

甲状腺相关性眼病静脉血单个核细胞差异表达 microRNA 的初步筛选

卞扬 陈霖 余波 涂云海 吴文灿

【摘要】 目的 以 T 淋巴细胞在甲状腺相关性眼病(TAO)发生发展中的重要作用作为切入点,筛选出具有意义的 microRNA。方法 实验研究。收集对照组、TAO 静止期组和 TAO 急性期组各 3 例患者的外周静脉血,提取人外周血单个核细胞(PBMC),采用新一代高通量测序(NGS),筛选出 TAO 患者(包括 TAO 静止期组和 TAO 急性期组)与对照者差异表达的 microRNA。然后采用实时荧光定量 PCR 技术,在对照组、TAO 静止期组和 TAO 急性期组各 5 例的扩大样本中对上述筛选出的 microRNA 予以 *t* 检验验证。结果 根据测序结果筛选出差异有统计学意义,且相差倍数>2 的 microRNA,TAO 静止期组与对照组比较共 18 个,TAO 急性期组与对照组比较共 31 个。2 个 TAO 患病组共同与对照组表达差异有统计学意义的 microRNA 为 miR-19a-5p、miR-30c-2-3p、miR-548c-5p、miR-6718-5p,且均呈现明显上调趋势。实时荧光定量 PCR 验证结果与测序结果基本相符。结论 TAO 患者 PBMC 中存在 microRNA 表达差异,miR-19a-5p、miR-30c-2-3p、miR-548c-5p、miR-6718-5p 是潜在的 TAO 免疫诊断学标记物,部分可能参与 TAO 的免疫学发生发展机制。

【关键词】 Graves 眼病; microRNA; 新一代高通量测序; qrt-PCR

Primary screen differential of microRNA expressed in peripheral blood mononuclear cells from patients with thyroid-associated ophthalmopathy *Bian Yang, Chen Ben, Yu Bo, Tu Yunhai,*

Wu Wencan. Eye Hospital of Wenzhou Medical University, Wenzhou 325027, China

Corresponding author: Wu Wencan, Email: wuwencan118@163.com

【Abstract】 Objective To compare the primary screen differential expression of microRNAs in thyroid-associated ophthalmopathy (TAO) groups and a control group with partial immunopathogenesis. **Methods** Experimental study. Patients were divided into 3 groups: a silent TAO group (3 samples), an acute TAO group (3 samples) and a control group (3 samples). After all microRNAs were extracted from the peripheral blood mononuclear cells (PBMC) of each sample, the next generation sequence (NGS) was examined and used to establish the microRNA profile. The differential expression of microRNA was found by comparing the silent TAO group *vs.* the control group and the acute TAO group *vs.* the control group. MicroRNAs were expressed differently in the groups. Then quantitative real-time PCR (qrt-PCR) was used to verify those differences in another 5 samples from each group. **Results** Compared to the control group, 18 microRNAs in the silent TAO group and 31 in the acute TAO group were sorted out by setting a criterion of $P < 0.05$ and a fold change (fc) > 2. There were 4 microRNAs (miR-19a-5p, miR-30c-2-3p, miR-548c-5p, miR-6718-5p) in common between the two comparisons. The up-regulation trends of those 4 microRNAs verified by qrt-PCR were in line with the results of the microRNA-seq. **Conclusion** Differential expressed microRNAs in PBMC could be novel biomarkers for detection of TAO in humans and some may play a key role in the immunopathogenesis of TAO.

【Key words】 Graves ophthalmopathy; microRNA; Next generation sequence; qrt-PCR

DOI: 10.3760/cma.j.issn.1674-845X.2014.09.007

基金项目:浙江省自然科学基金青年基金(LQ12H12004);温州医科大学附属眼视光医院重大重点课题创新引导项目(YNCX201001)

作者单位:325027 温州医科大学附属眼视光医院

通信作者:吴文灿,Email:wuwencan118@163.com

甲状腺相关性眼病 (thyroid-associated ophthalmopathy, TAO) 为一种器官特异自身免疫性疾病, 发病率居成人眼眶病之首。一般多见于甲状腺功能亢进的患者, 也发生在一些甲状腺功能正常以及某些甲状腺功能减退的慢性自身免疫性甲状腺炎的患者^[1]。近 200 余年, 对 TAO 的真正发病机制尚知之甚少。通常自身免疫性疾病的发生与自身抗原产生以及自身免疫性 T、B 细胞激活相关, 而后者在 TAO 的发病中则处于中心环节^[2]。

microRNAs 是近年来发现的一类长度为 20~23 个核苷酸的非编码小分子 RNA, 主要通过降解靶基因 mRNA 或抑制其翻译, 从而参与调控个体发育、细胞凋亡、增殖及分化等各项生命活动。越来越多的证据表明 microRNA 与甲状腺相关疾病, 免疫性疾病以及炎症密切相关。鉴于此, 本研究希望从患者血液单个核细胞在 TAO 免疫学机制“启动”中的关键作用作为切入点, 用新一代高通量测序 (next generation sequencing, NGS) 检测人外周血单个核细胞 (peripheral blood mononuclear cells, PBMC) 的方法初步筛选出 TAO 患者与正常人差异表达的 microRNA, 为后期研究 TAO 发生发展的免疫学机制打下基础。

1 对象与方法

1.1 对象

收集 2013 年 1~10 月温州医科大学附属眼视光医院的住院病例, 年龄为 18~70 岁, 未患有其他自身免疫性疾病的患者。按照第一诊断分为 3 组: ①对照组: 选取泪小管阻塞的待手术患者, 排除合并有急性炎症及甲状腺功能异常者; ②TAO 静止期组: 确诊为 TAO 静止期, 停止药物治疗 >6 个月, CAS 评分^[3] (反映 TAO 局部炎症情况的评分, 包括眼球运动、是否充血、水肿及突出度等 13 项) <4 的患者; ③TAO 急性期组: 确诊为 TAO 并处于活动期, CAS 评分 ≥ 4 的患者。本研究为前瞻性非随机对照研究, 纳入病例每组 8 例, 共 24 例。本研究已通过温州医科大学附属眼视光医院伦理委员会批准, 均已告知所有患者研究内容并签署知情同意书。

1.2 主要试剂

提取 PBMC 所需试剂: HISTOPAQUE[®] -1077 (美国 SIGMA 公司), PBS 磷酸盐缓冲液 (美国 HyClone 公司), ACK Lysing Buffer (美国 Gibco 公司), 提取 RNA 使用 TRIzol (美国 Invitrogen 公司), 荧光实时定量 PCR 所用试剂购买自美国 Gene Copoeia 公司: All-in-One[™] microRNA qRT-PCR Detection Kit, 4 个

microRNA (miR-19a-5p, miR-30c-2-3p, miR-548c-5p, miR-6718-5p) 的引物 All-in-One[™] miRNA qPCR Primer 购买自广州复能基因公司, 均已经过验证。内参采用 RuN6。

1.3 实验方法

第一部分: microRNA 高通量测序 ①采集每组 3 例 (未经治疗) 空腹静脉血 4 ml (EDTA-K2 抗凝); ②红细胞裂解法分离有核细胞, 梯度离心法提取人外周血单个核细胞 (PBMC); ③TRIzol 法提取总 RNA, 琼脂糖电泳及 NanoDrop 2000 分光光度计检测浓度; ④提取 microRNA, Illumina Hiseq 2000 测序仪进行 PE101 测序; ⑤使用 mirTools 2.0 (由温州医科大学基因组医学研究院研发, http://122.228.158.106/mr2_dev/index.php) (见图 1) 单独分析每个样本, 筛选出成熟 microRNA, 按表达量制作 heatmap。

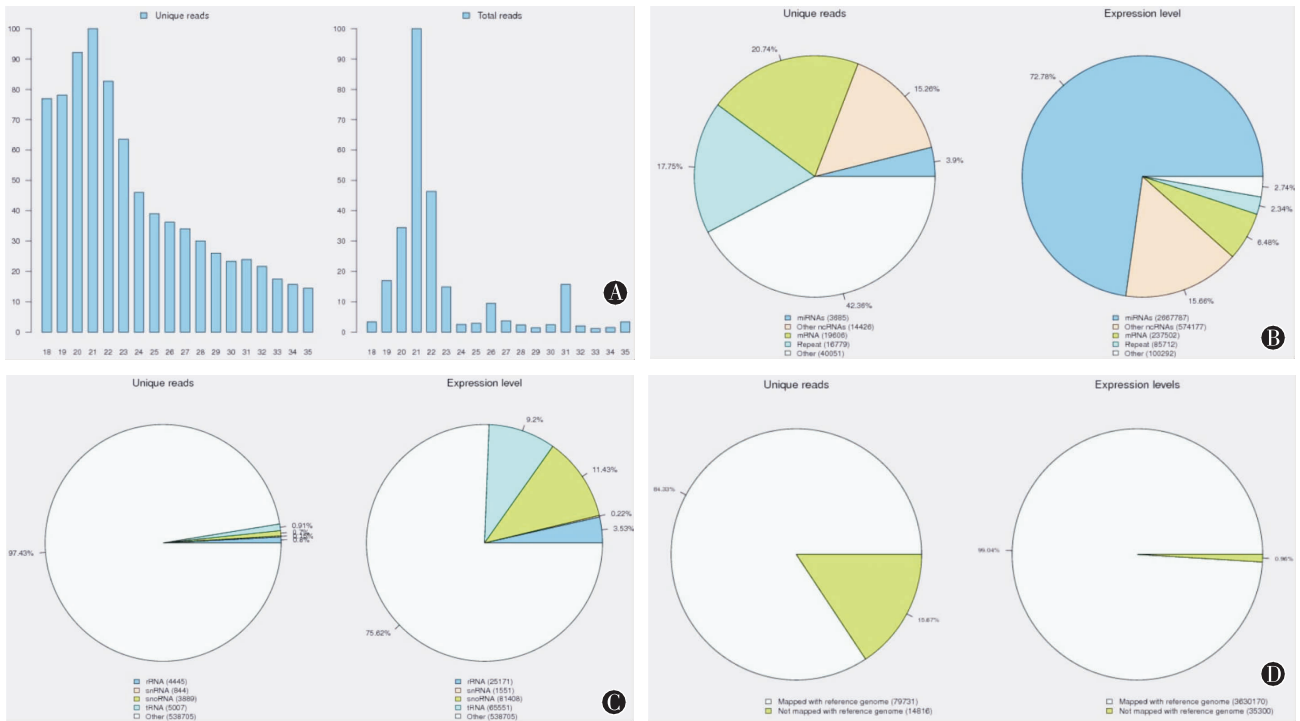
第二部分: qrt-PCR 验证 采集各组其余 5 例 (未经治疗) 空腹静脉血 4 ml (EDTA-K2 抗凝) 按上述方法提取 PBMC 以及总 RNA, 逆转录为 cDNA, 于 CFX96[™] Real-Time PCR 仪 (Bio-Rad) 进行 qrt-PCR 扩增获得 Ct 值, 以 $2^{-\Delta\Delta C_t}$ 法计算结果。公式如下: 第 1 步, 利用 U6 对样本行校正: $C_t(\text{样本 } 1) - U6(\text{Mean } C_t) - U6(\text{Mean } C_t)$; $C_t(\text{样本 } 2) - U6(\text{Mean } C_t) - U6(\text{Mean } C_t)$; 第 2 步, 对样本 1 和样本 2 的 ΔC_t 值进行归一化: $\Delta C_t = \Delta C_t(\text{样本 } 1) - \Delta C_t(\text{样本 } 2)$; 第 3 步, 表达差异的计算: $2^{-\Delta\Delta C_t} = 2^{-\Delta C_t(\text{样本 } 1) - \Delta C_t(\text{样本 } 2)}$; 因此, 目的基因在样本 1 中的表达水平是样本 2 的 $2^{-\Delta\Delta C_t}$ 倍。

1.4 统计学方法

前瞻性非随机对照研究。采用 SPSS 16.0 进行数据分析。测序结果分析时, 统计每个样本中每个 microRNA 的 Relative Count, 将 TAO 静止期组、TAO 急性期组分别和对照组作配对 t 检验, 筛选出 $P < 0.05$ 的 microRNA。再各组求平均值, 分别计算 TAO 静止期组与对照组、TAO 急性期组与对照组的差异倍数 (fold change, FC)^[4], 筛选出差异倍数 >2 的 microRNA。qrt-PCR 检测值分析时, 将各样本的 Ct 值分别与内参作差值的线性转化后, TAO 静止期组、TAO 急性期组分别和对照组作配对 t 检验, 当 2 组样本的 $2^{-\Delta C_t}$ 的数据分布不具有方差齐性时, 使用秩和检验。以 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

研究中每例样本单独测序, 用 mirTools 2.0 单独分析每个样本。对测序得到的序列长度进行分



A, 对测序得到的序列长度进行分析筛选; B, 用 SOAP 将序列与已知基因序列比对; C, 测序结果中的各基因成分; D, 与 Rfam 数据库比对分析结果 (其中 Unique Reads 表示一种类型仅为单一的序列标签, Expression Level 表示一种标签里包含的读数数量, 影响相对丰度)

图 1 使用 mirTools 2.0 分析对照组 2 号样本

析筛选, 使用 SOAP 与已知基因序列比对, 以及 Rfam 数据库比对, 最后与 miRBase 对照分析, 筛出第 1 部分中全部 9 例共同表达的成熟 microRNA 为 1078 个。

2.1 microRNA 筛选结果

TAO 静止期组与对照组相比较, 筛选出的差异有统计学意义且差异倍数 2 倍以上的 microRNA 有 18 个 (见表 1), TAO 急性期组与对照组相比较, 筛选出的差异有统计学意义且差异倍数 2 倍以上的 microRNA 有 31 个 (见表 2)。综合以上 2 组比较结果, 筛选出患病组 (包括 TAO 静止期组和 TAO 急性组) 与对照组之间差异明显的 microRNA 有 4 个, 分别为 miR-19a-5p、miR-30c-2-3p、miR-548c-5p 和 miR-6718-5p (见表 3)。将 Relative count 用 GraphPad 作图 (见图 3) 比较, 可见与对照组相比, 4 个 microRNA 在 TAO 患病组中均呈现明显的上调趋势。

2.2 qrt-PCR 验证结果

上述筛选出的 4 个 microRNA 在 TAO 静止期组与对照组, TAO 急性期组与对照组的差异均有统计学意义且 2 组比较差异倍数都 >2 (见表 4)。将各 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 值用 GraphPad 作图比较, 可见与对照组相比, 4 个 microRNA 在 TAO 患病组中均呈现明显的上调趋势 (见图 4), 基本与测序结果相符。

表 1 TAO 静止期组-对照组差异 microRNA

名称	P 值	差异倍数
hsa-miR-6718-5p	0.019664	7.48
hsa-miR-378a-3p	0.042172	2.22
hsa-miR-3160-3p	0.001573	3.19
hsa-miR-1298	0.038291	2.39
hsa-miR-4646-3p	0.036777	5.97
hsa-miR-6503-3p	0.038617	2.39
hsa-miR-378c	0.021959	2.01
hsa-miR-2467-5p	0.005773	2.44
hsa-miR-548c-5p	0.047369	4.39
hsa-miR-19a-5p	0.031034	2.51
hsa-miR-3136-5p	0.036882	3.13
hsa-miR-629-3p	0.003929	2.14
hsa-miR-30c-2-3p	0.040079	- ^a
hsa-miR-18b-3p	0.000099	- ^a
hsa-miR-939-3p	0.012635	- ^a
hsa-miR-653	0.001930	- ^a
hsa-miR-4433-5p	0.000099	- ^a
hsa-miR-3155a	0.015157	- ^a

注: TAO, 甲状腺相关性眼病; ^a, 对照组未检测到有效表达

3 讨论

近年来研究表明, 淋巴细胞浸润在 TAO 发病中起重要作用^[9]。故研究 T、B 淋巴细胞及其他免疫细胞成为研究 TAO 免疫学机制启动的重要环节。广泛

表 2 TAO 急性期组-对照组差异 microRNA

名称	P 值	差异倍数
hsa-miR-6515-3p	0.020876	3.84
hsa-miR-1306-5p	0.023619	2.17
hsa-miR-4797-3p	0.042451	7.15
hsa-miR-1306-3p	0.048722	4.35
hsa-miR-5001-5p	0.038311	5.37
hsa-miR-6718-5p	0.036132	4.39
hsa-miR-4640-3p	0.009203	0.00 ^b
hsa-miR-3615	0.046928	2.37
hsa-miR-379-3p	0.029012	5.88
hsa-miR-450a-3p	0.040042	4.36
hsa-miR-490-3p	0.038311	5.37
hsa-miR-548c-5p	0.009268	3.36
hsa-miR-455-5p	0.010078	0.00 ^b
hsa-miR-6513-5p	0.004473	2.59
hsa-miR-382-3p	0.000829	12.46
hsa-miR-19a-5p	0.019851	2.04
hsa-miR-30c-1-3p	0.030835	2.30
hsa-miR-940	0.033554	2.15
hsa-miR-659-3p	0.000144	0.00
hsa-miR-199a-3p	0.008528	2.12
hsa-miR-125b-1-3p	0.000144	0.00 ^b
hsa-miR-655	0.036220	5.51
hsa-miR-199b-3p	0.008528	2.12
hsa-miR-1197	0.001900	21.14
hsa-miR-30c-2-3p	0.011642	- ^a
hsa-miR-424-3p	0.007004	- ^a
hsa-miR-4680-3p	0.000002	- ^a
hsa-miR-4635	0.009819	- ^a
hsa-miR-4761-3p	0.026887	- ^a
hsa-miR-1299	0.009819	- ^a
hsa-miR-933	0.000002	- ^a

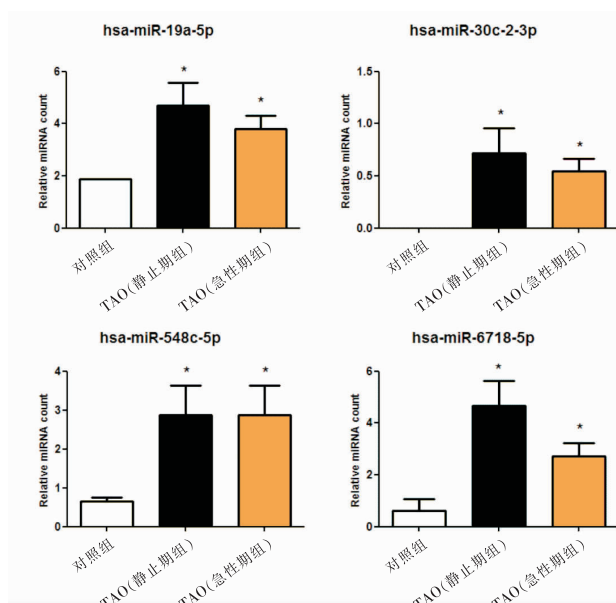
注:TAO, 甲状腺相关性眼病; ^a, 对照组未检测到有效表达; ^b, TAO 急性期组未检测到有效表达

表 3 患病组与对照组的 microRNA 差异倍数比较

名称	TAO 静止期组/对照组	TAO 急性期组/对照组
hsa-miR-19a-5p	2.5125	2.0357
hsa-miR-30c-2-3p	- ^a	- ^a
hsa-miR-548c-5p	4.3878	3.3622
hsa-miR-6718-5p	7.4813	4.3850

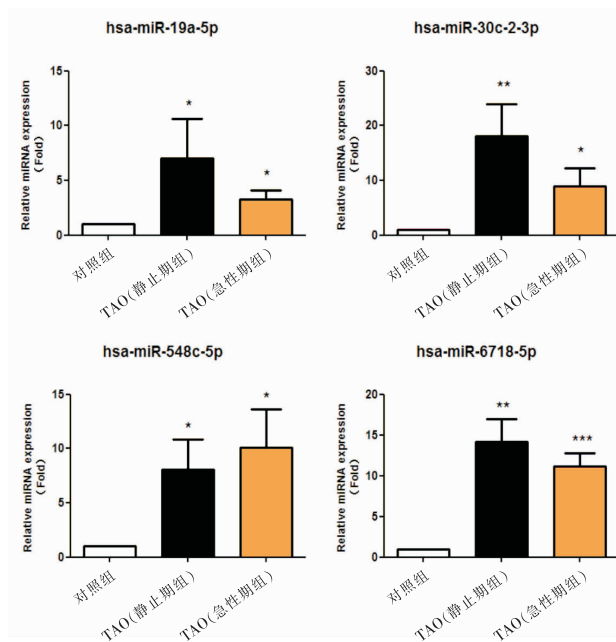
注:TAO, 甲状腺相关性眼病; ^a, 对照组未检测到有效表达

存在于各种真核细胞中的 microRNA, 具有高度保守性、时序性和组织特异性, 是天然存在的重要基因调控分子, 大量研究证实它参与了生长发育、器官形成、造血过程、细胞增殖凋亡、抗病毒反应、肿瘤生成和疾病进程等重要过程^[6-7], 为我们研究 TAO 的机制提供新的思路。



与对照组 (Control) 相比, 甲状腺相关性眼病 (TAO) 静止期 (Silent) 组和 TAO 急性期 (Acute) 组均呈现明显的上调趋势。其中与对照组相比, * $P < 0.05$

图 3 4 个 microRNA 的 qrt-PCR 检测结果



与对照组 (Control) 相比, 甲状腺相关性眼病 (TAO) 静止期 (Silent) 组和 TAO 急性期 (Acute) 组均呈现明显的上调趋势。其中与对照组相比, * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$

图 2 4 个 microRNA 的 Relative Count 值比较

表 4 患病组与对照组的 microRNA 的 qrt-PCR 结果 P 值及差异倍数比较

名称	TAO 静止期组/对照组		TAO 急性期组/对照组	
	P 值	差异倍数	P 值	差异倍数
hsa-miR-19a-5p	0.0265 ^a	7.01	0.0146 ^a	3.31
hsa-miR-30c-2-3p	0.0071 ^b	18.10	0.0162 ^a	8.93
hsa-miR-548c-5p	0.0137 ^a	8.07	0.0127 ^a	10.09
hsa-miR-6718-5p	0.0016 ^b	14.14	0.0005 ^b	11.21

注:TAO, 甲状腺相关性眼病; ^a, 与对照组比较, $P < 0.05$, ^b $P < 0.01$

人外周血单个核细胞(PBMC)主要包括单核细胞、T 细胞、B 细胞、少量 NK 细胞,以及骨髓来源和类浆来源的树枝状细胞^[6],因此提取 PBMC 为自身免疫性疾病与 microRNA 相关研究的常用途径之一。目前检测 microRNA 的方法主要为:荧光实时定量 PCR (quantitative real-time PCR), 微阵列杂交 (microarray hybridization)和高通量测序(NGS)^[9]。与基于杂交技术的 microarray 和 qPCR 相比,本研究采用的第二代测序技术能较好地解决芯片技术在检测小分子时遇到的技术难题,提供一个更为强大、精准、灵活的体系,并建立起研究 microRNA 基因谱兼具快速、高效和经济的新标准^[10]。本研究旨在利用收集的 PBMC 构建 microRNA 表达谱,并筛选差异性表达的 microRNA,为进一步研究 TAO 的发生发展机制寻找新的突破口。

证据表明 microRNA 的负向调控作用与免疫性眼病的病理过程有关。研究人员在实验性自身免疫性葡萄膜视网膜炎 (experimental autoimmune uveoretinitis, EAU) 的小鼠中发现,miRNA-142-5p 和 miRNA-21 显著升高,但 miRNA-182 明显降低,并推测这 3 个 microRNA 可能通过调控 IL-17 来参与 EAU^[11]。而 microRNA 的这种负调控作用可能是由于其直接或间接参与了固有和适应性免疫应答^[12],本研究筛选出 4 个 microRNA 可能直接或通过调控其靶基因来参与 TAO 的发生发展,还有待下一步探索。

目前本研究筛选出的 4 个 microRNA 功能研究较少涉及免疫炎症。其中 microRNA-19 属于 microRNA cluster 17-92,是其中调控 NF- κ B 炎症通路的最有效 microRNA,增加细胞内 microRNA-19 的表达会加剧风湿性关节炎患者早期纤维化滑膜细胞中 IL-6 和 IL-8 的表达^[13],有学者提出 X 染色体上的 microRNA-19 和 microRNA-18 可能参与调控女性免疫系统^[14]。Gupta 等^[15]用 microRNA 芯片筛选出慢性心衰患者 PBMC 中 microRNA-548 呈现明显低表达,并通过靶向分析等推断 PBMC 中标记的 microRNA-548 家族可用来检测早期心力衰竭。但此 2 个 microRNA 以及 microRNA-6718 与其他免疫性疾病或甲状腺疾病的相关研究均未见报道。Liu 等^[8]通过收集 Graves 病患者的 PBMC,利用 microRNA 芯片筛选出患病组与正常组差异明显的 microRNA 共 16 个,其中 miRNA-30c-2 在 GD 组中比正常对照组升高约 2 倍,这一趋势与本研究测序结果相似。而 Graves 病与 TAO 发病机制和临床表现有许多相似之处,因此我们假设 miRNA-30c-2 可能与

甲状腺的自身免疫有关。有报道指出 miRNA-30c-2 (miR-30c-2-3p)是适应性未折叠蛋白反应中的关键转录因子,能增加分泌容量并提高细胞存活率,直接调控内质网应激反应(ER Stress)^[16]。并且研究发现内质网应激反应在免疫细胞功能调控和免疫炎症反应性疾病的发病机制中起重要作用^[17]。

关于 TAO 的 microRNA 研究目前仍处于起步阶段。根据 Taganov 等^[18]证实 miR-146a 的产生依赖于 NF- κ B,且可负向调控 LPS-TLR4 信号通路的研究,杨文娟等^[19]用 qrt-PCR 检测对比 TAO 患者 PBMC 中 miRNA-146a,结果显示 TAO 患者比正常对照组显著下调。由此,根据本研究筛选结果,下一步致力于个别 microRNA 如 microRNA-30c 等的功能探索,有望找到确切相关的 microRNA,可能成为临床上甲状腺相关性眼病的特异诊断指标,甚至可成为治疗的新靶点。

志谢 温州医科大学基因组医学研究院吴金雨老师给予的帮助和支持

参考文献:

- [1] Bahn RS. Graves' ophthalmopathy[J]. N Engl J Med, 2010, 362: 726-738.
- [2] Naik V, Khadavi N, Naik MN, et al. Biologic therapeutics in thyroid-associated ophthalmopathy: translating disease mechanism into therapy[J]. Thyroid, 2008, 18: 967-971.
- [3] Mourits MP, Koornneef L, Wiersinga WM, et al. Clinical criteria for the assessment of disease activity in Graves' ophthalmopathy: a novel approach[J]. Br J Ophthalmol, 1989, 73: 639-644.
- [4] Witten DM TR. A comparison of fold-change and the t-statistic for microarray data analysis[D]. Palo Alto: Stanford University, 2007: 1-13.
- [5] Nguyen B, Gopinath B, Tani J, et al. Peripheral blood T lymphocyte sensitisation against calnexin and flavoprotein in patients with Graves' ophthalmopathy[J]. Autoimmunity, 2008, 41: 372-376.
- [6] Lau NC, Lim LP, Weinstein EG, et al. An abundant class of tiny RNAs with probable regulatory roles in *Caenorhabditis elegans*[J]. Science, 2001, 294: 858-862.
- [7] Bartel DP. MicroRNAs: genomics, biogenesis, mechanism, and function[J]. Cell, 2004, 116: 281-297.
- [8] Liu R, Ma X, Xu L, et al. Differential microRNA expression in peripheral blood mononuclear cells from Graves' disease patients[J]. J Clin Endocrinol Metab, 2012, 97: E968-972.
- [9] Git A, Dvinge H, Salmon-Divon M, et al. Systematic comparison of microarray profiling, real-time PCR, and next-generation sequencing technologies for measuring differential microRNA expression[J]. RNA, 2010, 16: 991-1006.
- [10] Xu G, Wu J, Zhou L, et al. Characterization of the small RNA transcriptomes of androgen dependent and independent prostate cancer cell line by deep sequencing[J]. PLoS One, 2010, 5: e15519.
- [11] Ishida W, Fukuda K, Higuchi T, et al. Dynamic changes of microRNAs in the eye during the development of experimental

- autoimmune uveoretinitis[J]. Invest Ophthalmol Vis Sci, 2011, 52:611-617.
- [12] Pedersen I, David M. MicroRNAs in the immune response[J]. Cytokine, 2008, 43:391-394.
- [13] Gantier MP, Stunden HJ, McCoy CE, et al. A miR-19 regulon that controls NF- κ B signaling [J]. Nucleic Acids Res, 2012, 40:8048-8058.
- [14] Gantier MP. X-chromosome-encoded microRNA-19 and -18 are possible modulators of female immunity[J]. Bioessays, 2013, 35: 671.
- [15] Gupta MK, Halley C, Duan ZH, et al. miRNA-548c: a specific signature in circulating PBMCs from dilated cardiomyopathy patients[J]. J Mol Cell Cardiol, 2013, 62:131-141.
- [16] Byrd AE, Aragon IV, Brewer JW. MicroRNA-30c-2* limits expression of proadaptive factor XBP1 in the unfolded protein response[J]. J Cell Biol, 2012, 196:689-698.
- [17] 钟河江, 杨天德. 内质网应激与免疫炎症反应的研究进展[J]. 重庆医学, 2012; 201-203+206.
- [18] Taganov KD, Boldin MP, Chang KJ, et al. NF- κ B-dependent induction of microRNA miR-146, an inhibitor targeted to signaling proteins of innate immune responses[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2006, 103:12481-12486.
- [19] 杨文娟, 班胜刚, 何剑峰. 甲状腺相关眼病患者外周血单个核细胞中微小 RNA-146a 的异常表达及意义[J]. 眼科新进展, 2012: 414-417.

(收稿日期:2014-06-05)

(本文编辑:季魏红,毛文明)

· 消息 ·

《中华眼视光学与视觉科学杂志》第二届编委会第一次会议在西安隆重召开

《中华眼视光学与视觉科学杂志》第二届编委会第一次会议于2014年9月19日在古城西安隆重召开。中华医学会杂志社石朝云副总编,温州医科大学校长、《中华眼视光学与视觉科学杂志》总编瞿佳教授,中华医学会眼科学分会主任委员、《中华眼科杂志》总编王宁利教授、《中华眼底病杂志》总编黎晓新教授、《中华实验眼科杂志》总编王丽娅教授,温州医科大学期刊社王小同社长,来自全国各地的100多位编委(通讯编委)出席本次会议。会议由《中华眼视光学与视觉科学杂志》副总编吕帆教授主持。

瞿佳总编致欢迎词,向前来参会的各位领导、各位专家、各位来宾表示热烈的欢迎。瞿总编指出,《中华眼视光学与视觉科学杂志》于2010年加入中华系列杂志,2012年由双月刊变更为月刊,这是挑战,更是机遇。我们群策群力,积极组稿,每期报道一至两个专题内容。在大家支持下,杂志取得了可喜的成绩,2010-2012年3年的影响因子平均值位居13种中文版眼科学术期刊第4位。但是,与同类优秀期刊比较,还有很大差距。我们将继续坚持办刊宗旨,及时、客观地报道眼视光学和视觉科学方面的新成果、新经验;贯彻“特色、创新、精品、引领”方针,再接再厉,开拓创新,努力争创一流期刊。

王宁利教授致辞,欢迎各位编委参会,对杂志所取得的成绩表示祝贺。同时希望其能办出特色,顺着眼视光学的方向将杂志越办越好,为我国眼视光学的发展作出贡献。

中华医学会杂志社石朝云副总编代表中华医学会杂志社向为杂志的发展做出重要贡献的总编、副总编、编委、审稿专家以及编辑部同仁致以深深的敬意。石总编宣布了中华医学会关于《中华眼视光学与视觉科学杂志》第二届编辑委员会组成人员名单和通讯编委组成人员名单。瞿佳教授为总编,王宁利、范先群、刘祖国、吕帆、孙兴怀、许迅、杨培增、阴正勤等八位教授为副总编。石总编向各位编委表示热烈祝贺。

编辑部主任王勤美教授向与会编委汇报了《中华眼视光学与视觉科学杂志》第一届编委会以来的工作,详细介绍了杂志具体情况,如栏目的设置、专题名称、第一作者单位地域分布、基金论文、论文发表时滞、近3年影响因子和被引频次、期刊网站建设、公众微信平台建设等以及存在问题和对策。

最后,各位编委畅所欲言,为杂志的发展建言献策。

会议掠影见前插6、前插7。