

ΒΡΑΧΕΙΕΣ ΔΗΜΟΣΙΕΥΣΕΙΣ

SHORT COMMUNICATIONS

Οικογενής μεσογειακός πυρετός Μοριακή ανάλυση

Α. Απέσσου,¹ Μ. Μιχαλάτος,¹ Ι. Μπεζογιάννη,¹
Θ. Ροκκάς,² Π. Φιλαθήθης,³ Ε. Γράψας,³
Γ. Νασιούπας¹

¹Ερευνητικό Κέντρο Μοριακής Βιολογίας, Νοσοκομείο «Υγεία»-«Αντώνης Παπαγιάννης», Αθήνα

²Ταστρεντεροποική Κλινική, Νοσοκομείο «Ερρίκος Ντυνάν», Αθήνα

³Α' Παθολογική Κλινική, ΔΘΚΑ «Υγεία», Αθήνα

Familial mediterranean fever: Molecular analysis

Abstract at the end of the article

Λέξεις ευρετηρίου: Αλληλούχηση, Μεταλλάξεις,
Οικογενής μεσογειακός πυρετός, PCR

Ο οικογενής μεσογειακός πυρετός (Familial Mediterranean Fever, FMF) είναι κλασικά μια αυτοσωμική υπολειπόμενη νόσος, ενώ έχουν περιγραφεί μερικές περιπτώσεις επικρατητικής κληρονομικότητας.¹⁻³ Η νόσος εμφανίζεται κυρίως στους πληθυσμούς της Ανατολικής Μεσογείου και ειδικότερα σε Αρμένιους, Άραβες, Εβραίους και Τούρκους. Η αναλογία των φορέων σε αυτούς τους πληθυσμούς φθάνει έως και 1:5.⁴ Τα τελευταία χρόνια η νόσος FMF παρατηρήθηκε και σε άλλους λαούς, όπως Ιταλούς, Ισπανούς και Βρετανούς.⁵

Στους περισσότερους ασθενείς η νόσος εμφανίζεται σε νεαρή ηλικία, στο 60% πριν από την ηλικία των 10 ετών και στο 90% πριν τα 20.⁶ Η κλινική εικόνα ποικίλλει, αλλά γενικά χαρακτηρίζεται από έντονα, αυτοϊάσιμα και επανεμφανιζόμενα επεισόδια πυρετού, σε συνδυασμό με περιτονίτιδα, πλευρίτιδα και αρθρίτιδα. Η πλέον σοβαρή επιπλοκή είναι η αμυλοείδωση, ειδικότερα στους νεφρούς, η οποία επιδεινώνεται με το χρόνο και μπορεί να εξελιχθεί σε μη αναστρέψιμη νεφρική ανεπάρκεια. Χορήγηση κολχικίνης καθόλη τη διάρκεια της ζωής σε νοσούντα άτομα μειώνει τον αριθμό και τη σοβαρότητα

των επεισοδίων στο 95% των ασθενών, ενώ φαίνεται να προλαμβάνει την ανάπτυξη της αμυλοείδωσης.^{7,8}

Μέχρι σήμερα, λόγω έλλειψης χαρακτηριστικών συμπτωμάτων και βιοχημικών ανωμαλιών, η διάγνωση της νόσου είναι δυνατή μόνο αναδρομικά βάσει αποκλεισμού άλλων παθήσεων και βασίζεται μόνο σε κλινικά κριτήρια.⁹ Για το λόγο αυτό, μοριακή επιβεβαίωση της κλινικής διάγνωσης είναι σημαντική για τους εξής λόγους: (α) Η συμπτωματολογία της νόσου μπορεί να παραπέμψει σε άλλη διάγνωση, όπως οξεία περιτονίτιδα, σκωληκοειδίτιδα, χολοκυστίτιδα ή αρθρίτιδα, οδηγώντας σε περιττές χειρουργικές επεμβάσεις.¹ (β) Όπως προαναφέρθηκε, η χορήγηση κολχικίνης αποτελεί αποτελεσματική θεραπεία στην πλειονότητα των ασθενών. (γ) Σε σπάνιες περιπτώσεις, το πρώτο και μοναδικό σύμπτωμα είναι η αμυλοείδωση, υποδηλώνοντας τη δυσκολία στην κλινική διάγνωση της νόσου και την ανάγκη για προσυπτωματική διάγνωση σε οικογένειες με FMF.

Το γονίδιο “Marenostrin-encoding fever gene” (*MEFV*), που αποτελείται από 10 εξώνια, χαρτογραφήθηκε το 1997 στο χρωμόσωμα 16p13.3.^{10,11} Εκφράζεται αποκλειστικά σε πολυμορφοπύρηνα λευκά αιμοσφαίρια και μεταφράζεται σε πρωτεΐνη, που ονομάστηκε *rygin* από το Ελληνικό «πυρετός»¹⁰ ή *marenostrin* από τη λατινική ονομασία της Μεσογείου.¹¹ Η πρωτεΐνη αποτελείται από 781 αμινοξέα και έχει χαρακτηριστικά μεταγραφικού παράγοντα, ενώ η ακριβής λειτουργία της παραμένει ακόμα αδιευκρίνιστη.

Στα 4 χρόνια από την ανακάλυψη του γονιδίου έχουν χαρακτηριστεί 29 μεταλλάξεις, στα εξώνια 1, 2, 3, 5, 9 και 10 του *MEFV*. Οι περισσότερες μεταλλάξεις έχουν βρεθεί στα εξώνια 2 και 10.¹² Στο εξώνιο 10 υπάρχουν δύο «θερμά σημεία» μεταλλάξεων στα κωδικόνια 680 και 694, ενώ και η πλειονότητα των υπολοίπων μεταλλάξεων (18/29) έχουν βρεθεί στο ίδιο εξώνιο. Το εξώνιο 10 φαίνεται να παίζει βασικό ρόλο στη λειτουργία της πρωτεΐνης, καθώς οι μεταλλάξεις του συνδέονται με βαρύτερο φαινότυπο της νόσου. Στο σύνολο των μεταλλάξεων του γονιδίου, 5 από αυτές, οι V726A, M694V, M694I, M680I (στο εξώνιο 10) και E148Q (στο εξώνιο 2), είναι ευρέως διαδεδομένες και βρίσκονται στο 74% των FMF χρωμοσωμάτων. Από αυτές, η πιο κοινή και πλέον σοβαρή είναι η M694V, ενώ η E148Q είναι η δεύτερη συχνότερη και η πιο ήπια μετάλλαξη. Οι υπό-

λοιπες 24 μεταλλάξεις παρατηρούνται σε λιγότερα από το 1% των FMF χρωμοσωμάτων. Σε μικρό δείγμα του Ελληνικού πλοθυσμού έχουν βρεθεί μόνο 4 μεταλλάξεις: M694V (25%), E148Q (13%), V726A (13%) και M694I (6%).⁵

Στην παρούσα εργασία παρουσιάζεται η μοριακή ανάλυση του γονιδίου *MEFV* σε 5 Έλληνες ασθενείς με φαινότυπο συμβατό με τη νόσο FMF.

ΥΛΙΚΟ ΚΑΙ ΜΕΘΟΔΟΣ

Περιγραφή των ασθενών

Ασθενής 1: Γυναίκα 34 ετών. Προ τριετίας ανέφερε άλγος επιγαστρίου-δεξιού λαγονίου βόθρου, που διήρκεσε επί δύμπνο, ενώ υπήρχε ιστορικό δυσμπνόρροιας, κολοκυστεκτομής και σκωληκοειδετομής. Έγινε λαπαροσκοπική καυτηρίαση ενδομπτηριειδών κύστεων ωοθήκης άμφω και έναρξη αγωγής με Arnevac. Σε επανεισαγωγή της για επιγαστραλγία-εμπύρετο βρέθηκε τρανσαμινασαιμία. Μαγνητική κολαγγειοπαγκρεατογραφία (MRCP): πεταλοειδής νεφρός. Γαστροσκόπηση: γαστρίτιδα άντρου. Η ασθενής δεν δέχθηκε θεραπεία με κολκικίνη.

Ασθενής 2: Άνδρας 35 ετών. Από εφηβικής ηλικίας παρουσίαζε κρίσεις (διάρκειας 24–72 ωρών) πυρετού, εντονότατου κοιλιακού άλγους και αρθραλγιών. Για τα συμπτώματα αυτά υποβλήθηκε επανειλημμένως σε ενδελεχή απεικονιστικό έλεγχο (αξονική τομογραφία άνω-κάτω κοιλίας) και ενδοσκοπίσεις ανώτερου και κατώτερου πεπτικού, που δεν ανέδειξαν ιδιαίτερη παθολογία. Έλαβε και κολκικίνη, με αποτέλεσμα την αραίωση των κρίσεων.

Ασθενής 3: Άνδρας 32 ετών. Από ετών ανέφερε εντονότατο κοιλιακό άλγος, διάρκειας 24–48 ωρών. Σε μερικά από τα επεισόδια συνυπήρχαν πυρετός και αρθραλγίες. Ενδελεχής απεικονιστικός έλεγχος κοιλίας και ενδοσκοπικός έλεγχος ανώτερου και κατώτερου πεπτικού δεν ανέδειξαν ιδιαίτερα ευρήματα. Η κορνύγηση κολκικίνης χαρακτηρίστηκε από επιτυχία, καθόσον επέφερε σχετική αραίωση των κρίσεων.

Ασθενής 4: Γυναίκα 23 ετών, με καταγωγή από το Λίβανο. Από διετίας ανέφερε κρίσεις με επανειλημμένα επεισόδια πυρετού και τουλάχιστον 4 επεισόδια οξείας αμυγδαλίτιδας, όχι πάντα σε συνδυασμό με τις κρίσεις πυρετού. Σε πολλαπλές νοσηλείες με εκτεταμένους ελέγχους δεν τέθηκε διάγνωση και μόνο εξ αποκλεισμού πιθανολογήθηκε η παρουσία άτυπου μεσογειακού πυρετού. Από τον κλινικοεργαστηριακό έλεγχο είχαν βρεθεί αναιμία, ππατοσπληνομεγαλία, αυξημένη TKE και πυουρία. Ιολογικός έλεγχος, PCR για *Mycobacterium tuberculosis* και σπινθηρογράφημα οστών: αρνητικά. Εξήλθε σε δεκατική πυρετική κίνηση. Διάγνωση: αδιευκρίνιστο παρατεινόμενο εμπύρετο.

Ασθενής 5: Άνδρας 52 ετών, γεννημένος στην Αίγυπτο. Εισήλθε στο νοσοκομείο με οξύ κοιλιακό άλγος, αδυναμία

θάδισης και καταβολή δυνάμεων. Επιπλέον, εμφάνισε οξεία διαβρωτική γαστρίτιδα και οξεία κολίτιδα. Μοριακή ανάλυση για οικογενή αμυλοειδή πολυνυροπάθεια με έλεγχο του γονιδίου TTR: αρνητική.

Απομόνωση DNA

Γονιδιωματικό DNA απομονώθηκε από ολικό περιφερικό αίμα χρησιμοποιώντας το σύστημα Genomix kit (Talent, srl, Italy).

Αλυσιδωτή αντίδραση της πολυμεράσης (PCR). Τα εξώνια 1 και 2, 3 και 4, 5 και 6 και 10 πολλαπλασιάστηκαν χρησιμοποιώντας δημοσιευμένους εκκινητές¹² (πίν. 1). Αντιδράσεις των 50 μL θερμάνθηκαν σε PTC-200 (MJ Research, USA) θερμοκυλοποιητή για 5 min στους 95 °C. Ακολούθησαν 35 κύκλοι αποδιάταξης στους 95 °C για 40 sec, πρόσθεση εκκινητών στην κατάλληλη θερμοκρασία (πίν. 1) για 30 sec και επιμήκυνση στους 72 °C για 30 sec, ακολουθούμενα από τελική επιμήκυνση στους 72 °C για 10 min. Οι αντιδράσεις έγιναν σε 50 μL που περιείχαν 20 mM tris HCl (pH 8,4), 50 mM KCl, 1,5 mM MgCl₂, 200 μM από κάθε dNTP, 1,5 U Taq πολυμεράση (Invitrogen, The Netherlands) και 10 pmol από κάθε εκκινητή.

Καθορισμός της αλληλουχίας του DNA

Τα προϊόντα της PCR καθαρίστηκαν χρησιμοποιώντας το σύστημα Concert Rapid PCR purification or gel extraction system kits (Gibco BRL, USA). Αυτόματη αλληλούχηση και των δύο αλύσεων έγινε με το σύστημα Big-Dye DyeDeoxy terminator cycle sequencing kit (Applied Biosystems, USA), χρησιμοποιώντας εκκινητές που χρησιμοποιήθηκαν για την PCR ή εσωτερικούς εκκινητές.¹² Ηλεκτροφόρηση των προϊόντων πραγματοποιήθηκε στον αυτόματο φθορίζοντα αναλυτή ABI Prism® 310 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA). Οι αλληλουχίες στοιχήθηκαν με τη χρήση του προγράμματος Sequencher® PC software (GeneCodes Inc, USA) με φυσιολογικές αλληλουχίες από την Genbank (AF111163) και εξετάστηκαν για μεταλλάξεις.

ΑΠΟΤΕΛΕΣΜΑΤΑ ΚΑΙ ΣΧΟΛΙΟ

Έγινε καθορισμός της αλληλουχίας του DNA σε 5 ασθενείς με φαινότυπο της νόσου. Στους ασθενείς 1 και 4 μελετήθηκαν τα εξώνια 2, 3, 5 και 10 του γονιδίου, καλύπτοντας έτσι το 93% (27/29) των δημοσιευμένων μεταλλάξεων.⁵ Στους ασθενείς 2 και 3 μελετήθηκαν τα εξώνια 2, 3 και 10 (26/29 των δημοσιευμένων μεταλλάξεων),⁵ ενώ στον ασθενή 5 μελετήθηκαν μόνο τα εξώνια 2 και 10 (24/29 των δημοσιευμένων μεταλλάξεων). Τα αποτελέσματα της ανάλυσης για τους 5 ασθενείς συνοψίζονται στον πίνακα 1.

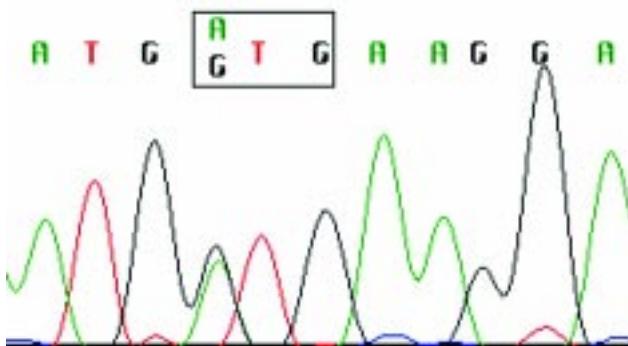
Πίνακας 1. Μεταλλάξεις και πολυμορφισμοί που έχουν βρεθεί με τον καθοριστικό της αλληλουχίας του γονιδίου *MEFV*.

Εξάντιο	Εκκινητές (PCR)*	Θερμοκρασία αναδιάταξης (°C)	Μέγεθος (bp)	Κωδικότυπο	Πολυμορφισμοί	Μεταλλάξεις	Ομόζυγοι	Επερόγυοι	Δείγματα που έχουν αναλυθεί
2	ZAF: GTGGGACAGCTTCATTTTG 2BR: GTTTATAGAGATGGGGGG	TD** 64/59	102 138	T2835C A2943G		2	2	2	7***
		850	148		E148Q (G2981C)	2	2	2	7***
			165	C3024A	3	2	2	7***	
			202	G3134A	4	1	1	7***	
3	3.4F: GCACATCTCAGGCCAAGGG 3.4R: CACAGCGAAATCTGGGG	TD 58/55	314	C7842T	A3458T (IVS2)	4	1	3	5
		979	474		G10412A	1	1	4	
			476		A10418G	1	1	4	
5	5.6 F: CCACCTCTTATCCACCTCC 5.6R: GCCCTTCTCCCTATCAAATCC	TD 56/55	510	T10520C	T10520C	1	1	4	
10	10F: ATGGGGCTCAGGCACAT 10R: GGAGCACCTGAGAGTGGCACCCACC	TD 68/54	694		M694V (A14184G)	0	1	5	

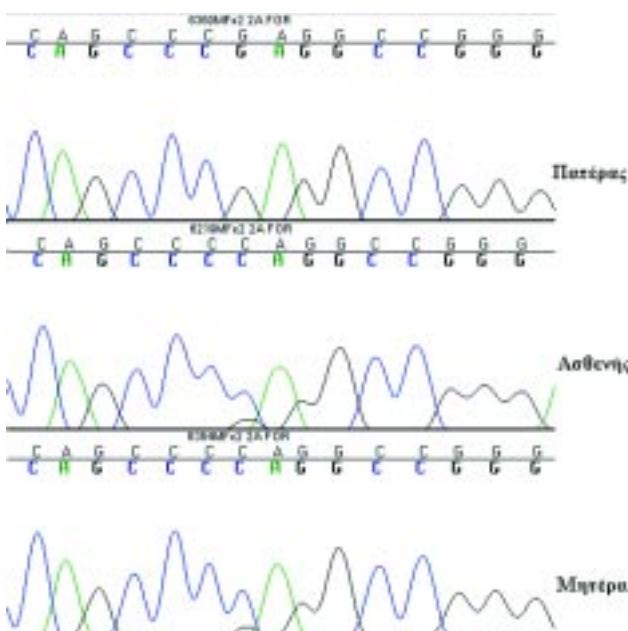
*Εκκινητές από Bernot et al, 1998.¹² **Touchdown PCR. ***Οι ασθενείς σε αυτό το δεύτερο είναι 7, επειδή αναλύθηκαν και οι γονείς του ασθενούς με τη μετάλλαξη

Όπως φαίνεται από τον πίνακα 1, ανιχνεύθηκαν αρκετοί από τους δημοσιευμένους πολυμορφισμούς,¹ καθώς και ένας νέος πολυμορφισμός, ο A3458T (IVS2), ο οποίος όμως βρίσκεται μέσα στο ιντρόνιο 2, αποκλείοντας έτσι την εμπλοκή του στην κλινική εικόνα των ασθενών.

Στον ασθενή 3 βρέθηκε η πιο κοινή μετάλλαξη, M694V, σε επερόγυην κατάσταση (εικ. 1). Στην ασθενή 4 ανιχνεύθηκε η δεύτερη πιο κοινή μετάλλαξη, E148Q (εικ. 2). Συνήθως η νόσος κληρονομείται ως υπολειπόμενη. Υπάρχουν όμως περιπτώσεις στη βιβλιογραφία όπου παρατηρήθηκε επικρατητική κληρονομικότητα¹⁻³ λόγω της



Εικόνα 1. Χρωματογράφημα της περιοχής του εξωνίου 10 του γονιδίου *MEFV*. Εντοπίζεται η μετάλλαξη M694V (διπλή κορυφή) σε επερόγυην κατάσταση. Στο πλαίσιο φαίνεται η μετάλλαξη του κωδικού ATG (μεθιειονίνη) σε GTG (θαλίνη).



Εικόνα 2. Χρωματογράφημα της περιοχής του εξωνίου 2 του γονιδίου *MEFV*. Εντοπίζεται η μετάλλαξη E148Q (θέλος) στην επερόγυην ασθενή και τη μητέρα της, από την οποία την κληρονόμησε.

εξαιρετικής σοθαρότητας της μετάλλαξης.³ Αυτή θα μπορούσε να είναι η εξήγηση για την κλινική εικόνα του ασθενούς 3, με τη M694V μετάλλαξη, η οποία θεωρείται ως η πλέον σοθαρή μετάλλαξη. Αντίθετα, στην περίπτωση της ασθενούς 4, με τη μετάλλαξη E148Q, η μη ταυτοποίηση και δεύτερης μετάλλαξης υποδηλώνει ότι το εύρημα αυτό δεν σχετίζεται με τη νόσο, αφού η συγκεκριμένη μετάλλαξη θεωρείται ως η πιοτέρη. Μια άλλη πιθανότητα είναι οι ασθενείς να πάσχουν από άλλη νόσο με φαινότυπο παρόμοιο με αυτόν του FMF (FMF-like diseases).⁷ Για το λόγο αυτόν, έχει αρχίσει η μοριακή ανάλυση του γονιδίου *tumour necrosis factor receptor (TNFRSF1A)*, στο οποίο μεταλλάξεις προκαλούν περιοδικό σύνδρομο με φαινότυπο παρόμοιο με τον αντίστοιχο του FMF.^{13,14}

Από την παρούσα μελέτη γίνεται αντιληπτό ότι η κλινική εικόνα του FMF δεν είναι πλήρως ταυτοποιημένη, με αποτέλεσμα να απαιτείται ιδιαίτερη προσοχή κατά την αξιολόγηση των αποτελεσμάτων.

ABSTRACT

Familial mediterranean fever: Molecular analysis

A. APESSOS,¹ M. MIHALATOS,¹ I. BELOGIANNI,¹
T. ROKKAS,² P. FILALITHIS,³ E. GRAPSAS,³
G. NASIOULAS¹

¹Molecular Biology Research Center "Hygeia"- "Antonis Papayiannis", Athens, ²Gastroenterology Clinic, "Errikos Dinan" Hospital, Athens, ³1st Pathology Clinic, DTCA "Hygeia", Athens, Greece

Archives of Hellenic Medicine 2004, 21(1):37–41

Familial Mediterranean Fever (FMF) is an autosomal recessive genetic disorder, although rare cases of autosomal dominant inheritance have been described. The phenotype is heterogeneous but generally characterized by short recurrent self-resolving attacks of fever and serositis. It is particularly common in populations of Eastern Mediterranean origin. The gene responsible for the syndrome was cloned in 1997 on chromosome 16p13.3 and named *Marenostripen-coding fever gene (MEFV)*. To date, 29 mutations have been identified, 5 of which are widely distributed in affected populations and are found in 74% of all FMF chromosomes. This paper describes analysis of the *MEFV* gene in five Greek patients suspected of suffering from FMF. Eight of the published polymorphisms were identified, in addition to

a novel A>T substitution located in intron 1. The two most common mutations, M694 and E148Q, were identified in two patients each of which was heterozygous for one of the mutations. A second mutation was not identified in either of the patients. This could be an example of a rare dominant form of FMF. Alternatively the FMF-compatible phenotype in these patients was caused by other factors.

.....
Key words: Familial mediterranean fever, Mutations, PCR, Sequencing

Βιβλιογραφία

1. CAZENEUVE C, SARKISIAN T, PECHUEX C, DERVICHIAN M, NEDELEC B, REINERT P ET AL. *MEFV*-gene analysis in Armenian patients with familial mediterranean fever: Diagnostic value and unfavorable prognosis of the M694V homozygous genotype-genetic and therapeutic implications. Am J Hum Genet 1999, 65:88–97
2. AKSENTIJEVICH I, TOROSYAN Y, SAMUELS J, CENTOLA M, PRAS E, CHAE JJ. Mutation and haplotype studies of familial mediterranean fever reveal new ancestral relationships and evidence for high carrier frequency with reduced penetrance in the Ashkenazi Jewish population. Am J Hum Genet 1999, 64:949–962
3. BOOTH DR, GILLMORE JD, LACHMANN HJ, BOOTH SE, BYBEE A, SOYTURK M ET AL. The genetic basis of autosomal dominant familial mediterranean fever. Q J Med 2000, 93:217–221
4. CENTOLA M, AKSENTIJEVICH I, KARSTNER DL. The hereditary periodic fever syndromes: molecular analysis of a new family of diseases. Hum Mol Genet 1998, 7:1581–1588
5. TOUTOU I. The spectrum of Familial Mediterranean Fever (FMF) mutations. Eur J Hum Genet 2001, 9:473–483
6. BRIK R, SHINAWI M, KEPTEN I, BERANT M, GERSHONI-BARUCH R. Familial mediterranean fever: clinical and genetic characterization in a mixed pediatric population of Jewish and Arab patients. Pediatrics 1999, 103:e70
7. ZEMER D, PRAS M, SOHAR E, MODAN M, CABILI S, GAFNI J. Colchicine in the prevention and treatment of the amyloidosis of familial mediterranean fever. N Engl J Med 1986, 314:1001–1005
8. BABIOR BM. Familial mediterranean fever and the control of inflammation. Curr Opin Hematol 1998, 4:1–2
9. OMIM <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/omim/> cat no# 249100
10. THE INTERNATIONAL FMF CONSORTIUM. Ancient mutations in a new member of the RoRet gene family are likely to cause familial mediterranean fever (FMF). Cell 1997, 90:797–807
11. THE FRENCH FMF CONSORTIUM. A candidate gene for familial mediterranean fever. Nat Genet 1997, 17:25–31
12. BERNOT A, DA SILVA C, PETIT JL, CRUAUD C, CALOUSTIAN C, CASTE V ET AL. Non-founder mutations in the *MEFV* gene establish this gene as the cause of familial mediterranean fever (FMF). Hum Mol Genet 1998, 7:1317–1325

13. GALON J, AKSENTIJEVICH I, McDERMOTT MF, O'SHEA JJ, KASTNER DL. TNFRSF1A mutations and autoinflammatory syndromes. *Curr Opin Immunol* 2000, 12:479–486
14. DODE C, ANDRE M, BIENVENU T, HAUSFATER P, PECHUEX C, BIEN-
VENUE J ET AL. The enlarging clinical, and population spec-
trum of tumor necrosis factor receptor-associated periodic
syndrome. *Arthritis Rheum* 2002, 46:2182–2188

Corresponding author:

G. Nasoulas, Molecular Biology Research Center "Hygeia"- "An-
tonis Papayiannis", 4 Kifissias Ave. & Er. Stavrou street, GR-151
23 Maroussi, Greece
e-mail: g.nasioul@hygeia.gr