



## 肾移植中 HLA 氨基酸残基配型模式的临床研究

张卫民 阎莉娜 于大海

**【摘要】 目的** 研究氨基酸残基配型在肾脏移植中的意义。**方法** 按氨基酸残基配型模式,对 395 例肾移植患者进行分析。**结果** 按各位点单一配型同氨基酸残基配型比较发现,A 位点从 0 MM 的 6.58%提高至 2 MM 的 29.11%,B 点从 0 MM 的 2.53%提高至 2 MM 的 20.0%,DR 位点从 0 MM 的 4.81%提高至 2 MM 的 15.95%,两种配型方法之间差异非常显著( $P < 0.01$ )。同样,综合 HLA-A、B、DR 六个位点亦是如此。**结论** 按照氨基酸残基配型将提高肾移植供受者的配合率,增加移植肾的存活率,降低排斥的发生率。

**【关键词】** 肾移植;HLA 组织配型;氨基酸残基配型模式;错配

**A clinical study of amino acid residues model in renal transplantation** ZHANG Weimin, YANG Lina, YU Dahai. Tianjin Third Central Hospital, Tianjin 300170

**【Abstract】 Objective** To study the clinical significance of amino acid residues model in renal transplantation. **Methods** To analyze the amino acid residues model in 395 cases of renal transplantation. **Results** The single location typing analysis found that the percentage of location A was increased from 6.58% to 29.11%; the percentage in location B was increased from 2.53% to 20.0%; while for another location DR, the percentage was increased from 4.81% to 15.95%. There was a significant difference between two typing methods ( $P < 0.01$ ). The same results were found in all the six locations. **Conclusion** The amino acid residues model typing method can increase matching ratio between donor and recipient in renal transplantation, and enhance the livability of the transplanted kidney and reduce the rejection probability.

**【Key words】** kidney transplantation; HLA specificity; amino acid residues model; mismatches

众所周知,肾移植中供受者之间良好的 HLA 配型对移植物的长期存活和减少排斥反应的发生具有重要的意义。但是由于 HLA 抗原的多态性,寻找供受者间良好的 HLA 配型是一种非常困难的事情,特别是对于一个没有很大的供受者群体来说。Takemoto 和 Terasaki<sup>[1]</sup>研究设立的氨基酸残基配型式,大大地提高了 HLA 组织配型的配合率。本文分析了 395 例移植供受者 HLA 配型和氨基酸基配型(Res M)情况,报告如下。

### 1 资料与方法

**1.1 研究对象** 1999 的 10 月至 2002 年 7 月于我市中心血站配型的肾移植供受者 395 例,男 246 例,女 149 例;年龄 17~71 岁,平均 41.8 岁。供受者之间的 ABO 血型相符,淋巴细胞毒试验均小于 5%。

**1.2 HLA 分型方法** 采用联合检测方法,Ⅰ类使用血清学方法;Ⅱ类使用聚合酶链式反应-序列特异性引物(PCR-SSP)方法。其 HLA 分型试剂为美国 One Lambda 公司生产。

**1.3 HLA-氨基酸残基配型** 采用 Takemoto 和 Terasaki 于 1996 年公布的为标准,见表 1<sup>[1]</sup>。

**1.4 统计学分析** 采用  $t$  检验。

### 2 结果

**2.1 比较 HLA 配型与氨基酸残基配型之间各位点单一配型的配合率,两者之间差异有显著性,见表 2。**

作者单位:300170 天津市第三中心医院(张卫民、于大海);天津市中心血站(阎莉娜)

表 1 Takemoto 和 Terasaki 的氨基酸残基配型模式

残基	HLA 组织配型特性
10-Residue model	
Q14	A10 A19 A25 A26 A31 A32 A33 A34 A43 A66 A74
H14	A1 A3 A11 A29 A36
K127	A2 A9 A23 A24 A28 A68 A69
T69-S77	B8 B14 B16 B39 B64 B65 B78
T41	B12 B13 B21 B40 B41 B44 B45 B47 B49 B50 B60 B61
H67	B5 B8 B35 B51 B53 B57 B78
S70	B17 B57 B58 B63
N80	A11 B7 B8 B14 B15 B16 B18 B22 B35 B39 B40 B41 B42 B45 B46 B48 B50 B54 B55 B56 B60 B61 B62 B64 B65 B67 B70 B71 B72 B75 B76 B78 B79
B83	A9 A23 A24 A25 A32 B5 B12 B13 B17 B21 B27 B37 B38 B44 B47 B49 B51 B52 B53 B57 B58 B59
A71-D74	B5 B7 B22 B27 B42 B46 B54
DR superotypic families	
DQ1	DR1 DR2 DR6 DR13 DR14 DR15 DR16
DQ2	DR3 DR7 DR17 DR18
DQ3	DR4 DR5 DR9 DR11 DR12 DR14
DQ4	DR8 DR18
DRB3	DR3 DR5 DR6 DR11 DR12 DR13 DR14 DR17 DR18
DRB4	DR4 DR7 DR9
DRB5	DR1 DR2 DR15 DR16

表 2 HLA 与 Res-A、B、DR 单一配型的关系

位点	A			B			DR		
	0 MM	1 MM	2 MM	0 MM	1 MM	2 MM	0 MM	1 MM	2 MM
HLA	65.8 * (26/395)	35.95 (221/395)	37.47 * (148/395)	2.53 * (10/395)	42.28 (167/395)	35.19 * (218/395)	4.81 * (19/395)	42.78 (169/395)	52.41 * (207/395)
Res-M	29.11 * (115/395)	61.27 (242/395)	9.62 * (38/395)	20.00 * (78/395)	45.06 (178/395)	39.94 * (156/395)	15.95 * (63/395)	50.13 (198/395)	33.92 * (134/395)

注: \*  $P < 0.01$

**2.2 比较 HLA 配型与氨基酸残基配型六个抗原配型的配合率,两者之间差异有显著性,见表 3。**