DOI:10.16016/j.1000-5404.1992.05.042

论文摘要

非何杰金氏淋巴瘤基因克隆性标记的研究*

张建中 晏良遂** （第三军医大学训练部病理学教研室）630038
白 炎** （军事医学科学院）100850

恶性淋巴瘤与反应性淋巴组织增生的病理学鉴别诊断及其分型一直存在着许多困难，虽然免疫表型分析有所帮助，但实际应用上仍有不足和局限性，应用分子生物学方法检测免疫球蛋白和 T 细胞受体基因重排可以克服表型分析和鉴别诊断中遇到的某些困难。为此，作者对形态学诊断明确的 27 例非何杰金氏淋巴瘤（NHL）新鲜标本和 51 例石蜡包埋组织进行了免疫表型分析。在此基础上，应用改良组织 DNA 提取方法，随机引物法标记高活性（$>10^9$ cpm/μg）^{32}P 基因探针和 Southern 印迹杂交，进行免疫球蛋白重链（IgH）、轻链（IgK）和 T 细胞受体 β 链（TCR_β）基因重排分析。结果显示，通过增加蛋白酶 K 和 SDS 浓度、延长孵育时间等改进，可以获得高质量的 DNA，确保了酶切的完全和杂交的准确；所检测的 31 例 NHL 中有 30 例（96.8%）出现 IgH 和/或 IgK 和/或/TCR_β 基因重排，其中 85.7% T 细胞免疫表型肿瘤出现 TCR_β 基因重排，100%B 细胞免疫表型 NHL 出现 IgH 和/或 IgK 基因重排，有 2 例（6%）出现 TCR_β 和 IgH 基因双重排；而良性反应性淋巴组织增生上述基因均保持胚系状态。提示基因重排分析对于淋巴瘤的克隆性、细胞源性的鉴定以及与反应性淋巴组织增生的区别等方面都具有重要价值。

此外，应用半重叠多聚酶链反应（PCR）扩增 IgH 基因重排，混合引物 PCR 扩增 TCRr 基因重排，并初步用于淋巴瘤的诊断与鉴别诊断。发现 77% 的 B-NHL 扩增出 IgH 基因重排的单克隆条带，91% 的 T-NHL 中扩增出 TCRr 基因重排条带。提示 PCR 技术对于鉴定淋巴瘤细胞克隆性及细胞源性亦有重要价值。同时还发现，4 例交界性淋巴组织增生（2 例假性淋巴瘤、1 例 AIBL、1 例淋巴结不典型增生）出现克隆性 IgH 或 TCRr 基因重排条带，其中 2 例分别于活检后 6 个月和 13 个月死于肿瘤。提示 PCR 扩增抗原受体基因重排对于此类病例的早期发现和治疗具有重要价值。与 Southern 印迹杂交相比，PCR 具有简便、快速等特点，不需要同位素，可广泛适用于石蜡切片、细胞学标本等多种材料的扩增，因而更具有临床实用价值。

总之，抗原受体基因重排是淋巴瘤分子水平的可靠的克隆性标记，是对形态学诊断和免疫表型分析的重要的补充。

关键词 非何杰金氏淋巴瘤；免疫球蛋白；T 细胞受体；基因重排；克隆性；Southern 印迹杂交；PCR 技术

* 国家自然科学基金资助项目

** 导师

大鼠内毒素性肺损伤中肺脏肾上腺素能受体的变化及机理研究

孙耕耘 毛宝龄 吕宝璋* （第三军医大学新桥医院呼吸中心）630037

采用放射性配基结合分析法，以[^{3}H]-哌唑嗪和[^{3}H]-双氢烯丙洛尔测定大鼠肺脏 α_1-和 β-肾上腺素能受体（α_1-AR 和 β-AR）。根据 Scatchard 公式计算受体的最大结合容量（Bmax）和平衡解离常数（K_D）。结果表明，大鼠肺脏含高密度 α_1-AR 和 β-AR。它们具有可饱和性、可逆性、高亲和力和立体专一性。

大鼠静注大肠杆菌内毒素诱导急性肺损伤后，α_1-AR 和 β-AR 的 Bmax 值分别降低 35% 和 43%。K_D 值无变化。该组静注伊文思蓝判定肺微血管通透性指数（PMPI），显著高于对照组和山莨菪碱等组（$P<$

?1994-2016 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net