

[文章编号] 1671-587X(2012)02-0202-05

Smad2/3/4 真核表达质粒的构建及重组蛋白表达

张红艳¹, 王春玉¹, 姚远², 李彦姝¹, 王迪¹, 李丰¹

(1. 中国医科大学细胞生物学教研室 卫生部细胞生物学重点实验室 教育部医学细胞生物学重点实验室
辽宁沈阳 110001; 2. 辽宁省人民医院消化内科, 辽宁沈阳 110016)

[摘要] 目的: 构建 pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4 真核表达质粒, 证实融合蛋白在细胞内表达。方法: 以 pcDNA3.1-Smad2/3 和 pGEX2T-Smad4 质粒为模板, 设计特异性引物, PCR 扩增 Smad2/3/4 全长编码基因, 亚克隆至含有 pcDNA3.1myc-HisA 标签的真核表达载体中。将构建的重组质粒测序并转染到人胚胎肾细胞 HEK293 中, 提取细胞蛋白进行 Western blotting 检测。结果: Smad2/3/4 全长基因序列克隆到真核表达载体 pcDNA3.1myc-HisA 中, 酶切鉴定片段为 1 401、1 275 和 1 656 bp。Western blotting 检测到融合蛋白 pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4 的表达。结论: 成功构建 pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4 真核表达质粒, 同时鉴定其融合蛋白的表达。

[关键词] Smad; 蛋白免疫印迹; 融合蛋白

[中图分类号] Q291 **[文献标志码]** A

Construction of recombinant plasmid pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4 and its protein expression

ZHANG Hong-yan¹, WANG Chun-yu¹, YAO Yuan², LI Yan-shu¹, WANG Di¹, LI Feng¹

(1. Department of Cell Biology, Key Laboratory of Cell Biology, Ministry of Public Health, Key Laboratory of Cell Biology, Ministry of Education, China Medical University, Shenyang 110001, China;
2. Department of Gastroenterology, People's Hospital of Liaoning Province, Shenyang 110016, China)

Abstract: Objective To construct the expression plasmid of pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4 and identify its fusion protein expression. Methods pcDNA3.1-Smad2/3 and pGEX2T-Smad4 were used as templates, and the special primers were designed. The Smad2/3/4 coding sequence was amplified by polymerase chain reaction (PCR) method and subcloned into pcDNA3.1myc-HisA vector. After the target region was sequenced, the plasmid was transfected into HEK293 cell line. The expression of the recombinant plasmid in HEK293 cells was detected by Western blotting. Results Smad2/3/4 was constructed into expression vector pcDNA3.1myc-HisA successfully. The lengths of the fragments were 1 401, 1 275 and 1 656 bp, and they were identified by restriction enzymes digestion. The expression of pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4 fusion protein was proved by Western blotting. Conclusion The eukaryotic expression plasmid pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4 is successfully constructed, and the expression of pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4 fusion protein is identified.

Key words: Smad; Western blotting; fusion protein

转化生长因子 β (TGF- β)超家族是一类作用繁多的细胞因子, 参与细胞增殖、分化、细胞外基质

[收稿日期] 2011-12-01

[基金项目] 国家自然科学基金资助课题(31171360, 30900752, 30800415); 教育部博士点基金资助课题(20102104110016)

[作者简介] 张红艳(1981—), 女, 内蒙古自治区通辽市人, 实验师, 医学硕士, 主要从事肿瘤信号转导通路的研究。

[通信作者] 李丰(Tel: 024-23256666-5347, E-mail: fli@mail.cmu.edu.cn)

改建及胚胎发育等多种细胞活动, 并在多种疾病尤其是肿瘤、纤维变性类疾病及自身免疫性疾病的发生中扮演着重要角色^[1-2]。TGF-β 超家族包括 TGF-β、骨形态发生蛋白 (BMP) 和活化素 (activins) 等亚类, 可以通过激活多个下游信号通路行使其功能, 其中 Smads 信号通路被认为是最关键的。Smads 蛋白家族包括 8 个成员, 分为 R-Smads, Co-Smad 和 I-Smads 3 类^[3]。R-Smads 包括 Smad1/2/3/5/8, 能够与受体结合并被受体磷酸化而激活; Co-Smad 指 Smad4, 能够与活化的 R-Smads 结合形成复合体, 该复合体可进核结合 DNA 并与多种转录辅因子共同作用调控基因转录; I-Smads 包括 Smad6/7, 作为 R-Smads 的竞争性抑制子, 负向调控 TGF-β 通路。TGF-β 信号通路受精密的调控, 不同的上游配体激活不同的下游分子。TGF-β1 属于 TGF-β 超家族的 TGF-β 亚类, Smad2/3/4 参与该信号通路。Smad2/3/4 在细胞质中与多种蛋白相互作用, 如 SARA^[4] 和 PDK1^[5] 等。作为 TGF-β1 通路的重要下游蛋白, Smad2/3/4 与某些相互作用蛋白的结合受 TGF-β1 调控。在 TGF-β1 作用下, PDK1 与 Smad2/3/4 的结合减弱^[5]; 而 Smad2 与 SARA 的结合依赖于 TGF-β1 刺激^[4]。本研究旨在利用基因重组技术构建 pcDNA3.1myc-HisA Smad2/3/4 真核表达质粒, 使用标签抗体建检测 Smad2/3/4 在细胞中的表达, 同时使用标签抗体进行免疫沉淀, 质谱分析 Smad2/3/4 新的相互作用蛋白, 进一步探索其生

物学功能及在 TGF-β 信号通路中的功能。

1 材料与方法

1.1 菌株、细胞和质粒 大肠杆菌 DH5α 感受态为本实验室制备; HEK293 细胞为本实验室保存; pcDNA3.1myc-HisA 载体购自 Invitrogen 公司, pcDNA3.1-Smad2/3 受赠于 Sabelle van Seuningen 教授, pGEX2T-Smad4 受赠于 Koichi Shimada 教授。

1.2 试 剂 Pyrobest™ DNA polymerase、dNTP、限制性核酸内切酶 EcoR I 和 Kpn I 均购自大连 TaKaRa 公司; 质粒提取及 DNA 电泳凝胶回收试剂盒购自 Promega 公司; DNA 和蛋白 marker 购自 GenScript 公司; T4 DNA 连接酶购自 NEB 公司; Myc 抗体购自 Santa 公司; HRP 标记的羊抗鼠 IgG 购自北京中杉金桥公司; 引物合成和 DNA 测序测定由 Invitrogen 公司完成; Lipofectamine 2000 购自 Invitrogen 公司; DMEM 及胎牛血清购自 Gibco 公司; ECL 发光试剂盒购自 GE Healthcare 公司; 其他试剂均为国产分析纯。

1.3 Smad2/3/4 全长基因扩增 设计 Smad2/3/4 扩增的 PCR 引物, 并在引物中加入 EcoR I 和 Kpn I 2 个限制性酶切位点。引物序列见表 1。以质粒为模板, 利用 pyrobest 酶, 通过 PCR 扩增, 获得 Smad2/3/4 全长编码序列。

表 1 引物序列及酶切位点

Tab. 1 Primer sequence and restriction enzyme cutting site

Vector name	Primer sequence and restriction enzyme cutting site
pcDNA3.1myc-HisA (Smad2)	Kpn I F 5'-ATTGGGGTACCCACCATGTCGCCATCTTGCCA-3' EcoR I R 5'-CGGCCGGAATTCTGACATGCTTGAGCAACGAC-3'
pcDNA3.1myc-HisA (Smad3)	Kpn I F 5'-ATTGGGGTACCCACCATGTCGCCATCCTGCCT-3' EcoR I R 5' CGGCCGGAATTTCAGACACACTGGAACAGCGGAT-3'
pcDNA3.1myc-HisA (Smad4)	Kpn I F 5'-CGGCCGGTACCCACCATGGACAATATGTCTAT-3' EcoR I R 5'-CGGCCGGAATTCTGCTAAAGTTGTGGTCTGC-3'

1.4 pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4 表达载体的构建 将 pcDNA3.1myc-HisA 载体和 Smad2/3/4 PCR 片段用 EcoR I 和 Kpn I 双酶切后, 酶切产物经琼脂糖凝胶电泳分离, 凝胶回收纯化产物。回收产物摩尔比按照 1:5(载体:片段)比例, 利用 T4 DNA 连接酶, 将 2 个片段常温连接 2 h, 然后

16℃ 连接过夜, 取 5 μL 连接产物转化到 DH5α 大肠杆菌感受态细胞中, 涂于 LB/Amp 平板, 37℃ 培养过夜。挑取菌落, 接种于含氨苄西林的 LB 培养基中, 37℃ 振荡过夜。一部分菌液用来保存菌种, 另一部分用碱裂解法提取质粒 DNA, 用 EcoR I 和 Kpn I 双酶切鉴定外源基因的插入, 质

粒DNA送Invitrogen公司进行测序分析。

1.5 pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4瞬时转染HEK293细胞系

HEK293细胞用10%胎牛血清的高糖DMEM高糖培养基培养,细胞铺于6孔板至70%~80%融合,按照Invitrogen公司提供的Lipofectamine 2000转染6孔板的说明书进行操作。

1.6 蛋白质提取与Western blotting鉴定 转染24 h后,弃掉培养基,用PBS清洗2次。在细胞中加入60 μL含有蛋白酶抑制剂的RIPA裂解液,用橡皮刮刀将细胞缓慢刮下。收集所有液体至新的离心管中,冰上放置10 min,裂解细胞。13 000 g、4℃离心30 min,将上清转到新的离心管中,取上清5 μL,利用考马斯亮蓝G250染液和0.5 g·L⁻¹BSA,绘制标准曲线,测量595 nm的吸光度(A)值,以结果做直线回归方程:Y=aX+b。测量蛋白样品与对照在595 nm的A值,差值代入标准曲线方程,求出相应蛋白浓度。

将蛋白定量后,取80 μg总蛋白经10%SDS-PAGE凝胶分离,4℃过夜,40 V恒压转移到PVDF膜上,5%脱脂奶粉封闭1 h。用Flag抗体(1:1 000稀释)室温孵育2 h,然后TBST洗膜3次,每次10 min。再用辣根过氧化物酶标记的羊抗鼠(1:5 000稀释)二抗孵育2 h,然后TBST洗膜3次,每次10 min。ECL显影,Western blotting成像系统采集图像。

2 结果

2.1 PCR扩增Smad2/3/4基因全长 以pcDNA3.1-Smad2/3和pGEX2T-Smad4质粒为模板,特异性引物进行PCR扩增Smad2/3/4基因全长。扩增条件为95℃、5 min预变性;95℃、1 min,55℃、1 min,72℃、1 min,进行30个循环;72℃、10 min,温度降至4℃。1%琼脂糖凝胶电泳,溴化乙啶染色后,在紫外灯下观察结果。见图1。

2.2 重组质粒pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4的构建及鉴定 每个质粒挑取2个克隆,将重组质粒pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4用EcoRI和KpnI双酶切后,图2中1和2泳道为Smad2,得到5 400和1 401 bp的2条带;3和4泳道为Smad3,得到5 400和1 275 bp的2条带;5和6泳道为Smad4,5泳道得到5 400和1 656 bp的2条带,6泳道未得到目的片段。重组质粒的酶切鉴定表明质粒构建成功,经过测序分析,外源系列

在NCBI-Blast比对结果与Smad2/3/4编码序列一致。

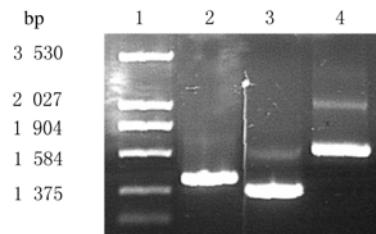


图1 Smad2/3/4基因PCR产物的扩增

Fig. 1 Amplification of the PCR products of Smad2/3/4
Lane 1:DNA marker;Lane 2: PCR product of Smad2;Lane 3: PCR product of Smad3;Lane 4: PCR product of Smad4.

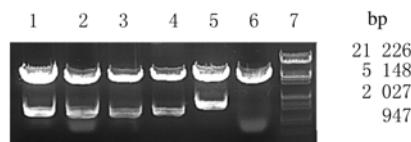


图2 重组质粒pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4酶切分析

Fig. 2 Restrictive enzyme digestion analysis of the recombinant plasmid pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4
Lane 1, 2: pcDNA3.1myc-HisA-Smad2; Lane 3, 4: pcDNA3.1myc-HisA-Smad3; Lane 5, 6: pcDNA3.1myc-HisA-Smad4 ; Lane 7: DNA marker.

2.3 Western blotting检测蛋白表达 分别将pcDNA3.1myc-HisA空载和pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4转染HEK293细胞,24 h后收集细胞,提取蛋白,经SDS-PAGE凝胶电泳,Western blotting检测蛋白表达,转染pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4,有一明显条带(图3),空载体对照组未出现反应条带,结果表明构建的真核表达质粒在HEK293细胞中表达。

3 讨论

TGF-β对上皮细胞生长有抑制作用。在肿瘤早期,可以抑制肿瘤的发生。但是,在肿瘤晚期,TGF-β1的生长抑制作用被限制,并通过引起细胞的上皮向间质转化促进癌细胞迁移和侵袭^[6]。一些肿瘤中存在TGF-β信号通路蛋白(如TβRⅡ,Smad4)的突变,从而逃避TGF-β引起的生长抑制。利用细胞系进行研究发现:仅40%的胃癌细胞中存在TGF-β信号通路蛋白的突变,但在外源转入突变蛋白对应的野生型蛋白后,其中75%的

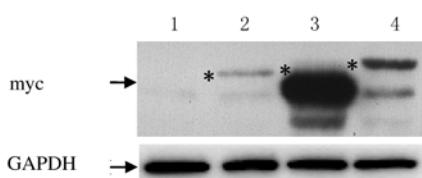


图 3 Western blotting 检测 pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4 融合蛋白在 HEK293 细胞中的表达

Fig. 3 Expressions of pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4 fusion proteins in HEK293 cells detected by Western blotting

Lane 1: pcDNA3.1myc-HisA vector; Lane 2: pcDNA3.1myc-HisA-Smad2; Lane 3: pcDNA3.1myc-HisA-Smad3; Lane 4: pcDNA3.1myc-HisA-Smad4; * target protein.

细胞仍然不能恢复对 TGF- β 的反应性, 这提示胃癌细胞内存在重要的 TGF- β 通路抑制因子。有学者^[7-8]发现一些 TGF- β 通路的抑制因子, 如在骨髓瘤中 CDK2 通过磷酸化 Smad2 的 MH1 区破坏 TGF- β 引起的转录调节功能; Cam kinase II 通过磷酸化 Smad2/3/4 抑制 TGF- β /Smads 的转录调节功能; PKB 通过结合 Smad3 抑制其转录活性及核转位。但是, 还可能存在未被发现的 TGF- β 通路抑制因子。

经典的 Smads 信号通路是 TGF- β 作为配体与相应膜受体结合, 进而激活相应下游信号蛋白 Smads, 行使对应的生物学功能, 形成一个严格而精密的信号网络。TGF- β 1 属于 TGF 超家族的 TGF 亚类, 能够结合并激活细胞膜上的 TGF- β 受体 II (T β R II), 活化的 T β R II 进而结合并磷酸化同样位于细胞膜上的 TGF- β 受体 I (T β R I, AKL5)。具有活性的受体复合体形成后, 细胞质内的 Smad2/3 C 末端的 SSXS 序列被 T β R I 磷酸化, 与 Smad4 形成复合体, 进入细胞核并行使基因转录调控功能^[9]。

最近有研究表明: 虽然经典的 Smads 作用是由 R-Smads 与 Smad4 形成复合体来完成, 但也存在不依赖 Smad4 的情况。在角质细胞中, IKKalpha 能够结合 Smad2/3 并促进 Mad1、Mad2 等介导 TGF- β 引起的细胞生长抑制基因的表达, 这种促进不依赖于 Smad4^[10]。在造血干细胞中, 核蛋白转录中介因子 1 γ (TIF1 γ)能够与 Smad4 竞争和 Smad2/3 的结合, 介导 TGF- β /Smads 引起的不同作用: Smad2/3-TIF1 γ 介导细胞分化, 而

Smad2/3-Smad4 介导细胞的生长抑制^[11]。

目前, 肿瘤已经成为威胁人类健康的重要疾病, 其发病率逐年上升, 但其发生发展的分子机制仍未完全阐明, TGF- β /Smads 信号转导通路在机体组织中生物学作用广泛, 与肿瘤的发生发展密切相关。因此, 本实验利用 DNA 重组技术将 Smad2/3/4 重组到 pcDNA3.1myc-HisA 载体中, 通过酶切和测序保证扩增片段的正确性, 并采用 Western blotting 方法证实融合蛋白的表达。融合蛋白中含有 myc 标签, 可用于目标蛋白的纯化和检测。

综上所述, 本实验成功构建 pcDNA3.1myc-HisA-Smad2/3/4 真核表达质粒, 为进一步研究其在信号转导通路中的作用提供了实验基础。

〔参考文献〕

- [1] Lin X, Chen Y, Meng A, et al. Termination of TGF-beta superfamily signaling through SMAD dephosphorylation—a functional genomic view [J]. J Genet Genomics, 2007, 34(1): 1-9.
- [2] Wrighton KH, Lin X, Feng XH. Phospho-control of TGF-beta superfamily signaling [J]. Cell Res, 2009, 19(1): 8-20.
- [3] Brown KA, Pietenpol JA, Moses HL. A tale of two proteins: differential roles and regulation of Smad2 and Smad3 in TGF- β signaling [J]. J Cell Biochem, 2007, 101(1): 9-33.
- [4] Runyan CE, Schnaper HW, Poncelet AC. The role of internalization in transforming growth factor beta-induced Smad2 association with Smad anchor for receptor activation (SARA) and Smad2-dependent signaling in human mesangial cells [J]. J Biol Chem, 2005, 280(9): 8300-8308.
- [5] Seong HA, Jung H, Kim KT, et al. 3-phosphoinositide-dependent PDK1 negatively regulates transforming growth factor-beta-induced signaling in a kinase-dependent manner through physical interaction with Smad proteins [J]. J Biol Chem, 2007, 282(16): 12272-12289.
- [6] Wakefield LM, Roberts AB. TGF-beta signaling: positive and negative effects on tumorigenesis [J]. Curr Opin Genet Dev, 2002, 12(1): 22-29.
- [7] Baughn LB, Di Liberto M, Niesvizky R, et al. CDK2 phosphorylation of Smad2 disrupts TGF-beta transcriptional regulation in resistant primary bone marrow myeloma cells [J]. J Immunol, 2009, 182(4): 1810-1817.
- [8] Remy I, Montmarquette A, Michnick SW. PKB/Akt modulates TGF-beta signalling through a direct interaction with Smad3 [J]. Nat Cell Biol, 2004, 6(4): 358-365.
- [9] Schmierer B, Hill CS. TGFbeta-SMAD signal transduction: molecular specificity and functional flexibility [J]. Nat Rev Mol Cell Biol, 2007, 8(12): 970-982.
- [10] Descargues P, Sil AK, Sano Y, et al. IKKalpha is a critical coregulator of a Smad4-independent TGFbeta-Smad2/3

- signaling pathway that controls keratinocyte differentiation [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2008, 105(7): 2487-2492.
- [11] He W, Dorn DC, Erdjument-Bromage H, et al. Hematopoiesis controlled by distinct TIF1gamma and Smad4 branches of the TGFbeta pathway [J]. Cell, 2006, 125(5): 929-941.

骨疏康配合手法治疗骨质疏松症并发颈椎病 60 例疗效观察

天津中医药大学第一附属医院骨科(天津 300193) 赵冀伟

1 资料与方法

1.1 一般资料 180 例患者选自本院骨伤科 2009 年 10 月—2011 年 2 月门诊患者。纳入标准: ①骨质疏松症诊断标准参照世界卫生组织推荐的骨质疏松症诊断标准; 颈椎病诊断标准依据文献制定, 包括颈肩背部疼痛不适、头晕、头痛或伴有手臂麻木、酸胀、拘急以及恶心、视物模糊等临床症状; 颈椎 X 光片示有退行性改变; 同时伴有一些全身症状, 如腰膝酸软、四肢无力或耳鸣、形寒肢冷等; ②年龄 50~68 岁; ③临床观察前 4 周内未接受同类药物治疗者。病例排除标准: ①并发病心、脑血管、肝、肾、造血系统及内分泌系统等严重原发性疾病及精神病患者; ②非颈椎退行性变所致的以上肢疼痛为主的疾患, 如腕管综合征、肩周炎等; ③有药物过敏史; ④正在使用其他抗骨质疏松药物治疗者。凡有上述情况之一者不予入选。所有患者随机分为 3 组: 治疗组 60 例, 男性 8 例, 女性 52 例, 年龄 52~68 岁, 平均 62.8 岁; 手法对照组 60 例, 男性 6 例, 女性 54 例, 年龄 50~68 岁, 平均 61.7 岁; 药物对照组 60 例, 男性 7 例, 女性 53 例, 年龄 51~67 岁, 平均 63.8 岁; 3 组患者在性别、年龄方面差异无显著性 ($P>0.05$), 具有可比性。

1.2 治疗方法 治疗组: 服用骨疏康冲剂(辽宁东港康辰医药发展有限公司生产, 批号 Z20003255), 每日 2 次, 每次 10 g, 温开水送服, 连服 3 个月, 同时配合手法治疗每日 1 次。①放松手法: 患者取坐位, 在颈椎棘突两侧及双侧肩背部, 做按揉法, 使颈部肌肉放松, 解除痉挛。②拔伸手法: 患者取坐位, 术者立于患侧, 一手托住患者下颌, 一手扶住患者后枕部, 两手同时向上缓缓用力拔伸, 当拔伸到最高限度时, 使头向左右旋转 3~4 次。③整理手法: 患者取坐位, 放松颈肩部, 术者立于患者后方轻揉颈肩部, 理顺肌肉, 帮助患者做前屈、后伸、侧屈及旋转运动。手法对照组: 采用与治疗组同样的手法治疗, 每日 1 次, 治疗 3 个月。药物对照组: 服用骨疏康冲剂, 每日 2 次, 每次 10 g, 温开水送服, 连服 3 个月。

1.3 检测指标 采用双能 X 线骨密度检测仪检测腰椎部位的骨密度。生化法检测碱性磷酸酶(ALP), 酶法测定抗酒石酸盐酸性磷酸酶(TRAP)。观察治疗前后症状改变状况, 治疗前后拍摄颈椎正侧位片, 观察颈椎退变改善程度。

1.4 统计学分析 采用 SPSS 11.5 统计软件进行统计分析, 计量数据以 $\bar{x} \pm s$ 表示, 用药前后比较采用配对 t 检验, 计数资料组间比较采用 χ^2 检验, 等级资料采用 Ridit 分析。

2 结 果

2.1 疗效评定标准 显效: 临床症状消失或明显好转, X 线颈椎退变未见加重, 骨密度有提高; 有效: 临床症状有好转, X 线颈椎退变未见明显变化, 骨密度无变化; 无效: 临床症状无好转, X 线颈椎退变加重, 骨密度降低。

2.2 治疗结果 治疗组显效 52 例, 有效 6 例, 无效 2 例, 总有效率 96.7%; 手法对照组显效 2 例, 有效 48 例, 无效 10 例, 总有效率 83.3%; 药物对照组显效 6 例, 有效 45 例, 无效 9 例, 总有效率 85.0%; 治疗组总有效率高于手法对照组和药物对照组 ($P<0.05$)。治疗组与药物对照组患者骨密度($g \cdot cm^{-2}$)治疗后(0.832 ± 0.162 , 0.842 ± 0.112)较治疗前(0.743 ± 0.132 , 0.744 ± 0.121)明显升高($P<0.01$), 手法对照组患者骨密度治疗后(0.752 ± 0.112)较治疗前(0.742 ± 0.122)无明显变化($P>0.05$)。治疗组、手法对照组和药物对照组患者 ALP($U \cdot L^{-1}$)治疗后(68.20 ± 11.24 , 64.90 ± 11.24 , 68.90 ± 10.29)与治疗前(63.7 ± 10.26 , 64.8 ± 10.22 , 63.7 ± 11.24)比较差异无统计学意义($P>0.05$)。治疗组与药物对照组患者 TRAP($U \cdot L^{-1}$)治疗后(2.39 ± 1.14 , 2.43 ± 1.18)较治疗前(4.48 ± 1.29 , 4.45 ± 1.26)明显降低($P<0.01$), 手法对照组患者 TRAP($U \cdot L^{-1}$)治疗后(4.38 ± 1.44)较治疗前(4.49 ± 1.24)降低, 但差异无统计学意义($P>0.05$)。

3 讨 论

骨疏康以淫羊藿、熟地黄为主药, 淫羊藿温补肾阳, 熟地黄滋补肾阴, 阴阳齐补, 填精补髓, 使肾气充盛; 骨碎补为辅药, 以补肾活血, 加强主药补肾壮骨之力。黄芪和丹参为佐药, 起到益气活血作用。全方以补为主, 通补兼施: 以治本为主, 标本兼治, 着重整体调节, 阴阳双补, 气血共调, 使肾气充盈, 骨强髓旺。现代研究证明: 骨疏康中的中药成分淫羊藿、黄芪均能有效防治骨质疏松症。TRAP 反应破骨细胞活性, 骨疏康可以使 TRAP 明显下降, 表明骨疏康有抑制破骨细胞活性、减缓骨吸收的作用, 而抑制骨吸收是减缓骨量丢失的关键, 再次证明骨疏康对骨质疏松症的治疗作用。手法治疗作用在于扩大椎间隙及椎间孔, 使椎体滑脱者复位, 松解肌肉, 改善血液循环, 促进新陈代谢, 解除肌肉紧张痉挛, 提高局部组织的痛阈, 松解颈部软组织黏连, 解除神经血管束的卡压; 促进静脉、淋巴回流, 促进炎症递质的分解、稀释, 使局部损伤性炎症消退, 恢复颈部生物力学平衡, 促使病变组织恢复正常。综上所述, 采用骨疏康配合手法治疗颈椎病并发骨质疏松症, 能明显提高疗效, 利于疾病更快治愈, 值得推广。