

范美荣, 闫 昕, 王 莉, 宋旭梅

(宁夏医科大学总医院医学实验中心, 宁夏 银川 750004)

摘要: 收集我院异常骨髓染色体核型结果数据, 基于 Microsoft Access 软件建立临床资料及染色体核型数据库并对数据库资料进行初步分析。在该软件平台成功建立 132 例异常骨髓染色体核型病例数据库, 并通过该平台总结了我院近两年不同血液病分型的常见异常骨髓染色体核型。该数据库可以合理有效的储存、管理异常骨髓染色体核型数据及提供多种数据检索功能。数据库不仅便于病案的信息化管理, 而且有利于专业技术人员、临床医生更好的进行临床诊疗、教学和科研工作。

关键词: 骨髓染色体; 数据库; Access

中图分类号: R318

文献标识码: B

DOI: 10.3969/j.issn.1006-1959.2025.08.004

文章编号: 1006-1959(2025)08-0021-06

Establishment and Application of Abnormal Karyotype Database for Patients with Hematological Diseases in Ningxia

FAN Meirong, YAN Xin, WANG Li, SONG Xumei

(Medical Experimental Center, General Hospital of Ningxia Medical University,
Yinchuan 750004, Ningxia, China)

Abstract: The data of abnormal bone marrow chromosome karyotype results in our hospital were collected, and the clinical data and chromosome karyotype database were established based on Microsoft Access software, and the database data were preliminarily analyzed. A database of 132 cases of abnormal bone marrow chromosome karyotypes was successfully established on this software platform, and the common abnormal bone marrow chromosome karyotypes of different hematological diseases in our hospital in the past two years were summarized through this platform. The database can reasonably and effectively store and manage abnormal bone marrow karyotype data and provide a variety of data retrieval functions. Meanwhile, the database is not only convenient for the information management of medical records, but also conducive to professional and technical personnel and clinicians to better carry out clinical diagnosis and treatment, teaching and research work.

Key words: Bone marrow chromosome; Database; Access

血液病是一种来源于血液系统的造血干细胞恶性克隆性疾病, 近年来在我国的发病率正在逐年上升^[1]。随着细胞和分子遗传学的发展, 越来越多的研究发现骨髓染色体的异常与血液病的发生密切相关, 大部分的血液病患者中都存在骨髓染色体结构或数目的畸变, 因此骨髓染色体核型分析可作为血液病分型、鉴别诊断、治疗等的重要依据, 使血液病的诊断分型更加规范化和科学化^[2,3]。为了科学收集、整理异常骨髓染色体核型数据资料, 本研究基于 Microsoft Access 2016 版本建立了宁夏地区异常骨髓染色体核型数据库, 还通过该数据库对我院近两年异常骨髓染色体病例的核型分布情况作了初步研究, 以期使这一医疗数据更好的在医技分析、临床诊疗、教学培养、科研等方面发挥其更大的优势。

1 数据来源

将 2022 年 1 月-2023 年 12 月宁夏医科大学总医院血液内科送检至我科的骨髓染色体病例共计

841 例, 经染色体核型分析后确认核型结果异常的病例共计 132 例纳入本数据库中。本研究中数据库全部数据信息分为基本数据和图片数据两大类: 基本数据包括患者患者编号、年龄、血液病分型、骨髓染色体核型结果、异常染色体号、染色体异常类型等, 图片数据来源于染色体核型分析系统。其中少数患者在本室另行骨髓染色体芯片检测, 其结果也纳入本数据库中。

2 数据库的构建

考虑到数据库维护的可操作性和实用性两个方面, 选用广泛使用的 Access 建立数据库。建数据库前对异常骨髓染色体核型病患的临床资料进行分析, 使所设计字段能够全面涵盖并充分反映病例特点。所设计数据库中包括用户管理、数据管理、信息查询、图片处理、知识及教学等共 5 大模块 21 项内容, 见图 1。启动 Access2016 创建空白数据库, 设计异常骨髓染色体核型数据库字段项, 所设字段涵盖了数据库所需的 21 项内容。将设计完成的不同字段整合成独立的数据表并在相互间构建对应关系。根据需求选择“实验室内编号”“血液病分型”“骨髓染色体核型结果”“异常染色体号”和“染色体异常类

基金项目: 1. 宁夏自然科学基金(编号: 2023AAC03616); 2. 宁夏卫生健康系统科研课题(编号: 2022-NWKY-065)

作者简介: 范美荣(1987.3-), 女, 宁夏银川人, 硕士, 主管技师, 主要从事医学检验研究

型”共 5 个字段建立查询,可按一个或多个条件进行查询。上传相应病例的骨髓染色体核型结果图片并完

善窗体结构和功能,最后增加导航窗体与登录窗体。

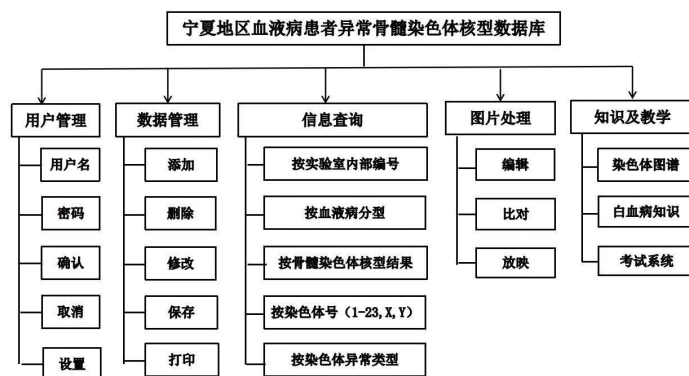


图 1 数据库系统框架图

3 数据库的功能

数据库共包括 5 大模块 21 项内容。用户管理模块用于使用前登录等相关操作,管理员账户登录后统一管理设置其他登录账号和密码,保护数据库数据安全。数据管理模块包括添加、删除、修改、保存及打印模块,可对上传的异常骨髓染色体核型图片及数据进行相关操作,随时整理更新系统中的数据资料,数据库中资源可随时扩充修改,能够更好地实现资源管理,加强资源的有效利用。数据库数据由相关医技人员或经培训实习人员进行录入,根据科室历年纸质骨髓染色体分析记录单筛选异常病例,实验室信息系统中查询病例信息,染色体核型分析软件中查询并导出异常骨髓染色体核型图片。将上述信息录入数据库系统,原则上不对数据进行过多的处理,尽量保证原始资料完整性。对一些常用固定的信息,如血液病分型、骨髓染色体异常类型、异常骨髓染色体号等采用下拉式列表点选输入,节省时间并减少错误。其中嵌合体核型中每一种异常核型对应的骨髓染色体图片均需上传。信息查询模块可按照病例中不同的信息进行查询,且在基本查询数据的基础上,增加了高级查询功能,支持以多字段限定查询,不同的查询条件适用于不同情况下学习工作的需求。数据库建成后,在信息查询模块下的“按血液病分型”中依次输入不同关键字查询相应的异常骨髓染色体核型病例及其临床资料。图片处理模块包括编辑、比对、放映等功能,在对异常骨髓染色体图片进行学习的过程中,可对图片进行放大、缩小、比对等操作,便于对图片进行充分地识别与记忆,放映模块可将骨髓染色体图片间隔一定时间进

行放映,便于教学时进行演示及讲解。知识及教学包括染色体图谱、血液病知识、考试系统共 3 个模块,染色体图谱和血液病知识模块可随时上传相关的学习资料,及时更新国内外最新研究成果及相关文献,浏览学习核型图片有疑问时可随时查阅。考试模块可由出题者从数据库中选择部分异常骨髓染色体核型图片,隐藏结果提供给考试人员,相关考试人员登录答题后系统可根据数据库中答案进行自动阅卷。

4 应用效果

4.1 数据库的运行 基于 Access 2016 版本建立的宁夏地区异常骨髓染色体核型数据库运行稳定、快速,数据自动备份,未出现数据丢失、错误等情况。数据库界面简洁美观,图 2 所示为数据管理模块中所显示的部分患者资料及骨髓染色体核型图界面,点击右侧患者资料可切换左侧对应骨髓染色体核型图片,直观的将核型结果与相应骨髓染色体核型图片进行对应学习。

4.2 数据库中异常骨髓染色体核型分布情况 2022–2023 年我院 841 例恶性血液病患者中,检出异常骨髓染色体核型病例 132 例,异常率为 15.70%。其中检出单纯数目异常 15 例,单纯结构异常 72 例,结构数目均异常病例 45 例。其中急性髓细胞白血病(AML)49 例,急性淋巴细胞白血病(ALL)13 例,慢性粒细胞白血病(CML)27 例,慢性淋巴细胞白血病(CLL)9 例,骨髓增生异常综合征(MDS)23 例,多发性骨髓瘤(MM)11 例。本数据库中收集诊断的 49 例 AML 中包括数目异常和结构异常,数目异常主要表现为非整倍体异常,结构异常多为染色体特异性重排,如 t(15;17)多见于 AML-M3, t(8;21)大多诊断为

AML-M2 和 AML-M4 亚型,AML-M4E0 患者多可检测到 inv(16)或 t(16;16)异常。13 例 ALL 中检测到 t(4;11)、t(1;19)、t(11;19)等非特异性异常核型。27 例 CML 中大多数患者存在典型费城染色体即 t(9;22)异常,也可检测到附加其他额外染色体的复杂重排,如 t(9;22;12)、t(9;22;18)、46,XY,t(5;9;22)等,此外 CML 中也可见伴染色体数目异常。CLL 所占比例较低,本研究共检出 9 例异常核型,均为染色体的缺失或增

加等非平衡性改变。23 例 MDS 中异常核型主要包括常见的结构异常 del(5)、del(20)、del(7)及数目异常-7、+8、-Y 等,另外 del(5)、45,XX,ins(3;3)、+11 等异常的检出,也丰富了 MDS 的核型数据。此外本数据库中目前共收纳 11 例 MM 异常核型患者,均为数目和结构较复杂的核型,异常几乎可涉及大部分的染色体,见表 1。



图 2 数据库系统截面图

表 1 数据库中异常骨髓染色体核型分布情况

血液病类型	核型结果	相似例数	例数
AML	47,XX,+8,inv(16)(p13q22)[14]/46,XX[4]	2	49
	46,XX,t(16;16)(p13;q22)[10]	6	
	46,XX,inv(16)(p13q22)[8]/46,XX[10]	4	
	46,XY,t(15;17)(q24;q21)[5]/47,XY,idem,+mar[9]/46,XY[2]	1	
	46,XX,-6,t(15;17)(q24;q21),+?r[10]/46,XX[4]	1	
	46,XX,t(15;17)(q24;q21)[6]/46,XX[10]	6	
	46,XY,del(7)(q11q22)[9]/46,XY[10]	2	
	46,XX,del(6)(p23)	1	
	46,XX,del(9)(p21),inv(11)(p11.2q21)[3]/46,idem,add(2)(p24),t(5;13)(q33;q14)[8]/46,XX[3]	1	
	46,X,t(8;21)(q22;q22)[11]/46,XX[5]	6	
	46,X,-Y,t(8;21)(q22;q22)[5]/46,XX[7]	2	
	48,XX,+8,+8[9]/46,XX[4]	2	
	47,XY,t(8;21)(p21;q21),+der(8)t(8;21)[6]/46,XY[5]	2	
	47,XY,+11[9]/47,XY,+8[3]/46,XY[5]	1	
	46,XY,t(1;17)(p36;q21)[5]/46,XY[10]	1	
	47,XX,t(3;5)(q25;q34),+8[10]	2	
	44,XX,-7,der(7;9)(q10;q10),-9[5]/46,XX[6]	1	
	47,XX,del(11)(p12p15),+22[11]/46,XX[6]	1	
	46,XX,add(16)(p13.1)[3]/46,XX[6]	2	
	47,XX,+8,t(9;11)(p22;q23)[14]/46,XX[2]	1	
	47,XY,+10[5]/46,XY[5]	2	
ALL	46,XX,t(4;11)(q21;q23)[4]/46,idem,del(6)(q21)[2]/46,XX[5]	1	13
	46,XY,t(4;11)(q21;q23),der(22)t(1;22)[5]/46,XY[5]	1	

表 1(续)

血液病类型	核型结果	相似例数	例数
ALL	46,XY,t(1;19)(q23;p13)[5]/46,XY[7]	3	13
	47,X,del(X)(q22),add(4)(q27),add(17)(q25),-18,add(21)(p13),+2mar[7]/46,idem,-21[5]/46,XX[4]	1	
	46,XY,t(11;19)(q23;p13)[10]/46,idem,del(6)(q21)[2]/46,XY[3]	1	
	46,XY,del(10)(q21q24)[12]/46,XY[8]	3	
	46,XY,t(9;9)(q32;q34)[10]/46,idem,del(6)(q21)[2]/46,XY[3]	1	
	45-46,XX,del(9)(q22)[cp4]/46,XX[6]	1	
	48,XX,inv(1)(p13q21),+18,+mar[10]/46,XX[10]	1	
	46,XX,t(9;22)(q34;q11.2)[7]/46,XX[7]	13	27
CML	46,XX,t(9;22)(q34;q11.2),add(13)(q34)[4]/46,XX[8]	1	
	47,XX,t(9;22)(q34;q11.2),+21[4]/46,XX[8]	1	
	44,XY,der(1)del(1)(p31p21)add(1)(q43),-3,-7,-9,t(9;22)(q34;q11.2),+der(22)t(9;22)[7]/46,XY[8]	1	
	46,XY,t(9;22;18)(q34;q11.2;q21)[5]/46,XY[5]	2	
	45,X,-Y,t(9;22;12)(q34;q11.2;q24.1)[10]/45,X,-Y[4]	1	
	45,X,-Y,t(9;22)(q34;q11.2)[6]/46,XY[8]	1	
	46,XX,t(9;22)(q34;q11.2)[5]/47,idem,+der(22)t(9;22)[3]	1	
	46,XY,t(9;22)(q34;q11.2)[6]/47,idem,+8[13]/47,idem,+9[3]	3	
CLL	46,XY,t(5;9;22)(q13;q34;q11.2)[11]/46,XY[3]	2	9
	46,XX,t(9;22)(q34;q11.2),add(13)(q34)[3]/46,XX[10]	1	
	46,XY,del(11)(q23)[10]/46,XY[15]	4	
	47-49,XX,+4,+11,+12,del(13)(q14),del(15)(q22),+18[cp5]/46,XX[7]	1	
	47,XX,+12,del(13)(q14)[3]/46,XX[10]	2	
	46,XX,del(17)(p11)[7]/46,XX[10]	2	
	47,XY,+11[6]/46,XY[3]	4	
	46,XX,del(5)(q13q33)[3]/47,XX,+8[5]/46,XX[3]	3	23
MDS	45,XX,ins(3;3)(q26;q21q26),-7[10]/46,XX[5]	1	
	47,XY,+der(9)(1;9)(q12;q12)[15]/46,XY[5]	1	
	46,XX,del(20)(q11q13)[10]/46,XX[10]	2	
	46,XY,del(5)(q13q33)[10]/46,XY[8]	1	
	47,XX,+8[10]	3	
	47-49,XX,add(1)(q32),-3,-5,add(6)(p21),+8,+i(11)(q10),+13,add(17)(p11.2),+22,+mar[cp9]/46,XX[3]	1	
	46,XY,del(7)(q22q34)[15]/46,XY[8]	1	
	46,XY,?del(13)(q13q31)[10]/47,XY,+8[8]/46,XY[29]	1	
MM	45,X,-Y[5]/46,XY[10]	3	11
	46,X,-Y,+3,der(3)t(1;3)(q12;p26),+7,der(7)t(7;15)(q10;q10),der(8)del(8)(p11)t(8;22)(q24;q11),der(8)t(8;22)(q24;q11),add(10)(p15),-13,+15,der(15)t(1;15)(q12;q10),-22[cp7]/45,X,-Y[9]/46,XY[4]	1	
	44-45,X,der(X;7)(p10;q10),t(1;4),del(6q),del(8q),der(8)t(1;8),+9,-10,?13,-17,add(17p),+mar,inc[cp3]/46,XX[14]	1	
	56,XY,1p-,+2q,+3,+5,+?5,+7,8p-,8q+,+9,+11,-14,+15,+15,16q+,+19p+,+der(21)t(1;21)[12]/46,XY[8]	1	
	51,X,der(X)t(X;7)(q13;p11.2),+3,+6,+9,-13,der(14)t(1;14)(q12;q32),+15,+17,+19[10]/46,XX[5]	1	
	43-44,X,-X,del(8)(p21),-11,-13,-14[3],+?17,+21[3][cp5]/46,XX[6]	1	
	54-59,XY,+der(1;19)(q10;p10),+der(1;19),del(1)(q25),+3,+6,+der(7;15)(q10;q10),+der(7;15),+8,+8,+9,+add(11)(q23),+12,+12,-13,-15,-16,+17,+20,+21,inc[cp5]/46,XY[5]	1	
	44,X,-X,del(1)(p12p31),der(18)t(15;18)(q11.2;q23),inc[3]/46,XX[5]	1	

表 1(续)

血液病类型	核型结果	相似例数	例数
MM	44-45,X,der(X;7)(p10;q10),t(1;4),del(6q),del(8q),der(8)t(1;8),+9,-10,-17,add(17p),+mar,inc[cp2]/46,XX[10]	1	11
	58,XY,+der(1),+2,+3,+5,+?7,+9,+der(11)t(1;11),+der(12),+15,+17,+19,der(22)(q11),+mar[1]/46,XY[11]	1	
	48,X,-X,del(6)(q16),+del(16),add(18)(q22),der(9)t(1;9)(q12;q34),+der(9)add(9)(p24)t(1;9)(p12;q34)add(10)(p12),-13,+mar1,+mar2[13]/46,XX[15]	1	

5 讨论

骨髓染色体核型分析属形态学相关检查项目，异常核型的检出主要依靠专业技术人员的经验来识别判断，提高异常骨髓染色体识别能力最高效的途径就是结合临床诊断对各类异常核型图片进行系统全面的学习，因此骨髓染色体核型分析人员需要高效专业的培训及考试模式。临床医生面向患者也需要针对骨髓染色体核型结果做出科学的解释及诊断，而这也是很多临床医生的薄弱之处。在实验室专用的染色体核型分析软件及信息系统中均无法自动区分出骨髓染色体的正常核型及异常核型，要从中找出异常核型图片进行学习需要依次点开所有病例来确认是否为异常核型，过程繁杂且学习无任何系统性和针对性。目前国内尚缺少一种公认快捷方便的查询学习异常骨髓染色体核型图片的数据库可供查阅。

近年来随着计算机技术的快速发展，医学信息技术已经广泛应用于医学工作和科学研究的各个方面^[4,5]。专题数据库技术是指将某一领域的信息加以集合，成为高度结构化的不包含冗繁数据的集合，这些数据独立存储且可随时进行增加、删减、修改等操作，同时可以服务于一种或多种的应用。其中医学专题型数据库的产生使得在满足研究某种特定疾病的同时也从另一个角度为临床工作提供服务^[6]。目前国内已建立多个针对特定疾病或人群的专科信息数据库，如重症医学数据库^[7]、皮肤扩张术临床病例数据库^[8]、脑血管病数据库^[9]等。而大型全面的异常骨髓染色体核型数据库目前还没有成熟的模式可供参考。

Access 是微软公司开发的具有强大的数据处理、统计分析和查询能力的软件系统，在构建中小型数据库方面具有明显的优势，具有专业的数据库管理系统应具备的录入效率高、搜索功能完善、储存时间永久等各项功能，且可与 Excel 及 SPSS 等数据分析软件进行数据互通^[10,11]。Access 操作简单易学，可

低成本的满足非计算机专业人员的需求，所以国内临床专题型数据库大多是基于 Access 而建立。本研究基于 Access 所建立的宁夏地区血液患者异常骨髓染色体核型数据库系统，通过收集异常骨髓染色体核型数据形成一个系统完善的包含病患相关诊疗数据的大型资料库，详尽掌握患者资料及骨髓染色体核型图片，阐明骨髓染色体疾病相关临床表征，数据库可直接应用于异常骨髓染色体核型病例的存储、整理及科研工作，也可作为教学辅助工具。

对于实验室从事骨髓染色体分析的工作人员而言，本研究中数据库的建立极大地解决了对各种异常骨髓染色体核型进行系统学习的需求。相关人员可在数据库中按照患者编号、异常染色体号、异常类型等条目将库内所有数据排序，依次进行学习，也可遵循数据库强大的检索功能查询出某一个病例或某一种异常类型进行学习。另外可利用本数据库的考试功能定期对从事相关工作的人员进行考核，系统可由出题者选取数据库中异常核型图片并隐藏核型结果进行考试，考试结束后系统可根据库内结果自动打分。本数据库的使用可切实提高骨髓染色体分析人员的专业技术能力，提高医疗质量。对于临床医生而言，在日常诊疗工作中需要针对骨髓染色体核型报告给患者做出相应解释、确定血液病分型进而确定诊疗方案。异常骨髓染色体核型数据库对于临床医生更有意义的是可详尽掌握各类血液病患者疾病资料，利于科学评价、指导治疗，对于临床相似病例的诊疗做到有例可循。对于针对学生、实习生、进修生等群体的教学工作，在实际临床教学实践中本数据库可与多媒体相结合，通过放映核型图片以形象化、直观化的效果达到临床教学的目的。

细胞遗传学分析可发现染色体的克隆性异常，在血液病分型诊断、临床治疗及判断预后中均发挥不可替代的作用，同时也有助于发现与疾病有关的新的基因及位点，丰富血液系统疾病的实验室诊断方法^[12]。特异性染色体重排对判断预后有着重要的

作用,如 AML 中单纯的 t(8;21)、t(15;17)、inv(16)等是预后较好的核型,提示有较长的缓解期及生存期,出现+8、-Y、del(7q)等提示中等预后,而出现-5、-7、t(9;11)或其他复杂异常核型提示预后不良或极差^[13]。ALL 中成人出现超二倍体提示预后较差,而儿童中出现超二倍体提示预后较好但容易复发^[14]。CML 中费城染色体的变异除 Y 染色体很少累及,其余染色体均可见涉及,而费城染色体合并额外染色体异常的患者预后较差^[15]。CLL 患者中出现 del(13q)提示预后较好,出现+12 或 2 种及以上异常核型提示预后中等,而出现 del(11q)和 del(17p)则提示预后较差^[16]。MDS 中核型出现+8 提示预后中等,男性 Y 染色体的获得性缺失在排除因年龄过高造成的体质性异常后提示预后较好,del(5q)、del(20q)的出现均提示预后较好,而出现-7、del(7q)及复杂核型则是预后较差的标志^[17]。MM 是浆细胞恶性增殖性疾病,染色体异常克隆性变化通常较复杂,可合并多种结构及数量异常,出现如非超二倍体、del(17p)、t(4;14)、t(14;16)等与 MM 预后不良相关,而 t(11;14)则通常提示预后较好^[18,19]。标记染色体是一种无法确定其来源的片段性染色体,往往提示与不良预后相关,是血液病复发和预后差的危险因素^[20]。

综上所述,本研究所建立的基于 Access 的血液病患者异常骨髓染色体核型数据库,可对我院的异常骨髓染色体核型完整资料进行结构化管理,数据库具备高效易用的录入与检索功能、丰富便捷的医学知识库、简单省时的考试系统,是医技人员、临床医生及学生等进行染色体分析、临床诊疗和科研不可或缺的重要工具。后续我们会将工作中的异常核型病例定期纳入其中,继续扩大本数据库的数据内容。

参考文献:

- [1] Kent A, Pollyea DA. Top advances of the year: Leukemia [J]. Cancer, 2023, 129(7): 981-985.
- [2] Badar T, Alkhateeb H, Aljurf M, et al. Management of Philadelphia chromosome-positive acute lymphoblastic leukemia in the current era [J]. Curr Res Transl Med, 2023, 71(2): 103392.
- [3] Daver NG, Iqbal S, Huang J, et al. Clinical characteristics and overall survival among acute myeloid leukemia patients with TP53 gene mutation or chromosome 17p deletion [J]. Am J Hematol, 2023, 98(8): 1176-1184.
- [4] Sarafi Nejad A, Fatehi F. Medical Informatics in Iran and the Emergence of Clinical Informatics [J]. Iran J Med Sci, 2022, 47(6): 503-504.
- [5] Zainal H, Tan JK, Xiaohui X, et al. Clinical informatics training in medical school education curricula: a scoping review [J]. J Am Med Inform Assoc, 2023, 30(3): 604-616.
- [6] 徐璐璐, 杜建, 叶鹰. 21 世纪以来医学信息学研究走向及其健康信息学转向 [J]. 情报学报, 2020, 39(7): 777-786.
- [7] 齐霜, 毛智, 胡新, 等. 基于专科信息系统建立的重症医学数据库: 大型三甲院重症医学数据库的模式 [J]. 中华危重病急救医学, 2020, 32(6): 743-749.
- [8] 董琛, 何强, 余州, 等. 皮肤扩张术临床病例数据库的设计与应用 [J]. 中国美容整形外科杂志, 2021, 32(2): 102-105.
- [9] 果彤, 夏翊. 基于 Access 的遗传性脑血管病查询系统 [J]. 数字技术与应用, 2021, 39(12): 173-176.
- [10] 杨天敏. 基于 Access 数据库的图像采集与实时处理系统设计 [J]. 现代电子技术, 2021, 44(3): 35-38.
- [11] 朱新青, 宋仕芬, 刘俊, 等. 基于 Access 数据库的护理部办公系统设计与应用 [J]. 护理研究, 2020, 34(24): 4465-4468.
- [12] Gao Q, Ryan SL, Iacobucci I, et al. The genomic landscape of acute lymphoblastic leukemia with intrachromosomal amplification of chromosome 21 [J]. Blood, 2023, 142(8): 711-723.
- [13] Kantarjian H, Kadia T, DiNardo C, et al. Acute myeloid leukemia: current progress and future directions [J]. Blood Cancer J, 2021, 11(2): 41.
- [14] Molina O, Bataller A, Thampi N, et al. Near-Haploidy and Low-Hypodiploidy in B-Cell Acute Lymphoblastic Leukemia: When Less Is Too Much [J]. Cancers (Basel), 2021, 14(1): 32.
- [15] Sembill S, Ampatzidou M, Chaudhury S, et al. Management of children and adolescents with chronic myeloid leukemia in blast phase: International pediatric CML expert panel recommendations [J]. Leukemia, 2023, 37(3): 505-517.
- [16] Mulligan SP. Karyotype and outcome in CLL [J]. Blood, 2023, 142(5): 402-404.
- [17] Hosono N. Genetic abnormalities and pathophysiology of MDS [J]. Int J Clin Oncol, 2019, 24(8): 885-892.
- [18] Hamdaoui H, Benlarroubia O, Ait Boujmia OK, et al. Cytogenetic and FISH analysis of 93 multiple myeloma Moroccan patients [J]. Mol Genet Genomic Med, 2020, 8(9): e1363.
- [19] Hamdaoui H, Nouadi B, Benlarroubia O, et al. Cytogenetic abnormalities correlate with clinico-biological characteristics in 30 Moroccan multiple myeloma patients [J]. Leuk Res Rep, 2023, 20: 100392.
- [20] Jondreville L, Krzisch D, Chapiro E, et al. The complex karyotype and chronic lymphocytic leukemia: prognostic value and diagnostic recommendations [J]. Am J Hematol, 2020, 95(11): 1361-1367.

收稿日期: 2024-03-17; 修回日期: 2024-03-26

编辑/肖婷婷