

# Journées scientifiques de la mucoviscidose

1-2 avril 2021



# Classification des variants *CFTR* au regard de la pénétrance



Boussaroque A, Audrézet MP, Raynal C, Sermet-Gaudelus I, Bienvenu T, Férec C, Bergougnoux A, Lopez M, Scotet V, Munck A, **Girodon E.** 

*J Cyst Fibros*. 2020;S1569-1993(20)30098-9. doi:10.1016/j.jcf.2020.03.019











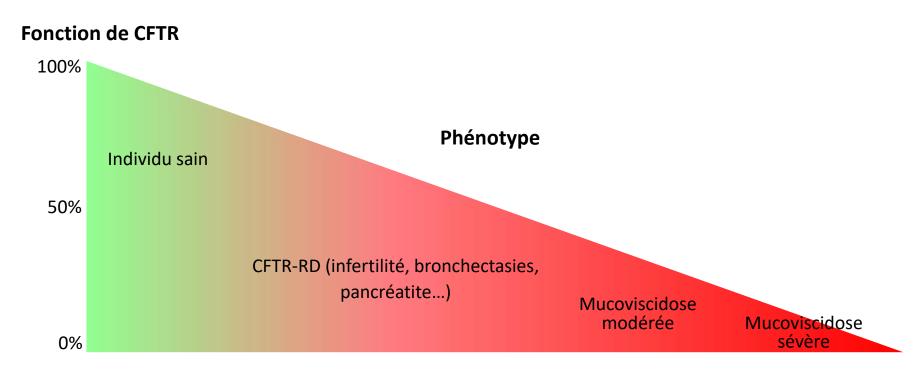




## Introduction: Interprétation des variants

- Observations cliniques
  - → Littérature
  - → Bases de données locus-spécifiques : CFMDB, CFTR2, CFTR-France
- Prédictions bioinformatiques
- > Tests fonctionnels (in vivo, ex vivo, in vitro)
- > Données épidémiologiques : peu prises en compte
  - → Fréquence des variants : en population générale, chez les patients
  - → Pénétrance de la mucoviscidose
  - → Risque pour un NN porteur d'un génotype donné de développer une mucoviscidose clinique

## Introduction: Interprétation des variants



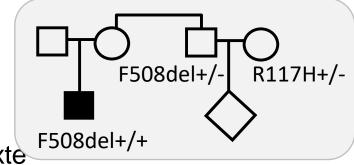


bénin / neutre CFTR-RD variable (VCC) pathogène très modéré pathogène modéré

## Introduction: Différents contextes cliniques

- ☐ Patients avec **symptômes**: CF, CFTR-RD
- ☐ Dépistage néonatal de la mucoviscidose

- ☐ Individus asymptomatiques
- Apparentés de porteurs hétérozygotes
- Individus de la population générale
  - conjoints
  - patients étudiés dans un autre contexte clinique (données non sollicitées)



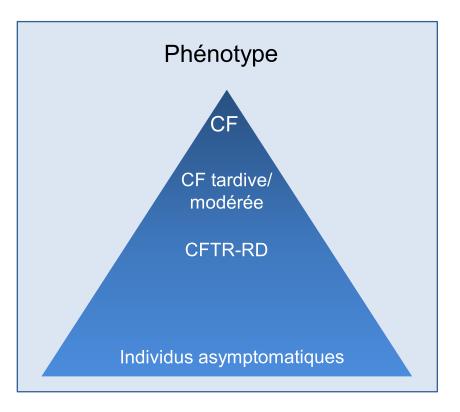
→ La notion de pénétrance est essentielle à prendre en compte dans le contexte des études chez des individus asymptomatiques.

## Introduction: Pénétrance

#### Pénétrance

Nb de patients porteurs d'un génotype exprimant un certain phénotype

Nb total de patients porteurs du même génotype



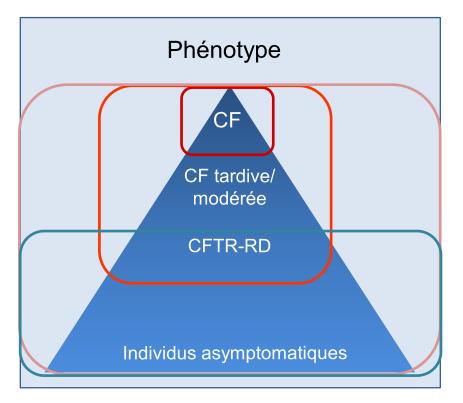
→ La pénétrance varie selon le phénotype

## Introduction: Pénétrance

#### Pénétrance

Nb de patients porteurs d'un génotype exprimant un certain phénotype

Nb total de patients porteurs du même génotype



**CF: 100%** 

**CF: incomplète** 

**CF/CFTR-RD: 100%** 

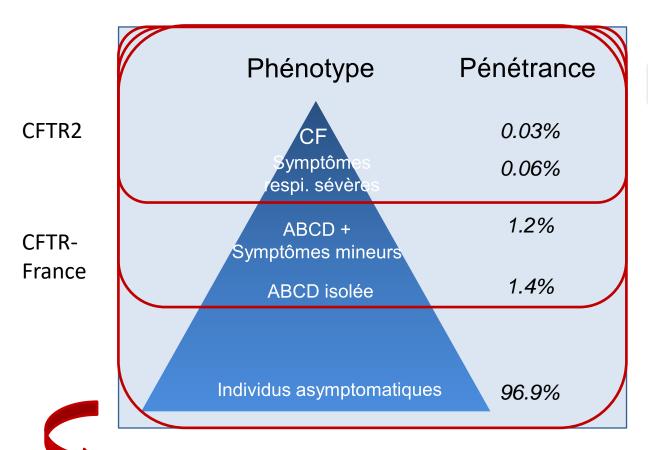
(variants VCC)

**CF/CFTR-RD**: très faible

**CF: 0** 

CFTR-RD: faible/très faible

## Introduction: Pénétrance



R117H;T7 / F508del

Thauvin-Robinet.

J Med Genet 2009

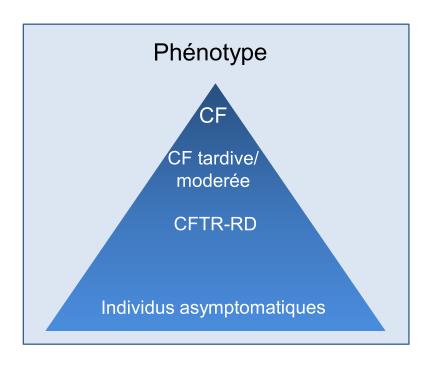
R117H;T7 reclassé comme variant CFTR-RD avec pénétrance faible Implication pour le conseil génétique (DPN, détection des porteurs)

## Concept de l'étude

#### Pénétrance:

Nb de patients porteurs d'un génotype donné atteints de mucoviscidose

Nb total de patients porteurs du même génotype



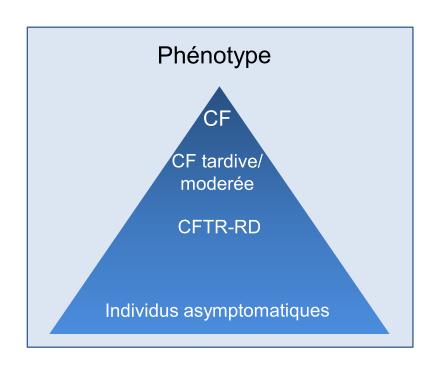
Données cliniques Registre de la mucoviscidose (projet en cours)

## Concept de l'étude

#### Pénétrance:

Nb de patients porteurs d'un génotype donné atteints de mucoviscidose

Nb total de patients porteurs du même génotype



Données épidemiologiques

Fréquences des variants dans la population générale

- gnomAD (Genome Aggregation Database)
- Données de la population française

## Objectif de l'étude

Approche de la pénétrance de la mucoviscidose associée à des variants « modérés » identifiés dans les cas non conclus du dépistage néonatal



Evaluer la probabilité de détection au dépistage néonatal

## Méthodes

- 15 variants CFTR:
  - 5 fréquents CF
  - 10 classés VCC ou CFTR-RD dans CFTR2 ou CFTR-France
- ☐ Comparaison des fréquences alléliques dans CFTR2 et la population générale





- Les variants plus fréquents dans la population générale que chez les patients CF sont considérés non CF.
- données de la population française
- Estimation de la probabilité de détection au DNN données 2002-2017



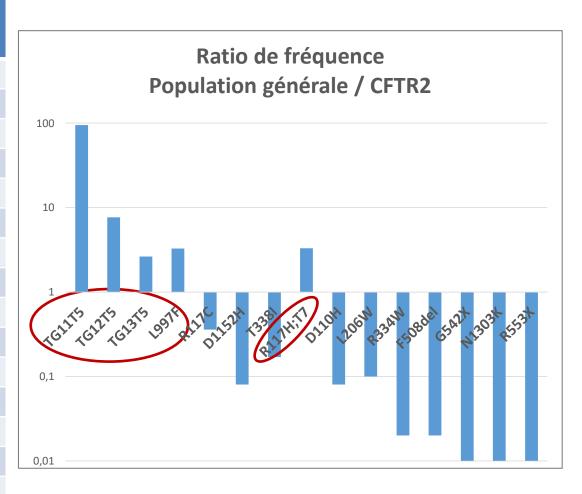
Nb de NN détectés au DNN porteurs d'un génotype donné

Nb de NN <u>attendus</u> porteurs du même génotype

2 x fréquence allélique variant x fréquence allélique F508del x Nb NN

# Résultats (1): Comparaison des fréquences alléliques

Variant (legacy)	CFTR2	CFTR-France
TG11T5	VCC	CFTR-RD
TG12T5	VCC	CFTR-RD
TG13T5	VCC	VCC
L997F	Non CF	CFTR-RD
R117C	CF	VCC
D1152H	VCC	VCC
T338I	CF	CFTR-RD
R117H;T7	VCC	CFTR-RD
D110H	CF	VCC
L206W	CF	VCC
R334W	CF	CF
F508del	CF	CF
G542X	CF	CF
N1303K	CF	CF
R553X	CF	CF

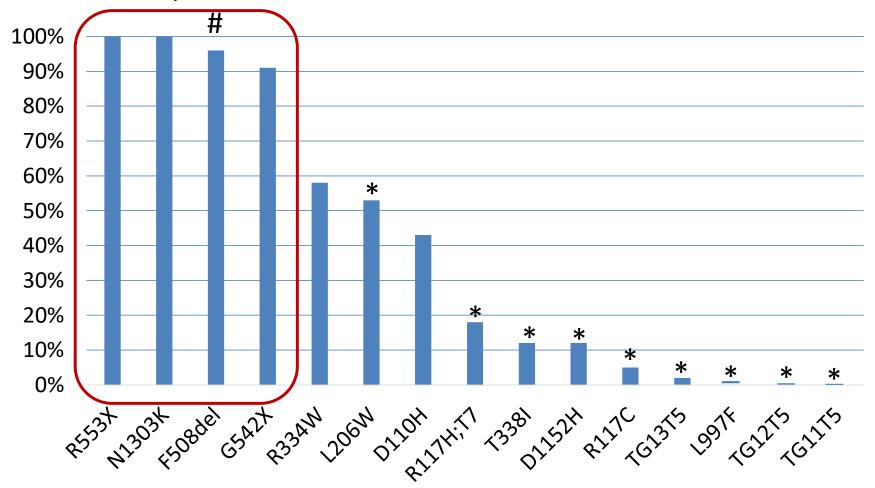


## Résultats (2) : probabilité de détection au DNN

- 12,320,023 NN entre 2002 et 2017
- 2,441 NN reconnus CF ou avec un diagnostic non conclu (CRMS/CFSPID)
- 987 homozygotes F508del and 357 hétérozygotes composites avec F508del

# Résultats (2) : probabilité de détection au DNN

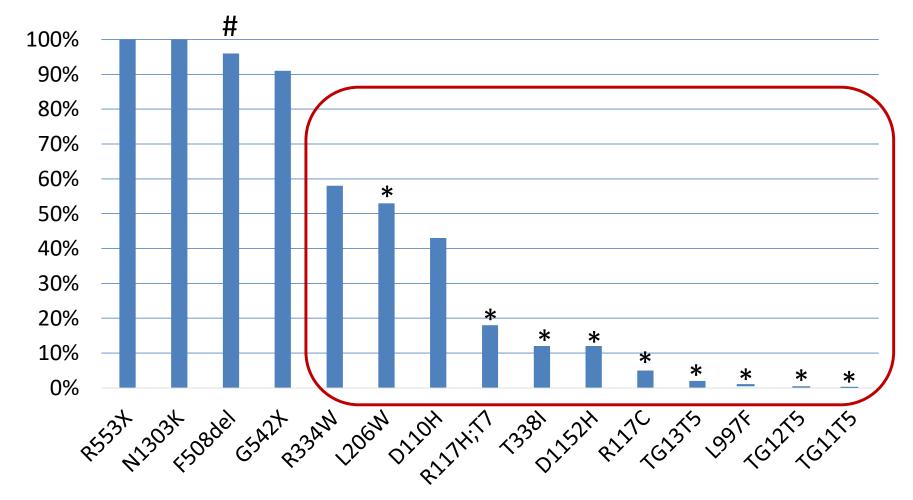
#### Likelihood of a positive NBS test



<sup>\*</sup> Différence statistiquement significative # Ratio corrigé à 95,59% en prenant en compte les IMG après diagnostic prénatal

# Résultats (2) : probabilité de détection au DNN

#### Probabilité de detection au DNN



<sup>\*</sup> Différence statistiquement significative # Ratio corrigé à 95,59% en prenant en compte les IMG après diagnostic prénatal

## Reclassification des variants

Variant (legacy)	CFTR2	CFTR-France	Ratio general population/CFTR2 frequency	Likelihood of a NBS test	Reclassification
TG11T5	VCC	CFTR-RD	94.96	0.03%	Bénin: ni CF ni CFTR-RD
TG12T5	VCC	CFTR-RD	7.65	0.35%	CFTR-RD, faible pénétrance
TG13T5	VCC	VCC	2.64	1.91%	VCC, faible pénétrance
L997F	Non CF	CFTR-RD	3.28	0.60%	Bénin: ni CF ni CFTR-RD
R117C	CF	VCC	0.36	5.14%	VCC, faible pénétrance
D1152H	VCC	VCC	0.08	11.74%	VCC, faible pénétrance
T338I	CF	CFTR-RD	0.17	12.35%	VCC, faible pénétrance
R117H;T7	VCC	CFTR-RD	3.30	17.81%	CFTR-RD, faible pénétrance
D110H	CF	VCC	0.08	43.48%	VCC, pénétrance incomplète
L206W	CF	VCC	0.10	52.64%	VCC, pénétrance incomplète
R334W	CF	CF	0.02	57.61%	CF, pénétrance incomplète
F508del	CF	CF	0.02	71.30%	CF
G542X	CF	CF	0.01	91.13%	CF
N1303K	CF	CF	0.01	100%	CF
R553X	CF	CF	0.01	100%	CF

→ Notion de pénétrance incomplète/faible à intégrer, selon les recommandations ACMG/AMP

## Conclusion / Perspectives

- Certains variants identifiés dans les formes non conclues au DNN sont associés à une probabilité de detection au DNN faible voire très faible.
- La détection au DNN n'implique pas que les NN développeront une mucoviscidose clinique

ex: F508del/R117H (Thauvin-Robinet. J Med Genet 2009)

- Le risque d'evolution vers une mucoviscidose clinique ou une affection liée à CFTR reste cependant à évaluer.
- La prise en compte des données épidémiologiques et de la pénétrance est essentielle pour évaluer l'impact des variants.
  - Particulièrement dans le contexte des tests génétiques en population générale :

  - DNN simultané de plusieurs maladies par des analyses pangénomiques







