• 专题报告 •

# 先天性白内障一患病家系的致病基因筛查

杨晓波,陈丽娟,李 娟

作者单位:(157000)中国黑龙江省牡丹江市,牡丹江医学院红旗 医院眼二科

作者简介:杨晓波,女,主任医师,研究方向:白内障、青光眼。 通讯作者:陈丽娟,女,本科,住院医师,研究方向:白内障、青光 眼. chenlijuan0719@ sina. com

收稿日期:2011-11-11 修回日期:2012-01-04

# Disease-causing genes screening for a family of congenital cataract

Xiao-Bo Yang, Li-Juan Chen, Juan Li

Second Department of Ophthalmology, Hongqi Hospital of Mudanjiang Medical College, Mudanjiang 157000, Heilongjiang Province, China

**Correspondence to:** Li-Juan Chen. Second Department of Ophthalmology, Hongqi Hospital of Mudanjiang Medical College, Mudanjiang 157000, Heilongjiang Province, China. chenlijuan0719 @ sina. com

Received: 2011-11-11 Accepted: 2012-01-04

#### **Abstract**

- AIM: To conduct a screening of disease-causing genes mutations for a sick family of congenital nuclear cataract in order to explore its potential genetic defects.
- METHODS: After a detailed history taking and clinical examination, mutation detection of the candidate genes for nuclear cataract was conducted with the application of PCR-direct sequencing on the proband and the other 9 patients of his family, 11 blood-related normal family members and 20 unrelated normal controls.
- RESULTS:c. 139G > A heterozygous missense mutation was found in GJA8 gene of this family patients, leading to the change of No. 47 highly conserved aspartic acid into asparagine ( p. D47N ), but the normal family members and normal controls were not found in the mutant.
- CONCLUSION: p. D47N mutations in Chinese families of congenital cataract is the first report. The prevalence of this mutation is a potential genetic causes of this sick family, GJA8 gene is one of the congenital cataract disease-causing genes. This study also confirms that congenital cataract is a clinically and genetically heterogeneous disease, such a heterogeneity is more apparent especially between different ethnic groups.
- KEYWORDS: congenital cataract; mutation; GJA8 gene

Yang XB, Chen LJ, Li J. Disease-causing genes screening for a family of congenital cataract. *Guoji Yanke Zazhi (Int Eye Sci)* 2012;12(2):329-332

#### 摘要

**目的:**对先天性核型白内障一患病家系进行致病基因突变筛查,以探索其潜在遗传学缺陷。

方法:经过详细的病史采集及临床检查后,应用 PCR 直接测序法对先证者及其家系内其他 9 例患者和 11 名有血缘关系的正常家系成员以及 20 名无血缘关系的正常对照者进行核型白内障候选基因的突变检测。

结果:在该家系患者的 GJA8 基因发现了 c. 139G > A 的杂合错义突变,导致第 47 位高度保守的天冬氨酸改变为天冬酰胺(p. D47N),而家系内正常成员及正常对照者中均未发现该突变。

结论:p. D47N 突变在中国先天性白内障家系中是首次报道。这一突变是该患病家系的潜在遗传学病因, GJA8 基因是先天性白内障的致病基因之一。本研究也证实了先天性白内障是一种临床和遗传异质性疾病, 特别是在不同种族之间这种异质性更加明显。

关键词:先天性白内障;突变;GJA8 基因 DOI:10.3969/j. issn. 1672-5123.2012.02.43

杨晓波,陈丽娟,李娟. 先天性白内障一患病家系的致病基因筛查. 国际眼科杂志 2012;12(2):329-332

### 0 引言

先天性白内障是一种常见的视觉障碍性眼病,占全世 界儿童致盲因素的百分之十。约有 1/3 先天性白内障是 遗传性的。遗传性先天性白内障可只表现为晶状体的单 一混浊,也可伴发眼部及其他系统的先天性异常。其遗传 方式有三种,既常染色体显性、常染色体隐性及 X 连锁隐 性遗传,其中以常染色体显性先天性白内障(autosomal dominant congenital cataract, ADCC) 最为常见。定位致病 基因位点及其候选基因是研究先天性白内障分子遗传学 缺陷的关键步骤。迄今为止,国内外学者共发表了130余 篇关于先天性白内障基因突变筛查的文献报道,共提及了 30 多个位点、24 个基因与先天性白内障的发生有关[1]。 这些基因包括9个编码晶状体结构蛋白的基因(CRYAA, CRYAB, CRYBA1/A3, CRYBA4, CRYBB1, CRYBB2, CRYGC, CRYGD, CRYGS);5个编码晶状体膜蛋白的基因 (GJA3,GJA8,MIP,LIM2,TMEM114);2 个编码晶状体发 育过程中调控蛋白的基因(PAX6,PITX3);2个编码转录 因子的基因(HSF4, MAF);及其它类别的基因(BFSP2, FTL, CHMP4B, EPHA2, VIM, GALK1)。另外, 还有一些位 点与先天性白内障连锁,但突变的基因尚未鉴定出。本研 究中我们对 1 例涉及 4 代 9 例患者的 ADCC 中国家系进 行致病基因突变筛查,现将结果报告如下。

#### 1 对象和方法

1.1 对象 收集黑龙江省常染色体显性先天性白内障一家系 5 代共 62 人。本研究遵循赫尔辛基宣言,在知情同意的情况下,对家系中 9 例患者及 11 例有血缘关系的正

表 1 核性先天性白内障候选基因的引物序列、退火温度和扩增片段

	大性日内障候选基因的引物序列、退火温			SH 1 SH 33 S S
外显子名称		反向引物(5'-3')	目的片段长度(bp)	
CRYAA-1	AGCAGCCTTCTTCATGAGC	CAAGACCAGAGTCCATCG	584	60.6
CRYAA-2	GGCAGGTGACCGAAGCATC	GAAGGCATGGTGCAGGTG	550	61.9
CRYAA-3	GCAGCTTCTCTGGCATGG	GGGAAGCAAAGGAAGACAGA	511	60
CRYBA1-1	GGCAGAGGGAGAGCAGAGTG	CACTAGGCAGGAGAACTGGG	550	57.5
CRYBA1-2	AGTGAGCAGCAGAGCCAGAA	GGTCAGTCACTGCCTTATGG	508	60.3
CRYBA1-3	AAGCACAGAGTCAGACTGAAGT	CCCCTGTCTGAAGGGACCTG	463	63.8
CRYBA1-4	GTACAGCTCTACTGGGATTG	ACTGATGATAAATAGCATGAACG	355	61.7
CRYBA1-5	GAATGATAGCCATAGCACTAG	TACCGATACGTATGAAATCTGA	597	56.9
CRYBA1-6	CATCTCATACCATTGTGTTGAG	CATCTCATACCATTGTGTTGAG	528	59.1
CRYGC-1	TGCATAAAATCCCCTTACCG	CCTCCCTGTAACCCACATTG	514	59.2
CRYGC-2	TGGTTGGACAAATTCTGGAAG	CCCACCCCATTCACTTCTTA	430	60.2
CRYGD-1	CAGCAGCCCTCCTGCTAT	GGGTCCTGACTTGAGGATGT	550	60.3
CRYGD-2	GCTTTTCTTCTCTTTTTATTTCTGG	AAGAAAGACACAAGCAAATCAGT	308	58.5
CRYGS-1	GAAACCATCAATAGCGTCTAAATG	TGAAAAGCGGGTAGGCTAAA	575	54.8
CRYGS-2	AATTAAGCCACCCAGCTCCT	GGGAGTACACAGTCCCCAGA	479	53.1
CRYGS-3	GACCTGCTGGTGATTTCCAT	CACTGTGGCGAGCACTGTAT	974	52.5
GJA8-1	CCGCGTTAGCAAAAACAGAT	CCTCCATGCGGACGTAGT	420	56
GJA8-2	GCAGATCATCTTCGTCTCCA	GGCCACAGACAACATGAACA	330	60
GJA8-3	CCACGGAGAAAACCATCTTC	GAGCGTAGGAAGGCAGTGTC	350	58
GJA8-4	TCGAGGAGAAGATCAGCACA	GGCTGCTGGCTTTGCTTAG	500	58
GJA3-1	CGGTGTTCATGAGCATTTTC	CTCTTCAGCTGCTCCTCCTC	450	58
GJA3-2	GAGGAGGAGCAGCTGAAGAG	AGCGGTGTGCGCATAGTAG	450	58
GJA3-3	TCGGGTTCCCACCCTACTAT	TATCTGCTGGTGGGAAGTGC	300	58
CRYBB2-1	GTTTGGGGCCAGAGGGGAGTGGT	TGGGCTGGGGAGGGACTTTCAGTA	350	60.4
CRYBB2-2	CCTTCAGCATCCTTTGGGTTCTCT	GCAGTTCTAAAAGCTTCATCAGTC	330	58
CRYBB2-3	GTAGCCAGGATTCTGCCATAGGAA	GTGCCCTCTGGAGCATTTCATAGT	360	60
CRYBB2-4	GGCCCCTCACCCATACTCA	CTTCCCTCCTGCCTCAACCTAATC	230	62
CRYBB2-5	CTTACCCTTGGGAAGTGGCAATGG	TCAAAGACCCACAGCAGACAAGTT	600	62
CRYAB-1	AACCCCTGACATCACCATTC	AAGGACTCTCCCGTCCTAGC	250	58
CRYAB-2	CCATCCCATTCCCTTACCTT	GCCTCCAAAGCTGATAGCAC	350	60
CRYAB-3	TCTCTCTGCCTCTTTCCTCA	CCTTGGAGCCCTCTAAATCA	400	60
MIP-1	GACTGTCCACCCAGACAAGG	GTCAGGGAGTCAGGGCAATA	493	61.4
MIP-2	GGGGAAGTCTTGAGGAGGTAA	AAAGTTGGGAAAGGTTTAGGG	300	61.4
MIP-3	GAGAAGCTGGGGTGCAGTAG	AACCTGCAGTCCACAACCAT	196	58
MIP-4	CCACTAAGGTGGCTGGAAAA	ACCCTCCCCACAGTCTCTTT	360	54
PITX3-1	AAGCCAGCGCATATTCTCC	AGAGGTGCATGCTGAGAGGT	459	52.7
PITX3-2	GAAGGAGAGACGGTGTCAGG	GACCTCCTAAGCCACTCGCT	520	64
PITX3-3	CCAGTCAAAATGACCCCAGT	GATGAGGTGGCTAGAGACGG	794	64.6
BFSP2-1	GGGATAGGGGAGATTCCAGA	GCCTCAGCCTACTCACAACC	887	65
BFSP2-2	GCTCCCAGTGACCTTGTCTC	CCTGGGTGATTCTGAGCATT	551	65
BFSP2-3	CTGCACTAACAGTGCCCTCA	GAAGCACAGGCAGACAGATG	550	64.1
BFSP2-4	TCTGTGAAGCCTGTGTCTGG	GCCTCTCACCTTAGCTTGGA	480	65
BFSP2-5	TGACTCTCCACAGCAACAGG	GATATTTCCGTGGGGCACTA	481	61.4
BFSP2-6	TTAAGTCATGGCCCAAGGTC	TCCAGGAAGCTTTTCAGCTC	412	51.3
BFSP2-7	AGGGGAAAGCGCTGAGTATATA	CCGAGACGAGACCCTGTATC	326	65

常家系成员进行全面的体格检查,排除其他眼部疾病及系统疾病后,分别采集静脉血 5mL,使用 EDTA 抗凝。门诊随机选取正常对照的外周血共 20 份。

#### 1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取 使用血液基因组 DNA 提取 试剂盒(TIANamp Blood DNA Kit, Tiangen Biltech Co. Ltd, Beijing, China)抽提外周静脉血基因组 DNA。紫外分光光度计和15g/L 琼脂糖凝胶电泳检测样本 DNA 纯度和浓度。

- 1.2.2 候选基因的引物设计 迄今为止,国内外文献报道的与常染色体显性遗传性先天性核性白内障发病相关的候选致病基因为 13 个,既 CRYAA,CRYAB,CRYBA1/A3,CRYBB1,CRYBB2,CRYGC,CRYGD,CRYGS,GJA3,GJA8,MIP,BFSP2,PITX3。利用 PRIMER 3 软件对以上基因设计引物,由上海英骏生物工程技术有限公司合成(表1)。
- 1.2.3 PCR 扩增及 DNA 测序 PCR 反应体系为25μL,其中10×缓冲液 2.5μL,dNTP(2.5mmol/L)2μL,上下游引物

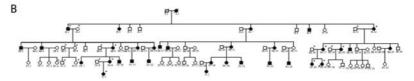


图 1 患者资料 A:先证者眼前节照片;B:家系图。

(10 $\mu$ mol/L)各 0.5 $\mu$ L,基因组 DNA(100ng/ $\mu$ L)1.5 $\mu$ L,LA Taq DNA 聚合酶(5U/ $\mu$ L)0.25 $\mu$ L,双蒸水 17.75 $\mu$ L。反应条件:95 $^{\circ}$ C 5 $\mu$ min;95 $^{\circ}$ C 20s,引物退火温度 30s,72 $^{\circ}$ C 30s,循环 35 次;最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 $\mu$ min。随后 15 $\mu$ L 琼脂糖凝胶电泳检验 PCR 产物的扩增是否有效。将合格的 PCR 产物送测序公司(上海英骏生物技术有限公司)进行纯化及 DNA 序列测定。测序结果与 GenBank 中原始序列进行比对,寻找碱基序列的改变。如有改变并排除了单核苷酸多态性的可能后,再与该家系中正常成员进行对比,以确定这种碱基序列的改变在该家系中是可共分离的。

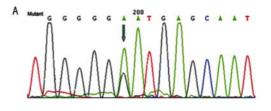
**1.2.4蛋白结构功能预测** 利用 PolyPhen 在线软件 (http://genetics. bwh. harvard. edu/pph/) 预测氨基酸的改变对蛋白的空间构想及功能的影响。

#### 2 结果

- **2.1 临床表现** 经详细的系谱调查,该家系遗传方式符合常染色体显性遗传特征。患者眼部检查表型均为晶状体点状核性混浊,且无其他眼部及全身疾病(图1)。
- 2.2 测序结果 经过测序及序列对比分析,在家系先证者的 GJA8 基因发现了 c. 139G > A 的杂合错义突变。此突变导致了编码的第 47 位氨基酸由天冬氨酸至天冬酰胺的改变,即 D47N 突变。经过 PCR-正反双向测序证实该突变存在于家系中的所有患者,但不存在于其他正常家系成员,也不存在于 20 名正常对照者(图 2)。
- **2.3 功能预测结果** PolyPhen 在线软件的预测结果为"破坏蛋白的空间构想及功能"。

## 3 讨论

GJA8 基因(NM\_005267)位于1q21.1,编码一个由 433个氨基酸组成的蛋白质——缝隙连接蛋白50,简称 Cx50。Cx50 是缝隙连接蛋白家族中的一员,表达于晶状 体纤维细胞膜上。其功能为在细胞间传导离子、分子量小 于1000Da的小分子物质等。Cx50蛋白四次跨膜,形成两 个细胞外环(E1,E2),一个胞质内环及位于胞质内的 N-末端和 C-末端。相邻细胞外环相互作用形成一个六聚体 叫做连接子。相邻细胞间的两个连接子再相互连接,于是 形成了细胞间的缝隙连接通道。因为晶状体是无血管的 组织,所以它必须依靠这些缝隙连接通道形成的细胞间广 泛的通讯网来运输营养物质及细胞代谢产物,以保持晶状 体的内稳态及透明性[2]。细胞外环不但是形成连接子的 重要部位,而且细胞外环1(E1)还参与调控细胞间电阻高 低以利于离子物质在细胞间的通透及通道的开放,对传递 细胞间的生物信息至关重要[3]。研究中发现的 c. 139G > A 错义突变导致了编码 Cx50 蛋白的第 47 位氨基酸由带 正电荷的天冬氨酸变成了不带电荷的天冬酰胺,而且 GJA8 基因的第 47 位天冬氨酸在各物种之间是高度保守的 (图3)。生物学软件预测结果显示 D47N 突变体会引发蛋 白质空间构想的改变和蛋白质表面极性的改变。由于 D47N 突变体位于 Cx50 蛋白的细胞外环 1, 而细胞外环是 形成连接子的重要部位,那么有突变的连接子形成的缝隙



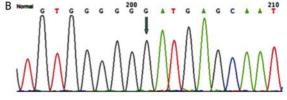


图 2 GJA8 基因外显子 c. 139G > A 错义突变测序图 A:箭头所示为患者的杂合突变碱基(G/A); B:箭头所示为正常人的对照碱基。

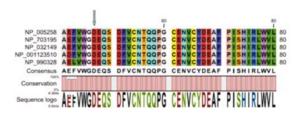


图 3 多物种 GJA8 基因编码氨基酸序列对比结果 多序列对比显示 GJA8 基因编码的第 47 位氨基酸(箭头所示)在哺乳动物完全保守。

表 2 先天性白内障 GJA8 基因突变谱

表 2 元大性日内障 GJA8 基因突变谱						
突变位点	临床表现	种族	遗传	参考		
			方式	文献		
p. R23T	核性	伊朗	AD	[5]		
p. I31T	核性	中国	AD	[6]		
p. V44E	核性、小角膜	印度	AD	[7]		
p. W45S	水母状	印度	AD	[8]		
p. D47Y	核性	中国	AD	[9]		
p. D47N	点状、核性	中国	AD	本文		
p. D47N	粉尘状、核性	英国	AD	[4]		
p. E48K	带状、粉尘状	巴基斯坦	AD	[10]		
p. V64G	核性	中国	AD	[11]		
p. V79L	满月性、缝性	印度	AD	[12]		
p. P88S	带状、粉尘状	英国	AD	[13]		
p. P88Q	气球样、缝状	印度	AD	[14]		
p. P88Q	粉尘状、核性	印度	AD	[15]		
p. P189L	星状、小角膜	丹麦	AD	[16]		
p. R198W	核性、小角膜	中国	AD	[1]		
p. R198Q	核性、小角膜	印度	AD	[7]		
p. 203fs	全白内障	印度	AR	[17]		
p. S276F	粉尘状、核性	中国	AD	[18]		
c. 776insG	三角形、核性	德国	AR	[19]		

连接通道将会破坏细胞间的通讯网,继而影响晶状体的透明性,导致白内障的发生。

到目前为止,国内外已报道的与先天性白内障发生有关的 GJA8 基因突变位点有 16 处,如表 2 所示,其中大部分先天性白内障家系的表型为晶状体核性混浊<sup>[1-19]</sup>。本研究中白内障家系的患者晶状体混浊的形态呈点状核性,引起该家系患病的遗传学发病机制是 GJA8 基因的 p. D47N 杂合错义突变。这与2008 年 Arora 等<sup>[4]</sup>在一英国先天性白内障家系中发现的基因突变位点是一致的,只有表型上的略微不同。本研究在扩充中国先天性白内障家系 GJA8 基因突变谱的同时,进一步证实了先天性白内障 的遗传异质性,即同一基因突变可有不同的临床表现,而同一临床表现可源于不同的治病基因突变,尤其在不同种族之间这种异质性更加明显。

GJA8 基因 p. D47N 错义突变在国内首次报道。此发现扩充了 GJA8 基因的突变谱;证实了先天性白内障的遗传异质性。有利于我们对 GJA8 致先天性白内障发病机制的进一步认知。

#### 参考文献

- 1Hu S, Wang B, Zhou Z, *et al*. A novel mutation in GJA8 causing cataract-microcornea syndrome in a Chinese pedigree. *Mol Vis* 2010;16: 1585-1592
- 2 White TW. Unique and redundant connexin contributions to lens development. *Science* 2002; 295:319-320
- 3 Xu X, Ebihara L. Characterization of a Mouse Cx50 Mutation Associated with the No2 Mouse Cataract. *Invest Ophthalmol Vis Sci* 1999;40(8):1844-1850
- 4 Arora A, Minogue PJ, Liu X, et al. A novel connexin50 mutation associated with congenital nuclear pulverulent cataracts. J Med Genet 2008;45(3):155-160
- 5 Willoughby CE, Arab S, Gandhi R, *et al.* A novel GJA8 mutation in an Iranian family with progressive autosomal dominant congenital nuclear cataract. *J Med Genet* 2003;40:e124
- 6 Wang K, Wang B, Wang J, et al. A novel GJA8 mutation (p. I31T) causing autosomal dominant congenital cataract in a Chinese family. Mol Vis 2009;15:2813-2820
- 7 Devi RR, Vijayalakshmi P. Novel mutations in GJA8 associated with

- autosomal dominant congenital cataract and microcornea. *Mol Vis* 2006; 12,190,195
- 8 Vanita V, Singh JR, Singh D, *et al*. A novel mutation in GJA8 associated with jellyfish-like cataract in a family of Indian origin. *Mol Vis* 2008;14:323-236
- 9 Lin Y, Liu NN, Lei CT, et al. A novel GJA8 mutation in a Chinese family with autosomal dominant congenital cataract. Zhoughua Yi Xue Yi Chan Xue Za Zhi 2008;25(1):59-62
- 10 Berry V, Mackay D, Khaliq S, et al. Connexin 50 mutation in a family with congenital "zonular nuclear" pulverulent cataract of Pakistani origin. Hum Genet 1999;105:168-170
- 11 Ma Z, Zheng J, Yang F, et al. Two novel mutations of connexin genes in Chinese families with autosomal dominant congenital nuclear cataract. Br J Ophthalmol 2005;89:1535-1537
- 12 Vanita V, Hennies HC, Singh D, *et al*. Novel mutation in GJA8 associated with autosomal dominant congenital cataract in a family of Indian origin. *Mol Vis* 2006;12:1217-1222
- 13 Shiels A, Mackay D, Ionides A, et al. A missense mutation in the human connexin50 gene (GJA8) underlies autosomal dominant "zonular pulverulent" cataract, on chromosome 1q. Am J Hum Genet 1998;62: 526-532
- 14 Vantia V, Singh JR, Singh D, et al. A mutation in GJA8 (p. P88Q) is associated with "balloon-like" cataract with Y-sutural opacities in a family of Indian origin. *Mol Vis* 2008;14:1171-1175
- 15 Arora A, Minogue PJ, Liu X, et al. A novel GJA8 mutation is associated with autosomal dominant lamellar pulverulent cataract: further evidence for gap junction dysfunction in human cataract. J Med Genet 2006;43:e2
- 16 Hansen L, Yao W, Eiberg H, et al. Genetic heterogeneity in microcornea-cataract: five novel mutations in CRYAA, CRYGD, and GJA8. Invest Ophthalmol Vis Sci 2007;48:3937-3944
- 17 Ponnam SPG, Ramesha K, Tejwani S, *et al*. Mutation of the gap junction protein alpha 8 (GJA8) gene causes autosomal recessive cataract. *J Med Genet* 2007;44:e85
- 18 Yan M, Xiong C, Ye SQ, et al. A novel connexin 50 (GJA8) mutation in a Chinese family with a dominant congenital pulverulent nuclear cataract. Mol Vis~2008;14;418-424
- 19 Schmidt W, Klopp N, Lllig T, et al. A novel GJA8 mutation causing a recessive triangular cataract. Mol Vis 2008;14:851-856