









Maladies Génétiques dans les TND

Pr David GENEVIEVE

Généticien clinicien (DES de génétique)

Membre CEAND Montpellier

Centre de référence des anomalies du développement et syndromes malformatifs



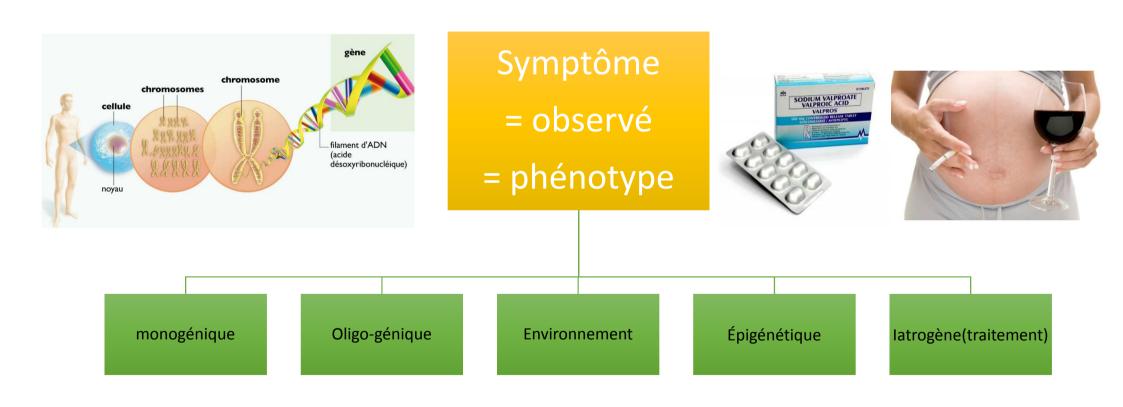
ERN Ithaca



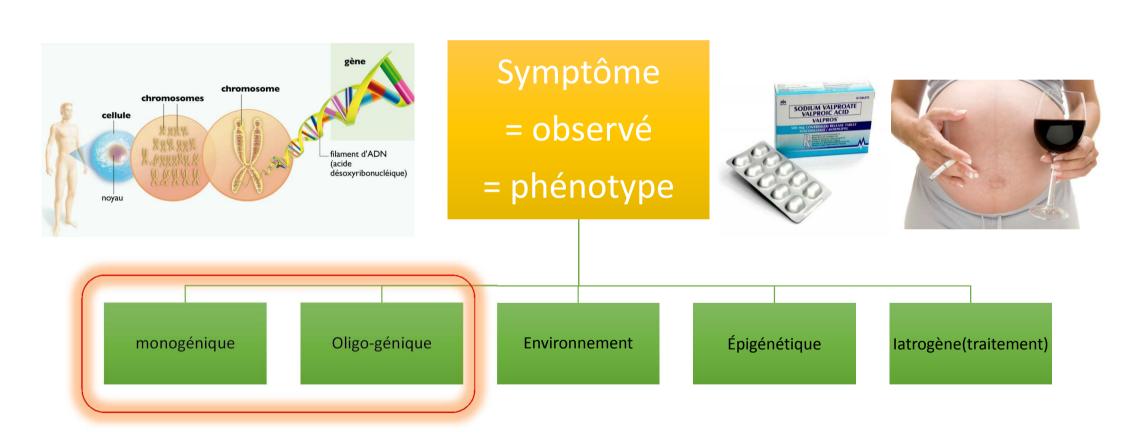


Quelques « rappels » de « génétique »

Quelles possibilités pour expliquer un symptôme, une maladie



Quelles possibilités pour expliquer un symptôme, une maladie



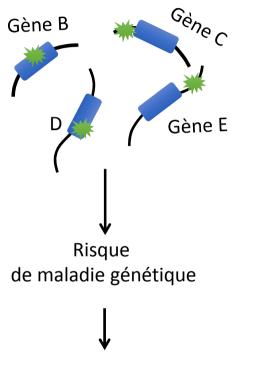
Formes monogéniques vs oligogénique

Variant pathogene

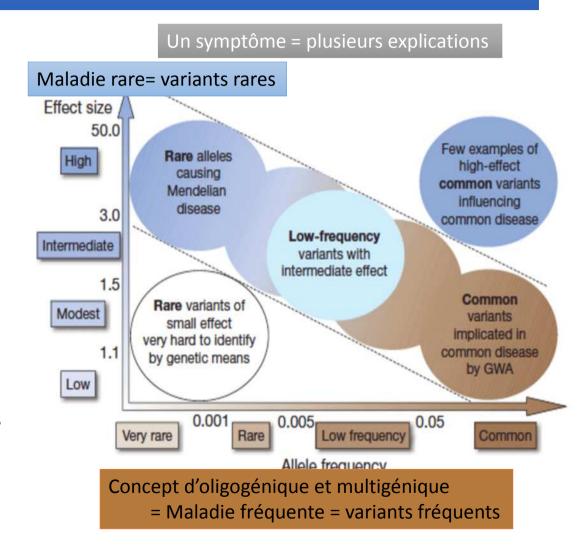
Gène A

Maladie génétique

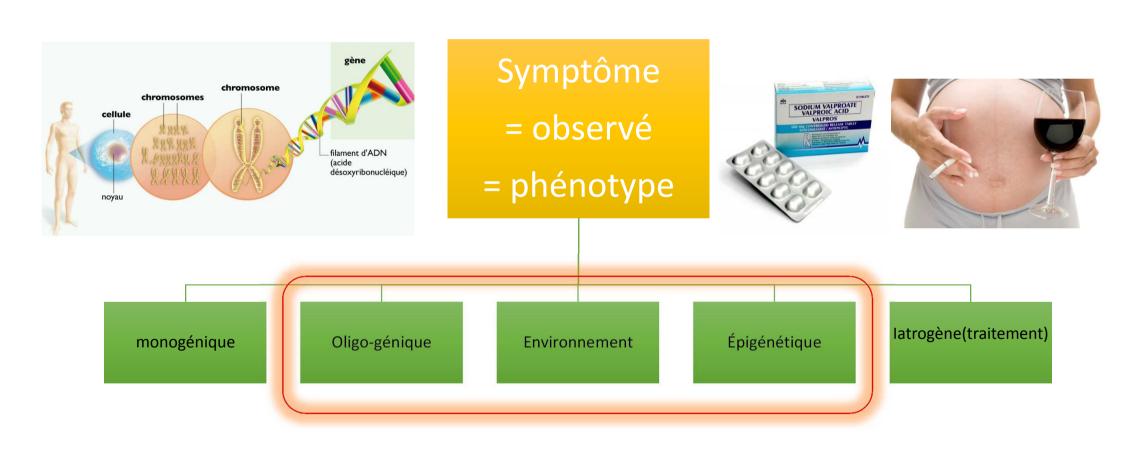
- Risque fort de développer des symptômes
- Hérédité forte



- Risque modéré a faible de développer des symptômes
- Peu ou pas héréditaire



Quelles possibilités pour expliquer un symptôme, une maladie

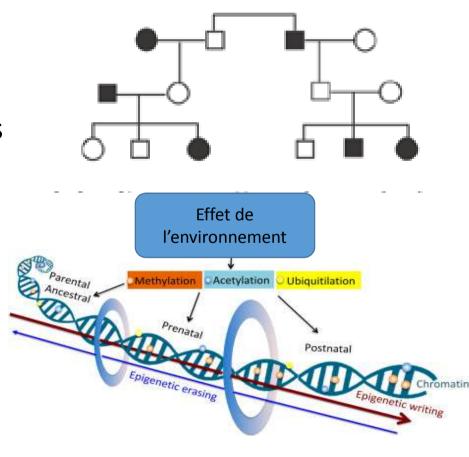


Formes multifactorielles : comment s'est développé ce concept

- Observation de formes familiales mais sans mode d'hérédité « classique » dominant ou récessif ou lié au chromosome l'X
- Absence d'outils permettant d'identifier des événement génétique « rares ».
- Association de variants fréquents (oligo ou multigénique

+

 Adjonction d'environnement puis d'épigénétique

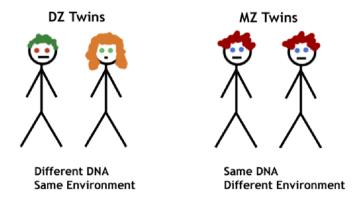


Quelle part entre génétique (mono et oligogénique) et l'environnement

Concept d'héritabilité

- Différent d'hérédité
- Calcul statistique dans une cohorte de jumeaux (mono vs di)
- Limites
 - Ne concerne qu'une population (USA/Asie/Europe, etc..)
 - Ne concerne qu'une periode
- Valable uniquement si méta-analyse

Héritabilité dans TSA = environ 85%











Connaissances épigénétique – concepts



If they ask you anything you don't know, just just say it's due to epigenetics.

Connaissances génétique – concepts

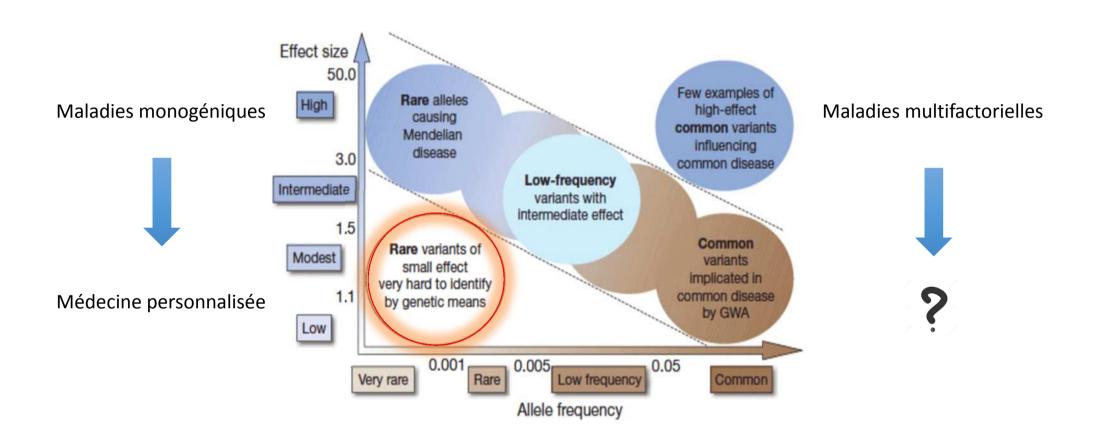
- Pourquoi Différencier
 - maladies monogéniques = variant génétique de fréquence rare à effet fort
 - Forme polygénique = addition de variants génétiques fréquents a effet faible
 - Formes multifactorielles = addition de polygénique à l'environnement



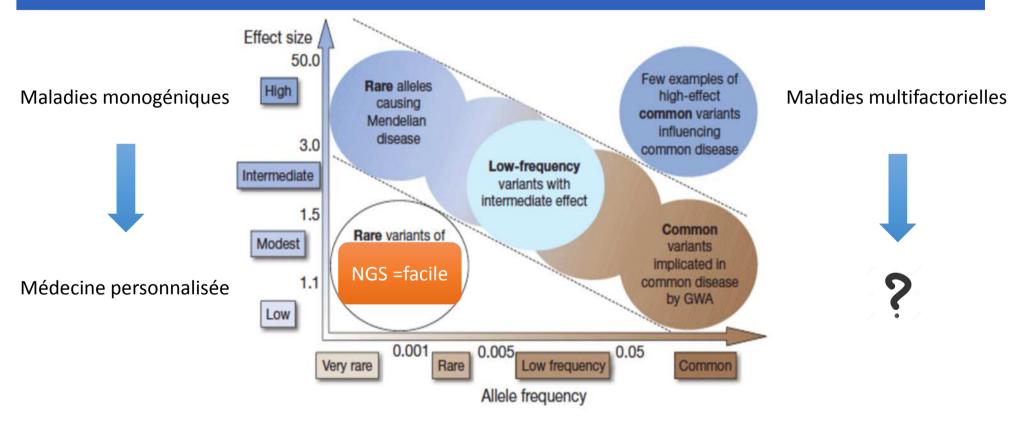


- Bien comprendre l'implication des variants génétique
 - Pour le conseil génétique (hérédité)
 - Pour la connaissance de trajectoire de vie développementale
 - Pour la découverte de symptômes associés + la prévention si nécessaire
 - Pour l'identification de thérapie ciblée spécifique
 - Pour une médecine personnalisée à partir des données de génétique

Connaissances génétique – concepts

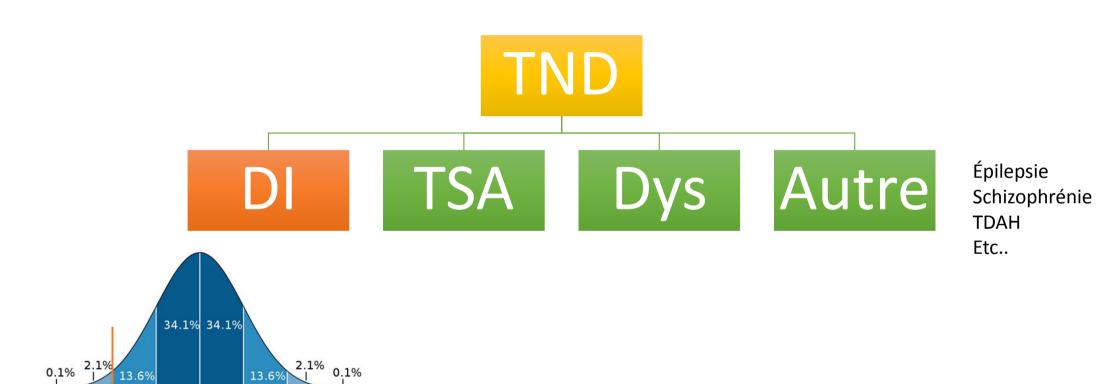


NGS = changement radical de la représentation des concepts



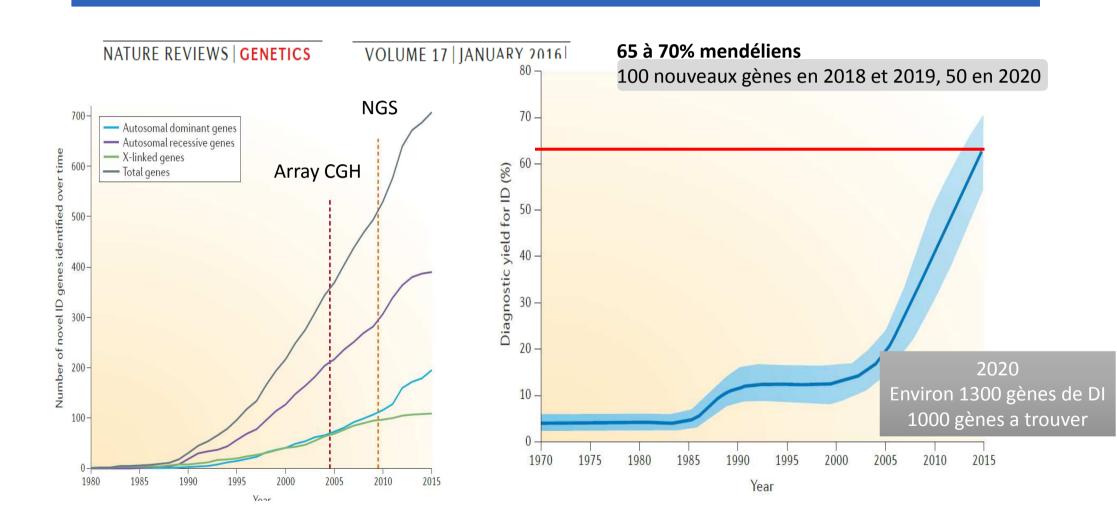
Génétique et TND

TND un ensemble de sous groupes



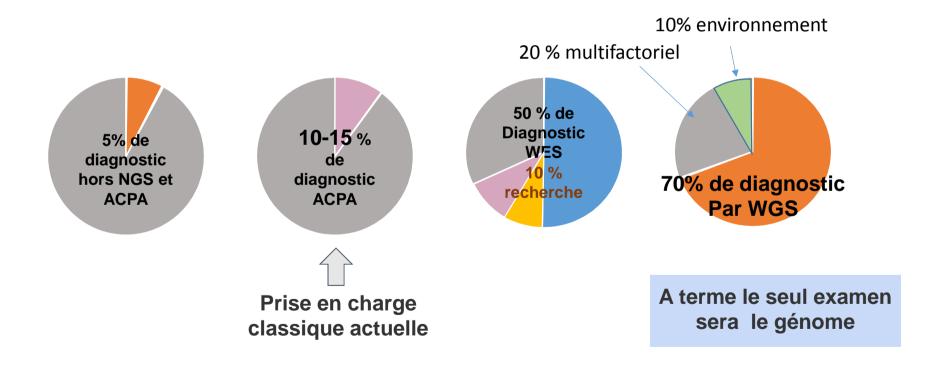
13.6%

Maladies monogéniques et DI



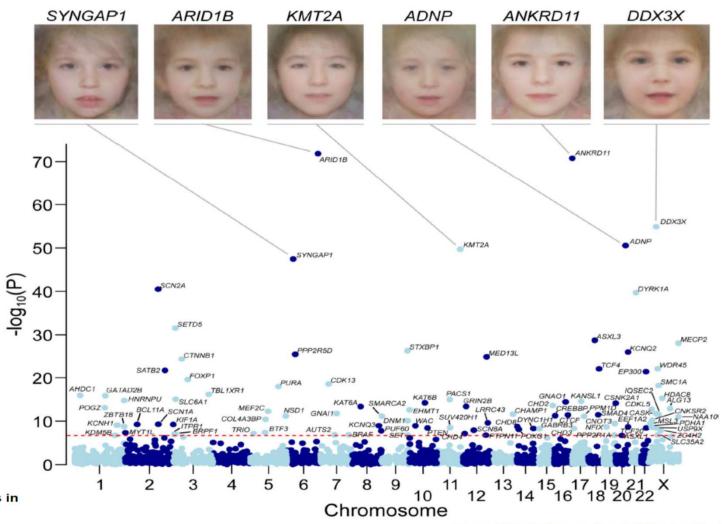
Maladies monogéniques et DI

Taux diagnostique dans la DI selon le type d'analyses



Maladies monogéniques et « trajectoires »

ARID1B 49 0,00336538 ANKRD11 44 0,00302198 KMT2A 35 0,00240385 DDX3X 35 0,00240385 MECP2 33 0,00226648 SCN2A 32 0,0021978 DYRK1A 27 0,0018544 MED13L 27 0,0018544 ADNP 25 0,00171703 SYNGAP1 23 0,00157967 TCF4 21 0,00144231 KCNQ2 21 0,00144231 EP300 19 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	Gènes	n	Fréquences
KMT2A 35 0,00240385 DDX3X 35 0,00240385 MECP2 33 0,00226648 SCN2A 32 0,0021978 DYRK1A 27 0,0018544 MED13L 27 0,0018544 ADNP 25 0,00171703 SYNGAP1 23 0,00157967 SATB2 23 0,00157967 TCF4 21 0,00144231 KCNQ2 21 0,00144231 EP300 19 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	ARID1B	49	0,00336538
DDX3X 35 0,00240385 MECP2 33 0,00226648 SCN2A 32 0,0021978 DYRK1A 27 0,0018544 MED13L 27 0,0018544 ADNP 25 0,00171703 SYNGAP1 23 0,00157967 TCF4 21 0,00144231 KCNQ2 21 0,00144231 EP300 19 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758	ANKRD11	44	0,00302198
MECP2 33 0,00226648 SCN2A 32 0,0021978 DYRK1A 27 0,0018544 MED13L 27 0,0018544 ADNP 25 0,00171703 SYNGAP1 23 0,00157967 SATB2 23 0,00157967 TCF4 21 0,00144231 KCNQ2 21 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	KMT2A	35	0,00240385
SCN2A 32 0,0021978 DYRK1A 27 0,0018544 MED13L 27 0,0018544 ADNP 25 0,00171703 SYNGAP1 23 0,00157967 SATB2 23 0,00157967 TCF4 21 0,00144231 KCNQ2 21 0,00144231 EP300 19 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	DDX3X	35	0,00240385
DYRK1A 27 0,0018544 MED13L 27 0,0018544 ADNP 25 0,00171703 SYNGAP1 23 0,00157967 SATB2 23 0,00157967 TCF4 21 0,00144231 KCNQ2 21 0,00144231 EP300 19 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	MECP2	33	0,00226648
MED13L 27 0,0018544 ADNP 25 0,00171703 SYNGAP1 23 0,00157967 SATB2 23 0,00157967 TCF4 21 0,00144231 KCNQ2 21 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	SCN2A	32	0,0021978
ADNP 25 0,00171703 SYNGAP1 23 0,00157967 SATB2 23 0,00157967 TCF4 21 0,00144231 KCNQ2 21 0,00144231 EP300 19 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	DYRK1A	27	0,0018544
SYNGAP1 23 0,00157967 SATB2 23 0,00157967 TCF4 21 0,00144231 KCNQ2 21 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	MED13L	27	0,0018544
SATB2 23 0,00157967 TCF4 21 0,00144231 KCNQ2 21 0,00144231 EP300 19 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	ADNP	25	0,00171703
TCF4 21 0,00144231 KCNQ2 21 0,00144231 EP300 19 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	SYNGAP1	23	0,00157967
KCNQ2 21 0,00144231 EP300 19 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	SATB2	23	0,00157967
EP300 19 0,00130495 DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	TCF4	21	0,00144231
DYNC1H1 18 0,00123626 CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	KCNQ2	21	0,00144231
CHD2 18 0,00123626 SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	EP300	19	0,00130495
SMARCA2 17 0,00116758 FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	DYNC1H1	18	0,00123626
FOXP1 17 0,00116758 SETD5 17 0,00116758	CHD2	18	0,00123626
SETD5 17 0,00116758	SMARCA2	17	0,00116758
	FOXP1	17	0,00116758
	SETD5	17	0,00116758
GRIN2B 16 0,0010989	GRIN2B	16	0,0010989

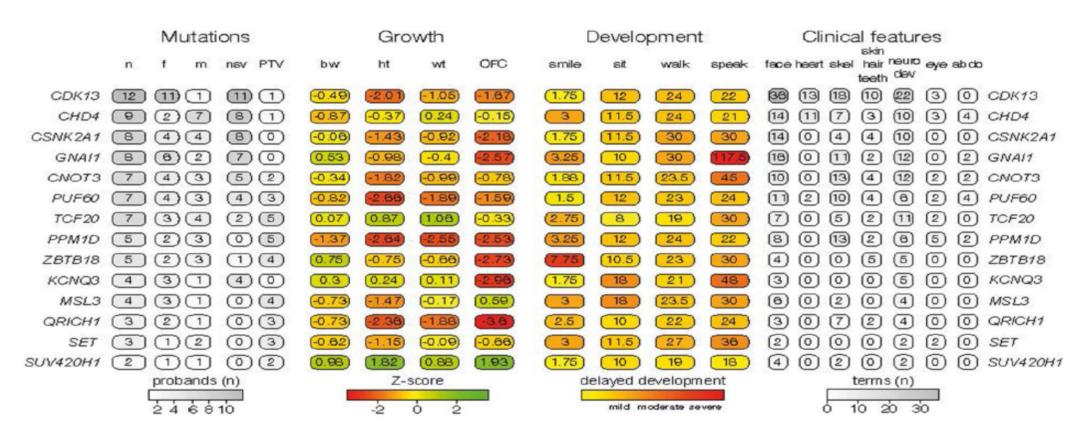


Prevalence and architecture of de novo mutations in developmental disorders

The Deciphering Developmental Disorders Study

Nature. 2017 February 23; 542(7642): 433-438.

Maladies monogéniques et « trajectoires »

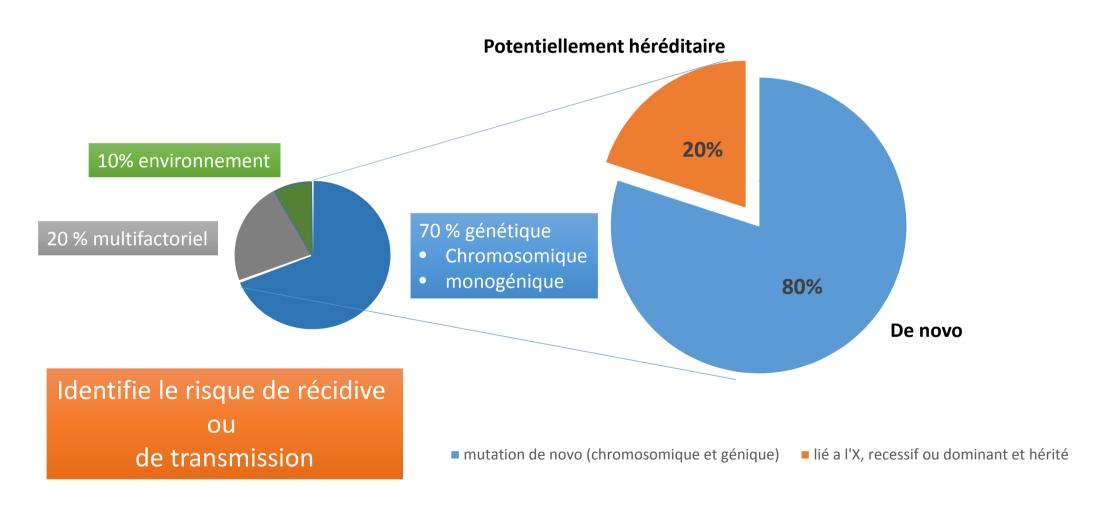


Prevalence and architecture of de novo mutations in developmental disorders

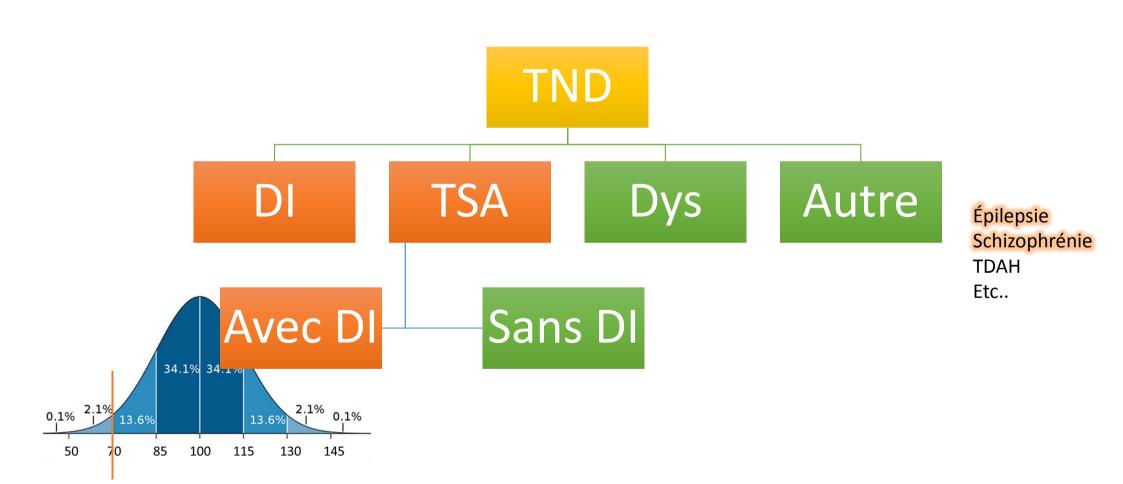
The Deciphering Developmental Disorders Study

Nature. 2017 February 23; 542(7642): 433-438.

Maladies monogéniques et hérédité



TND un ensemble de sous groupes



Maladies monogéniques et TND -> Nouveaux concepts <-

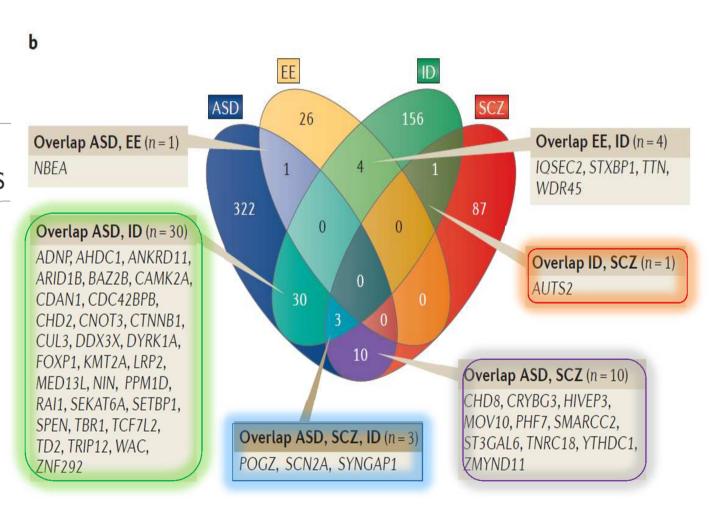
APPLICATIONS OF NEXT-GENERATION SEQUENCING

Genetic studies in intellectual disability and related disorders

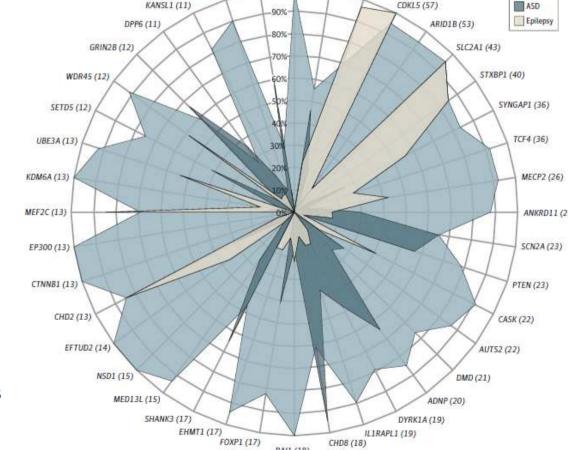
Lisenka E. L. M. Vissers¹, Christian Gilissen¹ and Joris A. Veltman^{1,2}

NATURE REVIEWS | GENETICS

VOLUME 17 | JANUARY 2016 |



Certaines maladies monogéniques responsables de DI ont également plus de risque de TSA



POGZ (10)

SRCAP (10)

KANSL1 (11)

NRXN1 (102) SCN1A (59)

CDKL5 (57)

III ID/DD

JAMA Psychiatry, 2016;73(3):275-283. doi:10.1001/jamapsychiatry,2015.2692

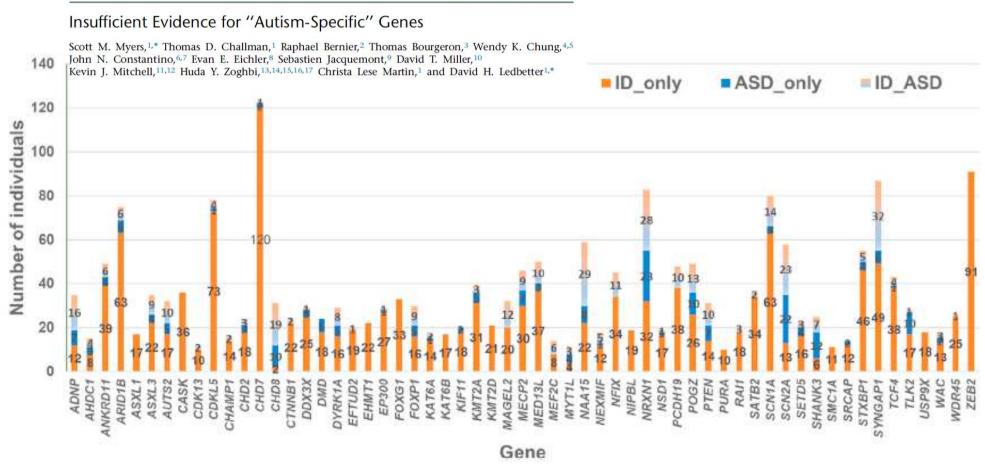
Original Investigation

A Cross-Disorder Method to Identify Novel Candidate Genes for Developmental Brain Disorders

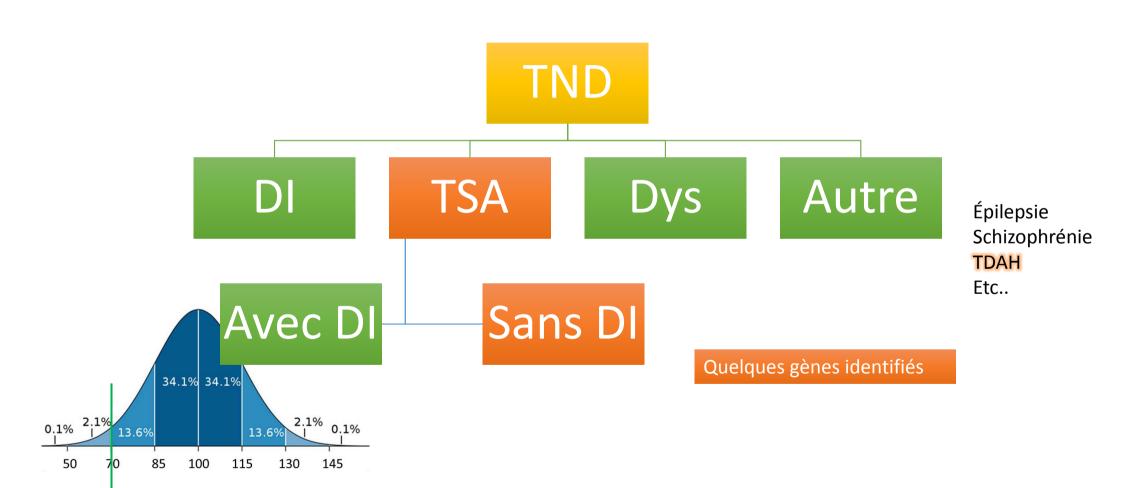
Andrea J. Gonzalez-Mantilla, MD; Andres Moreno-De-Luca, MD; David H. Ledbetter, PhD; Christa Lese Martin, PhD

Certaines maladies monogéniques responsables de DI ont également plus de risque de TSA

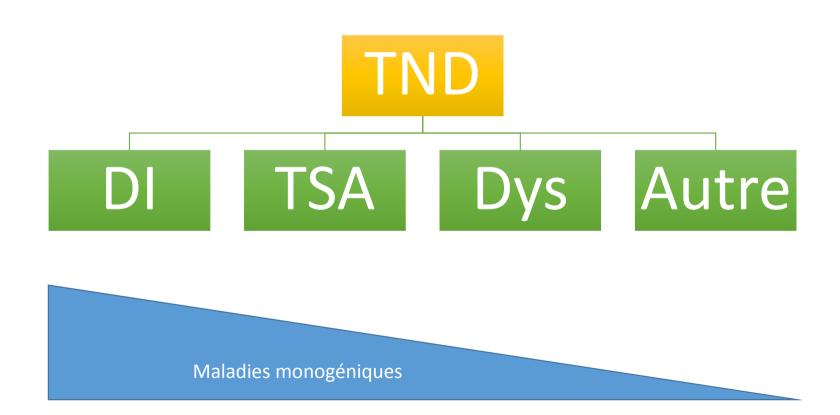
COMMENTARY



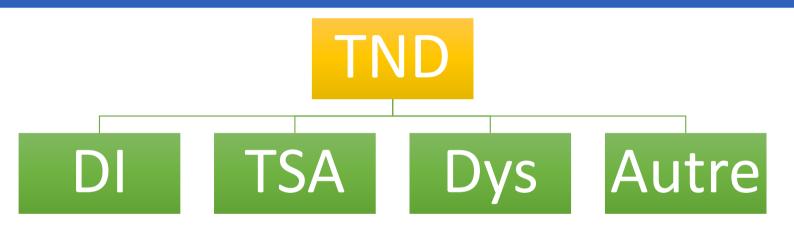
TND un ensemble de sous groupes



Explications génétique monogéniques



Connaissances génétique – oligo ou multigénique? Multifactoriel Manque de connaissances?



Épilepsie Schizophrénie TDAH Etc..

Multifactoriel et/ou polygénique?

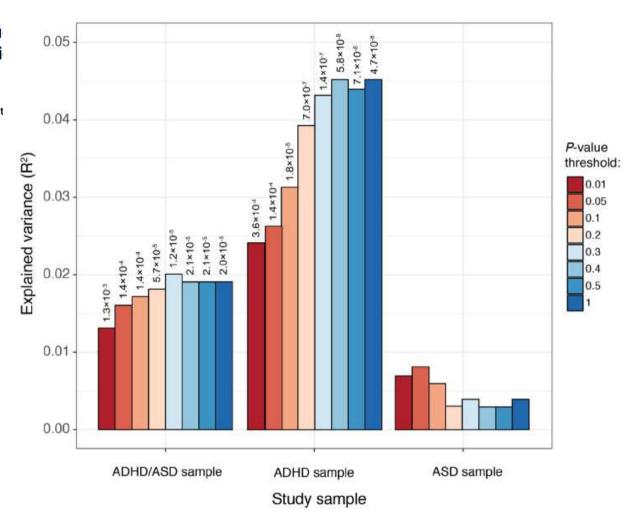
Maladies chromosomiques ou monogéniques

TND et score de risque polygénique

Psychiatric Polygenic Risk Scores as Predictor for Attention Defi Hyperactivity Disorder and Autism Spectrum Disorder in a Clini Child and Adolescent Sample

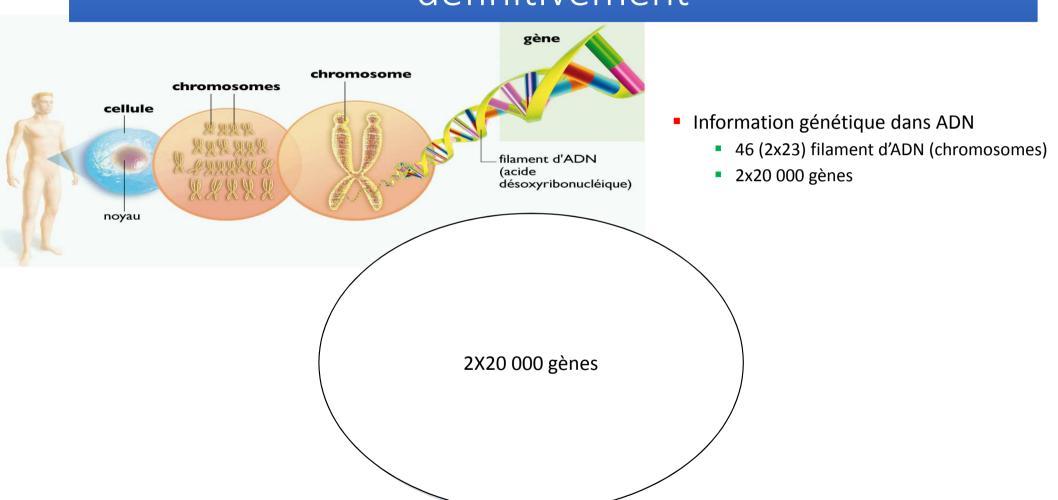
Arija G. Jansen^{1,2} ∙ Gwen C. Dieleman² · Philip R. Jansen^{1,2} · Frank C. Verhulst^{2,3} · Danielle Post Tinca J. C. Polderman¹

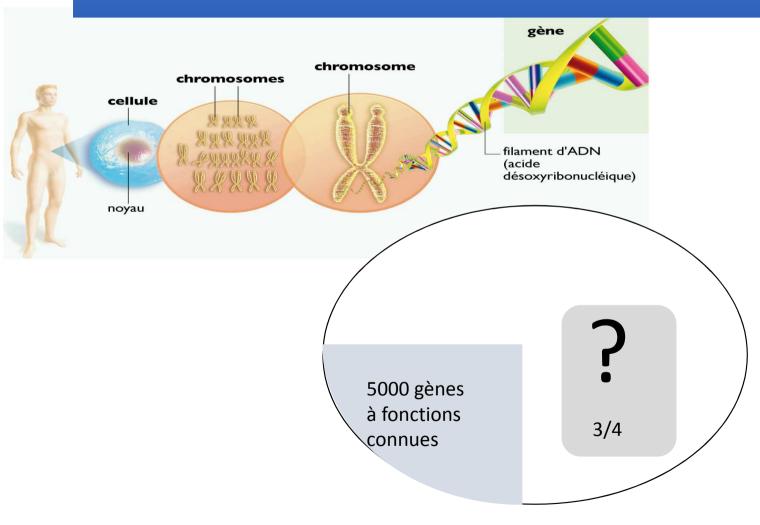
Behavior Genetics (2020) 50:203–212

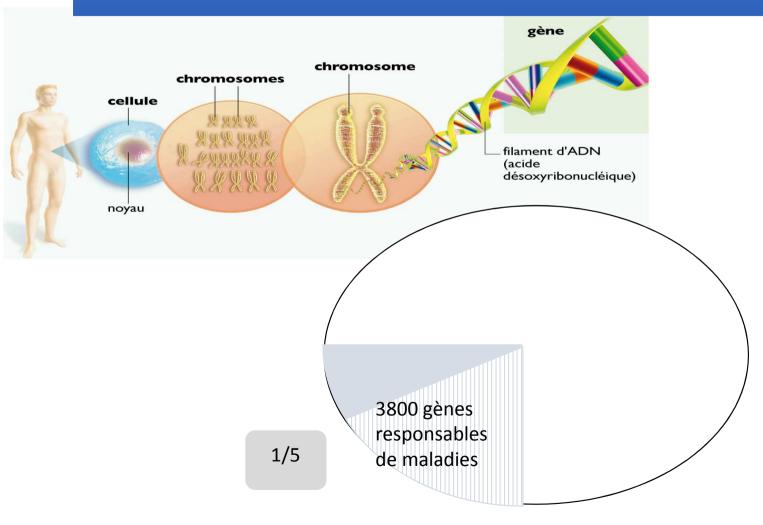


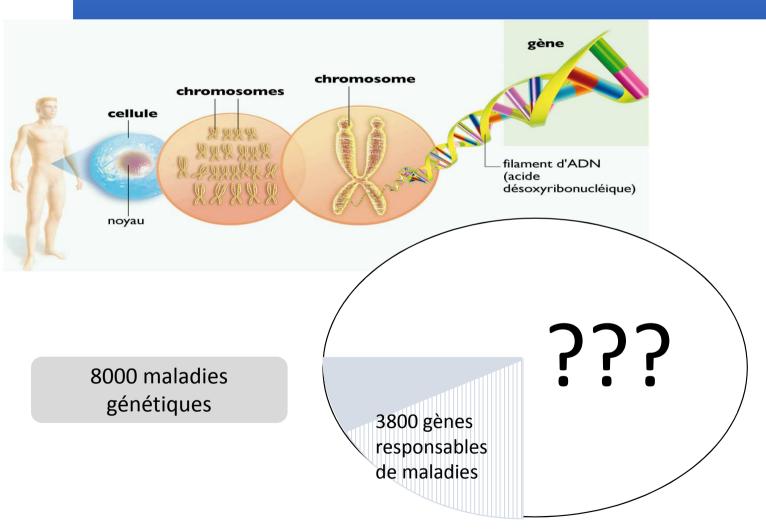
PRS = polygenic risk score = score de risque polygénique

- PRS basé sur l'hypothèse que les connaissances monogénique sont « figées »
- PRS correspondent actuellement à une étude d'un groupe de personnes
 - N'explique qu'une faible partie du trou de connaissance
 - PRS non utilisable individuellement
 - PRS ne sont pas prédictifs d'apparition du symptome
- PRS uniquement dans un contexte de recherche









Conclusions

- TND = groupes hétérogène de maladies classé par leurs de symptômes
- Etiologies multiples, hétérogène cliniquement et génétiquement
- Les causes environnementales existent (ac valproique)
- Parfois la même étiologie monogénique donne plusieurs formes de TND
- Les causes monogéniques sont plus fréquentes (information récente lié au NGS) que prévu il y a quelques années
- Les formes monogéniques permettent parfois de propsoer une médecine personnalisée
- Le défaut de connaissance ne permet pas de dire quelle est la répartition monogénique/oligogénique/multifactorielle/environnement.
- Les causes multifactorielles existent probablement mais ne sont pas encore totalement démontrées