三种主要类型呈明显的相关性。

OR-22

高脂血症人群 APOEApoE/SLCO1B1 基因多态性与他汀类药物疗效和安全性的相关性研究

陈敏[1]，唱凯[1]，陈鸣[2]，邓少丽[1]
1. 陆军军医大学大坪医院
2. 陆军军医大学西南医院

目的：研究高脂血症人群 ApoE 和 SLCO1B1 基因多态性的分布情况，以探究其对他汀类药物降脂疗效及安全性的影响。

方法：选取陆军军医大学大坪医院的 497 例血脂异常患者，男 252 例，女 245 例，平均年龄（66 ± 11）岁。提取基因组 DNA，采用 PCR– 荧光探针法测定 ApoE 基因 ApoE2（526C ＞ T）、ApoE4（388T ＞ C）和 SLCO1B1 基因 SLCO1B1*1b（388A ＞ G）、SLCO1B1*5（521T ＞ C）多态性；统计 ApoE 和 SLCO1B1 基因型频率和等位基因频率。根据不同 ApoE 基因型的他汀类药物疗效将其分为疗效良好组、疗效正常组和疗效不良组，明确三组间 SLCO1B1 基因型分布频率。

结果：ApoE 基因型分布频率为 E2/E2 1.00%，E2/E3 12.47%，E3/E3 66.80%，E3/E4 16.50%，E2/E4 2.01% 和 E4/E4 1.21%，即疗效良好组 13.48%，疗效正常组 68.81%，疗效不良组 17.71%。SLCO1B1 基因型频率：*1a/*1a 型 6.24%，*1a/*1b 型 30.18%，*1b/*1b 型 42.66%，*1a/*15 型 3.02%，*1b/*15 型 16.10%，*15/*15 型 1.81%。疗效良好组、正常组和不良组中 SLCO1B1 基因型分布整体均匀，没有显著差别。疗效良好组中正常风险基因型占 82.09%，中等风险基因型占 17.91%，高度风险基因型 0%；疗效正常组中正常风险基因型占 78.95%，中等风险基因型占 18.72%，高等风险基因型占 2.33%；疗效不良组中正常风险基因型占 75.00%，中等风险基因型占 23.87%，高等风险基因型仅有一例占 1.13%。

结论：高血脂人群适合使用他汀类药物进行治疗，并可通过基因型别调整药物剂量，以降低其不良反应。

OR-23

帕金森患者血液 Hcy、Aβ 1–42 表达及与认知功能的相关性分析

于成勇
威海市文登中心医院

目的：研究帕金森（Parkinson's disease, PD）患者血液 Hcy、Aβ1–42 表达及与认知功能的相关性。

方法：选择 2014 年 6 月至 2016 年 3 月期间来我院治疗的 50 例 PD 患者为观察组，同时选取同期来我院体检的健康人群 40 例为对照组，评定认知功能，检测并比较两组患者 Hcy、Aβ1–42 水平，不同病情分期 PD 患者 Hcy、Aβ1–42 水平，观察组不同认知亚组间 Hcy、Aβ1–42 水平及血清 Hcy、Aβ1–42 水平与 UPDRS、MoCA、MMSE 评分相关性。

结果：观察组血清 Hcy 水平显著高于对照组 [（23.68 ± 2.29）μmol/L 比（16.47 ± 2.14）μmol/L]，Aβ1–42 水平显著低于对照组 [（1.01 ± 0.45）ng/mL 比（1.21 ± 0.43）ng/mL]；晚期组患者血清 Hcy 水平最高，中期组血清 Hcy 水平高于早期组，不同分期 PD 患者 Aβ1–42 无统计学差异；PD–NCI 亚组、PD–MCI 亚组、PDD 组 Hcy 水平比较呈增长趋势，三个亚组血清 Aβ1–42 无统计学差异；PD 患者血清 Hcy 水平与 UPDRS 评分正相关关系（$P<0.05$），与 MoCA、MMSE 水平呈负相关关系，Aβ1–42 水平与各项评分均无明显相关性。

结论：Hcy、Aβ1–42 水平能够反映 PD 病情进程和认知功能损害程度，两者联合检测有望成为 PD 诊断的新生物学指标。

OR-24

克罗恩病患者血清胆汁酸代谢谱分布及预测模型诊断效能的评价

张洁，徐润灏，李敏
上海交通大学医学院附属仁济医院（西院）

目的：分析克罗恩病（Crohn's disease, CD）患者血清胆汁酸代谢谱分布，探讨预测模型作为筛查指标的诊断价值。

方法：选取 2017 年 6 月至 2018 年 4 月于上海交通大学医学院附属仁济医院就诊的 CD 患者 188 例和健康对照组 175 例作为研究对象，采用高效液相色谱 – 串联质谱法（LC–MS）检测两组人群血清胆汁酸代谢谱共 15 项。组间比较采用 Mann–Whitney U 检验和卡方检验；随机抽取 CD 患者 128 例和健康对照组 115 例作为训练样本，采用 Logistic 回归分析胆汁酸代谢谱与 CD 的相关性，并建立初步预测模型，另将 60 例 CD 患者和 60 例健康对照组作为考核样本，对所建模型进行验证，然后将训练样本和考核样本合并，建立最终预测模型；利用 ROC 曲线分析预测模型作为筛查克罗恩病指标的可行性。

结果：CD 组与健康对照组相比，共有 7 种胆汁酸差异具有统计学意义（$P < 0.05$），其中 DCA、LCA、GLCA、GDCA、TLCA、TDCA 在 CD 组中显著降低（$P < 0.05$），而 UDCA 在 CD 组显著增高（$P < 0.05$），其它胆汁酸亚型含量无明显差异（$P > 0.05$）；采用训练样本建立的 logistic 回归预测模型 logit（P）=0.002*UDCA–0.039*LCA–0.031*GLCA+0.068*TLCA–0.005*TDCA+0.899，经考核样本验证后，建立最终预测模型 logit（P）=0.002*UDCA–0.047*LCA–0.002* GLCA +0.014* TLCA–0.002*TDCA+1.208，用该模型对所有研究对象进行统计，灵敏度为 81.38%，特异性为 76.57%，阳性预测值为 78.87%，阴性预测值为 79.30%；ROC 曲线分析此模型，其曲线下面积 AUC 为 0.854（95%CI：0.814–0.889）。

结论：克罗恩病患者血清胆汁酸谱分布发生显著变化，次级胆汁酸DCA、LCA、GLCA、GDCA、TLCA、TDCA 的显著下降与肠道合成有关；胆汁酸代谢谱的预测模型对于克罗恩病的诊断有一定价值。

OR-25

尿液外泌体分离及其 miRNA–141 作为前列腺癌诊断标志物的初步探究

朱迎星

徐州医科大学附属医院

目的：分离纯化尿液外泌体，探究尿液外泌体 miRNA–141 作为前列腺癌诊断标志物的潜能。

方法：收集健康体检者、前列腺增生及前列腺癌患者晨尿样本各 30 例，冻存于 –80℃备用。超速离心法分离尿液外泌体。通过 Western–blot 检测外泌体标志蛋白 TSG101，ALIX，透射电镜观察外泌体形态、大小鉴定分离获得的外泌体。提取尿液外泌体 RNA，应用实时荧光定量聚合酶链反应 (qRT—PCR) 检测尿液外泌体 miRNA–141 的表达量，并采用全面的统计方法探讨 miRNA–141 对前列腺癌的临床价值。

结果：前列腺癌尿液外泌体 miRNA–141 的表达量较前列腺增生和健康对照组明显上调，差异有统计学意义 (P<0．01)。但 miRNA–141 在前列腺增生组和对照组中的表达差异无统计学意义 (P>0．05)。尿液外泌体 miRNA–141 的表达与临床分期和骨转移相关 (P<0．05)，随着临床分期的增加，miRNA–141 的表达水平升高；但 miR 一 375 的表达量与患者年龄、Gleason 评分和血清前列腺特异性抗原水平相关性不强 (P>0．05)。ROC 曲线显示尿液外泌体miRNA–141 较PSA能够更好地区分前列腺癌与前列腺增生，曲线下面积分别为 0.825(95% CI：0.689 ～ 0.942)、0.732(95% CI：O.592 ～ 0.871)。

结论：尿液外泌体 miRNA–141 可作为前列腺癌非侵人性的分子诊断标志物。

OR-26

Long non–coding RNA CCAT1 promotes colorectal cancer progression by regulating miR–181a–5p expression

Anquan Shang[1], Weiwei Wang[2], Zhengxin Cai[2], Wenying Lu[2], Cheng Zhou[3]

1.Tongji Hospital, Tongji University School of Medicine

2.The Sixth People's Hospital of Yancheng City

3.Huashan Hospital Affiliated to Fudan University

Objective: Our study aimed at elucidating the function and mechanisms of long non–coding RNA CCAT1 via regulating miR–181a–5p expression in the colorectal cancer (CRC).

Methods: The Cancer Genome Atlas (TCGA) makes available lncRNA expression level data on cases and controls in matched 38 colorectal patients. We detected 10 lncRNAs that were upregulated and 10 that were downregulated specifically in CRC. 50 cases of CRC tissues were collected to analyze the correlation between expression of CCAT1 and clinical pathology. The quantification of CCAT1 and miR–181a–5p was done using qRT–PCR and western blot. The target relationship between CCAT1 and miR–181a–5p was verified using dual–luciferase reporter gene assay. Cell viability was determined using MTT assay, colony formation assay and EdU assay. Cell aggression was determined using Transwell and wound healing assays. Flow cytometry analysis was used to demonstrate cell apoptosis. Further xenograft model experiments displayed the oncogenicity of CCAT1.

Results: The expression of lncRNA CCAT1 was significantly upregulated in CRC tissues. The CCAT1 expression was positively associated with American Joint Committee on Cancer stage ($P < 0.05$). CCAT1 could promote the cell proliferation, growth and mobility by targeting miR–181a–5p. The silence of CCAT1 could increase the cell apoptosis. Knocking down the expression level of CCAT1 could inhibit tumor growth in vivo.

Conclusions: CCAT1 could promote CRC cell proliferation, invasion, migration and suppress cell apoptosis by regulating miR–181a–5p expression.

OR-27

2014–2017 年女性高危宫颈人乳头瘤状病毒 (hrHPV) 基因型流行性研究

王兴宇

包头市中心医院

目的：对内蒙古中西部的包头地区的宫颈癌 HPV 基因型感染特征进行研究，以便于将来进行 HPV 疫苗的接种，疾病的筛查、诊断和治疗。

方法：选用 Real–Time PCR 仪对 2015–2017 年共 4266 名女性进行 15 种不同高危基因型的鉴定。

结果：包头地区 HPV 感染率为 16.30%，最常见基因型为 HPV16(43.2％)，58(17.3％)，18(9.4％)，52(8.9％)，39(8.6％) 和 31(8.3％)。在整个人群中多发性 HPV 感染率为 3.7%，HPV52+58，HPV16+52，

HPV16+18 混合基因型在多发感染的女性中最常见。HPV 基因型的患病率显示的一个双峰曲线，21 岁以下出现了的第一个高峰 (47.2%)，其次是 56–60 岁 (25.5%) 的第二高峰。

结论：本研究的数据可能对包头地区的 HPV 宫颈癌筛查工作有重要意义，对包头地区的当地疫苗接种方案具有支持作用，促进 HPV 疾病未来的诊断和治疗。

OR-28

A case–control study identifies six single nucleotide polymorphisms as risk loci for alcoholic liver disease in Chinese Han male population

Funing Yang, Jing Huang

The First Hospital of Jilin University

Objective: Alcoholic liver disease (ALD) is a multiple factor complex and severe chronic liver disease due to heavy alcohol consumption, which is influenced by host gene and environment. Serum liver enzymes levels are widely regarded as indicators of liver disease including ALD. Recent genome–wide association studies (GWAS) have revealed thirteen single nucleotide polymorphisms (SNPs) in NBPF3 (rs1976403), ABO (rs8176720, rs657152, rs495828 and rs579459), MRC1 (rs2477664), ALDH2 (rs671), BRAP (rs3782886), HECTD4 (rs2074356 and rs11066280), HNF1A (rs7310409), MYL2 (rs12229654) and GGT1 (rs2073398) were associated with the concentration of liver enzymes. The aim of this study was to investigate if these polymorphisms may also be related to ALD in Han Chinese.

Methods: We carried out a multi–center case–control study of 507 ALD patients and 645 healthy controls. Sequenom MassArray system was used to genotype the thirteen SNPs.

Results: The major allele frequencies of the six SNPs (rs8176720, $Pc=4.86\times10^{-5}$; rs671, $Pc=1.20\times10^{-30}$; rs3782886, $Pc=1.73\times10^{-34}$; rs2074356, $Pc=1.44\times10^{-23}$; rs11066280, $Pc=2.71\times10^{-28}$; rs12229654, $Pc=5.36\times10^{-17}$) were much higher in patients with ALD compared to healthy controls. However, no association was found between the SNPs and subphenotypes of ALD patients.

Conclusions: The present study identified a strong association of rs8176720, rs671, rs3782886, rs12229654, rs2074356 and rs11066280 with ALD, which was the largest sample size in Han Chinese by far and provide further clues for the pathogenesis of ALD.

OR-29

风险管理指数评估基于患者风险的质量控制策略

黄亨建，蒙立业，杨培，周朝琼

四川大学华西医院

目的：应用检测结果超过质量规范要求的错误报告所产生患者伤害的预期概率及可接受患者伤害的概率之

比即风险管理指数（RMI），定量评估本实验室基于患者风险管理设计的糖化血红蛋白质量控制策略

方法：测量程序的系统误差与患者风险的预期概率表示为：PH(SE)={PE(0)+E(Nuf(SE))/[MPBF+ANPed(SE)]}*PhIu，风险管理指数（risk management index，RMI）= 预测的 PH/ 可接受 PH，其中：PE(0) 指检测系统在稳定状态下，测量程序产生错误结果的概率；E(Nuf(SE)) 指在失控状态下，由系统误差引起最终结果中不可接受错误报告的预期数量；MPBF 指在两次失控期间所报告患者结果的数量；ANPed(SE) 指发生失控到误差被检测出的时间内，已发出患者报告的数量；PhIu 指错误结果导致不恰当临床决策及行为引起患者风险的概率。可接受患者伤害概率 PH 来至于 CLSI EP23–A 和 ISO 14971 指南矩阵表

结果：基于患者风险管理设计的两台糖化血红蛋白质量控制策略：起始质控为 2 个水平 QC, 13s/22s/R4s/41s 规则，监测质控为 2 个水平 QC，13s N=2，分析批长度分别为 40, 80；每台每日工作总量 250，失控事件间的平均时间均为 5 个月（150 天），糖化血红蛋白仪工作量 MPBF1=250*150=37500、MPBF2=250*150=37500；实验室评估错误结果导致不恰当临床决策和行为造成患者伤害概率是 50%(PhIu = 0.5)；实验室期望患者受到错误报告导致风险严重程度为轻度和发生事件为偶然，接受患者伤害概率 PH 为 1/10000；两台糖化血红蛋白仪的 RMI 为 1.0

结论：患者风险管理指数（RMI）代表患者伤害的预期概率与患者伤害的可接受概率比率。RMI ≤ 1 表明实验室设计的质量控制策略能达到患者风险在可接受的水平

OR-30

实验室 TAT 的应用探索

张凯歌，王刚，陈葳，王晓琴
西安交通大学第一附属医院

目的：根据实验室信息化平台的建设，探索实验室 TAT 在整个检验管理过程中的应用，更好的优化患者检验流程，提高检验效率。

方法：利用上海杏和 LIS 公司软件提取、回顾性分析西安交通大学第一附属医院检验科 2017 年 1 月至 12 月标本周转时间（TAT）的每个节点。

结果：通过信息平台可以统计实验室 TAT，全面掌握实验室质量指标运行情况，此外根据整个医疗 TAT 各个阶段分析其临床应用，为实验室流程优化提供依据。

结论：通过 TAT 的应用探索分析，发现检验流程中存在的问题，通过流程优化、人员培训、临床沟通、分时上班，加强信息化建设，重新购置自主报告机等措施，大大提高了检验效率，缩短了 TAT 时间，保证了检验质量。

OR-31

Smart 实验室试剂耗材管理系统的开发与应用

曹源，王延群，公衍文，胡成进
中国人民解放军济南军区总医院（原：九〇医院）

目的：随着工作量日益增长以及 ISO15189 认可的要求，科室原有 LIS 系统附带的试剂管理软件已不能满足需求。为此，我们结合 ISO15189 认可和科室实际情况，开发了一套基于 web 的条码化试剂管理系统。经过 3 年多时间不断完善和改进，Smart 试剂管理系统能较好的实现科室合理库存和试剂质量管理。

方法：Smart 试剂管理系统开发采用 PHP 编程语言，基于 Yii Framework 框架，后台采用 MySQL 数据库。所有数据和程序都存储在后台服务器上，客户端只需要安装一个 FireFox 浏览器，即可运行程序。

结果：Smart 试剂管理系统包括以下功能：①入库申请及入库查询；②出库申请及出库查询；③仓库管理员收到申请提升及试剂准备；④仓库管理员进行出库；⑤仓库管理员进行盘库；⑥库存不足提示；⑦过期试剂及快过期试剂提示；⑧试剂其他处理；⑨入库及出库统计；⑩试剂入库和出库趋势和组成统计等。基于 Smart 试剂管理系统的角色权限设置，检验科各组试剂管理员负责试剂、耗材和办公用品等采购申请和出库申请。仓库管理员负责试剂入库、试剂准备及出库、试剂盘点、数据备份等；科室领导可以对试剂耗材的出入库进行查询和统计等进行管理。

结论：Smart 试剂管理系统是一个基于 web，支持试剂条形码的试剂耗材管理系统。我们后续将进一步开发优化，希望其能成为符合 ISO15189 认可的试剂耗材管理系统，提供给需要的医院和单位使用。

OR-32

智能机器人标本运送系统在临床实验室的应用

夏良裕，程歆琦，侯立安
北京协和医院

目的：在临床实验室内应用智能机器人传递急诊样本，以解决工作人员在较短距离内频繁往来问题，提高标本运输效率。

方法：通过机器人具有的激光雷达、陀螺仪、里程计、超声波等多传感器融合技术及无线网络，确定机器人运行的起始和终点坐标，规划路线图，进行自主定向直线、转向、调头运行、远端呼叫运行、障碍识别与避让、自动充电等功能的测试与练习。

结果：智能运输机器人加速度达到 1.5m/s，平均运行速度设置为 1m/s。机器人可按照指定命令或远端呼叫的模式，遵照设定的路线，进行自主导航定平稳运行，在设定点之间往复运输标本。在运行途中可自主避开静止或移动的障碍物。当其电量小于设定值时可自主寻找充电器并进行充电。

结论：智能运输型机器人能够适应临床实验室狭小的空间及识别障碍物，并在多点之间连续往返运输标本。运用智能运输型机器人转运标本能够节省人力，提高短距离频繁样本运输的效率。

OR-33

医学检验科设立检验咨询门诊重要性的探讨

蔡雪梅[1,2,3]，郭翀[1,2,3]，张艳亮[1,2,3]，刘子杰[1,2,3]，晋臻[1,2,3]，王娟[1,2,3]

1. 昆明医科大第一附属医院

2. 云南省实验诊断研究所

3. 云南省检验医学重点实验室

目的：医学检验科检验咨询门诊的设立，在实验室和临床之间架起一座沟通桥梁，增强了服务意识，减少检验工作中医患纠纷，同时全面提升检验的质量。

方法：收集整理 2017 年 6 月 ~ 2018 年 4 月在昆明医科大学第一附属医院呈贡医院检验咨询门诊就诊的 805 例咨询服务的资料，对咨询患者的性别、年龄及内容进行统计分析。

结果：咨询患者的平均年龄在 46 岁左右，男性占 44.2 %（356/805），女性占 55.8 %（449/805），通过咨询（包括病史及临床症状或检验报告单或体检报告的咨询）并开检验单占 71.6%（577/805），咨询检验报告占 9.4%（76/805），直接开检验单占 19%（152/805）；咨询门诊服务的最多是检验报告单结果解释，主要涉及前五位的依次是甲状腺功能测定、乙肝两对半及 HBV-DNA、体检报告、肝功能结果异常、地中海贫血基因筛查及人乳头瘤病毒检测及基因分型的咨询；其次是通过咨询将一部分盲目不知就诊哪个科的患者有目的分流到相应的临床科室，有效节约患者的就诊时间。

结论：检验咨询门诊有利于加强医学检验科与患者之间的沟通与交流，建立良好的医患关系，有利于完善检验的质量管理具有重要的现实意义。

OR-34

Platelets induce epithelial–mesenchymal transition and increase invasion in ovarian cancer cells by TGF–β/Smad pathway

Yi Guo, Wei Cui, Yuqing Pei, Danfei Xu

National Cancer Center/Cancer Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College

Objective: Ovarian cancer is the leading cause of death among all gynecological malignancies. The high mortality is partly due to metastasis. Studies have shown that platelets play an important role in cancer metastasis by promoting epithelial–mesenchymal transition (EMT). EMT is mainly induced by the transforming growth factor–beta (TGF–β). Platelets could secret TGF–β, and promote EMT in murine colon and breast cancer cells through the TGF–β/Smad pathway. However, it is unclear whether the TGF–β/Smad pathway is activated by platelets in human ovarian cancer cells. Therefore, our aims were to (1)test whether platelets initiated EMT and invasion in ovarian cancer cells via the TGF–β signaling pathway; (2) examine whether TGF–β type I receptor (TβR I) inhibitor A83–01 could abolish the pro–metastatic effects of platelets on ovarian cancer cells.

Methods: Blood samples were collected in 53 ovarian cancer patients. Clinico–pathological data of the patients

were collected from their electronic medical files, and serum TGF–β levels were measured by commercial ELISA kit. SK–OV–3 and OVCAR–3 ovarian cancer cells were treated with platelets, and EMT was assessed by measuring the levels of EMT–related markers by quantitative real–time PCR (qPCR) and Western blotting. Transwell assays were used to analyze the invasive capacity of the cells. The activation of TGF–β/Smad pathway was examined using ELISA and Western blotting. TβR I inhibitor A83–01 was used to confirm the role of TGF–β/Smad pathway in platelet–induced EMT and invasion of ovarian cancer cells.

Results: (1) 27 ovarian cancer patients with platelet counts of more than 350×10^9/L had a higher incidence of metastasis to the omentumand mesentery. Analysis of the mesenchymal markers and transcription factors involved in EMT revealed that snail, vimentin, N–cadherin, fibronectin (Fn1) and matrix metalloproteinase–2 (MMP–2) were significantly up–regulated in platelet–treated cell lines, while the epithelial marker E–cadherin was significantly down–regulated in SK–OV–3 cells co–cultured with platelets. Western blot analysis revealed reduced E–cadherin, and increased N–cadherin and MMP–2 protein levels in platelet–treated SK–OV–3 and OVCAR–3 cells. Co–culture with platelets markedly increased the invasive properties of SK–OV–3 and OVCAR–3 cells by 3.1–fold and 3.7–fold respectively.

(2) Significantly higher TGF–β levels were seen in patients with increased platelet counts compared to those with normal platelet counts. Active TGF–β levels in the ovarian cancer cells and platelets co–culture conditioned medium was markedly increased compared to the medium from tumor cell cultures alone. SK–OV–3 and OVCAR–3 cells treated with platelets also showed increased phosphorylation of the TGF–β signaling effector Smad2 compared to the untreated cells, indicating that the platelets activated the TGF–β/Smad pathway in ovarian cancer cells.

(3) Upon addition of the TβR I inhibitor A83–01 to the platelets–treated cells, the EMT–like alterations were inhibited at the mRNA level. A83–01 treatment also restored the expression of E–cadherin and repressed that of N–cadherin and MMP2– in both cell lines at the protein level. Concordantly, exposure of the platelets–treated SK–OV–3 and OVCAR–3 cells to A83–01 resulted in a 2.6– and 2.3–fold reduction respectively in their invasive abilities compared to those incubated with platelets alone.

Conclusions: Higher platelet counts were significantly associated with a higher incidence of intraperitoneal dissemination and may lead to elevated TGF–β levels in ovarian cancer patients. Platelets promoted EMT and invasive ability of ovarian cancer cells by activating the TGF–β/Smad pathway, and the TβR I inhibitor A83–01 inhibited the platelet induced EMT and invasiveness. These findings suggest that TβR I inhibition may be an effective anti–metastatic therapy in ovarian cancer.

OR-35

血小板聚集功能能够预测转移性结直肠癌接受抗血管生成分子靶向治疗疗效

梁立[1]，崔越宏[1]，冯艺[1]，余一祎[1]，郭玮[2]，李伟[1]，于珊[1]，刘天舒[1]

1. 复旦大学附属中山医院

2. 复旦大学附属中山医院

目的：评价血小板聚集功能（Platelet Aggregation Function）的变化与转移性结直肠癌接受抗血管生成分子

靶向治疗（Antiangiogenic molecular targeted therapy）疗效的关系。

方法：选取 2016 年 12 月至 2017 年 11 月在复旦大学附属中山医院肿瘤内科确诊转移性结直肠 癌、接受抗血管生成分子靶向药物——贝伐珠单抗（Bevacizumab）联合标准化疗方案全身治疗、排除期间接受抗凝治疗的患者 145 例，运用 PL–12 多参数全自动血小板分析仪检测 接受全身治疗时血小板聚集功能，诱聚剂为肾上腺素（EPI, 2mg/ml）。运用影像学检查和 实体瘤疗效评价标准（Recist 1.0 版）评估患者的抗肿瘤疗效，统计学方法包括方差分析（ANOVA）、受试者工作特征曲线（ROC），生存分析采用 Kaplan–Meier 法。

结果：转移性结直肠癌患者接受含贝伐珠单抗的全身治疗前、治疗后评估为疾病稳定（SD）/ 部分缓解（PR）/ 完全缓解（CR）时刻、治疗后评估为疾病进展（PD）时刻的血小板最大聚集率（MAR%）分别为 61.9 ± 14.6%、53.1 ± 17.3%、55.1 ± 16.3%（p = 0.041），平均聚集率（AAR%）分别为 54.5 ± 18.6%、45.2 ± 18.1%、46.1 ± 18.8%（p = 0.030），最大聚集时间（MAT）分别为 426.7 ± 53.4 秒、393.1 ± 68.6 秒、408.2 ± 66.5 秒（p = 0.042）。 用最大聚集率计算受试者工作特征曲线并且得到曲线下面积（AUC）为 0.68（p = 0.026），得到约登指数为 55.8（%），以此将所有患者分为血小板高反应组和血小板低反应组，计算两组接受含贝伐珠单抗的全身治疗后的首次中位疾病进展时间（TTP）分别为 8.2 个月和 11.1 个月（p = 0.023）。

结论：血小板聚集功能的下降提示转移性结直肠癌患者能从含贝伐珠单抗的全身治疗中获益，血小板高反应患者治疗后疾病进展时间延长。

OR-36

纤维蛋白原 Aα 链 Arg16His 突变导致 异常纤维蛋白原的功能研究

罗美玲，向立群，闫婕，廖林，邓雪连，林发全
广西医科大学第一附属医院

目的：对 3 例遗传性异常纤维蛋白原血症患者的突变纤维蛋白原进行功能研究。

方法：对 3 例遗传性异常纤维蛋白原血症患者及其家系成员进行常规凝血检测，其中纤维蛋白原的抗原和活性分别通过免疫比浊法和 Clauss 法测定，运用 SDS–PAGE 纯化的纤维蛋白原（Fg），用 Western blot 检测患者 Fg 肽链的相对表达量，再行纤维蛋白肽释放试验、纤维蛋白聚集试验及纤维蛋白原凝固率等功能检测；提取患者 DNA，用 PCR 扩增纤维蛋白原编码基因所有外显子及侧翼序列，获得目的产物，直接测序分析，查找患者基因突变位点，并运用 Maldi Tof 质谱进一步检测，分析变异肽段；最后运用扫描电子显微镜观察纤维蛋白网状结构。

结果：3 例患者的常规凝血检测结果为纤维蛋白原活性明显下降（分别为 0.41，0.64，0.6 g/L），凝血酶时间 (TT) 明显延长，但纤维蛋白原抗原含量、活化部分凝血酶原时间 (APTT)、凝血酶原时间（PT）均在正常范围内。Western blot 未检测到异常条带。纤维蛋白肽 A 释放量均明显降低，Fg 开始聚集时间延迟，及最大聚集率下降。Fg 凝固率下降至 60% 左右；基因检测发现 3 例患者均发生纤维蛋白原 FGA 第 2 外显子 g.1232G>A 杂合突变，引起 Aα 链第 16 位精氨酸的改变，导致 Aα 链 Argl6His 错义突变。质谱分析发现 3 例患者均存在变异肽段；扫描电子显微镜观察到 3 例患者的纤维蛋白网状结构结构疏松，网状孔径较大，其纤维更纤细，粗细不均。

结论：Aα 链 Argl6His 突变使纤维蛋白原在纤维蛋白肽释放、聚集及凝固方面出现异常。

OR-37

深静脉血栓治疗前后凝血四项与 D– 二聚体变化分析

崔燕[1]，张李玲[2]
1. 浙江大学医学院附属第二医院
2. 浙江中医药大学医学技术学院

目的：探讨深静脉血栓患者治疗前后凝血四项、D– 二聚体与临床诊疗之间的关联。

方法：利用法国 STAGO 全自动血凝仪及原装试剂定量检测健康对照组 100 人、静脉曲张患者 100 人、静脉曲张伴溃疡患者 100 人、急性深静血栓患者 84 名治疗前后的凝血四项、D– 二聚体结果，并进行对比分析。

结果：84 例深静脉血栓患者 DD 值高于正常对照和病例对照组。血栓发病后 7 天及 14 天后，PT 呈上升趋势，DD 逐步下降。

结论：D– 二聚体可在疾病早期排除深静脉血栓，治疗好转后 DD 降低，DD 可作为排除深静脉血栓及相关疾病的指标。监测凝血四项及 DD 对患者凝血状况及病情观察具有重要临床意义。

OR-38

循环 CTLA4+Tfh 细胞和 CTLA4+Tfr 细胞免疫失衡在产科抗磷脂综合征中的作用

郑佳佳，崔丽艳
北京大学第三医院

目的：产科抗磷脂综合征（OAPS）是一种反复病态妊娠为主要表现，同时伴有抗磷脂抗体（aPLs）阳性的系统性自身免疫病，滤泡辅助性 T 细胞（Tfh）能够辅助生发中心 B 细胞产生抗体，其调节抗体生成的促生发中心反应可被滤泡调节性 T 细胞（Tfr）抑制。本研究探讨 $CTLA4^{+}$Tfh 细胞与 CTLA4+Tfr 细胞免疫失衡是否参与了 OAPS 免疫病理进程。

方法：选取 OAPS 患者 36 例以及性别年龄匹配的健康对照者 30 例，流式细胞术检测 Tfh 细胞（$CD4^{+}CXCR5^{+}CD127^{hi}CD25^{lo}$）、Tfr 细胞（$CD4^{+}CXCR5^{+}CD127^{lo}CD25^{hi}$）比例，细胞内因子染色检测 CTLA–4 表达情况，同时分析其亚群 Tfh17 ($CXCR3^{-}CCR6^{+}$)，Tfh1 ($CXCR3^{+}CCR6^{-}$)，Tfh2 ($CXCR3^{-}CCR6^{-}$) 的比例分布。采用 ELISA 检测血浆 IL–21 表达水平。将 Tfh 细胞与 Tfr 细胞表型特征与临床指标进行相关性分析，$P<0.05$ 认为有显著性差异。

结果：OAPS 患者相比于健康对照者外周血 $CTLA–4^{+}$ Tfr 细胞、$CTLA–4^{+}$ Tfh 细胞显著降低，而 $CTLA–4^{+}$ Tfr/Tfh 比值却显著升高，同时血浆 IL–21 分泌水平升高。$CTLA4^{+}$ Tfh 细胞和 $CTLA4^{+}$ Tfr 细胞比例在 OAPS 3 种 aPLs 全阳患者水平最低，2 种 aPLs 阳性患者表达其次，任一 aPLs 单阳患者表达最高。OAPS 患者相比于健康对照者外周血 Th1、Th2 型 Tfr 细胞和 Tfh 细胞亚群显著下降；Th17 型 Tfr 细胞和 Tfh 细胞亚群显著升高。$CTLA–4^{+}$Tfr/Tfh 比值与抗 β2GP1 抗体以及补体 C4、血浆 IL–21 呈正相关。

结论：$CTLA–4^{+}$ Tfr 细胞、$CTLA–4^{+}$ Tfh 细胞的比例失衡以及血浆 IL–21 水平通过一系列免疫调节机制参与了 OAPS 免疫病理进程。

OR-39

Establishment and validation of a cytokine index to predict recurrence of hepatocellular carcinoma

Bei-Li WANG[1], Xiaolu Ma[1], Junfei Shen[1], Jie Zhu[1], Shuangjian Qiu[2], Baishen Pan[1], Jian Zhou[2], Jia Fan[2], Xinrong Yang[2], Wei Guo[1]

1.Department of Laboratory Medicine, Zhongshan Hospital, Fudan University

2.Department of Liver Surgery, Liver Cancer Institute, Zhong Hospital, Fudan University

Objective: we aimed to establish and validate the value of a cytokine index to predict early recurrence of HCC.

Methods: A total of 208 patients with newly diagnosed HCC at Zhongshan Hospital, Fudan University, from December 2012 to August 2014 were enrolled in our retrospective study. All patients were randomly divided into the training cohort (100 patients) and validation cohort (108 patients). Six cytokines[Interleukin–1, soluble interleukin–2 receptor(sIL–2R), Interleukin–6, Interleukin–8, Interleukin–10, and tumor necrosis factor–α(TNF–α)] were tested in each patient. Only sIL–2R and TNF–α have difference between the patients with recurrent HCC and non–recurrent group in the preliminary experiment.

Results: Our cytokine index was defined as IOC (multiply sIL–2R by TNF–α) and the cutoff value was determined as 3500 by X–tile. In the training cohort, the recurrence rate of the high IOC group (IOC >3500) was significantly higher than that of the low IOC group (IOC ≤ 3500) (P<0.05). To further investigate the ability of IOC to predict early clinical relapse of HCC, we found that the recurrence rates of the high IOC group (79%, 76%, 79%, and 68%) were significantly higher than those of the low IOC group (22%, 29%, 28%, and 24%) among four subgroups(AFP ≤ 400ng/ml, BCLC 0+A, single tumor, tumor size<5cm). Multivariate Cox proportional hazards models suggested that IOC >3500 was an independent risk factor (P<0.001; HR: 3.781; 95% CI: 2.046 – 6.985) of recurrence and metastasis in HCC patients after radical resection. Similar results were also observed in the validation cohort. Furthermore, higher recurrence rates were also found in the high IOC group (66%, 66%, 73%, and 72%), which were significantly higher those in the low IOC group (47%, 39%, 47%, and 48%). Univariate analysis showed that only IOC >3500 (P=0.003; HR: 2.116; 95% CI: 1.290 – 3.469) was significantly associated with early recurrence.

Conclusions: IOC is an independent risk factor of recurrence in HCC patients who undergo radical resection, which can be used as a potential biomarker to detect early recurrence in HCC patients.

OR-40

BLNK 基因慢病毒载体构建及其稳定表达的人乳腺癌 MDA–MB–231 细胞株的筛选

肖斌，庄玉格，侯德贤，刘萍，陈建芸，孙朝晖，李林海

广州军区广州总医院

目的：构建人 BLNK 基因慢病毒载体，筛选稳定表达 BLNK 的人乳腺癌 MDA–MB–231 细胞株，为探讨

BLNK 对乳腺癌的调控作用提供细胞株模型。

方法：采用 PCR 法从 3×Flag–BLNK 质粒中扩增 BLNK 基因片段，连接到带有绿色荧光蛋白（GFP）标签的慢病毒载体表达质粒中，与包膜质粒 pMD2.G、包装质粒 psPAX2 共转染 293T 包装细胞 48h，获得携带 FLAG–BLNK 的重组慢病毒，同时以慢病毒空载体 FLAG–vector 作为阴性对照。以重组慢病毒及阴性对照慢病毒分别感染人乳腺癌 MDA–MB–231 细胞，一周后在高倍镜 100× 视野下观察被感染细胞数及细胞状态，在荧光显微镜下通过观察 GFP 的表达情况，筛选稳定表达 BLNK 的细胞株。采用反转录实时荧光定量 PCR（RT–qPCR）的方法和 Western Blotting 法检测该细胞系中 BLNK 基因的表达情况。

结果：PCR 成功扩增出 BLNK 基因片段，插入慢病毒表达载体后，利用核酸序列测定证实重组慢病毒质粒构建成功。通过慢病毒包装三质粒表达系统获得表达 BLNK 的重组慢病毒，感染 MDA–MB–231 细胞后，在荧光显微镜下能够明显观察到绿色荧光且细胞形态正常。RT–qPCR 检测结果显示，感染表达 BLNK 慢病毒的 MDA–MB–231 细胞中 BLNK 表达水平显著高于对照组，差距有统计学意义（$P < 0.01$）。Western blotting 检测结果表明，筛选出的 GFP 阳性的人乳腺癌 MDA–MB–231 细胞株可过表达 BLNK。

结论：成功构建了含 BLNK 基因的慢病毒表达载体，并筛选出稳定表达 BLNK 的人乳腺癌 MDA–MB–231 细胞株，为进一步明确乳腺癌的发生、发展机制奠定了基础。

OR-41

乙型肝炎病毒 YMDD 突变室间调查品制备及其应用

蒋玲丽，肖艳群，王雪亮，鲍芸，杨依绡，王华梁
上海市临床检验中心

目的：制备乙型肝炎病毒（HBV）YMDD 突变调查品，用于上海地区室间质量评价以评估临床实验室检测 YMDD 突变的能力。

方法：筛选 HBV DNA 大于 5×10^4IU/ml 临床样本，经稀释制得含 YMDD 不同突变类型的样本盘。采用实时荧光聚合酶链反应法（PCR）、高温连接酶检测反应法（LDR）和测序法（Sanger）筛选室间调查候选样本，并采用 PCR 法评估样本均匀性和稳定性。2017 年两次室间调查各含 5 份样本，要求参评实验室在规定时间内检测样本和上报检测结果，对回报结果进行分析评价。

结果：制备样本后，评估三种方法检测结果一致的候选样本，显示样本均匀稳定。2017 年两次室间调查分别收到 12 份和 10 份有效回报结果，检测结果完全正确实验室为 66.67%（8/12）和 50%（5/10），80 分实验室为 8.33%（1/12）和 30%(3/10)，小于 80 分实验室为 25%（3/12）和 20%(2/10)。YIDD、YVDD、YIDD+YVDD 和 YMDD 不同突变样本的符合率分别为 90.63%（29/32），86.36%（19/22），77.27%（17/22），88.24%（30/34）。

结论：制备的调查品均匀稳定可用于临床室间质量评价；质评结果显示部分实验室检测能力尚需提高，实验室应加强质量控制以保证检测的准确性。

OR-42

mcr 基因阴性的肺炎克雷伯菌对粘菌素耐药的分子机制探究

孙世俊
北京大学人民医院

目的：本研究旨在探究不携带 mcr 基因的肺炎克雷伯菌对粘菌素耐药的分子机制。

方法：收集自 2013 年到 2016 年 11 个地区 12 家教学医院和 5 家养殖场采集到的 临床标本和动物标本中的粘菌素 MIC ≥ 4μg/mL 且不携带 mcr 基因的 39 株肺炎 克雷伯菌。利用 Illumina 高通量测序平台完成 39 株菌的细菌基因组测序，分析 与粘菌素耐药相关基因 mgrB 、crrA 、crrB 、phoP 、phoQ 、pmrA 和 pmrB 是否存 在基因突变。采用 RT–qPCR 方法检测 ramA 、phoP 、phoQ 、pmrA 、pmrB 、pmrC 和 pmrD 基因的相对表达量。

结果：这些 mcr 基因阴性对粘菌素耐药的菌株中，crrA 基因存在一个氨基酸突变 位点 ；crrB 基因存在 7 个氨基酸突变位点；mgrB 基因存在两个氨基酸突变位点；phoP 基因存在一个氨基酸突变位点 ；phoQ 基因有 15 个氨基酸突变位点；pmrA 基因存在 7 个氨基酸突变位点；pmrB 基因 17 个氨基酸突变位点。 对比粘菌素敏感组肺炎克雷伯菌，耐药组的 phoP、phoQ 、pmrD 、ramA 基 因的相对表达量增多具有统计学差异（$p<0.0001$，$p<0.0001$，$p=0.0089$，$p=0.0359$）；pmrA 、pmrB 、pmrC 基因的相对表达量较敏感菌无统计学差异。

结论：肺炎克雷伯菌 phoP 、phoQ 、pmrD 、ramA 基因的表达上调参与粘菌素耐 药机制的形成，但 pmrA 、pmrB 、pmrC 基因的表达量对肺炎克雷伯菌粘菌素耐药 的形成没有显著影响。已知 phoP 、phoQ 通路受 mgrB 基因调控，但在本研究中，绝大多数菌株 mgrB 基因和 phoP 、phoQ 基因均为野生型，提示可能存在新的机 制对 phoP 、phoQ 通路进行调控。

OR-43

小儿沙门菌感染临床特点及耐药性分析

陈玲，陈小丽，吴佳音，连清荣，叶辉铭
厦门市妇幼保健院

目的：探讨儿童沙门菌感染的临床特点和耐药情况，为临床诊疗提供帮助。

方法：回顾分析我院 2013~2017 年粪便培养出沙门菌的住院患儿的临床特征、沙门菌血清型分布情况及药敏试验结果。

结果：163 例沙门菌阳性患儿中，≤ 1 岁乳儿 79 例占 48.47%；临床表现以发热、腹泻为主，体温 >39℃达 121 例（74.23%），腹泻超过 10 次 / 日有 52 例（31.90%），且合并呼吸道感染多见，共 56 例（34.36%）；感染好发于夏秋季，5 月 ~10 月 131 例（80.37%）。血清分型以鼠伤寒沙门菌、肠炎沙门菌为主，分别为 100 例（61.35%）、15 例（9.25%）；对三代头孢菌素类有不同程度耐药，头孢噻肟耐药率已达 26.38%，β 内酰胺类加酶抑制剂敏感性较高，达 80% 以上，尚未出现碳青霉烯类耐药株。

结论：厦门市≤ 2 岁婴幼儿夏秋季易感染沙门菌，常见血清型为鼠伤寒，临床表现以发热、腹泻为主，合并呼吸道感染多见，对三代头孢菌素类耐药率有所增加，临床治疗应根据药敏结果合理使用抗菌药物。

OR-44

湖南地区结核分枝杆菌耐药基因分布情况分析

潘建华，石国民
湖南长沙市中心医院

目的：了解湖南地区结核分枝杆菌（Mycobacterium tuberculosis，MTB）耐药基因的分布情况。

方法：分析某医院2014年7月至2017年3月分离的1981株MTB耐药基因ropB、KatG和inhA的分布情况。

结果：1981例MTB患者中男性占1330（67.14%）例，女性占651（32.86%）例，男女比例2.04；20岁以下年龄组占比最大，为30.94%；共检出ropB基因突变型335株，突变率16.91%（335/1981）。ropB基因位点突变率顺位依次为531（50.75%）、516（21.19%）、526（17.01）、511（14.33%）、513（2.69%）、533（2.39%）；检出KatG突变株310株，突变率15.65%（310/1981）；inhA突变型68株，突变率3.43%（68/1981），合计耐异烟肼基因突变率18.6%。其中KatG AGC→ACC突变型占79.95%。

结论：ropB基因531、516、526和511位点突变和KatG G→C突变是导致长沙地区结核病利福平和异烟肼耐药的主要因素，基因芯片技术可作为本地区MTB耐药基因的快速筛选方法。

OR-45

Drug resistance evolution and regulation in patients with human immunodeficiency virus–1/acquired immune deficiency syndrome with long–term antiretroviral treatment–failure in Yunnan Province, China

Jianjian Li
Yunnan provincal hospital of infectious disease

Objective: The emergence of human immunodeficiency virus (HIV) drug resistant strains increasingly affects antiviral efficacy. Therefore, understanding the prevalence and evolution of HIV–1 drug resistance (DR) and associated mutation patterns is critical to implementing free antiretroviral therapy in Yunnan, the first antiretroviral treatment location in China. Here We provide a basis for understanding the occurrence and development of HIV–1 resistance in Yunnan and a theoretical foundational for strategy to delay HIV–1 drug resistance and achieve successful individualized treatment.

Methods: The emergence of human immunodeficiency virus (HIV) drug resistant strains increasingly affects antiviral efficacy. Therefore, understanding the prevalence and evolution of HIV–1 drug resistance (DR) and associated mutation patterns is critical to implementing free antiretroviral therapy in Yunnan, the first antiretroviral treatment location in China. Here We provide a basis for understanding the occurrence and development of HIV–1 resistance in Yunnan and a theoretical foundational for strategy to delay HIV–1 drug resistance and achieve successful individualized treatment.

Results: Plasma samples from different cities/prefectures were collected at Yunnan Provincial Hospital of Infec-

tious Disease from January 2010 to September 2016, and those from drug–resistant individuals were genotyped using in–house assays. One patient with HIV–1/acquired immune deficiency syndrome (AIDS) had been successfully tested at least thrice and was enrolled to analyze mutation and evolution of HIV resistance. Sequences of 88 patients were obtained. Drug resistance levels to eight drugs increased to varying degrees with prolonged treatment. Resistance to efavirenz (EFV) and etravirine (ETR) showed the highest change; comparisons of resistant changes to second and first and to third and second agents showed changes at 28.41% (25/88), 22.73% (20/88) and 31.82% (28/88), 20.45% (18/88), respectively. Resistance to lamivudine (3TC) and lopinavir/ritonavir (LPV/r) was high among patients detected thrice, whereas other drugs were distributed in all resistance levels. M184V/I (26.14%), T69S (11.36%), and T215Y/I (10.23%) mutations were the most common in nucleoside reverse transcriptase inhibitors (NRTIs), and K103N/R/S (21.59%), V179D/E (20.45%) in Non–NRTIs (NNRTIs). Furthermore, L10V/F/I (6.82%), A71V (4.55%), and I54V (4.55%) mutations were common in protease inhibitors (PIs).

Conclusions: We found dynamic genotypic changes in HIV–1 drug–resistance in Yunnan, with prolonged treatment, and drug resistance was inevitable. However, resistance to different drugs occurred at varying times, and mutation site emergence was the main cause. These findings enhance our understanding of evolution and regulation, and are valuable for developing HIV–1 DR prevention strategies in Yunnan.

OR-46

Detection of actionable mutations in plasma cfDNA samples from patients with non–small cell lung cancer using a novel amplicon–based FireflyTM NGS assay

Lin Wang[1], Qiaomei Guo[1], Wenjun Yu[1], Ying Hou[2], Jiatao Lou[1]

1.department of clinical laboratory , Shanghai Chest Hospital

2.Shanghai Accuragen Holdings Limited

Objective: Detection of EGFR, KRAS and BRAF mutations is critical for NSCLC treatment. Here we evaluate the performance of a novel amplicon–based NGS assay.

Methods: The assay was evaluated using cfDNA reference standard and blank control samples, and then plasma cfDNA samples from 134 NSCLC cancer patients . Results were compared with ARMS results from the corresponding tumor tissue and ddPCR results from the same cfDNA samples.

Results: The assay demonstrated superior sensitivity and specificity with median detection of 100% at allele frequency of 0.1% for 20ng of cfDNA and zero false positives in all blank control samples. In cfDNA from plasma collected before treatment, EGFR mutation detection by the Firefly assay was 94.3% concordant with tumor tissue ARMS and 97.4% with cfDNA ddPCR.

Conclusions: The amplicon–based assay offers an easy–to–use, accurate, multiplex, fast molecular diagnostic assay for clinical setting with the capacity to detect de novo variants.

OR-47

PARK5 联合 CTC 早期精准预测 IIIB 期胃癌患者术后复发转移的研究

史　健

河北医科大学第四医院

目的：探讨 PARK5 联合 CTC 早期精准预测 IIIB 期胃癌术后复发转移的临床意义。

方法：联合应用 ELISA 方法、多重 RNA 原位分析、循环血肿瘤细胞检测方法，动态检测 50 例 IIIB 期胃癌术后患者辅助化疗后外周血中肿瘤标记物 CEA、PARK5、CTC 和影像学检查。时间点选择：1）初始检测时间 sT1；2）可疑进展时间 sT2；3）影像进展时间 sT3；患者临床各因素、血液指标、影像学及其血液指标异常直到影像学异常的间隔时间。

结果：、临床各因素相关性：年龄，性别、分期和化疗周期数、辅助化疗结束时肿瘤标记物 CEA 等临床因素，P>0.05。2、sT2：最早为 3 个月，最长为 2 年，中位时间为 13 个月。3、sT3：最早为 5 个月，最长为 8 个月，中位时间为 5.7 个月。4、CEA、sT2、sT3 相关性：CEA 进行性增高者 34 例，无规律增高者 16 例，中位 T2、T3 分别为 8.6、4.2 个月；18、9 个月；P<0.05。5、PARK5、sT1、sT2、sT3 相关性：PARK5 的各表达类型阳性表达率在 sT1 时，分别为 0–5%、0%、0%、0%；sT2 为 0–11.1%、0–26.7%、13，6–83%、0–12.5%；sT3 为 16.7–45.4%、18.5–100%、22.7–100%、37.8–100%。PARK5 中表达在 sT2 有意义；PARK5 高表达在 sT3 有意义。6、CTC、sT1、sT2、sT3 相关性：按照混合型和间质型之和为阳性表达，CTC 阳性表达率 sT1、sT2、sT3 分别为 0–12.5%、0–70.4%、33.3–100%；在 T2 时刻具有意义；按照间质型为阳性表达率，CTC 阳性表达率在 sT1、sT2、sT3 分别为 0–3.8%、10.3–36.3%、31.8–100%，T3 时刻具有统计学意义。

结论：联合检测 CEA、PARK5、CTC 阳性表达率可早期精准预测 IIIB 期胃癌术后复发转移。

OR-48

分支 DNA 技术定量检测非霍奇金淋巴瘤患者外周血中游离 DNA 研究

陆伟，鞠少卿

南通大学附属医院

目的：检测非霍奇金淋巴瘤 (non–Hodgkin's lymphoma, NHL) 患者血清游离 DNA(cell free DNA, cf–DNA) 水平，观察 cf–DNA 水平与 NHL 患者的临床特征及血清乳酸脱氢酶 (LDH) 的关系，探讨其在 NHL 中的辅助诊断和预后判断中的价值。

方法：基于 Alu 序列运用分支 DNA(branc DNA, bDNA) 技术定量检测 82 例初诊 NHL 患者，其中 36 例弥漫大 B 细胞淋巴瘤 (DLBCL)、16 例慢性淋巴细胞性白血病 / 小淋巴细胞性淋巴瘤 (CLL/SLL)、6 例套细胞淋巴瘤 (MCL)、8 例滤泡性淋巴瘤 (FL)、16 例 T 细胞性非霍奇金淋巴瘤 (T–NHL)；17 例正规化疗 6~8 疗程后患者、10 例淋巴结反应性增生患者和 60 例健康对照者的血清 cf–DNA 水平。用 ROC 曲线评估 bDNA 检测血清 cf–DNA 对 NHL 辅助诊断的价值，并分析血清 cf–DNA 水平与疾病的进展、B 组症状、大块病灶和 LDH 的关系，并与 LDH 水平进行相关性分析。

结果：初诊 NHL 患者的血清 cf–DNA 水平显著高于正常对照组和淋巴结反应性增生疾病对照组 (P 均 <0.001)。淋巴结反应性增生患者血清 cf–DNA 水平与正常对照组无统计学差异 (P>0.05)。DLBCL、CLL/SLL、MCL、FL、T–NHL各亚型之间血清cf–DNA水平无统计学差异(P>0.05)。血清cf–DNA水平升高与疾病的进展、B 组症状、和大块病灶、LDH 有关 (P 均 <0.05)。血清 cf–DNA 与 LDH(r=0.6102、P<0.001) 有相关性。正规治疗后患者血清 cf–DNA 水平较初诊化疗前显著降低 (P=0.001)。

结论：NHL 初诊患者血清 cf–DNA 含量显著高于正常对照组和淋巴结反应性增生的患者。血清 cf–DNA 的定量检测对 NHL 具有一定的辅助诊断价值。检测治疗后患者血清 cf–DNA 水平 同时可对治疗起到辅助监测的作用。血清 cf–DNA 水平与疾病的进展、B 组症状、大块病灶和 LDH 水平相关，提示 cf–DNA 水平可能是一个独立的预后指标。

OR-49

无创产前测序技术检测胎儿染色体非整倍体疾病的临床效果评价

刘玲，赵敬杰，刘军莉，袁超，王玲玲，赵燕，李顺子，王传新
山东大学第二医院

目的：非侵入性产前检测 (NIPT) 运用大规模平行测序技术（MPS）检测孕妇外周血胎儿游离 DNA（cffDNA），现已作为常见胎儿染色体非整倍体疾病的一线临床筛检技术。本项目对检测的2682例有效孕妇血浆样本进行统计，验证 NIPT 的可行性。

方法：构建用于 MPS 的血浆 DNA 文库，以参考基因组为参照进行染色体片段的标准化，基于 Z 值法确认样本是否为染色体非整倍体。对于阳性样本，通过随访，收集孕妇绒毛膜取样或者羊水穿刺，通过核型分析与 CNV–seq 确认 NIPT 结果。对于阴性样本，跟踪孕妇至分娩，同时进行新生儿回访对可能出现的染色体疾病进行临床评估。

结果：2015 年至 2017 的时间段里，对在我院进行产检的 2682 例有效孕妇外周血样本进行统计。孕妇平均年龄 31.28 岁，平均孕周为 17+2 周，检测阳性率 1.4%。对 T21 检测的灵敏度为 99.34%，特异性 99.96%，PPV92.83%，NPV 99.99%；对 T18 检测的灵敏度为 99.35%，特异性 99.97%，PPV81.68%，NPV 99.99%；对 T13 检测的灵敏度为 100.00%，特异性 99.97%，PPV42.85%，NPV 100.00%。 对性染色体及其他染色体非整倍体的异常，NIPT 检出 11 例真阳性，3 例假阳性。双胎与 IVF 妊娠的孕妇在充分知情同意的前提下，98 例自愿选择进行 NIPT，结果表明 NIPT 对 T21、T18、T13 检测的灵敏度与特异性均为 99% 以上。

结论：NIPT 用于妊娠期间常见胎儿染色体非整倍体 T21、T18、T13 的检测，是准确且可靠的。NIPT 对性染色体以及其他染色体非整倍体，染色体微重复微缺失的检测有很大的拓展空间。

OR-50

液相色谱 – 串联质谱检测血浆 17–a 羟基孕酮在先天性肾上腺增生疾病中的应用

彭颖斐，秦嘉倩，陈方俊，张春燕，王蓓丽，郭玮，潘柏申
复旦大学附属中山医院

目的：建立一种稳定的血浆 17–a 羟基孕酮的液相色谱 – 串联质谱（LC–MS/MS）检测方法，并应用于先天性肾上腺增生疾病。

方法：使用 Waters 公司 UPLC XevoTQs 液质联用仪建立方法，并对该方法的定量下限、线性范围、准确度、干扰、稀释一致性、精密度和稳定性进行评价。并与免疫法进行比对。

结果：以同位素氘 8 作为内标，采用 BEH C8 色谱柱进行分离。流动相为 NH4F 和甲醇，梯度洗脱；柱温为 35℃。LC–MS/MS 检测 17–a 羟基孕酮的线性范围为 0.025 ~ 25ng/mL，定量检出限为 0.0125pg/mL，天间和批间 CV 均＜ 4%，回收率为 100.83% ~ 106.8%。与免疫法进行比对，相关性较差，结合临床案例，质谱检测方法能更好的对疾病进行诊断。

结论：建立了可靠的检测 17–a 羟基孕酮的 LC–MS/MS 方法，能够灵敏、准确地检测血浆 17–a 羟基孕酮水平，并将其应用于先天性肾上腺增生疾病。

OR-51

基于液质联用平台的非放射性小分子受体结合分析方法的建立

吴丹丹，彭丽朵，乔金平，徐元宏
安徽医科大学第一附属医院

目的：β– 淀粉样蛋白（Aβ）聚集形成的斑块是阿尔茨海默病（AD）的病理特征之一，研究可与 Aβ 蛋白特异性结合的分子探针，对 AD 的早期诊断具有重要意义。探针与 Aβ 的亲和力测定是 Aβ 分子探针研究中的一个关键技术，其金标准方法是基于放射性受体结合分析技术（RBA）；但 RBA 有需放射性标记、成本较高等缺点。本研究旨在以 IMPY 为阳性化合物，建立基于质谱的受体结合分析（MS Binding Assay）方法，来测定小分子探针与 Aβ 的亲和力。

方法：建立相关化合物的稳定的液质联用（LC/MS）方法，包括：在质谱上建立 IMPY 等化合物的质谱方法，随后在 LC/MS 上优化液相条件及各参数。再建立并优化 IMPY 与 Aβ 的非放射性受体结合实验，包括饱和结合实验，与竞争结合实验，主要涉及 Aβ 聚集体的制备、配体溶液的制备、配体和受体孵育、配体 – 受体复合物的分离与复溶、配体的 LC/MS 定量和 Kd 及 Ki 的计算（Graphpad 软件）等。

结果：本研究成功建立了 IMPY 等化合物的 LC/MS 方法。得出 IMPY 的 Kd=3.8nM，氘代同位素标记的 IMPY 与 IMPY 竞争的 Ki=20.3nM。此结果与放射性配体结合实验的结果（Kd=5nM、Ki=15 nM）相似。其他化合物分别与 IMPY 进行竞争结合实验，其中 AD001、AD003 和 AD004 的 Ki 分别是 70.1nM，4.1nM 和 60.6nM。

结论：本研究成功建立了 MS Binding Assay 方法，通过此方法得到的阳性化合物 IMPY 的 Kd 及 Ki 值，与

RBA 的结果相似，提示 MS Binding Assay 可用于小分子化合物与 Aβ 亲和力的测定，将为后续 Aβ 探针的研究打下坚实的基础。

OR-52

Using SP70 Targeted Immuno–magnetic Separation in Differential Diagnosis of Benign and Malignant Serous Fluids

Lixia Zhang[1], Shiyang Pan[1], Jianyu Rao[2]

1.Jiangsu Province Hospital

2.University of California at Los Angeles

Objective: Currently no biomarkers differentiate benign and malignant serous fluids sensitively and specifically. In the previous study, we produced a monoclonal antibody designated NJ001, which specific antigen SP70 was confirmed expressed in cytoplasm and on cell membrane of cancer cells. The aim of this study is to assess the value of NJ001 coated immuno–magnetic beads capturing technique in differential benign and malignant serous fluid.

Methods: In the present study, two hundreds and sixty–one serous fluid specimens acquired from Department of Laboratory Medicine, the First Affiliated Hospital of Nanjing Medical University（NMU）and Department of Pathology and Laboratory Medicine, University of California, Los Angeles (UCLA), between March and July 2017. Tumor cells were enriched by the NJ001 monoclonal antibody coated magnetic beads. SP70 positive cells were microscopic examination after Papanicolaou staining.

Results: The specificity and accuracy of cytology and SP70 were 95.7%, 56.3% and 85.7%, 81.6%, respectively. Comparing with cytology, SP70 targeted immuno–magnetic beads increased the sensitivity and accuracy.

Conclusions: Our results confirmed that SP70 could be a novel biomarker for diagnosis of tumors. Furthermore, it could be helpful in identifying and distinguishing the benign and malignant serous fluid.

OR-53

Circulating APP, NCAM and A β serve as biomarkers for Alzheimer's disease

Keping Chen[1], Tianli Gao[1], Zhimao Bai[2], Zuanning Yuan[3]

1.Zhongda Hospital, School of Medicine, Southeast University

2. Key Laboratory of Environmental Medicine Engineering of Ministry of Education, School of Public Health, Southeast University

3.Van Andel Research institute, Grand Rapids, MI, 49503, USA

Objective: Alzheimer's disease (AD) is the most common neurodegenerative disease and the early diagnosis and intervention are important for valid treatment of AD. However, there are few biomarkers for the diagnosis and moni-

toring of AD. In the present study, circulating APP, NCAM, Aβ40, and Aβ42 were measured in order to identify which marker or combination of markers could be useful, cost–effective and noninvasive biomarkers for diagnosing and continuously monitoring AD.

Methods: Four milliliters of venous blood was collected during normal routine clinical treatment. The samples were centrifuged at 2000g for 10 min. Serum was separated and stored at 20 ° C until assayed. Circulating APP, NCAM, Aβ40 and Aβ42 levels were measured by enzyme linked immunosorbent assay (ELISA), according to the manufacturers' protocols

Results: The results showed there were significant differences in circulating Aβ40, Aβ42, APP and NCAM levels between the AD and control groups. Serum levels of Aβ, APP, and NCAM were increased in the AD group, compared with the controls. The single parameters of age, sex and Aβ40/Aβ42 ratio did not show significant differences between the AD and healthy control groups.Aβ40 showed the highest AUC (0.904) with significantly greater sensitivity (84.8) and specificity (83.3). The corresponding serum Aβ40 cut off value was 494.26 pg/ml. NCAM showed the highest sensitivity (94.8) and Aβ42 showed the highest specificity (95.8). However, the Aβ40/Aβ42 ratio did not show significant predictive value for AD, and its AUC was 0.530, less than the 0.70 cut off for clinical efficacy.Importantly, the AUC of model 11 was the highest (AUC = 0.997) with the highest sensitivity (98.5), and the corresponding cut–off value was 0.35. Adding age did not bring additional benefit to logistic regression model 11, which was selected for the combination of APP, NCAM, Aβ40 and Aβ42 in predicting AD.

Conclusions: our results indicated that the combination of circulating APP, NCAM, Aβ40 and Aβ42 in serum might be a useful, cost–effective, noninvasive biomarker panel for the diagnosis and monitoring of AD.

OR-54

Methylation of NBPF1 as a novel marker for the detection of plasma cell–free DNA of breast cancer patients

Dandan Li, Ling Qiu

Department of Clinical Laboratory, Peking Union Medical College Hospital, Peking Union Medical College & Chinese Academy of Medical Science

Objective: Recent studies revealed that tumor–specific gene methylation can be detected in the circulating cell–free DNA (cfDNA) of cancer patients; therefore, methylated cfDNA is considered a promising biomarker. Human neuroblastoma breakpoint family member 1 (NBPF1) was originally identified in a neuroblastoma (NB) patient. The present study is the first to evaluate the presence of NBPF1 gene methylation in cell–free DNA (cfDNA) in plasma of breast cancer patients.

Methods: Differentially methylated cfDNA was screened using bisulfite sequencing with a next–generation sequencer (BS–seq) among 25 breast cancer patients, 25 patients with a benign breast disease and 25 healthy female volunteers. Then, five specific methylation sites in the NBPF1 gene were verified in 11 breast cancer samples, and two further sites in theNBPF1 promoter were detected in 52 breast cancer patients (stages I–III), 31 patients with benign breast

disease and 30 healthy controls by using methylation–specific PCR (MSP). Furthermore, the association between the methylation statuses of NBPF1 and the clinicopathological characteristics of breast cancer patients was analyzed.

Results: BS–seq demonstrated that the NBPF1 methylation levels in breast cancer patients were higher than those in patients with benign breast disease and healthy controls. The MSP results showed that the methylation rates of two sites in the NBPF1 promoter were 67.1%and 61.4%in breast cancer patients, 48.2% and 59.6% in patients with benign breast disease, and 40.9% and 48.1% in healthy controls, respectively. The methylation rates of one site were significantly different among the three groups ($p<0.05$), with the highest rate in breast cancer patients. Moreover, there was no statistically significant correlation between the NBPF1 promoter methylation and the major clinicopathological features of the patients.

Conclusions: These results indicate that hypermethylation of the NBPF1 promoter occurs in a significant proportion of breast tumors and that NBPF1–methylated cfDNA may serve as a potential tumor marker for breast cancer.

OR-55

PGD2/PTGDR2 Signaling is a New Marker of Gastric Cancer Stem Cells

Bin Zhang[1], Qingli Bie[1,2], Chengqiang Jin[1], Jianwei Zhou[1], Dong Haixin[1]

1.Department of Laboratory Medicine, Affiliated Hospital of Jining Medical University, Jining, Shandong

2.Institute of Forensic Medicine and Laboratory Medicine, Jining Medical University, Jining, Shandong

Objective: The antitumor effect of prostaglandin D2 (PGD2) on gastric cancer (GC) has been known for decades. However, the mechanism of PGD2's control of GC growth is unclear. Cancer stem cells (CSCs) are implicated in tumor neovascularization, invasiveness, and therapeutic resistance.The aim of this study was to investigate whether PGD2–related proteins can serve as new markers for gastric cancer stem cells.

Methods: The protein and mRNA expression levels were analyzed by western blot and quantitative PCR. Analysis of survival prognosis by gastric cancer tissue microarray.Immunofluorescence detects subcellular localization and protein expression levels.Protein–protein interactions is detected by co–immunoprecipitation analysis.

Results: Herein, we discovered that signaling between PGD2 and its receptor (PTGDR2) has the ability to restrict the self–renewal of GC cells in vitro and suppress tumor growth and metastasis in vivo. To obtain these findings, we first determined that PGD2 synthase (L–PTGDS) and PTGDR2 expression were lower in GC tissues than adjacent tissues and was associated with the patients' prognosis. Moreover, the expression of L–PTGDS and PTGDR2 was negatively correlated with the GC–CSC markers Sall4 and Lgr5 in GC tissues. Secondly, L–PTGDS and PTGDR2 expression were knocked down in CSC–like cells, resulting in enhanced expression of CSC markers and self–renewal ability. Direct PGD2 stimulation and L–PTGDS overexpression produced the opposite effect. Thirdly, PGD2 inhibited tumor growth and incidence rate in a subcutaneous tumor model and suppressed liver and mesenteric metastasis in a peritoneal metastasis model. Interfering with the expression of PTGDR2 reversed these effects in vivo. Lastly, a mechanistic study found that PGD2 inhibited STAT3 phosphorylation and nuclear expression. Further experiments revealed that the inhibitory effect of PGD2 on the expression of CSC markers disappeared after mutations were introduced into STAT3 phosphory-

lation (Thr705) site.

Conclusions: This study reveals a novel function of PGD2/PTGDR2 signaling on CSC regulation and provides a new way to control the development of GC.

OR-56

多重微球流式荧光免疫技术检测抗核抗体的评价与临床应用

刘明军，尚晓莹，于腾，孙桂荣，姚远，张丽君，贺侠琴
青岛大学附属医院

目的：分析和评估多重微球流式荧光免疫技术（MBFFI）检测抗核抗体的结果和临床应用价值。

方法：同时用 MBFFI 和免疫印迹技术检测 333 例自身免疫病患者、44 例其他疾病患者和 59 例健康者血清的抗核抗体谱，进行结果的一致性检验。并用间接免疫荧光技术检测抗核抗体，比较 3 种方法的灵敏度、特异度。

结果：MBFFI 与免疫印迹技术检测所有标本抗核抗体谱一致率为 83.26%，Kappa 值 =0.655；病例组各项目一致率在 79.88% 至 99.40% 之间，Kappa 值在 0.106 至 0.958 之间。对照组各项目一致率在 96.61% 至 100.00% 之间，其他疾病组各项目一致率在 95.45% 至 100.00% 之间。间接免疫荧光技术诊断自身免疫病的灵敏度最高，MBFFI 诊断自身免疫病的特异度最高（P 值均小于 0.05），MBFFI 与间接免疫荧光技术联合检测可提高灵敏度（$P < 0.01$）。

结论：多重微球流式荧光免疫技术检测抗核抗体与免疫印迹技术相比，一致性尚可，特异度更高，可以替代免疫印迹技术成为新一代的抗核抗体确认试验检测方法。

OR-57

Relationship between infertility and semen quality: analysis of 4479 men in fertility clinics

Juanjuan Chen, Man Zhang
Beijing Shijitan Hospital, Capital Medicine University

Objective: To explore the main causes of male infertility and prevention of male infertility age.

Methods: Fertility and IVF unit at a fertility center, Yunnan institute of Family Planned Research, People's Republic of China. A semen sample was obtained from 4479 male patients presenting for infertility problems, between May 31, 2012 and June 6, 2016.Standard World Health Organization procedures (the 5th ed.) for semen analysis.Semen volume, sperm concentration, total sperm count per ejaculate, total progress motile sperm, and rapid progress motility.

Results: Statistical analysis results of 4479 subjects showed the main findings are as follows: the mean age of these subjects peaked at (34.01 ± 6.17) years. Asthenozoospermia should be the largest cause of infertility man, accounting for

28% of all subjects. The largest proportion of abnormalities in 4479 samples was total progress motility. The age was negative relationship was observed between semen volume, rapid progress motility, while no declining trend was found between age and parameters sperm concentration, total sperm count per ejaculate, and total progress motile sperm.

Conclusions: 34–year–old married men with infertility have reproductive demand more urgent. Analysis of 4479 semen analysis found that the cause of male infertility mainly due to asthenozoospermia caused by lowered total progress motility, rather than azoospermia and oligozoospermia. Increasing age mainly influences semen volume, rapid progress motility, and no effect on sperm concentration, total sperm count per ejaculate, and total progress motile sperm.

英文口头发言

Y-01

New design of probe and central-homo primer pairs to improve TaqMan PCR accuracy for HBV detection

Wencan Jiang
Chinese PLA General Hospital

Objective The qPCR assay using TaqMan probe was widely used in the detection of different nucleic acids. However, this technology has several drawbacks, including false negative results caused by primer-dimer (PD) and false positive issues due to primer-probe aggregations. The object of our assay is weak the false negative results and the false positive results in real time PCR (qPCR).

Methods We designed a modified TaqMan-Molecuar Beacon probe by adding an antisense base and a new type of primer pair named central-homo primer pairs bearing 5-10 bases homologous sequence on the 3' end. Using the HBV qPCR assay as a proof of concept. Firstly, primer-probe aggregation experiments (Ordinary probe HBVP1, HBVP2 HBVP3 and the new designed probe HBVP4) was processed. Secondly, the amount of primer dimer (PD) was compared between the central-homo primer pairs and ordinary primer pair in SYBR Green qPCR. Furthermore, we designed a new system with the improved probe and primer pair, and evaluated it and validated this customized duplex qPCR system using 208 clinical samples collected from patients in clinic and compared it with the traditional system with X^2 test.

Results Different from other probes, the modified probe HBVP4 containing an antisense base did not produce any detectable signal in repeating primer-probe aggregation experiments. Application of the central-homo primer pair led to significantly delayed Ct values by 5-10 cycles compared with conventional primer design. The linear coefficient, R^2, of the standard curve of the duplex PCR was 0.997. The detection sensitivity of HBV plasmids and clinical samples was 100IU/mL, cut-off level of the Ct value was 37 and, CV of the duplex system was less than 5 percent. The P value was less than 0.01.

Conclusions The new design significantly improved the accuracy of the TaqMan qPCR assay for HBV detection. And the use of the central-homo primer pair and the non-competitive internal control could solve the false negative problem caused by PD formation. The accuracy of the new system was higher than that of the conventional qPCR method.

Y-02

An improved in-house MALDI-TOF MS protocol for direct cost-effective identification of pathogens from blood cultures

Menglan Zhou, Qiwen Yang, Yingchun Xu
Peking Union Medical College Hospital

Objective Background: Bloodstream infection is a major cause of morbidity and mortality in hospitalized patients worldwide. Delays in the identification of microorganisms often leads to a poor prognosis. The application of matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) directly to blood culture (BC)

broth can potentially identify bloodstream infections earlier, and facilitate timely management.

Methods Methods: We developed an "in-house" (IH) protocol for direct MALDI-TOF MS based identification of organisms in positive BCs. The IH protocol was initially evaluated and improved with spiked BC samples, and its performance was compared with the commercial Sepsityper™ kit using both traditional and modified cut-off values. We then studied in parallel the performance of the IH protocol and the colony MS identifications in positive clinical BC samples using only modified cut-off values. All discrepancies were investigated by "gold standard" of gene sequencing.

Results Results: In 54 spiked BC samples, the IH method showed comparable results with Sepsityper™ after applying modified cut-off values. Specifically, accurate species and genus level identification was achieved in 88.7% and 3.9% of all the clinical monomicrobial BCs (284/301, 94.4%), respectively. The IH protocol exhibited superior performance for Gram negative bacteria than for Gram positive bacteria (92.8% *versus* 82.4%). For anaerobes and yeasts, accurate species identification was achieved in 80.0% and 90.0% of the cases, respectively. For polymicrobial cultures (17/301, 5.6%), MALDI-TOF MS correctly identified a single species present in all the polymicrobial BCs under the Standard mode, while using the MIXED method, two species were correctly identified in 52.9% of the samples. Comparisons based on BC bottle type, showed that the BACTEC™ Lytic/10 Anaerobic/F culture vials performed the best.

Conclusions Conclusion: Our study provides a novel and effective sample preparation method for MALDI-TOF MS direct identification of pathogens from positive BC vials, with a lower cost ($1.5 vs $ 7) albeit a slightly more laborious extracting process (an extra 15 minutes) compared with Sepsityper™ kit.

Y-03

Study on the mechanism of protease activated receptor 4 (PAR4) regulate the endothelial cell permeability in sepsis

Hao Chen, Yansong Li, Liqin Ling, Yun Chen, Xinyi Liao, Jing Zhou
West China Hospital, Sichuan University

Objective (1) Adjusting the number of platelets in septic mice, in order to study the role of platelets in maintaining vascular endothelial cell barrier; (2) Studying how thrombin influence the mechanism of vascular endothelial cell barrier through regulating platelets.

Methods (1) septic mouse were treated with PBS 、 platelets and platelets removal, with a variety of immunofluorescence staining to investigate the interaction between platelets and endothelial cells; (2) septic mice were treated with thrombin and hirudin, to observe the effect of thrombin on endothelial cell permeability; (3) the blocking of thrombin receptor, in order to study the mechanism of thrombin by regulating platelet to endothelium cell barrier. All the experimental groups were subjected to the survival curve analysis, the quantitative analysis of alveolar lavage fluid and the lung injury score.

Results From the living lung tissue, we observed that there were two states of platelet in the microcirculation of septic mice: P-selectin+ and P-selectin-, which adhered to the endothelial barrier in the form of aggregation and single adhesion respectively. We found that (1) platelets transfusion can raise the survival rate of sepsis mice increased from 32.6%

to 78% (P<0.01 vs PBS); lung lavage fluid albumin content decreased from 2.76 g/L to 1.52 g/L (P<0.01 vs PBS); lung pathological score decreased from 9.2 points to 6.3 points (P< 0.01 vs group PBS);(2) the removal of platelets, BALF albumin concentration increased to 5.05 g/L (P<0.001 vs PBS), lung pathological score increased to 12 points (P<0.01 vs PBS); (3) vein injection of thrombin can reduce the survival rate of mice with sepsis, and the injection of hirudin increased the survival rate of mice in vitro; (4) blocking thrombin receptor 1 (PAR1) had little effect on all indicators of sepsis mice. However, blocking thrombin receptor 4 (PAR4) was similar to platelet transfusion.

Conclusions In the process of sepsis, there are two different biological states of platelets in the body, which express or do not express P-selectin. Thrombin can increase the expression of P-selectin^{+} through PAR4 and increase the permeability of vascular endothelial cells. The platelets that do not express P-selectin may protect the vascular endothelial barrier.

Y-04

Identification of three proteins in synovial fluid as promising biomarkers for periprosthetic joint infection (PJI) by Quadrupole-Orbitrap Mass Spectrometry

Chi Wang[1], Rui Li[1], Jun Qin[2], Lei Song[2], Qian Zhang[1], Chengbin Wang[1]

1.PLA General Hospital

2.State Key Laboratory of Proteomics, National Center for Protein Sciences

Objective Diagnosing periprosthetic joint infection (PJI) requires a complex approach using various laboratory and clinical criteria. The purpose of this study is to explore novel biomarkers that could rapidly diagnose PJI with high accuracy.

Methods For this retrospective study, 50 synovial fluid aspirates, including 25 from patients with an aseptic diagnosis and 25 from patients with PJI (Musculoskeletal Infection Society definition as criteria) were collected for Quadrupole-Orbitrap Mass Spectrometer (Q Exactive HF). We compared expression of proteins in PJI patients with those in non-PJI patients. Then we further investigated proteins that were most efficient for diagnosis of PJI with prediction analysis of microarray and random forest model. The altered expression of selected proteins was verified by ELISA in an extended sample cohort.

Results Compared with non-PJI patients, 256 proteins were significantly up-regulated (> 3.0-fold) while 14 proteins were down-regulated in synovial fluid of PJI patients. Area under curve (AUC) of lactoferrin (LTF), polymorphonuclear leukocyte serine protease 3 (PRTN3) and myeloid nuclear differentiation antigen (MNDA) for PJI diagnosis were 0.9888, 0.9488 and 0.9632, respectively identified by MS. ELISA results verified that sensitivity of LTF, MNDA and PRTN 3 for diagnosis of PJI were 97.1%, 77.1% and 88.6%, respectively. Specificity of LTF, MNDA and PRTN 3 for diagnosis of PJI were 90.0%, 97.5% and 65.0%, respectively.

Conclusions The three novel proteins were identified as promising synovial fluid biomarkers for PJI diagnosis in our proteomic study and should be further validated in future clinical trials.

Y-05

Exosomal lncRNA expression signatures in urine serve as novel noninvasive biomarkers for diagnosis of bladder cancer

Yao Zhan, Chuanxin Wang

The second hospital of shandong university

Objective In recent years, exosomal lncRNAs expression signatures were proposed as potential noninvasive biomarkers for the detection in malignant tumors. However, few exosomal lncRNAs have been characterized as potential biomarkers in the urine of patients with bladder cancer (BC). In this study, we aimed to develop a urine exosomal lncRNA panel for diagnosing of BC.

Methods 7 lncRNAs, which have been reported to be dysregulated in BC tissues and play functional roles in tumorigenesis, were selected as candidate molecules. Then reverse transcription quantitative real-time PCR (RT-qPCR) was performed to screen and evaluate expression of the 7 candidate lncRNAs in a training set (208 urine samples) and a validation set (160 urine samples). Logistic regression analysis was used to establish the selected lncRNA panel. Receiver-operating characteristic (ROC) curves were employed to evaluate the performance of the panel.

Results Three exosomal lncRNAs (MALAT1, PCAT-1 and SPRY4-IT1) were identified to be significantly dysregulated in the urine of BC patients compared with healthy controls, and a 3-lncRNA panel based on this result was established with an area under the ROC curves (AUC) of 0.813, significantly higher than that of urine cytology (0.619).

Conclusions Our study established a urine exosomal lncRNA panel with considerable diagnostic value for BC, which suggested that the exosomal lncRNAs expression profile in the urine may provide important clues for the noninvasive detection of BC.

Y-06

Toward naked-eye point-of-care testing for respiratory pathogens on a portable polymer/paper microchip

Hua Wang, JunXiu Qin, Qian Liu, Min Li

Department of Laboratory Medicine, Renji Hospital, School of Medicine, Shanghai Jiaotong University

Objective Community-acquired pneumonia (CAP) is the leading cause morbidity and mortality worldwide. S. pneumoniae and M. pneumoniae are the most common pathogens associated with CAP requiring hospital admission. Given that CAP can be fatal and many CAP cases occurred in high-poverty areas, a simple, low cost, highly sensitive method is in great need for early diagnosis of CAP. Herein, we report a polymer/paper microfluidic chip employing loop-mediated isothermal amplification (LAMP) technology for S. pneumonia and M. pneumonia detection. This chip, with sample-to-answer capability, could perform rapid DNA extraction; amplification and visual readout of positive results in approximately 1 h. The microchip platform has the potential to provide urgently needed diagnostics for respiratory pathogens in resource-limited settings of both developed and developing countries.

Methods (1) LAMP primer design and reaction. The primers were designed manually according to the primer designer V4. LAMP primers specific to the CARDS toxin gene of M. pneumoniae M129 and specific to the lytA gene of S. pneumoniae strain were designed, respectively. The analytical specificity of the primers was validated. To test for potential cross-reactivity of the M. pneumoniae LAMP primers and S. pneumoniae primers, nucleic acid extracted from a panel of other bacterial and viral respiratory pathogens was tested with LAMP. (2) Analysis of LAMP products. To demonstrate the accuracy of the method, the LAMP products from S. pneumoniae and M. pneumoniae were sequenced and were digested with BtsIMutI and MseI restriction endonucleases, respectively. (3) Microchip design and fabrication. To design the polymer/paper microchip with AutoCAD software and fabricate the SU-8 patterned in soft lithography. PDMS/glass hybrid microfluidic chip was produced by molding a PDMS silicone elastoer against a microfabricated master. A chromatography paper disk was placed inside each LAMP zone, as a storage substrate for LAMP primers. To fabricate the polymer/paper microchip with eight 12 μl microchannels. (4) Evaluation of microchip. The DNA extraction performance of the magnetophoretic-based approach on chip and the phenol-chloroform method were evaluated on S. pneumoniae and M. pneumoniae broth cultures and respiratory samples. The analytical sensitivity of the chip assay t was determined by testing 10-fold serial dilutions of M. pneumoniae M129 genomic DNA and S. pneumoniae strain genomic DNA, respectively. A total of 63 respiratory specimens were tested with the IP chip assay and by real-time PCR.

Results The S. pneumoniae primers specific for detection the S. pneumoniae DNA and the M. pneumoniae primers specific for detection the M. pneumoniae DNA. No cross-reactivity was observed with M. pneumoniae LAMP primers tested on any of the other species of Mycoplasmataceae. No cross-reactivity was observed with S. pneumoniae LAMP primers tested on any of the other species of Streptococcus. The LAMP products from S. pneumoniae and M. pneumoniae were sequenced and the results were confirmed by sequencing, respectively. The sizes of the fragments generated of the LAMP products from S. pneumoniae were approximately 61 bp, 115 bp and 146 bp for BtsImutI digestion. The sizes of the fragments generated of the LAMP products from M. pneumoniae were approximately 64 bp, 139 bp and 178 bp for MseI digestion. The microchip described here has three distinct functional domains, one for pathogens DNA release and concentration region, and another one for controlling the flow of fluids in microfluidic channels region, and the other for LAMP. Non-significant differences were found between the two procedures for the two tested pathogens populations. The detection limit of S. pneumoniae and M. pneumoniae in microchambers were 50 fg and 100 fg, respectively. Of these specimens, 31 were known to be M. pneumoniae positive, 2 were known to be S. pneumoniae and 30 were S. pneumoniae and M. pneumoniae negative based on prior testing by real-time PCR. Two cases results of S. pneumoniae from real time PCR were in perfect agreement with these results from microchip. Among 31 M. pneumoniae cases, 1 case was identified to be M. pneumoniae negative by microchip. Microchip assay gives an analytical sensitivity of 96.9% (32/33) and a specificity of 100% (30/30) compared to the real time PCR.

Conclusions We developed a portable microfluidic platform for rapid molecular diagnostic testing for S. pneumoniae and M. pneumoniae. The chip was functionalized for pathogens DNA extraction, amplification and direct naked-eye result read-out of the results in 1h. This method is highly sensitive and accurate. The portable microfluidic platform may be very attractive in developing point-of-care diagnostics for S. pneumoniae and M. pneumoniae. This assay not only provides a diagnostic platform for respiratory pathogens, but also provides a robust tool for CAP screening.

Y-07

Combined application of untargeted metabolomics analysis and gene expression profiling find a new glucose metabolism regulator C19orf12

Meng Zhao, Li Ren

Tianjin Medical University Cancer Institute and Hospital

Objective Life is the interplay between energy and structure. Aberrant mitochondrial biogenesis and quality control are found in a variety of malignant diseases and may be the underlying cause of cancer. Thus, identifying new mitochondrial regulators could provide important insight into the contribution of altered metabolism to tumorigenesis. *C19orf12*codes for a transmembrane glycine zipper-containing mitochondrial protein. Mutations in this gene are a cause of neurodegeneration with brain iron accumulation-4 (NBIA4), but the specific function of the encoded protein is unknown. It has been reported that genes downregulated in neurodegenerative disorders are often upregulated in cancer and vice versa. Thus, we carried out this study to evaluate the potential role of C19orf12 in cancer progression and explore the mechanism behind it using NSCLC as a model system.

Methods Untargeted mass spectrometry-based metabolomics was utilized to identify differences in the levels of functionally relevant intracellular metabolites. RNA-seq analysis was performed to find C19orf12 downstream targets. TCGA data and clinical samples analysis were utilized to examine clinical revavence of C19orf12. In vivo and In vitro NSCLC models was used to detect C19orf12 specific function in NSCLC progression.

Results TCGA data and clinical sample analysis indicates that C19orf12 is upregulated and correlated with poor prognosis in a wide range of malignant diseases, especially in NSCLC. High expression of C9orf12 was observed in NSCLC tissue compared to adjacent normal tissue. Experimental data demonstrate that C19orf12 promotes invasion, migration and resistance to anoikis in vitro and metastatic potential in vivo, but has no impact on cell proliferation and apoptosis. RNA-seq results combined with GO and GSEA analysis indicate C19orf12 regulates key factors in oxidative phosphorylation, cell adhesion, migration and actin cytoskeleton. Metabolomics analysis indicates aberrent glucose and lipid metabolism.Oncogenic pathway such as PI3K-AKT, ERK and JNK was activated after C19orf12 overexpression. Furthermore, loss of C19orf12 enhances H2O2induced ROS accumulation and overexpression of C19orf12 reverses the effect. Fragmented mitochondrial network and decreased mitochondrial membrane potential was observed in C19orf12 depletion cells which indicates impaired mitochondria quality.

Conclusions Taken together, our findings identify C19orf12 as metastatic promoter in NSCLC, uncover the role of C19orf12 in mitochondria quality control and glucose and lipid metabolism, and provide a resource of potential NSCLC biomarkers and therapeutic targets.

Y-08

Screening predictive biomarkers for hypertensive disorders complicating pregnancy and constructing early prediction model for late-onset hypertensive disorders complicating pregnancy

Kai Chang[1], Li Chen[3], Lili Yu[3], Ming Chen[2]

1.Department of Clinical Laboratory Medicine, Institute of Surgery Research, Daping Hospital, The Third Military Medical University

2.Department of Clinical Laboratory Medicine, Southwest Hospital, Third Military Medical University

3.Department of Obstetrics and Gynecology, Third Affiliated Hospital, Medical University Of Chongqing

Objective Hypertensive disorders complicating pregnancy is a specific disease during pregnancy. The pathogenic mechanism of hypertensive disorders complicating pregnancy is unclear. It is an important reason of maternal and fetal death. Hypertensive disorders complicating pregnancy has brought heavily mental and economic damage to the family and society. Domestic and foreign medical scientists are looking for markers to predict the hypertensive disorders complicating pregnancy, but clinicians have not yet widely accepted and widely used. Therefore, the purpose of this study is to screen individual or multiple early predictors based on our usual maternal serum markers and general clinical data without increasing the financial burden of pregnant women and being used by primary hospitals. In this study, we investigated and evaluated the effects of inhibin A (INHA), free estriol (uE3), alpha-fetoprotein (AFP), serum human chorionic gonadotropin (β-hCG) and serological parameters (blood rountine, liver unction, renal function, coagulation function, glycosylated hemoglobin, thyroid function) and maternal general clinical data, and screened meaningful maternal serum markers. Establishment of early prediction model of hypertensive disorders complicating pregnancy.

Methods Subjects in the study were the pregnant women who visit the Third Affiliated Hospital of Third Military Medical University between August 2014 and December 2016. Review the number of pregnant women in the first part and the blood samples of the number of pregnant women in the first part, as follows: At 11-14 weeks of pregnancy, hypertensive disorders complicating pregnancy 87 Cases, the normal pregnant 55 cases; At 16-20 weeks of pregnancy, hypertensive disorders complicating pregnancy 28 cases, the normal pregnant 20 cases. At 24-28 weeks of pregnancy, hypertensive disorders complicating pregnancy 90 cases, the normal pregnant 67 cases. All serum samples were collected from 11-14 weeks of pregnancy and 16-20 weeks of pregnancy and were stored at -80 ℃ . INHA, uE3, AFP, β-hCG were measured by Chemiluminescence method. And we also collected blood routine, liver function, renal function, FPG, HbA1c, coagulation function and thyroid function. Apply SPSS19.0.to make single-factor variance analysis and Logistics to analysis for the markers.

Results 1. The levels of serum AST in the hypertensive disorders complicating pregnancy (21.77 ± 7.88U/L) and in the preeclampsia group (21.98 ± 7.84U/L) were higher than that of the normal group (18.40 ± 4.93U/L) ($P<0.05$) at 11-14weeks of pregnancy. The levels of serum CHE in the hypertensive disorders complicating pregnancy (6882.37 ± 1339.41U/L) and in the preeclampsia group (6840.21 ± 1302.51U/L) were significantly higher than that of the normal group (6212.84 ± 925.94U/L)($P<0.05$). The level of serum 5'-NT in the hypertensive disorders complicating pregnancy (5.73 ± 2.82U/L) and in the preeclampsia group (6.03 ± 2.94U/L) was significantly higher than that of the normal group ($P <0.05$) 3.77 ± 1.86 U/L) ($P <0.01$). Moreover, the level of serum AST, CHE and 5'-NT would be useful for early predic-

tion for hypertensive disorders complicating pregnancy and preeclampsia.

2. The levels of serum INHA in the hypertensive disorders complicating pregnancy (329.08 ± 88.03pg/ml) and in the preeclampsia(337.03 ± 101.26pg/ml) were higher than that of the normal group（232.74 ± 82.77pg/ml）(P<0.01) at 16-20weeks of pregnancy. The level of basal DBP in the hypertensive disorders complicating pregnancy (73.80 ± 8.00mmHg) and in the preeclampsia group (74.17 ± 8.12mmHg) was significantly higher than that of the normal group (66.83 ± 8.25 mmHg) (P <0.01). The levels of basal BMI in the hypertensive disorders complicating pregnancy (23.41 ± 5.81Kg/m^2) and in the preeclampsia (23.72 ± 4.37Kg/m^2) were higher than that of the normal group (20.57 ± 2.73Kg/m^2) (P<0.05).

3. The levels of FPG and basal SBP were obviously higher in the hypertensive disorders complicating pregnancy and in the preeclampsia than that of the normal group(P<0.01) at 24-28 weeks of pregnancy.

4. The early prediction models for hypertensive disorders complicating pregnancy: At 11-14 weeks of pregnancy Y=0.512 (AST) + 0.510 (5'-NT) + 0.482 (CHE) - 3.667 (the rate of accuracy 67.5%); At 16-20 weeks of pregnancy Y=1.162 (INHA) - 3.327 (the rate of accracy 79.3%); At 24-28 weeks of pregnancy Y=0.443 (FPG) + 0.767 (SBP) - 2.7 (the rate of accracy 71.2%). The early prediction models for preeclampsia: At 11-14 weeks of pregnancy Y=0.624×(5'-NT) - 1.785 (the rate of accuracy 63.5%); At 16-20 weeks of pregnancy Y=1.164 (INHA) + 1.804 (DBP) + 1.695 (BMI) - 12.967 (the rate of accuracy 84.6%); At 24-28 weeks of pregnancy Y=0.375 (FPG) + 0.739 (SBP) - 2.676 (the rate of accuracy 71.2%)。

Conclusions Establishment of hypertensive disorders complicating pregnancy and preeclampsia early prediction models of different gestational age.

英文口头发言

Y-09

Establishment of normal reference values of NT-proBNP and its application in diagnosing acute heart failure in children with severe HFMD

sai li, Liya Mo
Hunan children's Hospital

Objective Hand, foot, and mouth disease (HFMD), caused by enteroviruses, is an acute contagious disease in children. Some severe infections caused by human enterovirus 71 (HEV71) lead to rapid death in children with acute heart failure (HF). N-terminal probrain natriuretic peptide (NT-proBNP) is an important indicator of HF; however, its normal reference values in children and role in HFMD remain unclear. This study aimed to investigate the correlation between NT-proBNP and heart function and establish normal reference values of NT-proBNP in children with HFMD aged 0–18 years.

Methods In this study, 95% normal reference values were established in 1031 healthy children aged 0–18 years. The correlation between NT-proBNP and left ventricular ejection (LVEF) was analyzed in 392 children with HFMD using Spearman correlation and receiver operating characteristic analysis.

Results NT-proBNP levels were negatively correlated with LVEF in 392 children with HFMD. The median NT-proBNP

level was 921 pg/mL in the early cardiorespiratory failure group, but only 55 pg/mL in the nervous system involvement group. Serum NT-proBNP levels were negatively correlated with ageThe normal reference value in the neonatal period (0 < 1 month) and adolescence (13–18 years) was 250.0–3987.0 pg/mL and 20.0–145.0 pg/mL, respectively.

Conclusions NT-proBNP levels can reflect the severity of HFMD and discriminate the second stage from the third stage of HFMD effectively. NT-proBNP is a useful biomarker to predict the early stage of severe HFMD in children with HF. Different ages fit with different normal reference values of NT-proBNP in children.

Y-10

Role of the LncRNA-FA2H-2-MLKL pathway in atherosclerosis by regulating autophagy flux and inflammation through mTOR-dependent signaling

Fengxia Guo

Laboratory Medicine Center, Nanfang Hospital, Southern Medical University, Guangzhou, Guangdong 510515, China

Objective To detect the concrete mechanism of lncRNA in atherosclerosis

Methods Western blot; qRT-PCR;CHIRP;FISH;

Results

Our microarray analysis revealed that the level of lncRNA-FA2H-2 was significantly decreased by oxidized low-density lipoprotein (OX-LDL). Bioinformatics analysis indicated that mixed lineage kinase domain-like protein (MLKL) might be regulated by lncRNA-FA2H-2. *In vitro* experiments showed that lncRNA-FA2H-2 interacted with the promoter of the MLKL gene, and downregulated MLKL expression, and the binding sites between −750 and 471 are necessary for lncRNA-FA2H-2 responsiveness to MLKL. Silencing lncRNA-FA2H-2 and overexpression of MLKL could activated inflammation and inhibited autophagy flux. Both lncRNA-FA2H-2 knockdown and overexpression of MLKL could significantly aggravated inflammatory response induced by OX-LDL. We found that the 3-methyladenine (3-MA) and Atg7-shRNA enhanced inflammatory response induced by knockdown of lncRNA-FA2H-2 and overexpression MLKL. We demonstrated that the effects of MLKL on autophagy might be associated with a mechanistic target of rapamycin (mTOR)-dependent signaling pathways.

Conclusions

Our findings indicated that the lncRNA-FA2H-2-MLKL pathway is essential for regulation of autophagy and inflammation, and suggested that lncRNA-FA2H-2 and MLKL could acts as potential therapeutic targets to ameliorated atherosclerosis-related diseases.

Y-11

Identification of methylation sites and signature genes with prognostic value for luminal breast cancer

Bin Xiao[1], Lidan Chen[1], Yongli Ke[1], Jianfeng Hang[1], Ling Cao[1], Rong Zhang[1], Weiyun Zhang[1], Yang Liao[1], Yang Gao[2], Jianyun Chen[1], Li Li[1], Wenbo Hao[2], Zhaohui Sun[1], Linhai Li[1]

1.Guangzhou General Hospital of Guangzhou Military Command of PLA

2.Southern medical univercity

Objective Robust and precise molecular prognostic predictors for luminal breast cancer are required. This study aimed to identify key methylation sites in luminal breast cancer, as well as precise molecular tools for predicting prognosis.

Methods We compared methylation levels of normal and luminal breast cancer samples from The Cancer Genome Atlas dataset. The relationships among differentially methylated sites, corresponding mRNA expression levels and prognosis were further analysed. Differentially expressed genes in normal and cancerous samples were analysed, followed by the identification of prognostic signature genes. Samples were divided into low- and high-risk groups based on the signature genes. Prognoses of low- and high-risk groups were compared. The Gene Expression Omnibus dataset were used to validate signature genes for prognosis prediction. Prognosis of low- and high-risk groups in Luminal A and Luminal B samples from the TCGA and the Metabric cohort dataset were analyzed. We also analysed the correlation between clinical features of low- and high- risk groups as well as their differences in gene expression.

Results Fourteen methylation sites were considered to be related to luminal breast cancer prognosis because their methylation levels, mRNA expression and prognoses were closely related to each other. The methylation level of SOSTDC1 was used to divide samples into hypo- and hyper-methylation groups. We also identified an mRNA signature, comprising eight transcripts, ESCO2, PACSIN1, CDCA2, PIGR, PTN, RGMA, KLK4 and CENPA, which was used to divide samples into low- and high-risk groups. The low-risk group showed significantly better prognosis than the high-risk group. A correlation analysis revealed that the risk score was an independent prognostic factor. Low- and high- risk groups significantly correlated with the survival ratio in Luminal A samples, but not in Luminal B samples on the basis of the TCGA and the Metabric cohort dataset. Further functional annotation demonstrated that the differentially expressed genes were mainly involved in cell cycle and cancer progression.

Conclusions We identified several key methylation sites and an mRNA signature for predicting luminal breast cancer prognosis. The signature exhibited effective and precise prediction of prognosis and may serve as a prognostic and diagnostic marker for luminal breast cancer.

Y-12

Evaluation of serum exosomal lncRNAs as potential diagnostic and prognostic biomarkers for esophageal squamous cell carcinoma

Suzhen Yan, Lutao Du, Chuanxin Wang
Department of Clinical Laboratory, The Second Hospital of Shandong University

Objective Long non-coding RNAs (lncRNA) in exosomes have been recognised as promising stable biomarkers in cancers. The aim of this study was to identify serum-derived exosomes lncRNA signatures for diagnosis and prognosis of esophageal squamous cell carcinoma (ESCC).

Methods Based on previous studies, 24 ESCC-related lncRNAs were chosen and detected in 34 ESCC vs. adjacent tissues using quantitative real-time PCR. Exosomes from serum of ESCC and healthy subjects were isolated and identified. In the training set, exosomal lncRNA profiles from 202 ESCC patients and 202 healthy subjects was performed and established new models for ESCC detection. In the validation set, the diagnostic accuracy of candidate lncRNAs was further validated with an 222 additional individuals (111 ESCC patients and 111 healthy controls) using receiver operating characteristic curve.

Results There were 20 differentially expressed lncRNAs in ESCC compared to adjacent tissues. A 4-lncRNA signature (UCA1, POU3F3, ESCCAL-1 and PEG10) in serum exosomes for diagnosis of ESCC was finally developed by logistic regression model. The diagnostic accuracy of four-lncRNA panel was evaluated with AUC value of 0.844 and 0.853 for training and validation stage, respectively. The corresponding AUCs for patients with TNM stage I-II and III were 0.820 and 0.935, significantly higher than squamous cell carcinoma antigen (P<0.001), which were 0.652 and 0.642, respectively. Kaplan–Meier analysis indicated that patients with high levels of UCA1 and POU3F3 had significantly lower survival rate (P<0.001). In addition, POU3F3 was independently associated with ESCC prognosis (P=0.004).

Conclusions This findings demonstated that a exosomal 4-lncRNA panel in serum was identified as novel and reliable molecular biomarker for ESCC diagnosis and POU3F3 was an independent factor for ESCC prognosis. This discovery of the novel lncRNA biomarkers in circulating exosomes could open up new avenues for investigating the ESCC progression, recovery and therapy response.

Y-13

A Simple Sample Preparation Method for Direct Microbial Identification and Susceptibility Testing from Positive Blood Cultures

Hongwei Pan[1], Wei Li[1], Rongguo Li[2], Yong Li[1], Yi Zhang[1], Sun Enhua[1]
1.Qilu Hospital of Shandong University
2.Jinan Maternal and Child Care Hospital

Objective Rapid identification and determination of the antibiotic susceptibility profiles of the infectious agents in patients with bloodstream infections are critical for the following effective targeted antibiotic treatment choices. Few ef-

forts have been done to develop combined methods for directly identification and antibiotic susceptibility test of bacteria in positive blood cultures. In this study, we aimed to develop an easier and cheaper combined method to directly identify and determine the antibiotic susceptibility profiles of the infectious agents in patients with bloodstream infections.

Methods We constructed a lysis-centrifugation-wash procedure to prepare bacterial pellet from positive blood culture. The bacterial pellet can be used directly for the identification by MALDI-TOF MS and antibiotic susceptibility testing by Vitek AST systems. Comparison between conventional laboratory culture-dependent bacteriological procedures and our developed protocol was then carried out to evaluate the method.

Results Using a gentle iron buffer solution, we successfully developed a simple lysis-centrifugation-wash procedure to prepare bacterial pellets from positive blood cultures. No more than 15 min are taken for the developed sample preparation process, which are faster than the convectional laboratory biological procedures as well as most of other reported protocols. Meanwhile, the prepared bacterial pellet can be use not only for MS identification, but also for antibiotic susceptibility test. Moreover, the protocol of our method is quite easy to carry out for the clinical laboratory technicians as described in the materials and methods. The correct rate of direct MALDI-TOF MS identification was 96.49% for gram-negative bacteria and 97.22% for gram-positive bacteria. For direct VITEK II antimicrobial susceptibility testing, category agreement of antimicrobials tested was 96.89% for gram-negative bacteria with 2.63% minor error, 0.24% major error, and 0.24% very major error of antimicrobials. Category agreement of antimicrobials tested was 92.81% for gram-positive bacteria with 4.51% minor error, 1.22% major error, and 1.46% very major error of antimicrobials. The results indicated that our direct antibiotic susceptibility analysis method worked well compared to the conventional culture dependent laboratory method. Overall, our study demonstrated a fast, easy and accuracy method for direct identification and antibiotic susceptibility testing of the bacteria in positive blood cultures.

Conclusions In summary, we demonstrated an easy, fast and accurate combine method for direct identification and AST analysis of bacteria in positive blood cultures. The rapid, actuary identification and AST results will better dictate the diagnostic measures taken of patients with bacteremia, which willsignificantly reduce mortality, morbidity and hospital costs.

Y-14

Smartphone based point-of-care microfluidic platform for multi-types nucleotide mutation detection using isothermal dual signal amplification in clinical samples

Huan Xu[1], Anyue Xia[3], Dandan Wang[2], Yiheng Zhang[3], Jing Du[2], Qian Sun[2], Jinhui Cui[2], Mingzhe Gan[2], Ming Chen[1]

1.Southwest Hospital, Army Medical University

2.Suzhou Institute of Nano-Tech and Nano-Bionics, Chinese Academy of Sciences

3.Renji Hospital, School of Medicine, Shanghai Jiao Tong University

Objective A smartphone based high sensitive point-of-care microfluidic platform for multi-types nucleotide mutation detection was developed in this work.

Methods Using specific tailed primers, three types of nucleotide mutation thalassemia CD41(-TCTT), CD17(A→C) and CD71(+A) were detected as base deletion, substitution and insertion representative examples. A 3D printed pretreatment

chip was designed for instrument free rapid DNA extraction from finger blood and buccal swab samples and performing recombinase polymerase amplification (RPA). A hybrid microfluidic detection chip was developed for amplicons hybridization and gold-silver signal enhancement. After dual signal amplification, the detection chip was inserted to a custom cradle for signal capture and result analyze, utilizing smartphone rear camera and application running on system. A total of 57 clinical DNA samples from patients probably with thalassemia mutations were collected and analyzed using our detection platform and clinical laboratory-based method.

Results Significantly, our platform achieved high sensitivity and specificity utilizes body temperature for reaction heat and a smartphone as the signal sensor without any other instrument. The platform obtained same results, but much lower detection limit calculated as 23 copies/ml. 8 samples could be quickly detected within two hours simultaneously.

Conclusions Therefore, our smartphone based point-of-care platform provides an effective alternative for multi-types nucleotide mutation detection and may offer a promising approach for other mutation-related diseases in medical applications.

Y-15

The screening and verification for novel biomarkers of atherosclerosis based on microarray and bioinformatics analysis technology

Li Ding

Southern Medical University, Nanfang Hospital

Objective Atherosclerosis (AS) is one sort of complex chronic disease which based on lipid metabolism disorders such as cholesterol. China Cardiovascular Disease Report 2017 pointed out that the mortality of cardiovascular disease ranked first among all diseases in our country, while AS is the main cause of different kinds of cardiovascular diseases. Although the pathogenesis of AS is extremely complicated, dyslipidemia is usually a vitally important risk factor in promoting the development of AS. Oxidized low density lipoprotein (Ox-LDL) is an important pathogenetic factor of AS. It can induce the cholesterol metabolism disorders so that the foam cells can be formed and then result in the formation of plaques. Therefore, it is significantly important to explore the new biomarkers of AS and to figure out the mechanism of cholesterol metabolism imbalance induced by Ox-LDL, so that we can find effective methods to prevent and treat AS.

Methods The microarrays were used to screen the differentially expressed genes in advanced atherosclerotic plaques compared with normal arterial intimae. The bioinformatics analysis technology such as Gene ontology (GO), Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) and Ingenuity Pathway Analysis (IPA) were applied to explore the potential functions and pathways that may be involved in the pathogenesis of atherosclerosis. We also performed ELISA to investigate the corresponding proteins levels of selected genes in patients with acute coronary syndrome, chronic coronary heart disease and heart failure compared with healthy subjects. In addition, the RNAi technology was used to figure out the functions or pathogenesis mechanisms of selected genes in cholesterol metabolism and AS.

Results A total of 11576 lncRNAs and 8358 mRNAs were found differentially expressed in advanced atherosclerotic plaques compared with normal arterial intimae.We selected 236 lncRNAs and 488 mRNAs for the further IPA.We speculate that these genes may be related to cardiovascular development and blood cell movement. The top ten toxicological

function enrichments showed that these genes were related to cardiovascular disease including cardiac hypertrophy, cardiac stenosis and cardiac congestive failure, pointing towards the obvious direction of the experiment - cardiovascular intervention-related topics.Canonical pathway analysis showed that pathways related to tissue rupture or pathogen invasion were highly enriched. Many of these pathways are associated with immune responses such as granulocyte/agranulocyte adhesion and diapedesis pathways, atherosclerosis signaling and others.The results of ELISA testing showed that serum levels of secreted phosphoprotein 1 (SPP1), CD36, ATPase, H+ transporting, lysosomal V0 subunit D2 (ATP6V0D2), chitinase 3-like 1 (CHI3L1), myosin heavy chain 11 (MYH11), fatty acid binding protein 5 (FABP5) and brain-derived neurotrophic factor (BDNF) were differentially expressed in patients with acute coronary syndrome, chronic coronary heart disease and heart failure compared with healthy subjects. The levels of these proteins correlated with a number of biochemical parameters used in the diagnosis of cardiovascular diseases and receiver operating characteristic (ROC) analysis showed a favorable diagnostic performance. For the functional and mechanism research, we found Ox-LDL could significantly up-regulate the protein and mRNA expression of FABP5, the protein and mRNA expression of ATP binding cassette transporter G1 (ABCG1) were significantly up-regulated when FABP5 was interrupted, ABCG1 can promote intracellular cholesterol efflux so as to maintain the cholesterol metabolic balance.

Conclusions The microarray profiling analysis and validation of differentially-expressed lncRNAs and mRNAs in atherosclerosis not only provide new insights into the pathogenesis of this disease, but may also reveal new biomarkers for its diagnosis and treatment. In addition, FABP5-ABCG1 pathway is involved in the regulation of intracellular cholesterol metabolism induced by Ox-LDL which can result in promoting the progress of AS. FABP5-ABCG1 pathway may become a novel potential target in regulating lipid metabolism, preventing and treating AS.

Y-16

Circulating MiR-451a as a Potential Biomarker to Predict Prognosis in Patients with Multiple Myeloma

Ling Zhong[1], Tao Jiang[2], Juan Zhang[1], Hao Wu[1], Yuan He[1], Jiao Chen[2]

1.Department of Clinical Labrotary Medicine, Sichuan Provincial People&'s Hospital

2.Department of hemaetology, Medicine, Sichuan Provincial People&'s Hospital

Objective The R-ISS stratification criteria, which is being used in patients with multiple myeloma (MM), can't reflect the dynamic changes of tumor load. And the myeloma usually locate focally, that is often bring false negative results. By targeting IL-6R and sIL-6R, miR-451a could suppress proliferation and accelerate apoptosis in MM. This study is conducted to find a new marker for dynamic monitoring, and to strantificate and predict prognosis for MM patients.

Methods Fifty-two MM patients less than 65 years were recruited in this study, including 15 patients in R-ISS I, 17 patients in R-ISS Ⅱ and 20 patients in R-ISS Ⅲ. Ten unrelated subjects from donor of transplantation were collected as the control. The expression levels of miR-451a from BM (Bone marrow) and circulation was evaluated by qRT-PCR. IL-6, sIL-6R were measured by ELISA. In follow-up, MRD (Minimal Residual Disease) was assessed by multi-parameter Flow cytometry (MFC). miR-451a was confirmed to target IL-6R by dual-luciferase reporter assay.

Results The expression of miR-451a in MM patients was 0.43±0.11 times of the control group (P=0.001). Circulat-

ing miR-451a was inversely related with sIL-6R and IL-6 (r=-0.92, -0.98, P<0.05), whereas circulating miR-451a had a positive correlation with miR-451a in BM (r=0.97, P<0.05). Furthermore, circulating miR-451a showed different expression levels in different stages (0.73±0.05 times in R-ISS I, 0.41±0.04 times in Ⅱ, 0.21±0.02 times in Ⅲ.Both in R-ISS Ⅰ and Ⅱ group, the patients with lower miR-451a level-below the median value in each group-showed the worse survival of (X^2=5.49, P=0.019; X^2=15.96; P=6.45E-5, respectively). In R-ISS Ⅲ group, the median of miR-451a level was 0.21. Below 0.21, the patients displayed worse survival, but there was no statistically significant (X^2=0.021, P=0.88). After chemotherapy, 11 patients achieved complete remission (CR). In fellow-up, MRD was constantly negative for 7 patients that also displayed high expression levels of miR-451a. However, miR-451a declined suddenly in the other 4 patients. Recurrence of miR-451a in circulation was observed 4–8 weeks earlier than that in bone marrow (BM) relapse. Dual-luciferase reporter assay verified the target effect between miR-451a and IL-6R.

Conclusions Circulating miR-451a could be a new marker to sub-stratified MM patients, and predict relapse early.

Y-17

Comparison of isolation methods of exosomes and exosomal RNA from cell culture medium and serum

Yueting Tang[1,2], Yi-Yao Huang[2], Lei Zheng[2]

1.Department of clinical Laboratory, Zhongnan Hospital, Wuhan University, Wuhan, Hubei, China

2.Department of Laboratory Medicine, Nanfang Hospital, Southern Medical University

Objective Exosomes are cell-derived vesicles and are abundant in biological fluids; they contain RNA molecules which may serve as potential diagnostic biomarkers in “Precision Medicine”. To promote the clinical application of exosomal RNA (exoRNA), many isolation methods should be compared and validated.

Methods Exosomes in cell culture medium (CCM) and serum may be isolated using ultracentrifugation (UC), ExoQuick or Total Exosome Isolation Reagent (TEI), and the exoRNA extracted using Trizol-LS, SeraMir, Total Exosome RNA Isolation (TER), HiPure Liquid RNA/miRNA Kit (HLR), miRNeasy or exoRNeasy. ExoRNA was assessed using Nanodrop, Bioanalyzer 2100, quantitative polymerase chain reaction and high-throughput sequencing.

Results UC showed the lowest recovery of particles, but the highest protein purity for exosome isolation. For isolation of exoRNA, we found that combinations of the TEI and TER methods resulted in high extraction efficiency and purity of small RNA obtained using CCM. High yield and a narrow size distribution pattern of small RNA were shown in exoRNA isolated by exoRNeasy from serum. In RNA profile analysis, the small RNA constituent ratio, miRNA content and amount varied as a result of methodological differences.

Conclusions Our study showed that different methods may introduce variations in the concentration, purity and size of exosomes and exoRNA. Herein we discuss the advantages and disadvantages of each method and their application to different materials, therefore providing a reference according to research design.

Y-18

Exploration on plasma miR-33a as a noninvasive diagnostic biomarker of coronary artery disease

Chunyan Peng

Taihe Hospital, Shiyan

Objective Coronary artery disease (CAD) is the leading cause of death worldwide, Abnormal lipid metabolism plays an important role in the development and progression of CAD. The aim of this study was to investigate the changes of the relative expression levels of SREBP2 (Sterol regulatory element-binding proteins 2) in peripheral blood leukocytes and plasma miR-33a which is co-transcribed with SREBP2 in CAD patients and make an evaluation on whether it could be a potential CAD diagnostic biomarker.

Methods We recruited 170 CAD patients and 120 healthy controls from 2016.12 to 2018.1 in Taihe Hospital, Hubei University of Medicine. Total peripheral blood RNA, serum RNA and genomic DNA were isolated. SREBP2 and miR-33a expression levels were detected by Real-time quantitative PCR (qPCR). Specific CpG islands methylation states in SREBP2 promoter were examined by pyrosequencing. Human monocytic cell line THP-1-derived macrophages were stimulated with Ox-LDL to form THP-1 foam cells. The sensitivity and specificity of SREBP2 and miR-33a for diagnosis of CAD were evaluated by receiver operating characteristic (ROC) curve and area under the curve (AUC).

Results SREBP2 relative expression level in controls were significant higher than in CAD group (P<0.01); the corresponding figure in THP-1 monocytes were significant higher than in THP-1 foam cells (P<0.01). SREBP2 promoter CpG islands showed different hypomethylation pattern in CAD patients compared to controls. The area under the ROC curve of SREBP1 was 0.734（0.677-0.790）, sensitivity and specificity were 67.7% and 72.7%. The area under the ROC curve of miR-33a was 0.814（0.731~0.898）, sensitivity and specificity were 94% and 68%.

Conclusions Abnormal alteration of SREBP2 expression might take parts in the formation of foam cells. Circulating expression levels of SREBP2 and miR-33a were decreased in CAD patients and might be led by disordered promoter methylation states. miR-33a could be a potential biomarker for diagnosis of CAD.

Y-19

G-MDSC derived exosomal miR-93-5p attenuate collagen-induced arthritis by regulating Th17 cells

Dongwei Zhu, Shengjun Wang

The Affiliated People's Hospital of Jiangsu University (Zhenjiang First People's Hospital)

Objective Myeloid-derived suppressor cells (MDSC) have been described in rheumatoid arthritis (RA), but their role in the disease remains controversial. Exosomes play key roles in intercellular signaling, and involved in immune response.

Methods Here, we sought to define the effect of granulocytic MDSC-derived exosomes (G-MDSC exo) in collagen-in-

duced arthritis (CIA) mice.

Results G-MDSC exo-treated mice showed greater resistance to arthritis. There was a decrease in the proportion of Th17 cells in G-MDSC exo-treated CIA mice. In addition, G-MDSC exo could suppress the differentiation of Th17 cells in vitro. Exosomal miRNA expression profiles were analyzed by microRNA array, higher levels of miRNAs are encapsulated in G-MDSC exo. The miR-93-5p derived from G-MDSC exo could inhibit the differentiation of Th17 cells through targeting of STAT3 in vitro. Furthermore, knockdown of G-MDSC derived exosomal miR-93-5p couldn't attenuate arthritis in CIA mice.

Conclusions Taken together, these results suggest that G-MDSC derived exosomal miR-93-5p attenuate CIA progression through inhibiting Th17 cells proliferation.

Y-20

Comparison of Clin-Tof II, Pyrosequencing and Sanger Sequencing for Clopidogrel Efficiency Genotyping in Routine Molecular Diagnostics

Chen Chen
The PLA General Hospital

Objective Clopidogrel is one of the most frequently used drugs in patients to reduce cardiovascular events. Since patients with different genetic variations respond quite differently to clopidogrel therapy, the related genetic testing plays a vital role in its dosage.We aimed to evaluate the impact of CYP2C19 gene polymorphism on clinical outcomes in North Chinese Han populations who underwent percutaneous coronary interventions (PCI) and received clopidogrel therapy.

Methods Six single nucleotides polymorphisms (SNP) within CYP2C19 (*2, *3, *4, *5, *17) and ABCB1 C3435T in 524 North Chinese Han patients were determined using both Clin-Tof II and Pyrosequencing. Sanger sequencing was used for verification. Results of both methods were analyzed and compared.

Results Both methods provided 100% call rates for gene variants, while results of 7 samples were different with two methods. With Sanger sequencing as the reference results, Clin-Tof II generated all the same results. Distribution of different genotypes was calculated based on the Clin-Tof II and Sanger sequencing results.

Conclusions Clin-Tof II provides accurate clopidogrel related genotyping with relatively high cost-effeciency, throughput and short time when compared with pyrosequencing.

Y-21

Identification of Novel Serological Biomarkers for Takayasu Arteritis Diagnosis Using Protein Array

Xiaoting Wen, Yongzhe Li
Peking Union Medical College Hospital

Objective Takayasu arteritis (TA) is an autoimmune disease characterized by chronic large vessel vasculitis. Because of its insidious onset, indistinct symptoms, and a lack of effective biomarkers, TA diagnosis is often significantly delayed in the clinic. To undertake this challenge, we would like to apply a protein-based array to identify novel biomarkers of TA.

Methods We employed a two-phase approach. In Phase Ⅰ, HuProt arrays comprised of 20, 240 unique human proteins were adopted to comprehensively screen for TA-specific biomarkers with serum samples collected from 40 TA patients, 15 autoimmune disease controls, and 20 healthy controls, and candidate autoantigens were identified. In Phase Ⅱ, we validated these candidate biomarkers on TA-focused arrays with a much larger cohort comprised of 109 TA patients, 110 autoimmune disease controls, and 96 healthy controls. Finally, three easy purified proteins were validated with western blot.

Results Eight antigens, namely SPATA7, QDPR, SLC25A2, PRH2, DIXDC1, IL17RB, ZFAND4, and NOLC1, were validated as TA-specific diagnose biomarkers. The decision model can significantly improve specificity and AUC compared to each single markers. Three autoantigens, SPATA7, QDPR and PRH2, were successfully validated by western blot analysis with representative samples.

Conclusions Using the two-phase strategy we identified and validated eight novel autoantibodies for TA diagnosis; three of which could be readily adapted to clinical settings.

Y-22

Clinical Application of an Improved Mini Flow Cytometry Score in the Differential Diagnosis and Prognosis of Myelodysplastic Symptoms

Jinjing Guo[1], Huiping Wang[2], Zhimin Zhai[2]
1.Fu'yang People's Hospital
2.The Second Hospital of Anhui Medical University

Objective In 2012, Della Porte et al. proposed a flow cytometric score (FCM-score), which was published for MDS patients. This approach integrated four parameters capable of distinguishing between low-grade MDS and non-clonal cytopenias. The present study applied this method and performed a minor modification to test the clinical practicability of the FCM-score.

Methods A set of antibody combination (CD34/CD19/CD33/CD45) was used to analyze the four parameters. Compared

with the published method that used low SSC and CD45 expression to separate progenitor B-cell blasts and myeloblasts, the present minor modified FCM-Score (MFCM-score) used CD19 and CD33 to separate progenitor B-cell blasts and myeloblasts from myeloid blasts within the CD34+CD45dimm population. In the first stage of the present study, the MFCM-Score were compared with the FCM-score. The study population was analyzed by two kinds of schemes, the specificity and sensitivity were respectively calculated, and the differences were analyzed to evaluate the efficacy of the MFCM-score. The second part of the study analyzed the relationship between the MFCM-score and the Revised International Prognostic Scoring System (IPSS-R) in MDS, as well as the four parameters of the MFCM-Score.

Results There was no significant difference between the MFCM-score and FCM-score in the diagnosis of MDS ($P>0.05$). The MFCM-score had a positive correlation with the IPSS-R prognosis classification of MDS (Spearman $r = 0.848$, $P<0.001$). Every parameter of the MFCM-score had a positive correlation with every grade of IPSS-R in MDS ($P<0.01$).

Conclusions The modified FCM four-parameter score is simple and practical for screening MDS patients, and the FCM-score could be used to evaluate the risk of MDS patients.

Y-23

Direct Detection of Circulating Free DNA extracted from Serum Samples of Breast Cancer Using Locked Nucleic Acid Molecular Beacon

Mingchen Zhu, Feng Yan, Zhen Gui

Department of clinical Laboratory, Jiangsu Cancer Hospital & Jiangsu Institute of Cancer Research & The Affiliated Cancer Hospital of Nanjing Medical University

Objective As an emerging noninvasive blood biomarker, circulating free DNA (cfDNA) can be utilized to assess diagnosis, progression and evaluate prognosis of cancer. However, cfDNAs are not “naked”, they could be part of complexes, or are bound to the surface of the cells via proteins, which make the detection not so easy. Besides, the double-stranded structure also restricts the development of methods for testing cfDNA.

Methods To date, the main method for detecting cfDNA is Polymerase Chain Reaction (PCR). It is time-consuming, expensive, labor-intensive, and the operation is very complex. So, it is imperative to develop an ideal process to detect the cfDNA with a high sensitivity, excellent selectivity, and simple procedure.

Results In this work, we first proposed a novel assay to direct test the expression of Ubiquitin-like with PHD and ring finger domains 1 (UHRF1) DNA exacted from serum of breast cancer (BC). To overcome the defects mentioned above, a locked nucleic acid modified molecular beacon (LNA/MB) was chosen as the detection probe. This method shows a sensitive response to UHRF1 DNA with a dynamic range of 3 orders of magnitude. The limit of detection is 11 nM (S/N=3) with excellent selectivity. And it can discriminate UHRF1 DNA from three-base mismatched DNA with a high specificity. More importantly, this method can distinguish the expression of serum UHRF1 DNA among 5 breast cancer patients and 5 healthy controls, and the whole procedure can be completed within 1 h.

Conclusions The mentioned superiority may suggest that this assay can be served as a promising noninvasive detection tool for early BC diagnosis and monitoring.

Y-24

National antimicrobial stewardship and fluoroquinolone-resistant Clostridium difficile in China

Meng Xiao, Jingwei Cheng, Ying-chun Xu
Peking Union Medical College Hospital

Objective To investigate the fluoroquinolone resistance and molecular epidemiology of Clostridium difficile in China.

Methods During the period 2012-2016, our group carried out a study of healthcare-associated *C. difficile* infections in three tertiary general hospitals in Beijing, China.On 234 isolates collected from diarrhea patients, fluoroquinolone-resistance was detected by sequencing of *gryA* and *gryB* genes, including scanning for resistance-related amino-acid substitutions. Genotyping was conducted on all isolates by toxin gene detection, multilocus sequence typing and PCR-ribotyping.

Results Generally, 26.5% (54/234) of the studied isolates exhibited fluoroquinolone-resistant (FQR) genotypes. Determination of levofloxacin minimum inhibitory concentrations for 110 isolates randomly selected, revealed high concordance between susceptibility phenotypes and genotypes (107/110 isolates, 97.3%). Of note, nearly two-thirds of FQR *C. difficile* isolates studied were of toxin gene A-B+ (60/97, 61.9%) type. Moreover, the toxin gene A-B+ *C. difficile* isolates were 100% FQR, compared to only 21.3% (37/174) of toxin gene A+B+ isolates ($p<0.001$). Over half of FQR A-B+ isolates belonged to sequence type (ST) 81/ribotype-PU09 clone (34/60, 56.7%), followed by ST37/ribotype-017 (23/60, 38.3%). Furthermore, these two clones were also the first and second predominant clones amongst all FQR isolates (35.1% [34/97] and 23.7% [23/97], respectively). However, based on review of patients' medical records and further multiple locus variable numbers tandem repeat analysis (MLVA, data not shown) of the isolates, none of the CDI cases was associated with nosocomial outbreak. In comparison to A-B+ isolates, a more divergent clonal background, including 15 STs and 19 ribotypes, was identified amongst 37 FQR A+B+ isolates. Among these, the predominant clone was ST3/ribotype-001 (12/37, 32.4%), which was only the third most common FQR clone overall (12/97, 12.4%). In addition, over half of ST3/ribotype-001 isolates were fluoroquinolone-susceptible (17/29, 58.6%). The prevalence of ST1/ribotype-027 isolates was very low (2/234, 0.9%), although both isolates were FQR. However, due to challenges in accessing patient clinical data, the relationship between patients' FQ exposure history and isolates' toxigenic profile and susceptibility, was not analysed.

Generally, 26.5% (54/234) of the studied isolates exhibited fluoroquinolone-resistant (FQR) genotypes. Determination of levofloxacin minimum inhibitory concentrations for 110 isolates randomly selected, revealed high concordance between susceptibility phenotypes and genotypes (107/110 isolates, 97.3%). Of note, nearly two-thirds of FQR *C. difficile* isolates studied were of toxin gene A-B+ (60/97, 61.9%) type. Moreover, the toxin gene A-B+ *C. difficile* isolates were 100% FQR, compared to only 21.3% (37/174) of toxin gene A+B+ isolates ($p<0.001$). Over half of FQR A-B+ isolates belonged to sequence type (ST) 81/ribotype-PU09 clone (34/60, 56.7%), followed by ST37/ribotype-017 (23/60, 38.3%). Furthermore, these two clones were also the first and second predominant clones amongst all FQR isolates (35.1% [34/97] and 23.7% [23/97], respectively). However, based on review of patients' medical records and further multiple locus variable numbers tandem repeat analysis (MLVA, data not shown) of the isolates, none of the CDI cases was associated with nosocomial outbreak. In comparison to A-B+ isolates, a more divergent clonal background, includ-

ing 15 STs and 19 ribotypes, was identified amongst 37 FQR A+B+ isolates. Among these, the predominant clone was ST3/ribotype-001 (12/37, 32.4%), which was only the third most common FQR clone overall (12/97, 12.4%). In addition, over half of ST3/ribotype-001 isolates were fluoroquinolone-susceptible (17/29, 58.6%). The prevalence of ST1/ribotype-027 isolates was very low (2/234, 0.9%), although both isolates were FQR.

Conclusions It is not clear if FQ restriction alone is sufficient enough to decrease CDI without enhanced infection control measures and cephalosporin restriction. More base-line research data and continued surveillance for *C. difficile* infections in China is urgently needed.

壁报列表

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-001	MiR−129−5p inhibits Proliferation, Migration and Invasion in rectal adenocarcinoma cells through targeting E2F7	商安全	上海同济大学附属同济医院
PO-002	Metabolomics and Transcriptomics Identify Biomarkers in Feces of Colorectal Cancer Patients Based on Gas Chromatography−Mass Spectrometer (GC−MS) and TCGA Database	商安全	上海同济大学附属同济医院
PO-003	Urinary Free Triiodothyronine Test for Monitoring Thyroid Dysfunction during Pregnancy	蔡　佳	首都医科大学附属北京世纪坛医院
PO-004	Nucleophosmin−1 (NPM1) knockdown promotes tumor growth, metastasis but decreases drug resistance in cisplatin−resistant bladder cancer cell line	罗陈烁	首都医科大学附属北京世纪坛医院
PO-005	Verification of Transthyretin in Bladder Cancer Patients and Functional Research in Human Bladder Cancer Cell Line	雷　婷	北京世纪坛医院
PO-006	LncRNA HOTAIRM1−HOXA1 axis downregulates the immunosuppressive activity of myeloid−derived suppressor cells in lung cancer	田新宇	南京鼓楼医院
PO-007	Mda−7/IL−24 induces the differentiation of B cell lymphoma via activation of the P38 mitogen activated protein kinase signaling pathway	马　鸣	河北医科大学第四医院
PO-008	Low expression of Mda−7/IL−24 and high expression of C−myb in tumour tissues are predictors of poor prognosis for Burkitt lymphoma patients	马　鸣	河北医科大学第四医院
PO-009	miR−6775−3p inhibits ESCC progression by forming a positive feedback loop with p53 via MAGE−A family	孟令娇	河北医科大学第四医院
PO-010	C/D−Box Snord105b Promotes Tumorigenesis in Gastric Cancer Via ALDOA/C−Myc Pathway	张　璁	河北医科大学第四医院
PO-011	MAGE−A11 is activated through TFCP2/ZEB1 binding sites de−methylation as well as histone modification and facilitates ESCC tumor growth	刘世娜	河北医科大学第四医院
PO-012	Serum human epididymis secretory protein 4 as a potential biomarker of renal fibrosis in kidney transplantation recipients	李来胜	中山大学附属第一医院
PO-013	Tumor tissue genotyping and cfDNA−based liquid biopsy by NGS	郭巧梅	上海市胸科医院检验科
PO-014	EB 病毒检测外周血单个核细胞和血浆标本类型比较	黄　斐	复旦大学附属中山医院
PO-015	特应性皮炎患者外周血中 Th22、Treg 细胞及细胞因子表达的研究	李　志	大连市中心医院
PO-016	Septin9 甲基化试剂盒性能验证及在结直肠肿瘤中诊断价值的应用	杨轶慧	复旦大学附属中山医院
PO-017	An autoantibody panel as serum diagnostic biomarkers in esophagogastric junction adenocarcinoma	许锰洧	汕头大学医学院附属肿瘤医院
PO-018	北京地区 2013−2017 常见过敏原流行特征分析	闫存玲	北京大学第一医院
PO-019	抗磷脂酶 A2 受体抗体与特发性膜性肾病的相关性研究	何文军	广东省中医院
PO-020	Circulating Tumor Cells with Stem−Like Phenotypes for Diagnosis, Prognosis, and Therapeutic Response Evaluation in Hepatocellular Carcinoma	王蓓丽	复旦大学附属中山医院

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-021	典型副瘤性抗体阳性患者肿瘤标志物检测状况的分析	刘　霞	首都医科大学宣武医院
PO-022	血清游离轻链及其 κ/λ 比率在多发性骨髓瘤患者中的临床意义研究	赵　丹	大连医科大学附属第一医院
PO-023	血清 CgA 测定在神经内分泌肿瘤中的应用价值评估	吴　俊	复旦大学附属肿瘤医院
PO-024	循环游离 DNA 提取方法的摸索与评价	李风英	浙江大学医学院附属邵逸夫医院
PO-025	TRAIL 基因多态性与中国山东汉族人慢性乙型肝炎、肝硬化及肝癌的相关性研究	王　芳	山东大学第二医院
PO-026	重组人 HMGB1–A box 蛋白对系统性红斑狼疮肾炎的缓解作用及其机制研究	孙文萍	山东省立医院
PO-027	脂蛋白相关性磷脂酶 A2 水平与冠状动脉不同分支病变的相关性研究	谭明娟	南京医科大学附属南京医院（南京市第一医院）
PO-028	类风湿关节炎患者血清中血脂与自身抗体、炎症因子的关系研究	林锦骠	福建医科大学附属第一医院
PO-029	丙型肝炎病毒抗体灰区样本检测结果在不同国产试剂之间的一致性研究	陆银华	上海市临床检验中心
PO-030	HIV 感染者 HAART 治疗后 T 细胞免疫重建研究	雷　洁	中国医科大学附属第一医院
PO-031	妊娠期妇女生殖道病原体感染的检测分析	王振明	潍坊市人民医院
PO-032	NKG2C+NKG2A– Natural Killer Cells are Associcated with a Lower Viral Set Point and may Predict Disease Progression in Individuals with Primary HIV Infection	马美晨	中国医科大学附属第一医院
PO-033	基于时间分辨荧光免疫层析快速定量检测降钙素原试剂的研究	邵向阳	南方医科大学
PO-034	对 IgG4 相关性桥本氏甲状腺炎与非 IgG4 相关性桥本氏甲状腺炎的对比研究	陈　勤	浙江大学医学院附属第二医院
PO-035	体检人群血尿酸水平、胰岛素抵抗和阿尔茨海默 相关神经丝蛋白水平的关系探讨	张玉蓉	四川省科学城医院
PO-036	云南省昆明地区 HIV/HCV 共感染人群基因型耐药突变特点研究	钟　敏	昆明医科大学第一附属医院
PO-037	高敏肌钙蛋白 T 和肌红蛋白在肾功能不全患者中的变化及意义	丁红梅	南京医科大学第一附属医院（江苏省人民医院）
PO-038	LncRNA HOTAIR Contributes to 5–fluorouracil Resistance through Suppressing MiR–218 and Activating NF–κB/TS Signaling in Colorectal Cancer	李培龙	山东大学第二医院
PO-039	MALAT1 is Associated with Poor Response to Oxaliplatin–Based Chemotherapy in Colorectal Cancer Patients and Promotes Chemoresistance through EZH2/miR–218 pathway	李培龙	山东大学第二医院
PO-040	中性粒细胞 CD64 指数与补体、CRP、WBC 和 B 细胞联合检测鉴别系统性红斑狼疮继发细菌感染和疾病复发的临床价值	冯　敏	山西医科大学第二医院
PO-041	Droplet digital polymerase chain reaction for detection of clinical hepatitis B virus DNA samples	杨德平	上海市浦东新区周浦医院
PO-042	Down–regulation of miR–133a is associated with tumor progression with colorectal cancer	王丽丽	山东大学第齐鲁医院

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-043	肿瘤自身抗体检测技术及其对肺癌早期诊断的意义	郭子建	中国医学科学院北京协和医院
PO-044	Analysis of anaphylaxis in 11040 cases of allergic patients in Dalian	叶　理	大连市皮肤病医院
PO-045	The association between albumin–dNLR score and the disease activity in patients with rheumatoid arthritis	陈帅帅	台州恩泽医疗中心（集团）浙江省台州医院
PO-046	Comparison of indirect immunofluorescence and the passive particle agglutination for the detection of Mycoplasma pneumoniae	陈克平	东南大学附属中大医院
PO-047	HLA–B*58:01 替代指标的临床应用价值研究	张心菊	复旦大学附属华山医院
PO-048	The diagnostic value of PIVKA– Ⅱ combined with AFP and AST/ALT ratio in the diagnosis of primary liver cancer with HBV infection	汪光蓉	川北医学院附属医院
PO-049	Expression of P53/PTEN/c–Myc in peripheral blood leukocytes from patients with breast cancer and its clinical significance	黄光成	川北医学院附属医院
PO-050	PADI4 过表达促进巨噬细胞向 M1 极化	成　宇	上海市东方医院同济大学附属东方医院
PO-051	Assessment of three anti–dsDNA antibodies detection methods and their correlations with SLE disease activity	郑　冰	上海交通大学医学院附属仁济医院（西院）
PO-052	Identification of tumor–associated antigens by using SEREX in Non–Small–Cell Lung Cancer	曹　珂	郑州市中医院
PO-053	IgG immunocomplexes sensitize human monocytes for inflammatory hyperactivity via transcriptomic and epigenetic reprogramming in rheumatoid arthritis	钟　桥	苏州市立医院本部
PO-054	MicroRNA–146a–5p enhances ginsenoside Rh2–induced anti–proliferation and apoptosis of human liver cancer cell line HepG2	陈卫文	广州市第十二人民医院广州市职业病医院
PO-055	电化学发光法检测胃泌素肽前体（ProGRP）影响因素分析	舒　放	西安市第三医院
PO-056	Long non–coding RNA PCAT–1 over–expression promotes proliferation and metastasis in gastric cancer cells through regulating CDKN1A	于红梅	威海市妇幼保健院
PO-057	量子点荧光免疫法测定全血 hs–cTnI 与电化学发光法测定血浆 hs–cTnT 的比对分析	刘浩浩	无锡市第二人民医院（南京医科大学附属无锡第二医院）
PO-058	脂蛋白相关磷脂酶 A2 在颈动脉斑块性脑梗死中的临床应用	党小军	陕西省人民医院
PO-059	结直肠癌组织中 PCDH10、RASSF1A 基因启动子甲基化状态的研究	李　沫	广东省中医院
PO-060	微流控免疫荧光法血清甲胎蛋白及其异质体测定试剂的临床应用研究	孙桂荣	青岛大学附属医院
PO-061	肝癌血清标志物 NRP1 诊断价值研究	张　骁	上海市第十人民医院
PO-062	外周血中 MAGE–A 基因作为食管癌患者的预后标记物	谷丽娜	河北医科大学第四医院
PO-063	DcR3、suPAR 和 PCT 联合诊断脓毒症的临床价值	赵静静	上海市松江区中心医院
PO-064	使用聚合酶链反应 – 反向斑点印迹试验（PCR–RDB）和 P16 组化方法检测头颈鳞癌 HPV 病毒感染率、基因分型及其预后的研究	栾　艺	中山大学附属佛山医院

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-065	呼吸道病原体多重检测在老年患者呼吸系统感染检测中的应用	宋国威	石家庄市第一医院（原：石家庄市人民医院）
PO-066	Performance evaluation of three soluble transferrin receptor measurement systems	侯立安	中国医学科学院北京协和医院
PO-067	Expression and clinical significance of programmed death ligand 1 in nasopharyngeal carcinoma	车轶群	中国医学科学院肿瘤医院
PO-068	血流感染患者外周血中性粒细胞 CD64 检测临床价值研究	何秋阳	大理州人民医院（云南省大理白族自治州）
PO-069	qPCR 和 ddPCR 检测血浆 EB 病毒 DNA 水平的比较研究	王心仪	四川大学华西医院
PO-070	北京某医院呼吸道病原体流行现状及其相关因素调查	荣　扬	中国人民解放军海军总医院
PO-071	Dissecting the spatial heterogeneity of single circulating tumor cells reveals immune evasion through MAX regulated CCL5 overexpression in hepatocellular carcinoma	孙云帆	复旦大学附属中山医院
PO-072	外周血循环肿瘤细胞检测在胃癌临床实践中的应用	崔越宏	复旦大学附属中山医院
PO-073	消化系统癌症及冠心病人群 CyP2C19 基因多态性分布的研究	程筱雯	安徽医科大学第一附属医院
PO-074	The “Bad” cholesterol can predict abnormal apolipoprotein B levels in a large unselected outpatient cohort	张国明	沭阳县人民医院
PO-075	Possible association of ATP–binding cassette subfamily C member 2 (ABCC2) polymorphism and gender with high–density–lipoprotein–cholesterol response to simvastatin treatment	刘　娜	首都医科大学附属北京世纪坛医院
PO-076	极长链脂肪酸检测在 X– 连锁肾上腺脑白质营养不良诊断中的应用	蔡燕娜	广州市妇女儿童医疗中心
PO-077	石墨相氮化碳电化学性能及其传感应用探究	赵　强	郑州大学第一附属医院
PO-078	基于链置换分子探针的 miRNA 高特异性检测研究	刘炼华	北京大学人民医院
PO-079	E3 泛素连接酶 CUL4B 减缓压力诱导细胞早衰的进一步研究	韦　钊	山东大学齐鲁医院
PO-080	DNA origami nanoprobe for direct visualization of extracellular vesicle microRNA in situ	刘炼华	北京大学人民医院
PO-081	急性脑梗死患者同型半胱氨酸及凝血纤溶指标检测的意义	王　禹	西安市第一医院
PO-082	Role of Dermcidin in the diagnosis and staging of hepatocellular carcinoma	邱　峰	南方医科大学南海医院
PO-083	血清免疫固定电泳和血清游离轻链检测在辅助诊断多发性骨髓瘤中的价值	李小燕	空军军医大学西京医院
PO-084	PAI–1(4G/5G) 和 ABCB1(3435T>C) 基因位点检测在预防激素性股骨头坏死中的应用	张　莹	空军军医大学西京医院
PO-085	miR–200a–3p 通过靶向调节 CBL 蛋白表达参与肾细胞癌发生发展的分子机制研究	王　成	南京军区南京总医院
PO-086	ZFAS1 在胃癌中的表达、功能及意义	王　峰	南通大学附属医院
PO-087	Genome–Wide Analysis of mRNA Expression Profiling Identified lung cancer–related gene in Xuanwei, China	吴春燕	昆明医科大学第一附属医院

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-088	云南省昆明、丽江、文山地区 α– 地中海贫血基因分型的研究	李轶勋	昆明医科大学第一 附属医院
PO-089	IL–11 促进 NSCLC 进展并与患者不良预后相关	任　丽	天津医科大学肿瘤医院
PO-090	Low LPA gene kringle IV–2 repeat copy number association with elevated lipoprotein (a) concentration as an independent risk factor of coronary atherosclerotic heart disease in the Chinese Han population.	孙立山	上海市东方医院
PO-091	溶血对生化项目检测影响的评估及校正公式的建立	夏　鹏	浙江省人民医院
PO-092	一次性唾液 α– 淀粉酶生物传感器的研制	周　觅	山东大学第二医院
PO-093	An LC–MS based untargeted metabolomics study identified novel biomarkers for coronary heart disease	高应东	南京医科大学附属南京医院（南京市第一医院）
PO-094	基于个体内生物学变异评估同一样本系列复测值差异的方法	黄亨建	四川大学华西医院
PO-095	肾脏结石成分与尿液部分理化指标检测的结果分析	杨志鹏	山东大学第二医院
PO-096	Serum Long Noncoding RNAs Act as Potential Novel Diagnosis and Prognosis Biomarkers in Non–small Cell Lung Cancer	谢玉姣	山东大学
PO-097	Hypermethylation of GSTP1 promoter predicts short–term prognosis in acute–on–chronic hepatitis B liver failure	孙成玺	山东大学齐鲁医院
PO-098	全国糖代谢异常患者脂肪性肝病严重程度研究及危险因素分析	孙潇泱	复旦大学附属中山医院
PO-099	Serum Level of Antimicrobial Peptide LL–37 in Patients with hand–foot–mouth disease caused by Enterovirus 71 Infection	杨　浩	黄石市中心医院
PO-100	梗阻性黄疸患者脂蛋白谱异常的原因及临床意义	干　伟	四川大学华西医院
PO-101	Study on the levels of glycosylated lipoprotein in patients with coronary artery atherosclerosis	罗　薇	四川大学华西医院
PO-102	基于邻位杂交滚环扩增的 BCR/ABL 融合基因亚型检测新方法	罗妮妮	重庆医科大学附属第一医院
PO-103	端粒酶逆转录酶基因突变检测在烟威地区甲状腺癌诊断及预后中的研究	张正芳	烟台毓璜顶医院
PO-104	The clinical significance of sCD14–ST for blood biomarker in neonatal hematosepsis	肖　婷	福建医科大学附属龙岩第一医院
PO-105	肺癌患者血清肿瘤标志物与 EGFR 突变相关性研究	侯玉磊	重庆医科大学附属第一医院
PO-106	胃癌中 Circular RNA Hsa_circ_0009109 的表达及其研究	鞠少卿	南通大学附属医院
PO-107	基于新型 DNA–hemin 模拟酶与 DNA 纳米自组装的快速灵敏生物传感检测新方法	李　佳	重庆医科大学
PO-108	无创粪便基因检测对早期大肠癌的诊断意义	刘艳枚	清远市人民医院 / 广州医科大学第六附属医院
PO-109	TSGF、AFP、CEA、Ca199、CA125、Ca50 联合检测在肿瘤放射介入治疗疗效观察中的应用	李杨春	甘肃省康复中心医院
PO-110	液相色谱 – 串联质谱法（LC–MS/MS）和化学发光微粒子免疫法（CMIA）测定人血清总睾酮的结果比较评价	赵蓓蓓	广州金域医学检验中心有限公司

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-111	The expression of CCR4 in pN0 gastric cancer and its invasion function via MMP9 production	杨咏梅	山东大学齐鲁医院
PO-112	Establishment a two–step emulsion PCR and aplicated in detection of P16 gene methylation in serum from patients with colorectal cancer	邵可可	盐城市第一人民医院（南通医学院第四附属医院）
PO-113	PI3K–Akt 信号通路与乳腺癌	杨　涛	山东大学齐鲁医院
PO-114	基于 CLSI EP9–A3 的降钙素原方法学比对及偏移评估	宋颖博	新疆生产建设兵团总医院
PO-115	基于 CRISPR–Cas13a H7N9 快速检测方法的建立	李智洋	南京大学医学院附属鼓楼医院
PO-116	MiRNA–316–5p 靶向干细胞标志 NSN 以抑制食管鳞癌细胞增殖、迁移和干细胞表型	马　纪	上海交通大学医学院附属上海儿童医学中心
PO-117	Accurate Protein Quantification in Coommasssie–stained Stacking Gel for Urine Samples	贾　佳	南京市鼓楼医院
PO-118	基于不连续密度梯度离心法尿小细胞囊泡提取方案优化	陈青根	南昌大学第二附属医院
PO-119	Quantitative proteomic analyses of 4, 234 proteins in Alzheimer serum samples	柏　兵	南京大学医学院附属鼓楼医院
PO-120	食管鳞癌组织中 Let–7a–3 甲基化与血浆类胰岛素样生长因子 2 的相关性研究	朱公建	甘肃省医学科学研究院
PO-121	细胞角蛋白 –18 片段预测胃癌的治疗效果和总体存活率	杨照微	吉林大学第三医院（中日联谊医院）
PO-122	血清 Fractalkine、Vaspin 水平对冠心病病情的判断价值及其与 心肌损伤程度的相关关系	陈　曦	绵阳市中心医院
PO-123	肝脏细胞 Trx 系统对 PPARγ 亚硝基化的调节在脂质沉积中的作用	殷睿映	郑州大学第一附属医院
PO-124	中国健康人群 M 蛋白筛查结果分析	徐　双	北京大学人民医院
PO-125	孕中期血清学四联产前筛查效用分析	杨建林	昆明医科大学第一附属医院
PO-126	基于电感耦合等离子体质谱的尿碘检测方法的建立及应用	李辉军	华中科技大学同济医学院附属同济医院
PO-127	上海市儿童甲状腺激素参考区间的建立	吴群尔	上海市第一妇婴保健院
PO-128	MiR–98 induced invasion and migration in pancreatic cancer via regulating MMP–11	鞠少卿	南通大学附属医院
PO-129	抑制肝癌特异型 GPC–3 转录对肝癌靶向治疗的临床价值	郑文杰	南通大学附属医院
PO-130	FGFR1 基因突变致一家系 Kallmann 综合征的基因 诊断研究	李卫巍	南京军区南京总医院
PO-131	分支 DNA 技术检测血液肿瘤患者血清中游离 DN	尹　红	南通大学附属医院
PO-132	新型核酸检测与分子诊断纳米孔技术	耿　佳	四川大学华西医院
PO-133	新型丙肝病毒核酸定量试剂检测性能验证	何学虎	宁夏医科大学总医院
PO-134	CLSI EP12–A2 在梅毒定性检测性能评价试验中的应用	李　全	江苏省中医院
PO-135	临床检验室内质控室间化管理的应用	闫绍荣	瑞安市人民医院
PO-136	GNR 技术革命与检验	李慧敏	河南省中医院 / 河南中医学院第二附属医院
PO-137	西格玛性能验证图在肿瘤标志物项目质量控制中的应用	张好良	徐州医科大学附属医院

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-138	浅谈第三方检验与临床沟通的问题及解决方案	黄立文	福州迪安医学检验实验室有限公司
PO-139	二代测序技术在临床诊断中的应用进展	李　军	中国人民解放军总医院
PO-140	全自动核酸提取仪评价方案的建立和探讨	徐　婷	江苏省人民医院（南京医科大学第一附属医院）
PO-141	自动审核在微生物检验应用探讨	单星星	南京金域医学检验所有限公司
PO-142	临床肿瘤和遗传分子检测的检验程序确认	何书康	北京医院
PO-143	差值（Delta）检查法在临床检验质量控制中的应用	黄钰竹	北京医院
PO-144	血气检测结果分析前的影响因素研究	杨伏猛	连云港市第二人民医院
PO-145	县级区域临床医学检验中心的建设及质量保证初探	芮　星	金坛市人民医院
PO-146	全实验室自动化——机遇与挑战并存	蒋　理	江苏省人民医院
PO-147	一种评估流式细胞术能力验证样品均匀性和稳定性的统计学方法	朱岭峰	上海市临床检验中心
PO-148	白细胞分类计数项目能力验证结果评价标准的探讨	缪颖波	上海市临床检验中心
PO-149	运用 PDCA 管理方法提高检验前周转时间合格率	孟　静	山东大学第二医院
PO-150	6σ 质量管理方法在临床血液学常规项目检测性能评价和质量控制中的应用	林赛玲	中山大学附属第五医院
PO-151	混乱度因子 PnR 建立与临床应用	郑　军	中国医科大学附属第一医院
PO-152	关于医学实验室分析用水风险管理的探讨	李　晶	中国医科大学附属第一医院鞍山医院
PO-153	自身抗体检测的方法学评价	吴卉卉	泉州市第一医院
PO-154	临床检验自动化流水线的发展现状及展望	隋淑娟	鞍山市中心医院
PO-155	上海地区 GGT 正确度验证计划调查结果分析	虞啸炫	上海市临床检验中心
PO-156	六西格玛理论在临床血液学检验质量持续改进中的应用	栾　虹	中国医科大学附属第一医院
PO-157	血标本静置时间对常规生化检验结果的影响	王柏田	日照市中医院
PO-158	检验科如何做好检验前的质量控制	郑　楠	日照市中医医院
PO-159	精益六西格玛质量管理 – 实验室管理的解决方案	宋鉴清	中国医科大学附属第一医院
PO-160	ISO15189 认可　我们一直在路上	任建平	山西省中医药研究院 山西省中医院
PO-161	用自上而下的方法评定白细胞计数的测量不确定度	陈炜钢	南医大二附院
PO-162	浅谈大数据环境下机器学习对医学实验室发展的促进	刘晓雷	河北医科大学第二医院
PO-163	Docker 容器技术在临床实验室 ISO15189 体系中的 初步应用	裘维维	河北医科大学第二医院
PO-164	检验前过程质量指标的监测应用	刘继来	福建中医药大学附属人民医院
PO-165	互联网 + 检验科的科学城社区医疗模式的开发	叶　炼	四川省科学城医院
PO-166	检验结果应用到临床实战相关问题的思考	张　平	曲靖市第一人民医院
PO-167	临床实验室分析前质量风险评估及控制的应用	孔金灿	杭州迪安医学检验中心
PO-168	质量指标监测在检验科管理实践中的应用	甄宏斌	兰州市第一人民医院
PO-169	三位一体、能力导向的医学检验技术人才培养模式构建与实践	曾　涛	南方医科大学

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-170	医学检验科血常规 TAT3 分析与改进	梁志强	济宁市第一人民医院
PO-171	运用品管圈提高危急值及时接报率的效果评价	江玉凤	济宁市第一人民医院
PO-172	医学检验危急值报告评估	徐新立	山东省济宁市第一人民医院
PO-173	医学检验危急值报告评估分析	孙梦怡	济宁市第一人民医院
PO-174	全国临床实验室儿童常规化学参考区间调查结果分析	杜雨轩	北京医院
PO-175	检验医师规范化培训质量管理科学体系的构建	张永瑞	云南省肿瘤医院
PO-176	实验室生物安全教育的方式、方法在医学生教育中的探索与体会	孙　伟	首都医科大学附属北京友谊医院
PO-177	使用室间质量评价（PT/EQA）数据进行电化学发光检验程序正确度验证的研究	郭绪晓	山东中医药大学附属医院
PO-178	中国四大石棉矿区纤维粉尘结构特征对比研究与分析	曾娅莉	四川绵阳四 0 四医院
PO-179	二代测序（NIPT）实验室的质量控制	张振红	山东大学齐鲁医院
PO-180	采用生物学变异和六西格玛 2 种模式评价 6 种 HbA1c 检测系统分析性能及设计质控方案	王　霞	中山市人民医院 / 广东药学院附属中山医院
PO-181	基于实验室内不同检测方法的分析性能评价标准模型的选择	罗文波	北京协和医学院
PO-182	参考实验室的建立和应用	王建新	南通大学附属医院
PO-183	临床检验重要质量指标（检验前 TAT 周转时间）的研究	王得旭	济宁医学院附属医院
PO-184	医学实验室临床检验设备计量校准新技术与新发展	张　玲	中国计量科学研究院
PO-185	临床实验室质量指标智能统计系统的开发与应用	卢兰芬，温冬梅	中山市人民医院 / 中山大学院附属中山医院
PO-186	检验护理品管圈在降低血液样本异常率中的应用研究	刘伟腾	北京清华长庚医院
PO-187	医学人文建设与临床检验的“温度”	孙改河	郑州大学第一附属医院
PO-188	探寻实现医院多区域多仪器之间生化结果质量保证和一致性的方案	谭同均	四川省宜宾市第一人民医院
PO-189	6σ 质量管理方法在电化学发光肿瘤标志物检测质量控制中的应用	黄潇苇	成都市第三人民医院
PO-190	浅析甘南藏区基层医院检验科现状及应对建议	李亚琴	甘肃省肿瘤医院
PO-191	POCT 设备在应急救援应用中的思考	赵强元	海军总医院
PO-192	实验室自动化系统工作流程优化	齐永志	中国人民解放军海军总医院
PO-193	POCT 信息管理平台的构建及应用	邱　骏	苏州大学附属第一医院
PO-194	利用课题达成型品管圈方法建立建立实验室管理信息化系统	周逸雯	复旦大学附属中山医院
PO-195	泉州地区结核病实验室检测的方法学评价	吴卉卉	泉州市第一医院
PO-196	上海市临床血液体液学实验室诊断项目成本核算	邵文琦	复旦大学附属中山医院
PO-197	0 ~ 1 岁婴幼儿甲状腺功能检测指标参考区间的建立	王爱林	吉林大学第一医院
PO-198	物联网云端服务器的远程质量管理职能在 POCT 检测系统中的应用实例研究	王峥辉	武警总医院

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-199	设计基于风险管理的临床血液学检验常规项目质量控制计划	王　麟	成都郫都区中医医院
PO-200	新疆地区胸痛中心 POCT 法检测肌钙蛋白临床应用现状调查	宋颖博	新疆生产建设兵团总医院
PO-201	用模拟患者数据中位数值连续监测分析过程中的误差	曾玉萍	四川大学 2014 级医学检验技术
PO-202	解脲脲原体 UPA3–0382 基因原核表达载体的构建与表达分析	赫聪慧	河北北方学院
PO-203	Species distribution and antifungal susceptibility patterns of Candida species isolated from refractory and recurrent oral candidiasis: a multicenter study in China	于淑颖	中国医学科学院北京协和医院
PO-204	MALDI–TOF MS 检测耐碳青霉烯类药肺炎克雷伯菌膜孔蛋白	涂海健	莆田学院附属医院
PO-205	基于适配体和 G 四链体的免标记荧光传感器检测大肠埃希菌研究	肖玉玲	四川大学华西医院
PO-206	血液 FCGR1A 基因检测用于诊断微生物感染的研究	陈建魁	中国人民解放军三 0 七医院
PO-207	Genetic environment of the oxazolidinone/phenicol resistance gene optrA in linezolid–non–susceptible enterococci from a multicenter study in China	陈宏斌	北京大学人民医院
PO-208	应用 MALDI–TOF–MS 对鲍氏志贺菌蛋白指纹图谱数据库自建的研究	钱扬会	中国人民解放军海军总医院
PO-209	HBV pregenome RNA virus is associated with persistence of HBV infection and viral rebound	黄向博	郑州大学第一附属医院
PO-210	外膜孔蛋白在产 NDM–1 肺炎克雷伯菌碳青霉烯耐药中的研究	吕少刚	郑州大学第一附属医院
PO-211	泛耐药鲍曼不动杆菌整合子 I 和 ISCR1 结构及基因分型研究	孙静静	郑州大学第一附属医院
PO-212	重症甲型流感病毒肺炎简单生物标志物的新型临床应用	李　雪	首都医科大学附属北京同仁医院
PO-213	Temporal association between carbapenem usage and resistance in Gram–negative bacteria at a tertiary hospital in Nanjing, China	陈雨欣	南京大学医学院附属鼓楼医院
PO-214	IMP–38 基因原核表达质粒构建、蛋白表达及其水解活性研究	赵　娟	中南大学湘雅医院
PO-215	Analysis of methicillin–resistant Staphylococcus aureus Major Clonal Lineages by Matrix–Assisted Laser Desorption Ionization – Time of Flight Mass Spectrometry (MALDI–TOF MS)	张婷婷	宜宾市第一人民医院
PO-216	气道微生态与 COPD 既往加重风险密切相关	刘海月	南方医科大学珠江医院检验医学部
PO-217	基于人群数据的经济发展、代谢综合征、肠道菌群的关联分析	何　彦	南方医科大学珠江医院检验医学部
PO-218	脓毒症患者鼻腔及肠道菌群在临床结局中的预测作用	谭细兰	南方医科大学珠江医院检验医学部
PO-219	河西走廊地区幽门螺杆菌 iceA、babA2 基因分型与疾病相关性探讨	王　猛	天津市第一中心医院
PO-220	肝脓肿相关肺炎克雷伯菌生物膜形成能力及毒力基因相关分析	胡仁静	无锡市第二人民医院（南京医科大学附属无锡第二医院）

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-221	结直肠癌患者癌组织定植菌群结构与组分变化分析	孙祖俊	上海市同济大学附属同济医院
PO-222	利用 RNA 恒温扩增技术检测儿童肺泡灌洗液中肺炎支原体及其临床应用	林书祥	天津市儿童医院
PO-223	Whole–genome sequencing identification of a multidrug–resistant Salmonella enterica serovar Typhimurium strain carrying blaNDM–5 from Guangdong, China	李小燕	南方医院
PO-224	Experience of application of FilmArray and multiplex qPCR for differential diagnostics of community–acquired pneumonia	张　栋	中国医学科学院北京协和医院
PO-225	Prevalence and characteristics of ST131 Clone among unselected clinical Escherichia coli in a Chinese university hospital	李　彬	福建医科大学附属协和医院
PO-226	Performance evaluation of three automated identification systems in detecting carbapenem–resistant Enterobacteriaceae	李　彬	福建医科大学附属协和医院
PO-227	金黄色葡萄球菌Ⅶ型分泌系统新型效应分子 SAPIG0513 蛋白在 ST398 克隆株致病性中的作用	刘俊兰	上海交通大学医学院附属仁济医院 (东院)
PO-228	Isothermal and rapid detection of pathogenic bacteria by rolling circle amplification–enhanced terahertz metamaterials	杨　翔	陆军军医大学西南医院
PO-229	Leukotoxin and Pyrogenic Toxin Superantigen Gene Backgrounds in Bloodstream and Wound Staphylococcus aureus Isolates from Eastern Region of China	何春燕	上海市第一人民医院
PO-230	Identification and signatures of Bordetella holmesii in an immunocompetent patient with bacteremia	浦　江	南通大学附属医院
PO-231	金黄色葡萄球菌金属蛋白酶 Eep 通过调控性激素 cAM373 的合成促进细菌毒力	刘　倩	上海交通大学医学院附属仁济医院 (东院)
PO-232	Transcriptome differences of macrophages after infection with Staphylococcus aureus and Salmonella typhi	张海方	苏州大学附属第二医院
PO-233	NGS 技术直接检测感染性心内膜炎患者心脏瓣膜病原菌的应用价值	程　军	中国医学科学院阜外医院
PO-234	Evolution analysis and full–length cDNA construction of Newcastle disease virus BJ strain	孙成玺	山东大学齐鲁医院
PO-235	全基因组测序分析美国输入性的 ST1/027 型艰难梭菌发生院内传播并引起患者严重反复腹泻	秦娟秀	上海交通大学医学院附属仁济医院 (东院)
PO-236	铜绿假单胞菌表面脂多糖适配体的筛选及其抑制巨噬细胞极化的研究	孙　颖	天津医科大学总医院
PO-237	产 NDM–5 和 NDM–6 酶 CRE 菌株在新生儿病房中的分子流行病学研究	李　伟	山东大学齐鲁医院
PO-238	体液标志物联合模型在侵袭性肺曲霉病中的诊断价值评估	李　伟	山东大学齐鲁医院
PO-239	HIV–1 CRF01_AE 毒株 S68G 对 K65R 突变株耐药性及复制适应性影响的研究	李胜佳	中国医科大学附属第一医院
PO-240	铜绿假单胞菌 PAO1 乳酸代谢机制对生物膜形成影响的研究	王玉娇	山东省千佛山医院
PO-241	异型淋巴细胞对 EBV 和呼吸道病毒感染的诊断价值研究	欧阳芬	广东省中医院
PO-242	核酸检测与 ELISA 检测对 HIV 检测结果分析	裴宝芹	鞍山市中心医院

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-243	EV71 感染手足口病患儿 IL–21 水平变化及其作用机制研究	冉　飞	贵州省人民医院
PO-244	生物被膜多糖 PA140 抗生物被膜活性研究	税　剑	中南大学湘雅医院
PO-245	中国医科大学附属第一医院肠杆菌科细菌 mcr–1 基因筛查及其流行情况的研究	王齐晖	中国医科大学附属第一医院
PO-246	小双节 RNA 病毒阳性腹泻儿童粪便标本的病毒宏基因组学分析	杨凤真	烟台毓璜顶医院
PO-247	探讨喹诺酮素类抗生素的使用强度与细菌耐药性的关联性	胡晓菡	南京鼓楼医院
PO-248	金黄色葡萄球菌 essC 基因敲除菌株的构建及其对细菌致病性的影响	张　霞	昆明市解放军昆明总医院
PO-249	全球流行 ST195 型鲍曼不动杆菌优势克隆基因组流行病学特征研究	贾慧琼	浙江大学医学院附属邵逸夫医院
PO-250	荧光染色在鼻窦真菌快速诊断中的应用评价	王丽赟	首都医科大学附属北京同仁医院
PO-251	基于数据挖掘技术的呼吸道感染性疾病智能初筛	苑　林	广东省中医院
PO-252	Rapid Diagnosis of Azole–Resistant Aspergillosis by multiplex ligation dependent robe amplification (MLPA)	邓淑文	苏州高新区人民医院
PO-253	耐碳青霉烯大肠埃希菌同源性检测	杜帅先	华中科技大学同济医学院附属协和医院
PO-254	COPAN SLB 液化处理痰液标本的效果评估	白　露	空军军医大学西京医院
PO-255	九项呼吸道病原体抗体 IgM 联合检测在呼吸道感染疾病中的临床应用	赵　雅	西安市第一医院
PO-256	金黄色葡萄球菌生物膜产生及相关毒力因子研究	魏莲花	甘肃省人民医院
PO-257	基质辅助激光解析电离飞行时间质谱快速鉴别 MRSA ST5–Ⅱ–t311 和 ST59–Ⅳ/Ⅴ–t437 基因型的研究	孔海深	浙江大学医学院附属第一医院
PO-258	布鲁菌病患者血清中 piRNAs 的表达谱筛选及临床价值研究	张翠平	南京军区南京总医院
PO-259	微流控芯片液滴数字化抗生素敏感性测试	徐邦牢	广州市第一人民医院
PO-260	呼吸道病毒特异性 IGM 检测的临床分析	税　鑫	乐山市人民医院
PO-261	NF–κB/AP–1 与 mTOR 信号通路在抗 β2GPI　自身抗体引发血栓形成中的作用及机制研究	夏龙飞	河北医科大学第四医院
PO-262	ARID5B 基因在急性白血病患者中的表达及其临床意义的探索	买景群	四川大学华西医院
PO-263	A study of the morphological characteristics of bone marrow cells for the differential diagnosis of refractory anemia (MDS–RA) and megaloblastic anemia (MA) clinical study	吴　洋	甘肃省人民医院
PO-264	一种通过降低 A 型糖基转移酶活性导致 Aw 亚型的 M142V 突变研究	雷　航	上海交通大学医学院附属瑞金医院
PO-265	ABO 基因内杂交导致 A 亚型的分子机制研究	蔡晓红	上海交通大学医学院附属瑞金医院
PO-266	Aberrantly expressed transcription factors C/EBP and SOX4 have positive effects in the development of chronic myeloid leukemia	董　菲	烟台毓璜顶医院
PO-267	Clinical Research on the Coagulation Index Change to the Tumor Metastasis Risk through Blood Circulation	郭　美	陆军军医大学第一附属医院

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-268	儿童白血病中 34 种 ph 样 ALL 基因表达筛选的临床研究	夏　敏	上海市儿童医院
PO-269	Overexpression of S100A14 contributes to the malignant progression and predicts poor prognosis of lung adenocarcinoma	车轶群	中国医学科学院肿瘤医院
PO-270	急性早期前体 T 淋巴细胞白血病分型预后意义的初步探讨	廖红艳	四川大学华西医院
PO-271	HPLC 在昆明地区地中海贫血产前筛查中的临床价值	杨继青	昆明医科大学第一附属医院
PO-272	循环长非编码 RNA SNHG1 检测方法的建立及其在结肠癌诊断中的应用	汪桂华	南通大学附属医院
PO-273	抗凝血酶缺陷家系与易栓症的遗传易感性研究	张福勇	广西医科大学第一附属医院
PO-274	Circulating Platelets mRNA ITGA2B and SELP as potential diagnostic biomarkers for early stage non–small–cell lung cancer	邢　珊	中山大学附属肿瘤医院
PO-275	Shortened telomeres in Chinese essential thrombocythaemia and the impact of major mutations	裴雨晴	中国医学科学院肿瘤医院
PO-276	Rictor/mTORC2 在急性 T 淋巴细胞白血病中作用的研究	华春兰	郑州大学第一附属医院
PO-277	新型肝癌标志物 CD166、MACM 信号通路研究	陈宇心	上海市第十人民医院（暨同济大学附属第十人民医院）
PO-278	基于限量 dNTP 竞争性 PCR 和 HRM 分析的 7q11.23 微缺失检测方法的建立	张立辰	上海儿童医学中心
PO-279	风湿性关节炎患者与低密度粒细胞表达的关系研究	郭冬梅	济宁医学院附属医院
PO-280	FISH 组合探针联合骨髓染色体检测在 MDS 诊断中的临床应用	魏　琦	合肥金域医学检验所有限公司
PO-281	脑脊液 MRD 联合铁蛋白检测在中枢神经系统白血病诊断中的价值	李　凤	遂宁市中心医院
PO-282	深静脉血栓与外周血血小板中性粒细胞聚集体表达率的相关性研究	周景艺	上海交通大学医学院附属仁济医院（东院）
PO-283	循环长链非编码 RNA STAiR18 在多发性骨髓瘤患者预后判断中的临床研究	钟　凌	四川省医学科学院 . 四川省人民医院
PO-284	Neutrophil–lymphocyte ratio and Fibrinogen as prognostic markers for chemotherapy in advanced lung cancer	曾婷婷	四川大学华西医院
PO-285	血小板参数结果异常作为血常规人工涂片复检警报的临床意义	刘善凤	华中科技大学同济医学院附属协和医院
PO-286	限量 dNTP 竞争性 PCR 结合 HRM 技术在基因组拷贝数变异疾病检测中的应用	张晓青	上海儿童医学中心
PO-287	Long noncoding RNA XLOC–013703 as a novol diagnostic biomarker of multiple myeloma	浦　江	南通大学附属医院
PO-288	骨髓涂片结合活检对血液病诊断的价值分析	袁清亮	临沭县人民医院
PO-289	基于 DNA 工程和多引物样滚环扩增的 BCR/ABL 融合基因快速检测新方法	吴海平	重庆医科大学
PO-290	荧光原位杂交技术研究骨髓增生异常综合征 17 号染色体异常异常及其意义	杨瑞芳	天津医科大学肿瘤医院
PO-291	Heterozygous protein C deficiency (a Novel mutation: Ala-291Thr) with Systemic Lupus Erythematosus leads to the Deep Vein Thrombosis	苏看看	温州医科大学附属第一医院

论文编号	题　　目	第一作者	第一作者单位
PO-292	实时定量 PCR 动态监测急性视网膜坏死房水病毒载量的临床研究	王朱健	复旦大学附属眼耳鼻喉科医院
PO-293	氨基酸代谢组学分析技术在尿石症早期诊断中的应用探索	高　瑶	福建医科大学医学技术与工程学院
PO-294	The relationship between mir–155 and aspirin resistance in patients with coronary heart disease	徐成伟	山东大学第二医院
PO-295	649 例不育男性 Y 染色体微缺失及性激素水平分析	王　哲	烟台毓璜顶医院
PO-296	Improvement of sensitive and specific detection of circulating tumor cells using negative enrichment and immunostaining–FISH	李　阳	聊城市人民医院
PO-297	阴性富集 +FISH 技术检测循环肿瘤细胞（CTCs）及其在肺癌诊断中的应用	付　娆	聊城市人民医院
PO-298	微卫星不稳定性在结肠癌中的临床应用研究	刘军莉	山东大学第二医院
PO-299	血浆中 SHOX2 和 PTGER4 基因甲基化联合检测对肺癌的诊断价值	赵敬杰	山东大学第二医院
PO-300	Runx2 基因多态性与骨质疏松的相关性研究	张云芳	昆明市延安医院
PO-301	二代测序技术对 MDS 常见突变基因的临床应用研究	李可馨	中国医科大学
PO-302	二代测序在骨髓增殖性肿瘤（MPN）诊治中的应用	黄　秀	复旦大学附属华山医院
PO-303	The susceptibility of PON1 and PON2 genetic variations to ischemic stroke	梅燕萍	南京医科大学附属南京医院（南京市第一医院）
PO-304	外周血白细胞分类计数流式参考方法的建立	周　维	上海市临床检验中心
PO-305	瘦素对人妊娠早期绒毛外滋养细胞侵袭活性的影响及调节机制	王华阳	山东大学齐鲁医院
PO-306	An ultrasensitive fluorescence sensing strategy for detection and in situ imaging of chronic myeloid leukemia–related BCR–ABL1 mRNA	周晓燕	重庆医科大学
PO-307	凝血因子的酶学动力学活性检测方法学建立与临床应用评价	邹丽辉	北京医院
PO-308	载脂蛋白 A1 在精子中定位及其抗体对人精子功能的影响	池秀平	中国人民解放军总医院
PO-309	Chinese and Europeans with Acute Myeloid Leukemia Have Discordant Mutation Topographies	张　敏	无锡市第二人民医院（南京医科大学附属无锡第二医院）
PO-310	流式细胞术在成熟 B 细胞淋巴瘤诊断中的作用	林慧君	浙江省人民医院
PO-311	血细胞分析仪造血前体细胞计数与流式细胞术 CD34+ 干细胞计数检测结果间的比较	王蓓丽	复旦大学附属中山医院
PO-312	血栓弹力图与常规凝血实验和血小板参数的相关性分析	马跃飞	福建医科大学附属第一医院
PO-313	吞噬样细胞在泌尿系感染性疾病诊断中的意义	卢　佩	空军军医大学西京医院
PO-314	恶性髓系血液病患者伴有体质性染色体异常报告及文献复习	张之芬	山东省立医院
PO-315	AML–ETO 衍生融合环状 RNA–F–circAE 的确认及验证	叶远馨	四川大学华西医院
PO-316	4340 份精液检查结果回顾性分析	薛丹丹	中国人民解放军总医院
PO-317	组织胞浆菌病骨髓细胞形态学观察及临床价值分析	佘仕金	乐山市人民医院
PO-318	青海玉树地区 160 例肝包虫患者的实验室检查结果分析与研究	李满桂	青海红十字医院