Contacts

Pour la partie Scientifique et Médicale :

Responsable du Projet : Pr Corvol harriet.corvol@aphp.fr

Co-responsable du Projet : Pr Clément annick.clement@aphp.fr

Coordinatrice de recherche clinique :

Julie Mésinèle

julie.mesinele@inserm.fr Tel: 01 49 28 46 19

Pour la partie Biostatistiques :

Responsable : Pr Pierre-Yves Boëlle boelle@u707.jussieu.fr

Pour l'aide logistique et méthodologique :

Stéphane Mazur 04 74 66 33 08 mazurs@free.fr

Les acteurs :

Les CRCM
La société française de mucoviscidose
Les unités Inserm U938 et U1136
La Banque d'ADN et de Cellules du Généthon

Les soutiens financiers

Les associations de patients:
Vaincre La Mucoviscidose
Cystic Fibrosis Foundation
Agir et Informer Contre la
Mucoviscidose



<u>Les soutiens académiques</u>:
INSERM; APHP; UPMC; GIS
maladies rares; ANR

Bilan des inclusions au 01/04/2018

Date	CDCM	Nombre d'inclus	Nombre	% d'inclusions
d'ouverture	CRCM		attendus	
19/06/2007	Amiens	94	91	103
20/06/2008	Angers	80	120	66
19/05/2008	Besançon	119	120	99
04/06/2008	Bordeaux	154	262	58
17/04/2007	Caen	119	102	116
03/05/2007	Clermont Ferrand	42	99	42
22/03/2007	Cochin	173	397	43
29/05/2007	Créteil	65	104	62
18/07/2007	Dijon	113	120	94
26/06/2009	Dunkerque	63	66	95
07/08/2007	Giens	65	220	29
18/12/2006	Grenoble	213	199	107
14/05/2007	Le Havre	33	31	106
10/05/2011	Lille	282	382	73
25/03/2011	Limoges	53	61	86
10/05/2007	Lisieux	15	22	68
18/12/2006	Lyon	566	621	91
24/04/2007	Marseille	156	323	48
15/05/2007	Montpellier	150	198	75
17/09/2007	Nancy adultes	73	100	73
08/06/2007	Nancy enfants	177	163	108
05/10/2010	Nantes adultes	92	196	46
14/06/2010	Nantes enfants	115	103	111
05/01/2007	Necker	123	190	64
29/06/2016	Nice	33	98	33
02/07/2007	Reims	115	125	92
12/12/2006	Rennes	164	240	68
19/02/2008	Robert Debré	61	165	36
24/11/2009	Roscoff	122	139	87
03/04/2007	Rouen	196	169	115
10/03/2010	La Réunion (DOM)	100	124	80
20/06/2007	Strasbourg	207	244	84
25/05/2007	Suresnes	210	382	54
18/05/2009	Toulouse Adultes	71	158	44
23/05/2008	Toulouse Enfants	99	129	76
03/12/2012	Tours	121	170	71
30/11/2006	Trousseau	124	123	100
24/06/2008	Vannes-Lorient	72	83	86
16/05/2007	Versailles	73	72	101
Total		4903	6711	73

Nombre



Avril

2018

LA NEWSLETTER DES « GÈNES MODIFICATEURS DANS LA MUCOVISCIDOSE »



À travers cet éditorial, nous souhaitons souhaitons souligner le travail exemplaire accompli par l'équipe de recherche clinique. Leur dynamisme et leur enthousiasme pour le projet sont des éléments déterminants pour la progression du programme.
Un grand merci pour l'accueil que vous leur réservez.

L'ensemble de l'équipe est à votre disposition pour répondre à vos questions, demandes d'informations et prendre en compte vos éventuels commentaires et remarques. N'hésitez donc pas à nous contacter.







Chers Amis.

Nous sommes heureux de vous faire partager les progrès réalisés dans le cadre du programme de recherche sur les gènes modificateurs dans la mucoviscidose. Grâce à votre important et constant soutien ainsi qu'au grand dynamisme déployé autour de ce projet, nous avons inclus plus de 4900 patients depuis le début de l'étude, soit près des trois quarts des patients suivis pour mucoviscidose en France!

Cet effort national nous a permis de mettre en évidence plusieurs régions du génome associées à la sévérité de l'atteinte respiratoire, au risque d'iléus méconial, à l'atteinte pancréatique exocrine et aux dosages de chlorures sudoraux. En 2017, nous avons débuté l'étude de différents loci chez les patients inclus dont le génome n'avait pas encore été exploré, afin d'analyser des régions du génome associées au risque de survenue d'un diabète et d'une atteinte hépatique. Nos principaux objectifs en 2018 sont d'analyser également les loci associés à l'infection des voies aériennes par Pseudomonas Aeruginosa ainsi qu'à la variabilité de la réponse aux nouvelles thérapies ciblées, Kalydeco® et Orkambi®.

Comme vous le savez, le recueil des données cliniques reste un point crucial et fastidieux. Les données recueillies ne sont pas encore exhaustives et il nous faut poursuivre cet effort.

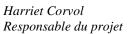
Pour mener à bien ce projet, nous collaborons avec des équipes nord-américaines et européennes et sommes soutenus par les associations de patients, en particulier l'association Vaincre La Mucoviscidose que nous profitons pour chaleureusement remercier ici.

Nous vous remercions encore toutes et tous pour votre précieuse collaboration!









Isabelle Durieu Présidente de la société française de la mucoviscidose

Annick Clément Co-responsable du projet











Le projet se déroule en plusieurs étapes

L'inclusion des patients et le prélèvement sanguin pour extraction et stockage de ľADN

L'analyse des données phénotypiques

Les analyses génomiques

La réplication des résultats

Remerciements :

Aux CRCM pour leur réactivité suite à nos nombreuses sollicitations pour des demandes d'informations, pour la confiance qu'ils accordent à Julie Mésinèle, attachée de recherche clinique, en l'autorisant à consulter les dossiers des patients, ainsi que pour leur aide au quotidien dans ce projet.

Aux ARCs de la PNRC pour leur implication.

A Marie Perceval et Stéphane Mazur qui fournissent annuellement les données cliniques des centres équipés du logiciel easily-Gulper.

Aux CRCM équipés des logiciels e-muco et Mucodoméos qui nous permettent d'extraire informatiquement les données cliniques, ce qui en permet une exploitation plus rapide.

LE PROJET

L'objectif principal du projet est la mise en évidence de gènes modulant la sévérité des différentes atteintes des patients atteints de mucoviscidose.

1ère étape : Inclusion et prélèvement des patients pour extraction et stockage de l'ADN

Depuis les premières inclusions fin 2006, près de 4900 patients ont accepté de participer à l'étude dans les 45 CRCM participants. Leur ADN est extrait et stocké par le Généthon.

2ème étape : Recueil et analyse des données phénotypiques

Les données cliniques d'intérêt ont été recueillies grâce à leur extraction des dossiers patients : dossiers papiers ou dossiers informatisés dédiés à la mucoviscidose que vous utilisez au quotidien (Easily-Gulper, Mucodoméos et eMuco) lors des visites de monitoring de l'attachée de recherche clinique du projet.

- Phénotype respiratoire :

Afin de mettre en évidence des gènes modificateurs de l'atteinte respiratoire, nous recueillons les résultats de toutes les épreuves fonctionnelles respiratoires réalisées chez les patients. Les données recueillies pour l'analyse du phénotype respiratoires sont les CVF, les VEMS ainsi que les DEM 25-75.

Depuis 2013, nous relevons également les résultats des examens cytobactériologiques des crachats afin de rechercher des gènes impliqués dans les colonisations respiratoires à différentes bactéries, en particulier, Pseudomonas aeruginosa et Staphylococcus aureus.

- Phénotype digestif, hépatique et diabète :

Le recueil des données phénotypiques relatives aux atteintes digestive et hépatique est également réalisé.

Grace à votre aide, nous avons pu identifier des facteurs de risque de développer une atteinte hépatique sévère (Stonebraker et al. Clin Gastroenterol Hepatol 2016).

- Environnement et thérapies ciblées

Depuis 2016, nous recueillons également des données environnementales et les prescriptions des thérapies ciblées Kalydeco® et Orkambi®.

3^{ème} étape : L'analyse génomique et les associations génotypes / phénotypes

Une analyse pilote du génome entier (GWAS) a été réalisée chez 1400 patients d'origine européenne, ayant 2 mutations sévères de CFTR (tous insuffisants pancréatiques) et avant un suivi fonctionnel respiratoire (VEMS) d'au moins 5 ans.

En collaboration avec l'Amérique du Nord, nous avons mis en évidence des gènes et/ou loci impliqués dans la sévérité de l'atteinte respiratoire (Corvol et al. Nat Commun 2015), le risque d'iléus méconial (Sun et al. Nat Genet 2012), l'atteinte pancréatique exocrine (Miller et al. J Pediatr 2015) et les dosages de chlorures sudoraux (Collaco et al. Am J Respir Crit Care Med 2016). Nous avons également participé au développement de nouveaux modèles biostatistiques d'analyse des gènes modificateurs (Soave et al. Am J Hum Genet

4ème étape : Validation des résultats

Cette étape a débuté en 2017 : elle consiste en la validation des loci associés aux différentes atteintes (respiratoire, digestive, hépatique et diabète) chez les ~3500 patients dont le génome n'avait pas encore été exploré.

Ces analyses sont complétées par des études de génétique fonctionnelle, permettant de définir les rôles des variants mis en évidence. Nous avons ainsi récemment montré que FAM13A modulait la fonction respiratoire des patients en régulant l'activité RhoA, le cytosquelette d'actine et la transition épithéliomésenchymateuse (Corvol et al. J Cyst Fibros

Nouvelle étape : Analyse des biomarqueurs

Nous avons récemment initié une nouvelle analyse complémentaire : l'étude de biomarqueurs de l'atteinte respiratoire, en particulier pour le phénotype infectieux. Pour cela, nous recueillons des échantillons d'expectorations et de sang dans un sousgroupe de patients suivis au CRCM pédiatrique de l'hôpital Trousseau.



Le Consortium européen

Le consortium européen de Recherche des Gènes Modificateurs de la Mucoviscidose a été initié avec la Grande-Bretagne, l'Irlande, l'Allemagne, l'Italie et la République Tchèque. Nous sommes soutenus par l'ECFS: « ECFS-Gene Modifier Working Group » : http://www.ecfs.eu/ecfs-working- groups/ecfs-gene-modifier-working-group

Nous avons pour projet d'associer dans la 4ème étape de validation des patients inclus dans les autres pays d'Europe afin d'étendre la taille de la cohorte à près de 6000 patients. En 2017, nous avons commencé à constituer la banque ADN européenne avec le recueil de plus de 300 échantillons.

Le Consortium Nord-Américain

Comme cela a été décrit dans le déroulement du projet, nous collaborons étroitement et activement depuis plus de 6 ans maintenant avec des équipes d'Amérique du Nord.

Cette collaboration nous a permis de mettre en évidence des gènes impliqués dans la sévérité de différentes atteintes : l'atteinte respiratoire (Corvol et al. Nat Commun 2015), le risque d'iléus méconial (Sun et al. Nat Genet 2012), l'atteinte pancréatique exocrine (Miller et al. J Pediatr 2015) et les dosages de chlorures sudoraux (Collaco et al. Am J Respir Crit Care Med 2016). Nous avons également pu identifier des facteurs de risque de développer une atteinte hépatique sévère (Stonebraker et al. Clin Gastroenterol Hepatol 2016) et, récemment, un gène modulant la réponse respiratoire à l'ivacaftor (Strug et al. Hum Mol Genet 2016).

Le protocole en pratique

La taille importante de la cohorte entraine indéniablement une augmentation du risque d'inclusions multiples pour un • Un problème avec l'ADN du patient (prélèvement même patient.

Un grand merci à tous les CRCM qui ont pris l'habitude en cas de doute, de solliciter l'aide de la coordinatrice de l'étude, pour savoir si ces patients avaient déjà été inclus dans le protocole par une autre CRCM ou pas.

Merci aux CRCM adultes d'être particulièrement vigilant lors de l'inclusion des femmes et de toujours identifier ces patientes par leur nom de jeune fille.

Des patients de votre centre peuvent être en attente de reprélèvement pour plusieurs raisons :

- insuffisant pour l'extraction, dégradation de
- > une demande de reprélèvement du Généthon vous est communiquée
- Le prélèvement sanguin n'est jamais arrivé au Généthon
- La totalité de l'ADN de ce patient a été utilisée
 - > une demande de reprélèvement de la Coordinatrice vous est communiquée par email

ATTENTION

FERMETURES ANNUELLES DU **GENETHON:**

- o du 13/08/2018 au 19/082018
- o du 24/12/2018 au 31/12/2018

Par conséquent aucun prélèvement ne pourra être réceptionné durant cette période.

Tout prélèvement sanguiı doit être réalisé au plus tar le mardi de la semain précédant la fermeture, afii de parvenir au plus tard l jeudi au Généthon pou pouvoir être traité.



Poursuite de la collecte des prélèvements sanguins et du recueil des données cliniques longitudinales avec, en plus, les données relatives l'environnement et aux thérapies ciblées.

Réplication/Validation des études génomiques ayant mis en évidence des gènes associés à différentes atteintes de la mucoviscidose