

第4届
国际免疫学会议
文摘选编 I

第四届国际免疫学会议 文摘选编 I

龙振洲 吴蔚
刘静仪 杨贵贞
程松高 章谷生
易有年
审校

人民卫生出版社

第四届国际免疫学会议

文献选编 I

龙 振 洲 等审校

人 民 卫 生 出 版 社 出 版

(北京市崇文区天坛西里10号)

北 京 印 刷 一 厂 印 刷

新华书店北京发行所发行

787×1092毫米32开本 11 $\frac{3}{8}$ 印张 4插页 244千字

1982年 2 月第1版第1次印刷

印数: 1-4,400

统一书号: 14048·4068 定价: 1.75元

ABSTRACTS

11th INTERNATIONAL CONGRESS OF IMMUNOLOGY
of the International Union of Immunological Societies (IUIS)
organised by the FRENCH SOCIETY OF IMMUNOLOGY

Editors J.L. REUD-NOMME
V.A.L. HAWKEN

CONGRESS ORGANISING COMMITTEE

president	J. Dausset
secretaries	J. F. Bach, F. Kourilsky
Treasurer	L. Degos
Members	S. Avrameas, C. Biozzi, A. Capron, P. A. Cazenave, M. Fougereau, W. H. Fridman, P. Galanaud, P. Lagrange, J. P. Levy, A. Peltier, J. Pillot, J. L. Preud'homme, J. P. Revillard, J. C. Salomon, M. Seligman, G. Voisin

IUIS representatives

M. Sela, J. Gergely, A. de Weck
PARIS FRANCE
21 ~ 26 July 1980

编 者 的 话

第四届国际免疫学会议于1980年7月21~26日在巴黎召开。会上印发了有19个主题的3763篇论文摘要汇编。内容丰富,涉及面广,包括由基础免疫学到临床免疫学各方面的内容,反映了当前免疫学的进展。值得向国内介绍,特选译1800余篇,未译的部分亦将题目附上供读者参考。

全书十九个主题,分五册出版:

第Ⅰ分册 一至五主题

第Ⅱ分册 六至九主题

第Ⅲ分册 十至十二主题

第Ⅳ分册 十三至十六主题

第Ⅴ分册 十七至十九主题

本书由中华医学会微生物与免疫学会秘书吴安然同志组织翻译、校阅,每一主题有专人负责审阅,全书未经统一审校,有不尽统一、错误、遗漏之处,请读者批评指正。每一主题审校者及专题译、校者姓名在有关分册之后统一列出,不再在每篇文摘后署名。

在19个单位158位同志的大力支持共同协作下,使本书得以按期脱稿,及时和读者见面,谨此一并致谢。

中华医学会微生物与免疫学会

主任委员 谢少文

中国医学科学院基础医学研究所

世界卫生组织免疫学研究和培训中心

主任 刘士廉

1981年3月

全 书 内 容

第 I 分册

- 第 一 主 题 免疫球蛋白的结构和免疫球蛋白基因的分子组成
- 第 二 主 题 个体基因型, 同种异型及网络调节
- 第 三 主 题 T 和 B 淋巴细胞的个体发生和分化
- 第 四 主 题 细胞协同作用
- 第 五 主 题 免疫应答性的遗传调控

第 II 分册

- 第 六 主 题 淋巴细胞抗原受体的表达和细胞活化机制
- 第 七 主 题 非抗原特异性受体
- 第 八 主 题 主要组织相容性复体 (MHC) 与其在免疫防御中的作用
- 第 九 主 题 病毒免疫—T 杀伤细胞 (包括同种异体反应性)

第 III 分册

- 第 十 主 题 肿瘤免疫学
- 第 十 一 主 题 天然免疫和巨噬细胞 (包括抗菌免疫)
- 第 十 二 主 题 在宿主寄生虫关系中的效应与逃避机制

第 IV 分册

- 第 十 三 主 题 速发型和迟发型超敏反应
- 第 十 四 主 题 自身免疫现象和免疫缺陷的机制
- 第 十 五 主 题 补体和免疫复合物
- 第 十 六 主 题 生殖和胚胎发育的免疫学

第 V 分册

- 第十七主题 免疫系统的调控
- 第十八主题 人类和实验免疫病理学
- 第十九主题 免疫学诊断和治疗技术

第I分册目录

第一主题	免疫球蛋白的结构和免疫球蛋白基因的分子组成	1
第1分题	免疫球蛋白 V 区的结构	2
第2分题	稳定功能区: 结构和功能	11
第3分题	免疫球蛋白的立体结构	23
第4分题	免疫球蛋白基因的结构	27
第5分题	配体诱导的抗体结构的构型变化	37
第6分题	免疫球蛋白的基因图	41
第二主题	个体基因型、同种异型及网络调节	45
第1分题	个体基因型决定簇	46
第2分题	同种异型的表达	61
第3分题	同种异型的表达	64
第4分题	同种异型的表达	72
第5分题	抗个体基因型的免疫调节	76
第6分题	抗原特异性 T 细胞受体	90
第三主题	T 和 B 淋巴细胞的个体发生和分化	97
第1分题	T 细胞的个体发生	98
第2分题	T 细胞抗原	115
第3分题	T 细胞的分化因子 (胸腺激素及上皮细胞微环境)	127
第4分题	与 T 细胞分化有关的 T 细胞亚类	140
第5分题	B 细胞的个体发生	153
第6分题	淋巴细胞的循环和回巢	172

第 7 分题	免疫受体的种系发生: 细胞和分子方面·····	186
第 8 分题	衰老的免疫生物学·····	192
第四主题	细胞协同作用·····	205
第 1 分题	膜受体和细胞协同作用·····	206
第 2 分题	体液反应中的 T 抑制细胞: 标志和作用机理·····	214
第 3 分题	T 细胞反应中的细胞协同作用(辅助作用)···	224
第 4 分题	T 细胞反应中的细胞协同作用(抑制作用)···	236
第 5 分题	非抗原特异性 T 细胞因子: 生物化学和作用机理·····	250
第 6 分题	巨噬细胞和巨噬细胞的因子在细胞协作中的作用·····	258
第 7 分题	人类系统中的细胞协作·····	268
第 8 分题	免疫耐受性的机理·····	295
第五主题	免疫应答性的遗传调控·····	305
第 1 分题	I 区基因在调节免疫应答方面的功能·····	306
第 2 分题	在特异性免疫应答的 Ir 基因控制中巨噬细胞 Ia 分子的作用·····	315
第 3 分题	T 细胞抑制的遗传控制·····	321
第 4 分题	具 I 区决定簇的抗原特异性辅助和抑制因子·····	325
第 5 分题	免疫应答性的多基因调节·····	333
第 6 分题	在对天然免疫原的免疫应答的多基因控制中 MHC 和其它基因的参与·····	340
第 7 分题	在对微生物与寄生虫感染的先天抵抗力和预防性免疫接种的功效中,免疫应答的遗传调控···	346
译、校者名单 ·····		353

第 一 主 题

免疫球蛋白的结构和免疫球 蛋白基因的分子组成

会议主席 J. D. CAPRA
M. FOUGEREAU

第 1 分题 免疫球蛋白

V 区的结构

专题会议主席 J.C.Jaton, S.Rudikoff

1.1.01 λ_2 可变区的结构。

T.Azuma, L.A.Steiner and H.N.Eisen, Dept. of Biology and Center for Cancer Research, MIF, Cambridge, MA.

大约 1% 的小鼠轻链具有和 MOPC 315 骨髓瘤蛋白轻链 (简称 λ_2) 相似的恒定区。已知 λ_2 轻链的 1~98 位氨基酸残基是由单一胚系基因 (a single germ-line gene) 编码的。为确定 λ_2 轻链可变区氨基酸序列多样性的程度和模式, 我们做了初步研究。目前, 已获得从第 88 位残基开始的 TEPC 952 骨髓瘤蛋白及杂交瘤 8~13 的 λ_2 轻链氨基酸序列。二者与 MOPC 315 轻链相比, 除在第 94~96 残基上以相应于胚系 DNA 序列的酪氨酸-丝氨酸-苏氨酸残基取代了 MOPC 315 的苯丙氨酸-精氨酸-天冬酰胺、以及 TEPC 952 轻链在第 99 位残基上以异亮氨酸取代了缬氨酸外, 它们与 MOPC 315 轻链的序列是相同的。由氨基酸组成的资料提示, TEPC 952 和杂交瘤 8~13 的轻链第 38 位残基均为相应于胚系 DNA 的缬氨酸, 而 MOPC 315 第 38 位残基则为异亮氨酸。这些结果表明, λ_2 可变区的多样性是体细胞突变过程所致。

1.1.02 人 Ig V λ 区氨基酸序列的特征性单型和会聚型

多发置换的鉴定。

S.M.Dumitresco(1), C.Rivat (2), L.Rivat-Peran(2), G.Lefranc(3), B.Rether(4) and R.Robineaux(1), (1).Inserm Unitè 104, Hôpital Saint-Antoine, F-75012 Paris, (2). Inserm Unitè 78, F-76230 Bois Guillaume, (3). Faculté de Pharmacie et de Médecine Dentaire, Monastir, Tunisie, (4).Institut de Biologie Moléculaire et Cellulaire, Université de Strasbourg, F-67000 Strasbourg.

本文对所获得的84个人Ig V_λ区一级结构资料进行了全组合 (general alignment) 内的比较 (=17个全部序列+67个部分序列)。把散布于同一V_λ区若干位点的一个相同的意外氨基酸残基的反复出现作为一个多发置换, 从25条轻链中鉴定出97个多发置换。这些多发置换中有33个属于单型, 即, 每条链包括2~4个散布于同一分子的完全相同的点置换。如, 在V_λI亚群Daw蛋白中, 第66位(丝氨酸→苏氨酸)+第71位(丝氨酸→苏氨酸)+第75位(丝氨酸→苏氨酸)+第79位(丝氨酸→苏氨酸)。这种单型多发置换分布于21条轻链中。另外64个多发置换属于会聚型, 即, 散布于同一分子上2~4个点置换中的任何一个, 都是以同样的氨基酸残基置换了各不相同的旧有残基。如, 在V_λIV亚群Bo蛋白中, 第41位(赖氨酸→精氨酸)+第78位(谷氨酰胺→精氨酸)+第109位(甘氨酸→精氨酸)。这种会聚型多发置换分布于24条λ轻链中, 其中有20条同时兼有单型多发置换。不管是按Hilschmann、或是按Kabat、还是按Dayhoff的意见考虑同源性问题, 上述发生于我们自己组合(our own alignment)中的几乎所有的多发置换, 在相同λ轻链的其它组合(alternative alignment)中同样可以予以鉴定。

1.1.03 发生于人 Ig V λ 区的特征性单型和会聚型多发置换的相对频率和置换倾向：对其可能的生物学意义的分析。

S.M.Dumitresco(1), C.Rivat(2), L.Rivat-Peran(2), G.Lefranc(3), B.Rether(4) and R.Robineaux(1), (1) Inserm Unité 104, Hôpital Saint-Antoine, F-75012 Paris, (2) Inserm Unité 78, F-76230 Bois-Guillaume, (3) Faculté de pharmacie et de Médecine Dentaire, Monastir, Tunisie, (4) Institut de Biologie Moléculaire et Cellulaire, Université de Strasbourg, F-67000 Strasbourg.

将所测人的所有 5 个 V λ 亚群的内部多样性相加，共得到 403 个氨基酸残基的置换，其中 227 个，即占 403 的 3/5，含有 97 处多发置换；在 227 个多发置换中，有 76 个，即占 227 的 1/5，属于单型，其余的 151 个，即占 227 的 2/5，属于会聚型。由此看来，仍用相同残基的巧合或用位于同一 λ 链上各自孤立的残基置换来简单地解释这种多发置换发生的频繁现象，是不足以说明问题的。在人类，这些现象可能揭示了 V λ 多样性的一种新型别和机制，如同细菌中所报告的那样，它记忆着“错义抑制”(missense suppression)表现型的表达，且提示了对浆细胞 tRNA 基因的结构和特殊作用。

单型多发置换是由三联体密码（遗传学常称之为单词，word）中一个碱基对（遗传学常称之为字母，one-letter）的改变所致（只有一个苏氨酸 $\rightarrow$ 谷氨酰胺置换是例外），它不涉及以下 5 个氨基酸：甲硫氨酸、色氨酸、半胱氨酸、组氨酸和脯氨酸。在会聚型多发置换中，发生于全部 V λ 链组合上的以下氨基酸残基的显著增加是主要的置换倾向，它们是：丝氨酸（+29）、精氨酸（+28）、丙氨酸（+18）、甘氨

酸 (+16)、组氨酸 (+13)、苏氨酸 (+13) 和天冬酰胺残基 (+10)。

1.1.04 T15个体型抑制的 BALB/C 小鼠的磷酸胆碱 (PC) 结合性杂交瘤蛋白。

Hans P. Kocher, Claudia Berek, Max H. Schreier, Humberto Cosenza and J.-C. Jaton, Dept. Path., Univ. of Geneva, Geneva, and Basel Institute for Immunology, Basel, Switzerland.

本文对不具有 T15 个体型的单克隆杂交瘤 IgM 和 IgG PC 特异性抗体 V 区的前 40 个氨基酸残基进行了分析。其 H 链 N 末端或是与所有已知 PC 结合性骨髓瘤蛋白 (PCBMP) 相同, 或是在两种 IgM 抗体中带有未曾遇到过的同种型标记。这种新的同种型标记抗体的第一个高变区与所有已知的 PC-BMP 的第一高变区不同。其 L 链 V 区都是 PCBMP 中不带 T15 的 V_{κ} 同种型。然而, 来自一个 IgG 分子的 L 链则表达出一种与 T15 型 V_{κ} 相关的同种型, (在氨基酸骨架中有 3 个置换, 其中 1 个在第一高变区)。资料证明, 在 PC-BMP 中, 未曾遇到的新的 V_H - V_L 组合和其中全部已知的 V_H - V_L 组合同样地得以表现出来, 并且, 有限数量的 V_H 和 V_L 区可拼凑产生各种不同 PC 特异性抗体。

1.1.05 人 IgG 骨髓瘤蛋白 (Mot) λ 链的一种可能的新亚群。

M. Kojima, Dept. Biochem. Niigata Univ. and Cancer center Niigata Hosp., Niigata, Japan.

从多发性骨髓瘤病人血浆中分离出一种具有不常见抗原

性的IgG 1(λ), 这种蛋白质与大多数市售的抗 λ 抗血清不形成沉淀线, 且制备的抗Mot L链抗血清与许多其它IgG(λ)及 λ 型本周氏蛋白不发生反应。

尽管Mot L链V区的氨基酸序列分析显示与 λ 链的IV、V亚群有密切关系, 可是一些与IV、V亚群有关的氨基酸残基在Mot L链中已被置换。Mot L链N末端具有一个前未述及的3个残基的延伸部分(丙氨酸-苏氨酸-苯丙氨酸), 这可能是信号肽链的一部分。以上结果充分表明, Mot L链可能属于人 λ 链的一个新亚群。

检测蛋白质的氨基酸序列和三级结构的关系提示, Mot L链中氨基酸的置换几乎仅仅发生在其分子表面, 这可以解释Mot L链的不常见的抗原性。

恒定区的部分氨基酸序列表明, Mot L链所具有的Mcg(+)、Kern(+)、oz(-)、Mz(-)是其同种型标记。

1.1.06 抗人V_H段抗血清的反应性。

Terje E. Michaelsen and Tor Lea, Dept. of Immunology, National Inst. of Publ. Health, Oslo and Inst. of Immunology and Rheumatology, Oslo.

用从人IgG 3、K(KUP)骨髓瘤蛋白中分离出的纯化V_H片段, 免疫家兔、绵羊和鸡, 采用敏感的酶连免疫吸附试验(ELISA)研究其抗血清的反应性。所有抗血清均与完整的KUPIgG及正常IgG、分离的KUP重链和正常重链、以及KUP-V_H片段发生反应, 但是, 它们既不与KUP轻链, 也不与正常轻链发生反应。经正常混合IgG吸收后的抗血清仍与分离的重链及V_H片段起反应。由此看来, 此抗血

清可检测两组抗原决定基,其一组既存在于游离的 V_H 片段上,也存在于轻链结合的 V_H 片段上,而另一组则只存在于游离的 V_H 片段上。用碘化乳过氧化物酶法 (lactoperoxidase iodination)、继之用膜溶解法、用吸收的抗 V_H 抗血清的免疫沉淀法及最后应用聚丙烯酰胺凝胶电泳,在正常人 T 淋巴细胞表面也可以检测到上述第二组抗原决定基。

1.1.07 酶连免疫吸附抑制试验测定人 Ig V_H 区的新抗原决定基。

E. Olsen, Ø. Følre & J. B. Natvig, Institute of Immunology and Rheumatology, Rikshospitalet, Oslo, Norway.

兔抗人单克隆 Ig (IgG4, κ , V_H II) 抗血清经充分吸收后,显示出抗 V_H 区抗原决定基的反应性。在 46 个单克隆的包括所有类别的人 Ig 中,有 8 个可以检测到相似的決定基。它们由 1 个 IgG1, 1 个 IgG3、2 个 IgG4、2 个未知亚类的 IgG、2 个 IgA 和 1 个 IgM 组成,既有 κ 链,又有 λ 链。用混合的正常 IgG 检测出此决定基存在于整个 IgG、F(ab) 和分离出的 H 链上,而分离出的 L 链, Fc 段则是阴性。除了用 Ig 片段所做的对照试验结果之外,共同的抗原决定基分布于 Ig 各类和 IgG 各亚类 V_H 区。抗原决定基的本质尚不清楚,但是,它们似乎与共同的骨架结构或迄今确定的所有 V_H 亚群决定基无关。目前,工作仍在进展,以期揭示决定基是否与异型结构有关。

1.1.08 各类、各亚类同源 Ig 重、轻链分析。600 个病人的分析。

A. J. Pick, F. Skvaril, A. C. Wang, H. Fudenberg-Tel

Aviv Univ. Isreal, Univ. of Bern, S. Switzerland, Univ. South Carolina, Charleston, U.S.A.

从筛选的 40000 份血清中, 获得了 600 份 (占 1.5 %) 具有单细胞系免疫球蛋白成分 (MC) 的血清, 其中 γ 型 MC 占 69%, α 型占 20%, μ 型占 11%。各亚类 H 链中, 86% 为 γ_1 , 8% γ_2 , 4% γ_3 , 2% γ_4 。IgA MC 中 97% 为 α_1 , 3% α_2 。在 BMG 和 MM 中, κ/λ 之比变动范围为 1.5/1 ~ 2/1, 而在淀粉样变性病中则倒置 (0.8/1)。35 例上皮肿瘤病人血清 MC 中 86% 为 γ 型 (90% γ_1 , 3% γ_2 , 3% γ_3 , 4% γ_4), 14% 为 α 型。结肠癌病人的 2 个 MC 为 γ -V κ -2, H-III, 其 N 末端氨基酸序列表明第一高变区的同源性明显高于 86%。制备的抗其中之一抗个体型抗体血凝、血凝抑制试验效价很高 (1:32000)。用共同的结构上和功能上的特性对 MC L、H 链的类、亚类进行分析, 是一件重要的、初步的 MC 测定工作。

1.1.09 Tentative Localization of Subgroup and Intra-Subgroup Specific Antigenic Determinants on Human Immunoglobulin Lambda-Chain Variable Region Sequences. Liliane Rivat-Peran(1), S.M. Dumitresco (2), C. Rivat(1), F.W. Tischendorf(3), M.M. Tischendorf(3), H. Haas(3) and H.F. Deutsch(4). (1) Inserm Unité 78, 76230-Bois - Guillaume; (2) Inserm Unité 104, Hôpital St-Antoine, 75012-Paris; (3) Department of Clinical Chemistry, Städt. Krankenanstalten Esslingen, Un. of Tübingen, Germany and (4) Department of Physiological Chemistry, Un. of Wisconsin, Madison, U.S.A.