$http:/\!/ www. zjujournals. com/med$

DOI: 10. 3785/j. issn. 1008-9292. 2019. 08. 05

出生缺陷预防控制

· 专题报道 ·

Van der Woude 综合征一家系遗传学分析

许雨晴,钱叶青,姚维妙,董旻岳

浙江大学医学院附属妇产科医院生殖遗传科 生殖遗传教育部重点实验室, 浙江 杭州 310006

[摘 要] 目的:分析 Van der Woude 综合征一家系的临床和遗传学特征。方法: 采集先证者的脐带血和父母的外周血行全外显子组测序,初步确定候选致病基因。 收集该家系 9 位成员的外周血进行 Sanger 测序验证、生物信息学分析、基因型与表型的相关性分析。结果:先证者经超声诊断为唇腭裂,其父亲和祖母有下唇凹陷,其他成员无类似表型。先证者及其父亲、祖母 IRF6 基因第 4 号外显子均存在 c. 263A > G(P. N88S) 错义突变,其他无表型的家系成员不存在该突变。结论: IRF6:c. 263A > G(p. N88S) 错义突变为该家系的致病原因,该突变在中国 Van der Woude 综合征家系中首次发现。



[**关键词**] 唇裂/遗传学;染色体障碍/遗传学;腭裂/遗传学;外显子;干扰素调节因子类;基因;突变;系谱

[中图分类号] R349.3 [文献标志码] A

Genetic analysis of a family of Van der Woude syndrome

XU Yuqing, QIAN Yeqing, YAO Weimiao, DONG Minyue (Key Laboratory of Reproductive Genetics, Ministry of Education, Department of Reproductive Genetics, Women's Hospital, Zhejiang University School of Medicine, Hangzhou 310006, China) Corresponding author: DONG Minyue, E-mail: dongmy@zju.edu.cn, https://orcid.org/0000-0002-4344-7924

[Abstract] Objective: To analyze clinical and genetic features of a family affected with Van der Woude syndrome. Methods: The umbilical cord blood of the proband and the peripheral blood of the parents were used for the whole exon sequencing to find the candidate gene. Peripheral blood of 9 members of the family were collected for Sanger sequencing verification, bioinformatics analysis and genotype-phenotype correlation analysis. Results: The proband was diagnosed with cleft lip and palate by ultrasound. His father and grandmother had hollow lower lip and all other family members did not have the similar phenotype. A missense c. 263A > G (p. N88S) mutation was found in

收稿日期:2019-03-28 接受日期:2019-05-08

基金项目:浙江省重点研发计划(2019C03025)

第一作者: 许雨晴(1995—), 女, 硕士研究生, 主要从事妇产科学、生殖遗传学研究; E-mail: 21718422@ zju. edu. cn; https://orcid.org/0000-0001-7591-3048

通信作者:董旻岳(1964—),男,博士,主任医师,博士生导师,主要从事生殖遗传学研究; E-mail: dongmy@ zju. edu. cn; https://orcid. org/0000-0002-4344-7924

exon 4 of *IRF6* gene in the proband, his father and his grandmother. The mutation was not found in other family members. **Conclusion:** A missense c. 263A > G (p. N88S) mutation in *IRF6* gene probably underlies the pathogenesis of Van der Woude syndrome in the family and the mutation has been firstly discovered in China.

[Key words] Cleft lip/genetics; Chromosome disorders/genetics; Cleft palate/genetics; Exons; Interferon regulatory factors; Genes; Mutation; Pedigree

[J Zhejiang Univ (Med Sci), 2019,48(4):378-383.]

唇腭裂是最常见的出生缺陷之一,根据患者是 否伴其他先天畸形分为非综合征型唇腭裂(70%) 和综合征型唇腭裂(30%)。前者包括单纯唇裂、单 纯腭裂和单纯唇裂伴腭裂[1],后者则是以唇腭裂为 典型特征,伴有其他发育或者形态学异常。非综合 征型唇腭裂的病因尚不明确,普遍认为是基因和环 境等多因素共同作用的结果[2]。综合征型唇腭裂 被认为与500多种遗传性疾病有关,由单个基因突 变或染色体异常所致[3]。Van der Woude 综合征 (Van der Woude syndrome, VWS, OMIM 119300) 是最常见的综合征型唇腭裂之一[4],全球范围内 2%的唇腭裂患者属 VWS^[5-7],其患病率为 1/30 000~1/10 000[89]。该病主要临床表现为先 天性下唇部凹陷或瘘管、唇裂和(或)腭裂[10]、悬雍 垂裂、牙齿发育不全等[11],外显率高达92%[12],同 时具有显著的临床异质性,不同家系之间甚至同一 家系不同患者之间临床表现可能存在显著差异。

按致病基因, VWS 可分为三型: VWS1 约占70%,由干扰素调节因子 6 (interferon regulatory factor 6, *IRF6*)基因功能缺失型突变所致; VWS2 约占5%,由转录因子 *GRHL3* (grainyhead like transcription factor 3)基因功能获得型突变所致^[13]; VWS3 约占25%, 致病基因不明。

本研究通过采用全外显子组测序检测候选基因及突变位点,用 Sanger 测序进行突变验证和家系分析,探讨 *IRF6* 基因突变在一个中国 VWS 综合征家系中基因型与临床表型的相关性。

1 对象与方法

1.1 对象

1个非近亲结婚的家系。先证者母亲曾因两次宫外孕切除两侧输卵管,于2013年在上海交通大学医学院附属第九人民医院接受第一次体外受精-胚胎移植(IVF-ET)妊娠,成功植人两枚冻胚,

孕27周四维超声检查显示其中一胎存在唇腭裂, 于孕35周剖宫产分娩2名女婴。一名正常.一名 严重唇腭裂出生后死亡,未保留新生儿血样。 2017年6月,先证者母亲在浙江大学医学院附属 妇产科医院第二次接受 IVF-ET 成功妊娠一名男 胎,即本研究的先证者。孕20周检查羊水染色体 及染色体微阵列芯片分析均未见异常,孕24周时 超声检查提示胎儿唇裂合并腭裂(图1),经产前 诊断讨论出具诊断意见,孕妇及家属慎重考虑并 自主决定终止妊娠,使用药物引产,经阴道分娩, 留取脐带血。该家系针对两次胎儿唇腭裂病史于 2018年3月来浙江大学医学院附属妇产科医院 生殖遗传科就诊。详细询问病史,发现该家系除 了胎儿唇腭裂病史外,先证者父亲和祖母下唇两 侧均存在凹陷(图2),家系其他成员均未见唇腭 裂、唇凹陷或瘘管等其他表型(图3)。

研究方案经浙江大学医学院附属妇产科医院 伦理委员会审批通过(20190042),家系成员均签 署了知情同意书。

1.2 试剂及仪器

QIAamp DNA Blood Mini Kit 为德国 QIAGEN 公司产品;2×Gold Star Master Mix为北京康为世



图中黄色系先证者(胎儿)上唇、上牙槽弓回 声均中断 6.8 mm,提示胎儿唇裂合并腭裂.

图1 先证者(胎儿)超声图

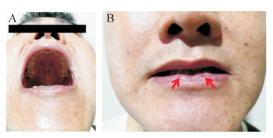
Figure 1 Ultrasound anomalies of the proband (fetus)

纪生物科技公司产品; RNAiso Blood 试剂为北京宝日医生物技术有限公司产品; PrimeScript Ⅱ 1st Strand cDNA Synthesis Kit 为宝日医生物技术(北京)有限公司产品。

NanoDrop 2000 分光光度计为美国 Thermo Fisher Scientific 公司产品; PCR 扩增仪为美国 Bio-Rad 公司产品。所有引物由生工生物工程 (上海)股份有限公司合成。

1.3 全外显子组测序检查基因突变

在征得先证者父母知情同意后,采集引产胎 儿脐带血和父母亲的外周血各2 mL,使用 OIAamp

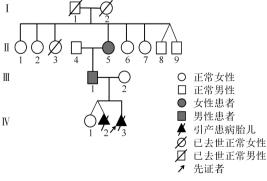






A~B:先证者父亲无唇腭裂,下嘴唇两侧存在凹陷;C~D:先证者祖母无唇腭裂,下嘴唇两侧同样存在凹陷. 图 2 先证者父亲、先证者祖母口腔及嘴唇照片

Figure 2 Mouths and lips of the father and grandmother of proband



 \mathbb{N}_3 (先证者,箭头所示)和 \mathbb{N}_2 均有严重的唇腭裂, \mathbb{II}_1 (先证者父亲)和 \mathbb{II}_3 (先证者祖母)均有下唇两侧凹陷,家系中其他成员均正常.

图 3 Van der Woude 综合征患者的家系图

Figure 3 Pedigree of a patient with Van der Woude syndrome

DNA Blood Mini Kit 提取基因组 DNA,并用 NanoDrop 2000 分光光度计测定 DNA 浓度,进行 全外显子组测序检测致病突变。

1.4 Sanger 测序验证基因突变

根据全外显子组测序检测的候选突变,采集家系成员 Π_4 、 Π_5 、 Π_6 、 Π_7 、 Π_8 、 Π_1 、 Π_2 、 N_1 的外周血各 2 mL,联合先证者脐带血 DNA 一同行家系突变验证。PCR 扩增 *IRF6* 基因第 4 号外显子序列,引物序列为正向:5'-GGTCCTAAGGG-CAGTGTTTCC-3',反向:5'-CAGGCTGTTTTCAA-GTTGACTATCT-3'。用 PCR 仪扩增目的基因片段。扩增条件:95 ℃预变性 10 min,然后 94 ℃变性 30 s、60 ℃退火 30 s、72 ℃延伸 30 s,循环35 次,最后 72 ℃延伸 10 min。扩增产物进行Sanger 测序。

1.5 生物信息学软件分析突变位点及致病性

应用 gnomAD、ClinVar、人类基因突变数据库 (HGMD)检索突变位点;应用 MutationTaster、PROVEAN、PolyPhen-2 软件对突变位点进行有害性预测;应用 Clustal Omega 评估突变位点在物种间的保守性。

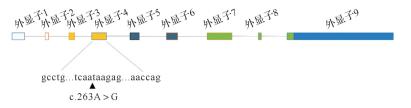
2 结 果

2.1 全外显子组测序和家系验证结果

该家系全外显于组测序结果显示,先证者、先证者父亲均存在 IRF6:c. 263A > G(p. N88S)杂合错义突变,突变位于 IRF6 的第 4 号外显子(图 4),突变导致编码 IRF6 蛋白的第 88 位天冬酰胺(N)被丝氨酸(S)替换,先证者母亲不存在该突变。扩大家系分析,对突变位点进行 Sanger 测序验证。结果如图 5 所示,先证者、先证者父亲、先证者祖母均存在 IRF6:c. 263A > G(p. N88S)错义突变,家系中所有表型正常的成员均不存在该突变,提示该突变符合常染色体显性遗传,并且在家系中呈共分离现象。

2.2 生物信息学分析结果

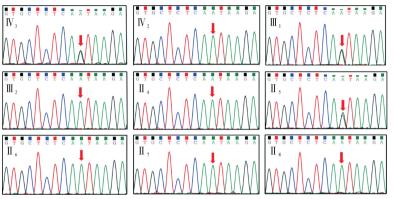
在 gnomAD 数据库中, IRF6 基因 c. 263 位点突变的等位基因在人群中的频率未记录, ClinVar 数据库中未检索到该突变的报道, HGMD 显示该突变在 VWS 综合征患者中有检出(PMID: 19282774)。此外, 运用 MutationTaster、PROVEAN、PolyPhen-2对 IRF6:c. 263A > G 进行有害性预测, 预测结果分别为"有害"、"有害"、"可能有害", 且该突变



IRF6 —共含有 9 个外显子(方框表示), 3、4 号外显子为高度保守的 DNA 结合部分, 7、8 号和一小部分 9 号外显子蛋白质结合部分, 外显子 3、4、5、6、7、8、9(一部分)均为其编码区. 线条表示内含子. 本例家系的突变位点为 4 号外显子上 c.263A > G(p.N88S)杂合错义突变.

图 4 本家系 IRF6 基因突变位点示意图

Figure 4 IRF6 gene mutation site



 \mathbb{N}_3 (先证者)、 \mathbb{I}_1 (先证者父亲)、 \mathbb{I}_5 (先证者祖母)均检测到 c. 263A > G(p. N88S)杂合错义突变(箭头所示为突变位点).

图 5 本家系 IRF6 基因 c. 263 位点 Sanger 测序结果

Figure 5 Sanger sequencing of IRF6: c. 263

位点在人、小鼠、大鼠、黑猩猩、狗等物种中氨基酸序列高度保守(图6)。

3 讨论

唇腭裂是严重的先天性颌面部畸形,其在新生儿中的发病率为1/2500~1/500,发病率受出生地、种族和社会经济水平等影响^[14]。严重的唇腭裂不仅影响面部观感,还影响患者的进食、交谈、听力甚至牙齿发育^[15]。非综合征型唇腭裂家系遗传学研究发现,遗传方式具备明显的家族聚集

PAKWKAQLRCALNKSREFNLMYDGT 人类 PAKWKAQLRCALNKSREFNLMYDGT 小鼠 大鼠 PAKWKAQLRCALNKSREFNLMYDGT PAKWKAQLRCALNKSREFNLMYDGT 狗 PAKWKAQLRCALNKSREFNLMYDGT 黑猩猩 PAKWKAQLRCALNKSREFNLMYDGT 牛 耳 PAKWKAQLRCALNKSREFNLMYDGT 免 PAKWKAQLRCALNKSREFNLMYDGT PAKWKAQLRCALNKSREFNLMYDGT 猪

图 6 IRF6 基因 c. 263 突变位点保守性分析 Figure 6 Conservative analysis of IRF6: c. 263

性,已证明是多基因遗传病。综合征型唇腭裂的致病原因往往比较明确,由单基因突变或者染色体畸变引起,符合孟德尔的单基因遗传规律(即通常为常染色体显性或隐性以及伴 X 染色体遗传),后者包括染色体数目和结构异常[16-17]。截至目前,在线人类孟德尔遗传数据库(OMIM)的收录信息提示唇腭裂是 200 多种综合征的典型症状之一。

VWS 是一种特殊类型的唇腭裂,主要表现为唇凹陷、先天性低位唇瘘、唇腭裂等^[14],为常染色体显性遗传所致。1954 年 Van der Woude^[18]首次提出 VWS 并证实其为常染色体显性遗传,同时指出该疾病具有多种表现形式,其中包括唇凹陷、唇 腭 裂。1964 年, Baker^[19]报道了一个仅出现

唇凹陷的家系。中国人群中的 VWS 家系于 1987 年由 Burdick 等^[20]首次报道,家系成员的主要临床症状为下唇凹陷、腭裂或者唇腭裂。本家系中, Ⅳ₂、Ⅳ₃表现为唇腭裂,Ⅲ₁、Ⅱ₅表现为下唇两侧唇凹陷,其余成员表型均正常,结合该家系的全外显子组、Sanger 测序结果以及生物信息学分析结果,该家系符合 VWS 的表现形式。VWS 在该家系中不同成员表现度不一样,充分体现了它的临床异质性。由于临床上并不是每位 VWS 患者都具备典型的临床特征,如唇裂、腭裂等,仅仅依靠临床表现有时易误诊或漏诊,因此对该类患者进行致病基因检测显得尤为必要。

IRF6 基因定位在 1q32 ~ q41, 是编码干扰素调节转录因子家族的成员之一^[21], 家族成员共享高度保守的氨基末端螺旋-转角-螺旋 DNA 结合结构域和较不保守的羧基末端蛋白结合结构域^[13]。该基因在人体口面部的生长发育、上皮的分化和组织的修复中起着不可忽视的作用。有文献报道 IRF6 基因的致病突变分布并不随机, 分布

于3、4、7、9号外显子的错义突变占80%[13]。其 中 3 号和 4 号外显子为高度保守的 DNA 结合区 域.7号和9号外显子为蛋白质结合区域。所以 本家系中,发生在4号外显子的突变很有可能通 过抑制 IRF6 基因本身的 DNA 结合功能而影响了 IRF6 蛋白的表达,从而表现出唇腭裂、下唇凹陷 等临床特征。截至目前, HGMD(2018.4版) 收录 IRF6 基因突变共 342 种,其中错义突变 217 种, 微小缺失49种,小片段插入/重复、剪接突变均为 26 种,大片段缺失、调控区突变均为7种,小片段 插入突变6种,大片段插入/缺失突变2种,其中 319 种突变已经明确为致病突变。本研究首次发 现国内家系中 IRF6 基因的突变位点 c. 263A > G(p. N88S),该突变位点目前在 gnomAD 和 ClinVar 数据库均未记录, MutationTaster、PROVEAN 软件 预测结果均为有害, PolvPhen-2 预测为"可能有 害",2015年美国医学遗传学与基因组学学会指 南将该变异评级为"可能致病"。

本研究通过对 VWS 一家系的临床特征和基因突变遗传学研究,首次在中国人群中发现 IRF6:c.263A>G 突变导致 VWS,丰富了 VWS 的基因突变谱,为该家系的胚胎植入前遗传学诊断和产前诊断提供了科学依据。截至目前,HGMD (2018.4版)数据库在全球范围内仅收录 VWS1 患者 238 例。VWS 临床表现形式多样,同时具有临床异质性,导致该病不能及时诊断。因此,临床上如果遇到唇腭裂、唇凹陷或者瘘管患者,在排除染色体畸变、微缺失和微重复后,应进行基因测序,明确致病基因。在此基础上对该家系进行优生指导,避免出生缺陷。

参考文献

- [1] GOWANS L, OSENI G, MOSSEYP A, et al. Novel GREM1 variations in sub-Saharan African patients with cleft lip and/or cleft palate [J]. Cleft Palate Craniofac J, 2018, 55(5):736-742.
- [2] BROWN N L, KNOTT L, HALLIGAN E, et al. Microarray analysis of murine palatogenesis: temporal expression of genes during normal palate development [J]. Dev Growth Differ, 2003, 45(2):153-165.
- [3] WANG Y, SUN Y, HUANG Y, et al. Association study between Van der Woude syndrome causative gene GRHL3 and nonsyndromic cleft lip with or without cleft palate in a Chinese cohort [J]. Gene, 2016,588(1):69-73.

- [4] TAN E C, LIM E C, LEES T. *De novo* 2. 3 Mb microdeletion of 1q32.2 involving the Van der Woude syndrome locus[J]. **Mol Cytogenet**, 2013, 6:31.
- [5] ANGIERO F, FARRONATO D, FERRANTE F, et al. Clinical, histomorphological and therapeutic features of the Van der Woude syndrome: literature review and presentation of an unusual case[J]. Eur J Paediatr Dent, 2018, 19(1):70-73.
- [6] TAN E C, LIM H W, LIM E, et al. A novel interferon regulatory factor 6 mutation in an Asian family with Van der Woude syndrome [J]. Cleft Palate Craniofac J,2017,54(4):442-445.
- [7] BUTALI A, MOSSEY P A, ADEYEMOW L, et al. Novel IRF6 mutations in families with Van Der Woude syndrome and popliteal pterygium syndrome from sub-Saharan Africa [J]. Mol Genet Genomic Med, 2014,2(3):254-260.
- [8] BURDICK A B. Genetic epidemiology and control of genetic expression in Van der Woude syndrome[J]. J Craniofac Genet Dev Biol Suppl, 1986, 2:99-105.
- [9] LI S, ZHANG X, CHEN D, et al. Association between genotype and phenotype of virulence gene in Van der Woude syndrome families [J]. **Mol Med Rep**, 2018, 17(1):1241-1246.
- [10] LAM A K, DAVID D J, TOWNSENDG C, et al. Van der Woude syndrome: dentofacial features and implications for clinical practice [J]. **Aust Dent J**, 2010,55(1):51-58.
- [11] SARODE G S, DESAI R S, SARODE S C, et al. Van der Woude syndrome with an unusual intraoral finding[J]. **Indian J Dent Res**, 2011, 22(1):164-165.
- [12] FAKHOURI W D, RAHIMOV F, ATTANASIO C, et al. An etiologic regulatory mutation in IRF6 with loss- and gain-of-function effects [J]. **Hum Mol Genet**, 2014, 23 (10):2711-2720.
- [13] LESLIE E J, KOBOLDT D C, KANGC J, et al. IRF6 mutation screening in non-syndromic orofacial clefting: analysis of 1521 families[J]. Clin Genet, 2016,90(1):28-34.
- [14] DE LIMA R L, HOPER S A, GHASSIBE M, et al. Prevalence and nonrandom distribution of exonic mutations in interferon regulatory factor 6 in 307 families with Van der Woude syndrome and 37 families with popliteal pterygium syndrome [J]. Genet Med, 2009, 11(4):241-247.
- [15] LITTLE H J, RORICK N K, SU L I, et al. Missense mutations that cause Van der Woude syndrome and popliteal pterygium syndrome affect the DNA-binding and transcriptional activation functions of IRF6 [J].

Hum Mol Genet, 2009, 18(3):535-545.

- [16] LESLIE E J. MARAZITA M L. Genetics of cleft lip and cleft palate [J]. Am J Med Genet C Semin Med Genet, 2013, 163C(4): 246-258.
- [17] ZUCCHERO T M, COOPER M E, MAHERB S, et al. Interferon regulatory factor 6 (IRF6) gene variants and the risk of isolated cleft lip or palate [1]. N Engl J Med 2004 .351(8) .769-780.
- VAN DER WOUDE A. Fistula labii inferioris [18] congenita and its association with cleft lip and palate [J]. Am J Hum Genet, 1954, 6(2): 244-256.
- [19] BAKER B R. A family with bilateral congenital pits

- of the inferior lip[J]. Oral Surg Oral Med Oral Pathol, 1964, 18:494-497.
- [20] BURDICK AB, MALA, DAIZH, et al. Van der Woude syndrome in two families in China [J]. J **Craniofac Genet Dev Biol**, 1987, 7(4):413-418.
- WU-CHOU Y H, LO L J, CHENK T, et al. A [21] combined targeted mutation analysis of IRF6 gene would be useful in the first screening of oral facial clefts [J]. **BMC Med Genet**, 2013, 14:37.

[本文编辑 沈 敏 余 方]

•读者•作者•编者•

2019 年本刊常用专业词汇缩写

世界卫生组织 World Health Organization, WHO 加强监护病房 intensive care unit, ICU 磁共振成像 magnetic resonance imaging, MRI 计算机体层摄影 computed tomography, CT 正电子发射计算机体层摄影 positron emission tomography CT, PET-CT

自然杀伤细胞 natural killer cell, NK 细胞 人类免疫缺陷病毒 human immunodeficiency virus, HIV 信使核糖核酸 messenger RNA, mRNA 无特定病原体 specific pathogen free, SPF 链霉菌抗生物素蛋白-过氧化物酶 streptavidin-perosidase,

苏木精(素)-伊红染色 hematoxylin-eosin staining, HE 染色

聚合酶链反应 polymerase chain reaction, PCR 逆转录聚合酶链反应 reverse transcription polymerase chain reaction, RT-PCR

酶联免疫吸附测定 enzyme-linked immunosorbent assay.

二辛可宁酸法 bicinchoninic acid method, BCA 法 放射免疫沉淀法 radio immunoprecipitation assay, RIPA 四甲基偶氮唑盐 3-(4, 5-dimethyl-2-thiazolyl)-2, 5diphenyltetrazolium bromide, MTT 十二烷基硫酸钠-聚丙烯酰胺凝胶电泳 sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide gelelectrophoresis, SDS-PAGE 小牛血清 bovine calf serum, BCS

胎牛血清 fetal bovine serum, FBS 磷酸盐缓冲液 phosphate buffered saline, PBS 含吐温 20 的磷酸盐缓冲液 phosphate buffered saline with Tween® 20. PBST

吐温 20 三乙醇胺缓冲盐水溶液 tris buffered saline with Tween® 20. TBST

辣根过氧化物酶 horseradish peroxidase, HRP

腺苷三磷酸 adenosine triphosphate, ATP

二甲基亚砜 dimethyl sulfoxide, DMSO

乙二胺四乙酸 ethylenediaminetetraacetic acid, EDTA

异硫氰酸荧光素 fluorescein isothiocyanate, FITC

碘化丙啶 propidium iodide, PI

焦碳酸二乙酯 diethy pyrocarbonate, DEPC

苯甲基磺酰氟 phenylmethanesulfonyl fluoride, PMSF

聚偏二氟乙烯 polyvinylidenefluoride, PVDF

肿瘤坏死因子 tumor necrosis factor, TNF

转化生长因子 transforming growth factor, TGF

白细胞介素 interleukin, IL

白细胞分化抗原 cluster of differentiation, CD

人类白细胞抗原 human leukocyte antigen, HLA

核因子 κB nuclear factor-κB, NF-κB

辅助性 T 细胞 helper T cell, Th 细胞

受试者工作特征曲线 receiver operating characteristic curve,

ROC 曲线

曲线下面积 area under the curve, AUC

可信区间 confidence interval, CI