·论著·

原发性骨髓纤维化和骨髓增生异常综合征伴骨髓纤维化患者纤维驱动细胞的研究

蔡亚楠 张培红 方立环 刘晋琴 李冰 徐泽锋 秦铁军 肖志坚 中国医学科学院血液病医院(中国医学科学院血液学研究所),实验血液学国家重点实验室,国家血液系统疾病临床医学研究中心,天津 300020 通信作者:肖志坚,Email;zixiao@ihcams.ac.cn

【摘要】目的 比较原发性骨髓纤维化(PMF)和骨髓增生异常综合征伴骨髓纤维化(MDS-MF)患者纤维驱动细胞的差异。方法 随机选取 MF-0/1、MF-2 和 MF-3 级的初诊 PMF 和 MDS 患者各 10 例,骨髓活检组织切片利用特异性免疫荧光抗体标记 Gli1、LeptinR、平滑肌肌动蛋白(α -SMA)、CD45 和 Procollagen I,共聚焦显微镜成像后利用 Fiji-ImageJ 软件计数 Gli1*、LeptinR*细胞及 α -SMA*、 α -SMA*/Gli1*、 α -SMA*/LeptinR*和 Procollagen I*/CD45*等纤维驱动细胞。结果 MF-2/3 级 PMF 和 MDS 患者 LeptinR*、 α -SMA*、 α -SMA*/Gli1*和 Procollagen I*/CD45*等细胞计数均显著高于 MF-0/1 级患者(P<0.05)。但 MF-2/3 级 PMF患者 Gli1*、 α -SMA*/LeptinR*细胞计数显著高于 MF-0/1 级 PMF患者(P 值分别为 0.001、0.006),而 MDS 患者中两组患者两群细胞计数是异无统计学意义(P 值分别为 0.169、0.067)。 MF-0/1 级患者中,PMF 与 MDS 患者所有纤维驱动细胞计数相比差异均无统计学意义(P>0.05)。但 MF-2/3 级患者中,PMF患者 Procollagen I*/CD45*计数显著高于 MDS 患者(P=0.007),其他纤维驱动细胞计数相比较差异均无统计学意义(P>0.05)。 MF 分级及纤维驱动细胞计数与 PMF和MDS 患者总生存时间无相关性。结论 PMF患者 α -SMA*细胞来源于 Gli1*和 LeptinR*细胞,而 MDS-MF患者 α -SMA*细胞仅来源于 Gli1*细胞; PMF患者 Procollagen I*/CD45*细胞计数显著高于 MDS-MF患者。

【关键词】 原发性骨髓纤维化; 骨髓增生异常综合征伴骨髓纤维化; 纤维驱动细胞

基金项目: 国家自然科学基金(81530008、81770129); 天津市自然科学基金(18JCZDJC34900、19JCQNJC09400); 北京协和医学院"中央高校基本科研业务费"项目(3332019093); 中国医学科学院医学与健康科技创新工程项目(2016-I2M-1-001)

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-2727.2020.12.006

Fibrosis-driving cells in patients with primary myelofibrosis and myelodysplastic syndromes with myelofibrosis

Cai Yanan, Zhang Peihong, Fang Lihuan, Liu Jinqin, Li Bing, Xu Zefeng, Qin Tiejun, Xiao Zhijian State Key Laboratory of Experimental Hematology, National Clinical Research Center for Blood Diseases, Institute of Hematology & Blood Diseases Hospital, Chinese Academy of Medical Sciences & Peking Union Medical College, Tianjin 300020, China

Corresponding author: Xiao Zhijian, Email: zjxiao@ihcams.ac.cn

[Abstract] Objective To compare fibrosis-driving cells in patients with primary myelofibrosis (PMF) and patients with myelodysplastic syndromes (MDS) with myelofibrosis (MF) (MDS-MF). Methods Bone marrow biopsy sections of patients with newly diagnosed PMF and MDS (10 each randomly selected for MF- 0/1, MF- 2, and MF- 3) were stained with specific immunofluorescence antibodies to label Gli1, LeptinR, alpha smooth muscle actin (α-SMA), CD45, and Procollagen I . Images captured by confocal microscopy were analyzed by Fiji- ImageJ to calculate the cell counts of Gli1 $^+$, LeptinR $^+$ cells, and fibrosis-driving cells including α-SMA $^+$, α-SMA $^+$ /Gli1 $^+$, α-SMA $^+$ /LeptinR $^+$, and Procollagen I $^+$ /CD45 $^+$ cells. Results Patients with PMF and MDS with MF-2/3 had higher LeptinR $^+$, α-SMA $^+$, α-SMA $^+$ /Gli11 $^+$, and Procollagen I $^+$ /CD45 $^+$ cell counts compared with those with MF-0/1 (all $^-$ P values < 0.05). However, patients with PMF with MF-2/3 presented with higher Gli1 $^+$ and α-SMA $^+$ /LeptinR $^+$ cell counts than those with MF-0/1 ($^-$ P = 0.001 and 0.006), whereas these cells were similar

between patients with MDS with MF-0/1 and MF-2/3 (P = 0.169 and 0.067). In patients with MF-0/1, all fibrosis-driving cells did not differ between PMF and MDS (all P > 0.05). However, in patients with MF-2/3, Procollagen I $^+$ /CD45 $^+$ cell counts were higher in patients with PMF compared with those with MDS (P = 0.007), while other fibrosis-driving cell counts were similar between these two groups (all P > 0.05). MF grade and fibrosis-driving cell counts were not correlated with overall survival in patients with either PMF or MDS. Conclusion α -SMA $^+$ cells in patients with PMF originated from both Gli1 $^+$ and LeptinR $^+$ cells, whereas α -SMA $^+$ cells in patients with MDS-MF only originated from Gli1 $^+$ cells; patients with PMF had higher Procollagen I $^+$ /CD45 $^+$ cell counts than those with MDS-MF.

[Key words] Primary myelofibrosis; Myelodysplastic syndromes with myelofibrosis; Fibrosis-driving cells

Fund program: National Natural Science Foundation of China (81530008, 81770129); Tianjin Natural Science Funds (18JCZDJC34900, 19JCQNJC09400); PUMC Youth Fund and Fundamental Research Funds for the Central Universities (3332019093); Chinese Academy of Medical Sciences Initiative Fund for Medical Sciences (2016-I2M-1-001)

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0253-2727.2020.12.006

骨髓纤维化(MF)常见于骨髓增殖性肿瘤(MPN)中的原发性骨髓纤维化(PMF),或继发于真性红细胞增多症(post-PV MF)和原发性血小板增多症(post-ET MF)。此外,约16%的原发性骨髓增生异常综合征(MDS)患者伴有 MF 改变(MDS-MF)^[1]。早期研究证实PMF患者骨髓中纤维增多主要是克隆性异常增生的巨核细胞α颗粒分泌释放转化生长因子β(TGF-β)、血小板衍生生长因子(PDGF)等刺激多克隆纤维母细胞反应性高度增生的结果^[2-4]。近期研究发现,骨髓纤维驱动细胞主要来源于间充质干细胞(MSC)和单核细胞^[5-7]。我们对PMF和MDS-MF患者的骨髓纤维驱动细胞进行初步研究,报道如下。

病例与方法

- 1. 研究对象:随机选取 2016年4月至 2019年5月在我院 MDS 诊疗中心确诊的 30 例初诊 PMF患者(MF-0/1、MF-2、MF-3 级各 10 例)和 30 例初诊 MDS 患者(MF-0/1、MF-2、MF-3 级各 10 例)纳入研究(表 1)。所有患者均保存有取材于髂后上棘的骨髓活检标本且取材满意(长度≥15 mm,直径≥2 mm)。骨髓活检组织切片按 WHO(2016)诊断标准^[8]进行重新评估。骨髓纤维化按欧洲骨髓纤维化分级标准^[9],分为 MF 0、1、2、3 级。
- 2. 骨髓活检组织切片的免疫荧光染色:调取病理组织库中初诊患者石蜡包埋的骨髓活检组织。每例连续切取 8 张骨髓活检组织切片,切片厚度约 4 μm。4 张切片用于标记 Gli1、LeptinR 和平滑肌肌动蛋白(α-SMA),另 4 张切片用于标记 CD45 和 Procollagen I。3 张切片一抗孵育后加入二抗染色

表1 PMF和MDS患者临床和实验室特征

临床指标	PMF(30例)	MDS(30例)
年龄[岁,M(范围)]	51.5(14~71)	56.5(22~75)
男性[例(%)]	13(43.3)	20(66.7)
骨髓原始细胞[%,M(范围)]	$0.5(0 \sim 5.0)$	5.2(0 ~ 17.5)
HGB[g/L,M(范围)]	107(60 ~ 165)	78(36~133)
WBC[×10 ⁹ /L, <i>M</i> (范围)]	5.99(1.73 ~ 47.60)	2.52(1.10 ~ 6.64)
ANC[×10 ⁹ /L, M(范围)]	4.23(0.98 ~ 17.32)	$0.95(0.17 \sim 2.92)$
PLT[×10 ⁹ /L, M(范围)]	227.5(10~1698)	60.5(10~397)
查体可触及脾肿大[例(%)]	14(46.7)	4(13.3)

注:PMF:原发性骨髓纤维化;MDS:骨髓增生异常综合征; ANC:中性粒细胞绝对计数

标记作为实验组,第4张切片仅加入二抗染色标记作为对照组以调整背景荧光。染色按试剂说明书进行。染色步骤简述如下:①石蜡切片脱蜡、水化后以0.01 mmol/L 柠檬酸修复液(pH 6.0)微波加热至沸腾进行抗原修复;②PBS洗涤、破膜、10%血清封闭后加入特异性一抗孵育,4℃过夜,PBST洗涤后加入荧光标记的二抗室温孵育1h,PBST洗涤2h、DAPI室温复染30 min后加入组织自发荧光淬灭剂室温孵育45 min;③ddH₂O洗涤后封片剂封固。

3. 纤维驱动细胞计数:选取以下纤维驱动细胞:①肌纤维母细胞(α -SMA+)及起源于Gli1+MSC^[5]或 LeptinR+ MSC^[6]的 α -SMA+细胞亚群(α -SMA+/Gli1+或 α -SMA+/LeptinR+);②成纤维细胞(Procollagen I+/CD45+)^[7]。Perkin Elemer 共聚焦显微镜 200倍视野下随机选取多个视野并拍照。从采集视野中随机选取30个视野,Volocity软件导出图片。利用Fiji-ImageJ软件将导出图片作高斯模糊处理,图片二值化后行 Gli1+、LeptinR+、 α -SMA+、 α -SMA+

Gli1⁺、α-SMA⁺/LeptinR⁺细胞及 Procollagen I ⁺/CD45⁺ 成纤维细胞计数。

- 4. 随访: 随访资料来源于病历记录及电话联系资料。所有病例随访至2019年11月30日, 总生存(OS)期按确诊至死亡的时间或随访截止日期计算。
- 5. 统计学处理:符合正态分布的计量资料以 $\bar{x}\pm s$ 表示,不符合正态分布的计量资料以中位数表示。两组间计量资料的比较根据数据正态性采用t检验或Mann-Whitney U检验。连续性变量生存分析界值由 R 包 survminer 确定。生存分析采用Kaplan-Meier 法分析,以Log-rank 检验进行比较。应用 SPSS22.0 软件进行数据分析,双侧检验 P <

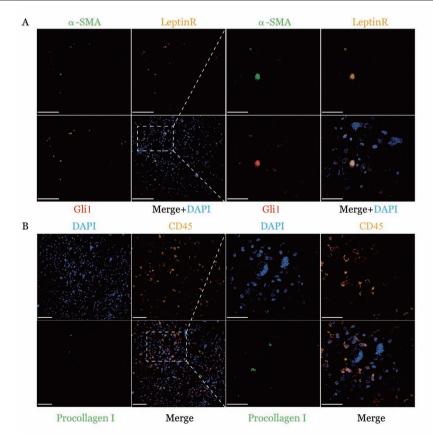
0.05 为差异有统计学意义。

结 果

1. PMF患者纤维驱动细胞计数与纤维化程度的关系: MF-0/1和MF-2/3级 PMF患者纤维驱动细胞计数比较见表 2。在 PMF患者中,MF-2/3级患者 Gli1 $^+$ 、LeptinR $^+$ 细胞及α-SMA $^+$ 、α-SMA $^+$ /Gli1 $^+$ 、α-SMA $^+$ /LeptinR $^+$ 和 Procollagen I $^+$ /CD45 $^+$ 细胞(图 1)等纤维驱动细胞计数显著高于 MF-0/1级患者。在部分α-SMA $^+$ 细胞中可观察到 Gli1和 LeptinR 共表达(图 1A)。进一步分析表明,MF-2/3级 PMF患者α-SMA $^+$ /Gli1 $^+$ 或 LeptinR $^+$ 细胞计数显著低于α-SMA $^+$

表2 MF-0/1 和MF-2/3 级原发性骨髓纤维化患者纤维驱动细胞计数比较(个/30 视野)

纤维驱动细胞	MF-0/1(10例)	MF-2/3(20例)	P值
Gli1 ⁺ 细胞[M(范围)]	$67.5(0 \sim 233)$	270(39 ~ 829)	0.001
LeptinR ⁺ 细胞[<i>M</i> (范围)]	$12.5(0 \sim 52)$	54(7 ~ 157)	< 0.001
α -SMA $^{+}$ 细胞 $(\bar{x}\pm s)$	34.9 ± 26.05	105.2±65.33	0.003
α-SMA ⁺ /Gli1 ⁺ 细胞[<i>M</i> (范围)]	1(0~20)	17(1 ~ 65)	0.002
α-SMA ⁺ /LeptinR ⁺ 细胞[<i>M</i> (范围)]	2(0~12)	$14.5(0 \sim 54)$	0.006
α-SMA ⁺ /Gli1 ⁺ 或 LeptinR ⁺ 细胞[<i>M</i> (范围)]	2(0~20)	21(1~71)	0.002
Procollagen I ⁺ /CD45 ⁺ 细胞(x±s)	11.30±9.66	29.95±19.22	0.001



A:Gli1、LeptinR 和α-SMA 染色 $(\times 200)$ 和共定位 $(\times 600)$; B:CD45 和 Procollagen I 染色 $(\times 200)$ 和共定位 $(\times 600)$ 图 1 骨髓病理切片特异性抗体免疫荧光染色后显微共聚焦成像

细胞计数[21(1~71)个/30视野对102(14~248)个/ 30视野,P<0.001]。

2. MDS 患者纤维驱动细胞计数与纤维化程度 的关系: MF-0/1和MF-2/3级MDS患者纤维驱动细 胞计数比较见表3。MF-2/3级MDS患者LeptinR+细 胞及α-SMA+、α-SMA+/Gli1+和 Procollagen I+/CD45+ 细胞等纤维驱动计数均显著高于MF-0/1级MDS患 者,但两组患者Gli1⁺和α-SMA⁺/LeptinR⁺细胞计数无 显著差异。在部分α-SMA+细胞中可观察到 Gli1 和 LeptinR 共表达。MF-2/3 级 MDS 患者α-SMA+/Gli1+ 或 LeptinR⁺细胞计数显著低于α-SMA⁺细胞计数 $[22(0~48)~^{2}]$ 个/30 视野对 87(8~296) 2 个/30 视野, P < 0.001

3. PMF和MDS患者纤维驱动细胞计数比较: PMF患者Procollagen I ⁺/CD45⁺成纤维细胞计数显 著高于 MDS 患者「(23.73±18.73) 个/30 视野对 (13.10 ± 8.59) 个/30视野,P=0.007],其余纤维驱动 细胞计数差异无统计学意义(P > 0.05)。MF-0/1级 患者中,PMF患者骨髓各纤维驱动细胞计数与MDS 患者相比较差异均无统计学意义(P>0.05)。但 MF-2/3级PMF患者Procollagen I +/CD45+成纤维细 胞计数显著高于MF-2/3级MDS患者(P=0.007), 其他纤维驱动细胞计数相比较差异均无统计学意 义(P值均>0.05)。

4. MF分级和纤维驱动细胞计数与生存分析: 采用 survminer 程序包计算最大统计量,根据骨髓 α-SMA+细胞计数将 PMF 患者分为α-SMA+细胞 ≤117 个/30 视野组(25 例)及α-SMA+细胞 > 117 个/ 30视野组(5例),根据骨髓 Procollagen I ⁺/CD45⁺成 纤维细胞计数将PMF患者分为成纤维细胞≤42个/ 30视野组(24例)及成纤维细胞>42个/30视野组 (6例)。截至末次随访时间,30例PMF患者均存 活。α-SMA⁺细胞、成纤维细胞计数及MF分级均与 OS时间无关。

采用 survminer 程序包计算最大统计量,根据骨 髓α-SMA+细胞计数将 MDS 患者分为α-SMA+细胞 ≤85 个/30 视野组(18 例)及α-SMA+细胞 > 85 个/ 30视野组(12例),根据骨髓Procollagen I +/CD45+成 纤维细胞计数将MDS患者分为成纤维细胞≤14个/ 30视野组(18例)及成纤维细胞>14个/30视野组 (12例)。截至末次随访时间,30例MDS患者中死 亡3例(均为MF-2/3级患者)。α-SMA⁺细胞及成纤 维细胞计数均与OS时间无关(P值分别为0.453、 0.777)。比较 MF-0/1 级与 MF-2/3 级 MDS 患者中位 OS时间,差异无统计学意义(均未达到,P=0.259)。

讨 论

在过去的几十年里关于骨髓纤维来源细胞一 直存在争议[10]。近年在肺纤维化等脏器纤维化机 制研究中发现在器官定植的血管旁MSC样细胞衍 生成肌纤维母细胞(myofibroblast)参与了纤维化的 进程[10]。在正常骨髓中,Gli1+MSC主要定位于骨 髓骨内膜龛、窦周血管龛和动脉周围血管龛[5]。 LeptinR+ MSC 主要定位于窦周血管龛和动脉周围 血管龛[11-12]。以往研究发现PMF小鼠骨髓中Gli1+ MSC和LeptinR+MSC从骨髓龛中迁移至骨髓基质, 增殖并分化为表达α-SMA的肌纤维母细胞,进而促 进MF的发生、发展[5-6]。

Schneider等[5]在60例MPN患者骨髓活检切片 中证实骨髓Gli1⁺MSC细胞数与MF分级呈正相关, Gli1⁺MSC细胞数与是否有JAK2和CALR基因突变 无关。本研究中, MF-2/3级 PMF 患者 Gli1⁺细胞较 MF-0/1 级患者显著扩增,与上述结果一致。但本研 究进一步表明,除了Gli1⁺细胞,MF-2/3级PMF患者 LeptinR⁺和α-SMA⁺细胞也较MF-0/1级患者显著增 多,首次在患者中验证了PMF小鼠模型中的结果[5-6]。 同时, MF-2/3级 PMF 患者骨髓中α-SMA+/Gli1+和 α-SMA⁺/LeptinR⁺细胞亚群随MF程度增高而增多,

143	MIT-0/1 和 MIT-2/3 级	开市场百仙忠有针组犯例细胞/	数比权(/30 批判)
]	MF-0/1(10例)	MF-2/3(20例)

0/1 和ME 2/2 强县縣 摘出导验公众工事老纸维亚动细胞计粉以捻(人/20河豚)

驱动细胞	MF-0/1(10例)	MF-2/3(20例)	P值
Gli1 ⁺ 细胞[<i>M</i> (范围)]	183(39 ~ 730)	301(59~935)	0.169
LeptinR ⁺ 细胞[<i>M</i> (范围)]	26(0~95)	54(20 ~ 157)	0.006
α-SMA ⁺ 细胞 $(\bar{x}\pm s)$	21.60±15.91	108.60 ± 72.48	< 0.001
α-SMA+/Gli1+细胞[M(范围)]	3(0~23)	15(0~47)	0.005
α-SMA ⁺ /LeptinR ⁺ 细胞[<i>M</i> (范围)]	2(0~20)	9(0~30)	0.067
α-SMA ⁺ /Gli1 ⁺ 或 LeptinR ⁺ 细胞[<i>M</i> (范围)]	4(0~24)	22(0~48)	0.005
Procollagen I $^{+}$ /CD45 $^{+}$ 细胞($\bar{x}\pm s$)	6.90±5.13	16.20±8.35	0.003

提示 PMF患者α-SMA+细胞来源于 Gli1+和 LeptinR+MSC,这也与 PMF 小鼠模型研究 [5-6] 结果一致。此外,部分 Gli1+细胞同时表达 LeptinR,可能是因为 Gli1+细胞分化发育过程中表达 LeptinR $^{[13]}$ 。

除了 α -SMA 细胞,Verstovsek 等[7]利用免疫荧光染色技术发现 PMF患者骨髓中由单核细胞分化而来的 Procollagen I +/CD45+成纤维细胞较正常人显著增多。本研究从临床角度进一步分析 PMF患者骨髓成纤维细胞计数与 MF 程度的关系,发现MF-2/3级 PMF患者骨髓中 Procollagen I +/CD45+成纤维细胞较 MF-0/1级患者显著扩增,提示成纤维细胞促进了 PMF患者 MF 进展。上述结果说明 α -SMA 细胞及其亚群和成纤维细胞等纤维驱动细胞与 PMF患者 MF 程度密切相关。

既往研究显示,MDS-MF发病机制与巨核细胞发育异常、TP53基因突变有关 $^{[14-15]}$,但纤维驱动细胞与 MDS-MF关系如何尚无报道。本研究表明MF-2/3级 MDS 患者 LeptinR+细胞较 MF-0/1级 MDS 患者显著扩增,但两组患者 Gli1+细胞计数相比较无显著差异,这与 PMF患者不同。纤维驱动细胞的分析结果则表明 α -SMA+、 α -SMA+/Gli1+和 Procollagen I+/CD45+等细胞促进了 MDS 患者 MF 进展,但 α -SMA+/LeptinR+细胞与 MDS 患者 MF 程度无关。以上结果提示 MDS 患者 α -SMA+细胞仅来源于 Gli1+细胞,其促进 MF进展的纤维驱动细胞与 PMF患者不全相同。

本研究还发现MF-2/3级PMF和MDS患者骨髓 α -SMA⁺/Gli1⁺或 LeptinR⁺细胞计数显著低于 α -SMA⁺细胞数,与文献[5-6]报道的结果一致,提示除了Gli1⁺或 LeptinR⁺细胞, α -SMA⁺细胞还可能起源于其他细胞。有研究表明,在心脏纤维化、肺纤维化、肝纤维化及肾纤维化等疾病中促进纤维化进展的 α -SMA⁺细胞有多种细胞来源,其中包括内皮细胞、纤维母细胞以及成纤维细胞^[16],PMF和MDS-MF患者 α -SMA⁺细胞起源尚有待进一步研究。

本研究结果表明,MF-2/3级PMF患者骨髓成纤维细胞计数显著高于MF-2/3级MDS患者,但MF-0/1级PMF和MDS患者成纤维细胞计数无明显差异,进一步提示PMF和MDS患者MF发病机制不同。以往研究表明MF分级影响PMF和MDS患者生存预后[17-18],但本研究中MF分级、纤维驱动细胞计数均与OS时间无关,可能是病例数较少的缘故,需要扩大病例数后作进一步分析。

综上,本研究结果初步表明在细胞水平上PMF

和MDS-MF发病机制存在差异。骨髓中α-SMA+细胞和成纤维细胞均促进PMF和MDS患者MF进展,但 PMF患者骨髓α-SMA+细胞来源于 Gli1+和 LeptinR+细胞,而 MDS-MF患者骨髓α-SMA+细胞仅来源于 Gli1+细胞,且 PMF患者成纤维细胞计数显著高于 MDS-MF患者。这为 PMF和MDS-MF发病机制的研究提供了新的线索。由于研究对象较少,上述结论需要更大规模的队列研究加以验证。

参考文献

- [1] Buesche G, Teoman H, Wilczak W, et al. Marrow fibrosis predicts early fatal marrow failure in patients with myelodysplastic syndromes [J]. Leukemia, 2008, 22(2): 313-322. DOI: 10.1038/sj.leu.2405030.
- [2] Castro-Malaspina H, Jhanwar SC. Properties of myelofibrosisderived fibroblasts [J]. Prog Clin Biol Res, 1984, 154: 307-322.
- [3] Le Bousse-Kerdiles MC, Martyre MC. Dual implication of fibrogenic cytokines in the pathogenesis of fibrosis and myeloproliferation in myeloid metaplasia with myelofibrosis [J]. Ann Hematol, 1999, 78(10): 437-444. DOI:10.1007/s002770050595.
- [4] Wang JC, Chang TH, Goldberg A, et al. Quantitative analysis of growth factor production in the mechanism of fibrosis in agnogenic myeloid metaplasia [J]. Exp Hematol, 2006, 34 (12): 1617-1623. DOI:10.1016/j.exphem.2006.07.004.
- [5] Schneider RK, Mullally A, Dugourd A, et al. Gli1(+) mesenchymal stromal cells are a key driver of bone marrow fibrosis and an important cellular therapeutic target [J]. Cell Stem Cell, 2017, 20(6): 785-800. DOI: 10.1016/j.stem.2017.03.008.
- [6] Decker M, Martinez-Morentin L, Wang G, et al. Leptin-receptorexpressing bone marrow stromal cells are myofibroblasts in primary myelofibrosis [J]. Nat Cell Biol, 2017, 19 (6): 677-688. DOI: 10.1038/ncb3530.
- [7] Verstovsek S, Manshouri T, Pilling D, et al. Role of neoplastic monocyte-derived fibrocytes in primary myelofibrosis [J]. J Exp Med, 2016, 213(9): 1723-1740. DOI: 10.1084/jem. 20160283.
- [8] Arber DA, Orazi A, Hasserjian R, et al. The 2016 revision to the World Health Organization classification of myeloid neoplasms and acute leukemia [J]. Blood, 2016, 127 (20): 2391-2405. DOI: 10.1182/blood-2016-03-643544.
- [9] Thiele J, Kvasnicka HM, Dietrich H, et al. Dynamics of bone marrow changes in patients with chronic idiopathic myelofibrosis following allogeneic stem cell transplantation [J]. Histol Histopathol, 2005, 20(3): 879-889. DOI: 10.14670/hh-20.879.
- [10] El Agha E, Kramann R, Schneider RK, et al. Mesenchymal stem cells in fibrotic disease [J]. Cell Stem Cell, 2017, 21 (2): 166-177. DOI: 10.1016/j.stem.2017.07.011.
- [11] Ding L, Saunders TL, Enikolopov G, et al. Endothelial and peri-

- vascular cells maintain haematopoietic stem cells [J]. Nature, 2012, 481(7382): 457-462, DOI: 10.1038/nature10783.
- [12] Zhou BO, Yue R, Murphy MM, et al. Leptin-receptor-expressing mesenchymal stromal cells represent the main source of bone formed by adult bone marrow[J]. Cell Stem Cell, 2014, 15 (2): 154-168. DOI: 10.1016/j.stem.2014.06.008.
- [13] Shi Y, He G, Lee WC, et al. Gli1 identifies osteogenic progenitors for bone formation and fracture repair [J]. Nat Commun, 2017, 8(1): 2043, DOI: 10.1038/s41467-017-02171-2.
- [14] Maschek H, Georgii A, Kaloutsi V, et al. Myelofibrosis in primary myelodysplastic syndromes: a retrospective study of 352 patients [J]. Eur J Haematol, 1992, 48(4): 208-214.
- [15] Duarte FB, Barbosa MC, Jesus Dos Santos TE, et al. Bone marrow fibrosis at diagnosis is associated with TP53 overexpression and adverse prognosis in low-risk

- myelodysplastic syndrome [J]. Br J Haematol, 2018, 181 (4): 547-549. DOI: 10.1111/bjh.14656.
- [16] Kramann R, DiRocco DP, Humphreys BD. Understanding the origin, activation and regulation of matrix-producing myofibroblasts for treatment of fibrotic disease [J]. J Pathol, 2013, 231 (3): 273-289. DOI: 10.1002/path.4253.
- [17] Li B, Zhang P, Feng G, et al. Bone marrow fibrosis grade is an independent risk factor for overall survival in patients with primary myelofibrosis [J]. Blood Cancer J, 2016, 6(12): e505. DOI: 10.1038/bcj.2016.116.
- [18] Della Porta MG, Malcovati L, Boveri E, et al. Clinical relevance of bone marrow fibrosis and CD34- positive cell clusters in primary myelodysplastic syndromes [J]. J Clin Oncol, 2009, 27 (5): 754-762. DOI: 10.1200/jco.2008.18.2246.

(收稿日期:2020-07-21) (本文编辑:徐茂强)

《中华血液学杂志》2020年度审稿专家名单

以下为2020年度本刊审稿专家,在此表示衷心感谢!(以姓氏汉语拼音为序)

安 刚 真 常春康 常英军 陈春燕 峰 陈苏宁 陈文明 程韵枫 鹃 陈 陈协群 范 磊 方美云 冯建明 冯四洲 蓉 高春记 高素君 韩 冰 付 高子芬 贡铁军 顾 健 韩明哲 韩 悦 郝 牧 何爱丽 侯 健 侯 明 胡建达 胡 炯 胡 豫 黄 河 黄 亮 黄晓军 江 明 江 倩 金 景红梅 鞠秀丽 克晓燕 纪春岩 贾永前 姜尔烈 洁 赖永榕 李 冰 李建勇 李 娟 李军民 李桥川 李文倩 李 艳 李玉明 剑 李扬秋 李增军 刘代红 李振宇 梁爱斌 林赠华 刘兵城 刘 红 刘 辉 刘 林 刘 澎 刘启发 刘 霆 刘耀 刘卓刚 路 瑾 罗建民 马 军 恒 孟 糜坚青 秘营昌 牛 挺 彭 军 梅 斌 齐军元 秦亚溱 林 邱录贵 任汉云 邵宗鸿 施 均 宋永平 宋玉琴 孙春艳 孙 竞 孙自敏 唐晓文 佟红艳 王 王宏伟 王慧君 王季石 王建祥 王景文 王 敏 王书杰 椿 王学锋 王晓敏 王 迎 荧 魏旭东 吴德沛 吴竞生 吴 彤 王 欣 王 王 昭 魏辉 吴 俣 夏凌辉 扬 肖志坚 徐开林 徐 卫 徐雅靖 徐 杨 许兰平 许小平 许贞书 肖 闫晨华 闫振宇 杨建民 杨林花 杨仁池 杨 婥 余自强 俞文娟 张凤奎 张广森 张会来 张 磊 张 张连生 张 梅 张 曦 张晓辉 张翼鷟 赵洪国 赵明峰 赵维莅 赵翔宇 丽 赵晓甦 赵 赵永强 郑国光 郑以州 周道斌 周剑峰 周泽平 朱焕玲 竺晓凡 主鸿鹄 庄俊玲 邹德慧 邹 萍 邹善华