





Quels enjeux éthiques pour les nouvelles technologies de séquençage du génome

Formation à la génétique Académie de Normandie

Pascale Saugier-Veber François Lecoquierre

En période de crise, peut-on s'affranchir des essais cliniques randomisés en double aveugle?

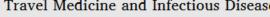


Travel Medicine and Infectious Disease 36 (2020) 101791

Contents lists available at ScienceDirect

Travel Medicine and Infectious Disease

journal homepage: www.elsevier.com/locate/tmaid



Outcomes of 3,737 COVID-19 patients treated with hydroxychloroquine/ azithromycin and other regimens in Marseille, France: A retrospective analysis

Jean-Christophe Lagier a,b,1, Matthieu Million a,b,1, Philippe Gautret a,c, Philippe Colson a,b, Sébastien Cortaredona a,c, Audrey Giraud-Gatineau a,c,d,e, Stéphane Honoré f,g, Jean-Yves Gaubert h, Pierre-Edouard Fournier a,c, Hervé Tissot-Dupont a,b, Eric Chabrière a,b, Andreas Stein a,b, Jean-Claude Deharo i, Florence Fenollar a,c, Jean-Marc Rolain a,b, Yolande Obadia a, Alexis Jacquier , Bernard La Scola b, Philippe Brouqui b, Michel Drancourt a,b, Philippe Parola a,c, Didier Raoult a,b,*, IHU COVID-19 Task force

Un médicament coûteux peut-il être administré à des enfants malades par tirage au sort ?

Amyotrophie spinale infantile (SMA)

La forme la plus sévère conduit au décès de l'enfant avant l'âge de 18 mois.

Nouvelle thérapie : **Zolgensma** (thérapie génique) \rightarrow le prix a été fixé en mai 2019 à 2,125 millions de dollars aux États-Unis, soit près de 1,9 million d'euros. Ce qui en fait, à ce jour, le médicament le plus cher au monde.

Le laboratoire suisse Novartis a annoncé en janvier 2020 qu'il offrira à cent bébés souffrant d'amyotrophie spinale et choisis au hasard une injection de Zolgensma dans les pays qui n'auront pas accès à cette molécule dans le cadre d'ATU.

D'accord: générosité de Novartis pour tenter de sauver des enfants qui seraient morts sans traitement



Pas d'accord : cette 'loterie de la santé' est une façon inappropriée de répondre de façon juste et équitable aux besoins médicaux non satisfaits

Comparaison de l'ADN de 2 individus humains









- → 4 millions de variations
- → En disent long sur nos origines, notre histoire, nos ancêtres / risque de discrimination
- → Donnent des renseignements morphologiques
- → Sont fortement identifiantes / sécurité confidentialité













Les données génétiques protégées par la CNIL

Des données particulièrement intimes

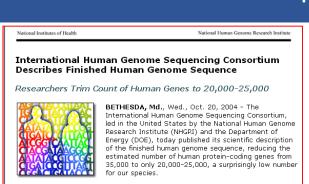
- Qui en disent long sur nos origines, notre histoire, nos ancêtres
 - → Risque de détournement à des fins discriminatoires (emploi, banque, assurance, imposition de préventions,...)
- Qui donnent des renseignements morphologiques
 - → Possibilité, dans un avenir proche, de dresser un portrait robot
- Qui sont fortement identifiantes
 - → Identification de criminels comme « Golden State Killer » 2017
 - → Garantir la sécurité et la confidentialité des données;

Loi 2002 Kouchner: interdiction de discrimination fondées sur les caractéristiques génétiques en matière de recrutement, de licenciement, en matière d'assurance vie, invalidité et décès. Interdiction de demander des résultats d'analyse ou de demander de se soumettre à des tests avant de conclure un contrat.

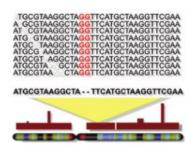


Evolution des performances du séquençage du génome









2004

2023

Temps de séquençage du génome humain

13 ans

1 mois

Coût du séquençage

3 000 000 000 \$

< 1000 \$

Débit de séquençage

1 Mb / jour

160 000 Mb / jour







Le séquençage haut-débit





Séquençage en parallèle des exons de plusieurs gènes

Séquençage en parallèle de tous les exons du génome

Séquençage en parallèle de tout le génome

Séquençage ciblé de panels de gènes

Séquençage de l'exome

Séquençage du génome

Séquençage simultané de millions de fragments d'ADN

Séquençages d'exome et de génome : analyses pangénomiques

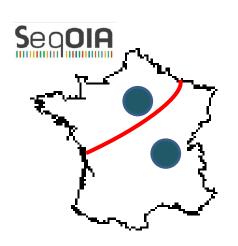


Le séquençage haut-débit au service du diagnostic des maladies génétiques





Plan France Médecine Génomique 2025 (PFMG2025)



Labellisation de 2 plateformes (2018)



Plan National Maladies Rares 3 (PNMR3)

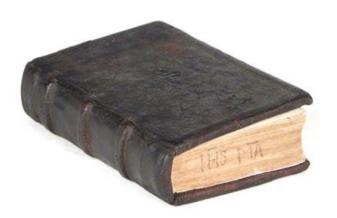
Objectif: réduire l'errance et l'impasse diagnostique

Chaque patient devra avoir un diagnostic confirmé au maximum 1 an après la consultation avec le médecin spécialiste



L'ADN, le grand livre de la vie...







Mais on a encore beaucoup de mal à déchiffrer notre génome...



Un grand nombre de variations : le saut dans les big data







Séquençage d'exome



23 000 variations

Séquençage de génome



4 000 000 variations

Aujourd'hui, grâce aux fantastiques progrès technologiques, le problème n'est plus la détection des variations nucléotidiques.

Le défi est l'interprétation des données générées : quel est l'impact biologique de chaque variation identifiée ?



Un grand nombre de variations : le saut dans les big data







Séquençage d'exome



23 000 variations

Séquençage de génome



4 000 000 variations

Aujourd'hui, grâce aux fantastiques progrès technologiques, le problème n'est plus la détection des variations nucléotidiques.

Le défi est l'interprétation des données générées : quel est l'impact biologique de chaque variation identifiée ?

Pourtant, aux USA, 1 femme sur 2 avec cancer du sein a eu une mastectomie bilatérale après détection d'une variation de signification inconnue.





Qu'est-ce qu'une donnée médicale?

Une variation génétique ne constitue pas en elle-même une donnée médicale. Pour qu'elle constitue une donnée médicale, il est nécessaire

- que la donnée ait une pertinence clinique
- que l'analyse soit précédée d'une information et de la signature d'un consentement
 S'assurer de ce à quoi la personne consent : analyse + données incidentes
- que l'analyse soit suivie d'une consultation
 - Pour adapter la prise en charge médicale du patient
 - Pour débuter la prise en charge de ses apparentés/information de la parentèle
 - Pour l'accompagnement psychologique du patient et de sa famille

L'identification d'une variation génétique, c'est un parcours de vie qui est radicalement modifié.





Utilisation des données de génétique dans une optique de dépistage









Nous sommes tous porteurs de nombreuses variations pathogènes.

« Les gens bien portants sont des malades qui s'ignorent » Knock Jules Romain 1923













Exemple de détection d'une donnée incidente



À l'occasion d'un séquençage d'exome prescrit pour identifier la cause de la déficience intellectuelle d'une fillette de 7 ans

Chr ▼	ID 🔻	Filter 🔻	Type ▼	Gene ▼	Nb√	BaseChan _i *	AAChange	VariantType ▼	OMIM_Phenotype
12	chr12 8075486 C T	PASS	SYNONYMOUS	SLC2A3	1	c.1203G>A	p.Ala401Ala	synonymous_variant	
12	chr12 109182881 G A	PASS	MD	SSH1	1	c.2033C>T	p.Thr678Ile	missense_variant	
12	chr12 105445981 T C	PASS	SYNONYMOUS	ALDH1L2	1	c.1422A>G	p.Val474Val	synonymous_variant	
12	chr12 32138303 G A	PASS	MD	KIAA1551	1	c.4414G>A	p.Val1472Met	missense_variant	NA
12	chr12 120592829 G A	PASS	SYNONYMOUS	GCN1	1	c.3646C>T	p.Leu1216Leu	synonymous_variant	
12	chr12 114387907 T A	PASS	BD	RBM19	1	c.1053A>T	p.Lys351Asn	missense_variant	
12	chr12 106729828 G A	PASS	BD	TCP11L2	1	c.979G>A	p.Ala327Thr	missense_variant	NA
12	chr12 66253870 TGAAA	PASS	SPLICE_REGION	LOC10012994	01	c.419-7 419-	3delTTTTC	splice_region_variant&	NA
12	chr12 112666512 G T	PASS	MD	HECTD4	1	c.6221C>A	p.Thr2074Asn	missense_variant	NA
12	chr12 100603951 T C	PASS	SYNONYMOUS	ACTR6	1	c.480T>C	p.Tyr160Tyr	synonymous_variant	NA
12	chr12 59276751 C T	PASS	SYNONYMOUS	LRIG3	1	c.1380G>A	p.Ala460Ala	synonymous_variant	
12	chr12 57871388 G A	PASS	SD	ARHGAP9	1	c.58C>T	p.Pro20Ser	missense_variant	
12	chr12 112318275 CAGA	PASS	INFRAME_INDEL	МАРКАРК5	1	c.607 609del	p.Lys203del	inframe_deletion	
13	chr13 21729289 T TCA	VQSRTrai	LOF	SKA3	1	c.1120-1 112	0insTGCCACCCA	splice_acceptor_varian	NA
13	chr13 103510610 A AT	PASS	SPLICE_REGION	ERCC5	1	c.529-11dup7		splice_region_variant&	Cerebrooculofacioskeletal syndrome 3, 616570
13	chr13 111142112 G A	PASS	BD	COL4A2	1	c.3326G>A	p.Arg1109Gln	missense variant	{Hemorrhage_intracerehral_susceptibility to}_f
13	chr13 32914137 C A	PASS	LOF	BRCA2	1	c.5645C>A	p.Ser1882*	stop_gained	{Breast cancer, male, susceptibility to}, 114480 (
13	chr13 28844967 T C	PASS	SD	PAN3	1	c.1922T>C	p.Met641Thr	missense_variant	
13	chr13 42179326 C T	PASS	SD	VWA8	1	c.4964G>A	p.Arg1655Gln	missense_variant	
13	chr13 103510610 A AT	PASS	SPLICE_REGION	BIVM-ERCC5	1	c.1891-11dup	<u>oT</u>	splice_region_variant&	NA
13	chr13 100623847 G A	PASS	SD	ZIC5	1	c.83C>T	p.Pro28Leu	missense_variant	
13	chr13 28498765 G A	PASS	BD	PDX1	1	c.779G>A	p.Arg260His	missense_variant	{Diabetes mellitus, type II, susceptibility to}, 12
14	chr14 105407762 C G	PASS	SD	AHNAK2	1	c.14026G>C	p.Asp4676His	missense_variant	NA
14	chr14 58910784 G A	PASS	BD	KIAA0586	1	c.278G>A	p.Arg93Lys	missense_variant	Joubert syndrome 23, 616490 (3), Autosomal rec
14	chr14 20813611 C G	PASS	SYNONYMOUS	PARP2	1	c.261C>G	p.Ala87Ala	synonymous_variant	
14	chr14 58878632 A G	PASS	BD	ТІММ9	1	c.32T>C	p.lle11Thr	missense_variant	
14	chr14 63851170 A G	PASS	SYNONYMOUS	PPP2R5E	1	c.1194T>C	p.His398His	synonymous_variant	
14	chr14 23517386 G A	PASS	SD	CDH24	1	c.2263C>T	p.Pro755Ser	missense_variant	NA
14	chr14 23818620 C T	PASS	SYNONYMOUS	SLC22A17	1	c.387G>A	p.Gly129Gly	synonymous_variant	
14	chr14 24108425 G A	PASS	SD	DHRS2	1	c.178G>A	p.Gly60Arg	missense_variant	
15	chr15 85341808 C T	PASS	SPLICE_REGION	ZNF592	1	c.2737-11C>T		splice_region_variant&	
15	chr15 62360051 G T	PASS	BENIGN	C2CD4A	1	c.239G>T	p.Arg80Leu	missense variant	



Exemple de détection d'une donnée incidente



À l'occasion d'un séquençage d'exome pour identifier la cause d'une déficience intellectuelle chez une fillette de 7 ans

Chr >	ID 🔻	Filter	▼ Type ▼	Gene ▼	Nb ₁ ×	BaseChan _i =	AAChange 🔻	VariantType ▼	OMIM Phenotype
12		PASS	SYNONYMOUS	SLC2A3	1	c.1203G>A	p.Ala401Ala	synonymous_variant	
12	chr12 109182881 G A	PASS	MD	SSH1	1	c.2033C>T	p.Thr678Ile	missense_variant	
12	chr12 105445981 T C	PASS	SYNONYMOUS	ALDH1L2	1	c.1422A>G	p.Val474Val	synonymous_variant	
12	chr12 32138303 G A	PASS	MD	KIAA1551	1	c.4414G>A	p.Val1472Met	missense_variant	NA
12	chr12 120592829 G A	PASS	SYNONYMOUS	GCN1	1	c.3646C>T	p.Leu1216Leu	synonymous_variant	
12	chr12 114387907 T A	PASS	BD	RBM19	1	c.1053A>T	p.Lys351Asn	missense_variant	
12	chr12 106729828 G A	PASS	BD	TCP11L2	1	c.979G>A	p.Ala327Thr	missense_variant	NA
12	chr12 66253870 TGAA/	PASS	SPLICE_REGION	LOC10012994	01	c.419-7 419-	3delTTTTC	splice_region_variant&	NA
12	chr12 112666512 G T	PASS	MD	HECTD4	1	c.6221C>A	p.Thr2074Asn	missense_variant	NA
12	chr12 100603951 T C	PASS	SYNONYMOUS	ACTR6	1	c.480T>C	p.Tyr160Tyr	synonymous_variant	NA
12	chr12 59276751 C T	PASS	SYNONYMOUS	LRIG3	1	c.1380G>A	p.Ala460Ala	synonymous_variant	
12	chr12 57871388 G A	PASS	SD	ARHGAP9	1	c.58C>T	p.Pro20Ser	missense_variant	
12	chr12 112318275 CAGA	PASS	INFRAME_INDEL	МАРКАРК5	1	c.607 609de	p.Lys203del	inframe_deletion	
13	chr13 21729289 T TCA	VQSRTr	ar LOF	SKA3	1	c.1120-1 112	0insTGCCACCC	splice_acceptor_varian	NA
13	chr13 103510610 A AT	PASS	SPLICE_REGION	ERCC5	1	c.529-11dup	Γ	splice_region_variant&	Cerebrooculofacioskeletal syndrome 3, 616570
13	chr13 111142112 G A	PASS	BD	COL4A2	1	c.3326G>A	p.Arg1109Gln	missense variant	{Hemorrhage_intracerehral_suscentibility_to}_f
13	chr13 32914137 C A	PASS	LOF	BRCA2	1	c.5645C>A	p.Ser1882*	stop_gained	{Breast cancer, male, susceptibility to}, 114480 (
13	chr13 28844967 T C	PASS	SD	PAN3	1	c.1922T>C	p.Met641Thr	missense_variant	
13	chr13 42179326 C T	PASS	SD	VWA8	1	c.4964G>A	p.Arg1655Gln	missense_variant	
13	chr13 103510610 A AT	PASS	SPLICE_REGION	BIVM-ERCC5	1	c.1891-11dup	<u>oT</u>	splice_region_variant&	NA
13	chr13 100623847 G A	PASS	SD	ZIC5	1	c.83C>T	p.Pro28Leu	missense_variant	
13	chr13 28490		20	DDV4	-	7700. 1			v to}, 12
14	chr14 10								
14	chr14 58	_		_		_	••		mal rec
14	chr14 20 En plus de la cause de la maladie qui représente l'indication de								
14	chr14 58								
14	chr14 63 l'analyse, il est possible de détecter bien d'autres variations								
14	chr14 23		.,,						
14	chr14 23								
14	chr14 2410			D////OL	-	012700-71	prorjeor	mosense_variant	
15	chr15 85341808 C T	PASS	SPLICE_REGION	ZNF592	1	c.2737-11C>T		splice_region_variant&	

A côté du diagnostic des maladies rares, quelles autres applications pour les analyses pangénomiques?

Dans une optique de dépistage, rechercher d'autres variations pathogènes ?

Sur les données collectées chez une personne malade (analyse pangénomique prescrite pour sa maladie)?

Chez l'adulte?

Chez l'enfant?

Chez le fœtus?



En population générale ?

Pour certains groupes ethniques dont le risque est augmenté?

Pour tout individu qui le souhaite?





Question 1 : les données secondaires

Quand une analyse de génétique est réalisée dans un contexte médical, en plus de l'analyse du gène en cause dans cette maladie, faut-il en profiter pour explorer d'autres gènes ?

Définition des données secondaires : données que l'on va rechercher activement dans les données de séquençage pangénomique et qui correspondent à une prédisposition à des maladies pour lesquelles il existe un traitement ou une prise en charge (gènes dits « actionnables »).

Liste de 59 gènes établie par la société américaine de génétique médicale

Prédisposition au cancer

cancer du sein et de l'ovaire cancer du côlon non polyposique cancer du côlon polyposique syndrome de Li-Fraumeni syndrome von Hippel-Lindau syndrome de Peutz-Jeghers Risque de mort subite
 syndrome de Marfan
 syndrome de Loeys-Dietz
 syndrome de Brugada
 cardiomyopathies hypertrophiques
 cardiomyopathies dilatées

syndrome QT-long

...

Quand une analyse de génétique est réalisée dans un contexte médical, en plus de l'analyse du gène en cause dans cette maladie, faut-il en profiter pour explorer d'autres gènes ?

Permettre une prévention ou un traitement chez les personnes porteuses de variations prédisposant à une maladie à révélation tardive



Scientifique : difficulté à quantifier le risque individuel

Psychologique : perception de malade en devenir

Médical: certains gènes sont peu actionnables

Juridique : diagnostic présymptomatique en dehors du cadre légal de prescription

Médico-économique : bénéfice non démontré; au regard de l'égalité, à offrir à tous les français ?

Financier: pression exercée par les sociétés de biotechnologies

Quand une analyse de génétique est réalisée dans un contexte médical, en plus de l'analyse du gène en cause dans cette maladie, faut-il en profiter pour explorer d'autres gènes ?

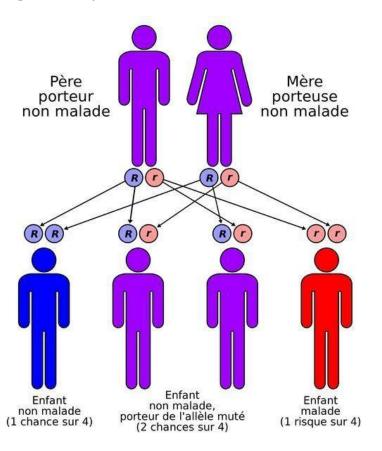
Le fait que le médecin divulgue au patient l'ensemble des informations tirées d'un séquençage complet exposerait le patient à une masse d'informations d'interprétation souvent incertaine (nourrissant une illusion qui confond le savoir et la vérité) avec le risque d'une vie potentiellement obscurcie par l'ombre portée d'un futur négatif. En réalité, cette question semble opposer liberté et autonomie : la liberté de tout savoir apparaît nuire à l'autonomie de l'individu en le saturant d'informations qu'il n'est pas en mesure d'interpréter.

Avis du conseil d'Etat

Recommandations de l'Agence de la Biomédecine : interdiction de la recherche des données secondaires en France dans l'état actuel des connaissances.

Question 2 : le dépistage préconceptionnel

Objectif du dépistage préconceptionnel : vérifier l'absence de risque de maladie génétique de transmission autosomique récessive chez le futur enfant.



NB: nous sommes tous porteurs de plusieurs variations pathogènes dans des gènes responsables de maladies de transmission autosomique récessive.

NB: pour la déficience intellectuelle, le risque de maladie par mutation *de novo* (nouvelle mutation chez l'embryon) est supérieur au risque de maladie autosomique récessive.

• Sur le plan technologique :

Quels gènes explorer?
Quelles variations
rechercher? Faut-il limiter
l'interprétation aux seules
variations clairement
pathogènes?

Sur le plan médical et scientifique :

Qui dépister ? Les couples consanguins ? Les patients dont l'origine géographique est clairement associée à un surrisque d'être porteurs sains d'une maladie génétique ?



Sur le plan psychologique :

Le risque n'est-il pas que les couples estiment à tort que cette analyse garantit l'absence de maladie grave chez leur enfant ? La généralisation de ces tests ne risquerait-elle pas de donner l'illusion de maîtrise du risque/enfant parfait ? Ne vat-on pas à terme modifier le seuil de tolérance à tous les accidents de la vie ?

• Sur le plan éthique :

Risque d'interférence dans les unions. Risque de catégoriser ou cataloguer les personnes

• Sur le plan organisationnel : Le système de soins français ne dispose pas des capacités techniques lui permettant de répondre à l'augmentation de la demande.



• Sur le plan financier :

Enorme business qui crée un désir de consommation de ces analyses : les parents feraient n'importe quoi par amour pour leur enfant.

Unlocking the Power of the Genome

société Illumina



Genetic Compatibility Test

The test makes it possible to detect whether the father or mother are carriers of a disease of genetic origin and thereby reduce the risk of passing on that disease to their future children.



Online pre-diagnosis

More information



What is a genetic compatibility test?

The Genetic Compatibility Test is a blood or saliva DNA study of the future parents, which allows us to detect whether the man or the woman are carriers of a genetic disease and can therefore pass it on to their children.



 Avis du CCNE : favorable



 Avis du conseil d'Etat : défavorable





Deux conceptions de l'autonomie

Deux conceptions opposées de l'autonomie co-existent dans la société

Liberté d'accès à toute donnée

- Refus du pouvoir médical qui jugerait quelle information est bonne à transmettre.
- Refus de la pression exercée par les pouvoirs publics qui instaureraient un cadre dans lequel le patient aurait accès à ces données.



Nécessité d'une information et d'un accompagnement qui permettent la liberté de choix. Tiers bienveillant « garantie indispensable que le patient consent en toute connaissance de cause aux implications d'un test de génétique ».

avis 129 du CCNE (septembre 2018)

avis du Conseil d'Etat (juillet 2018)

Question 3 : le dépistage à la naissance; le dépistage en période prénatale

Faut-il autoriser les analyses de génétique chez les personnes dans la population générale en dehors de tout contexte clinique ?

Exemple du dépistage à la naissance

BabySeq: Early results of newborn genomic sequencing are mixed

Posted on October 26, 2016 by Nancy Fliester

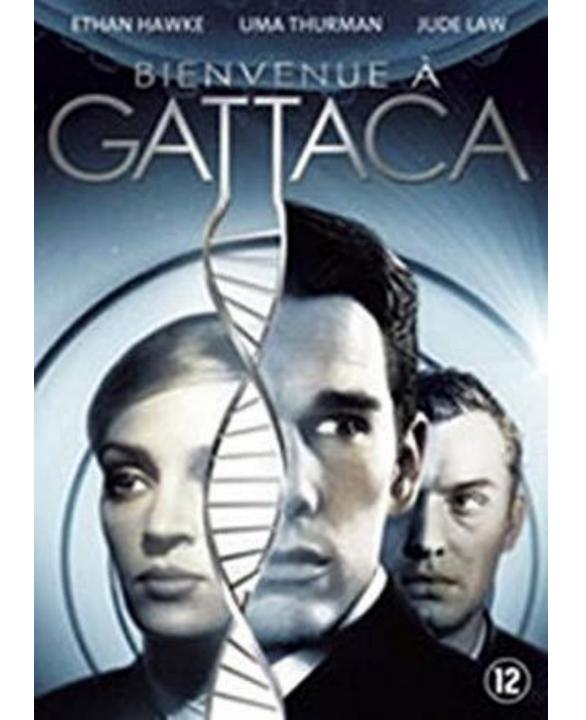
Posted in Diagnostics, Ethics and policy, Market trends

More On: Alan Beggs, BabySeq. newborn screening, precision medicine, whole exome sequencing



While a previous study indicated parents were very interested in newborn sequencing, just 7 percent of those approached have enrolled in Baby Seq so far.

Exemple du dépistage en période prénatale



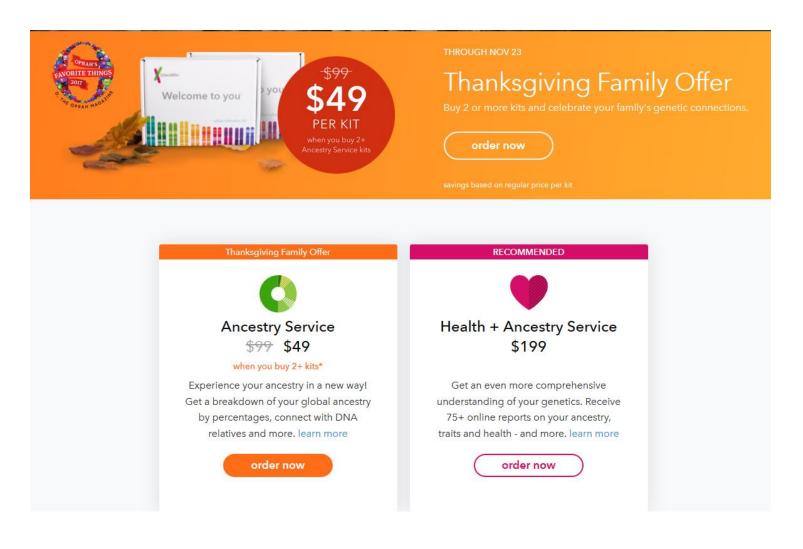
ou





Question 4 : les tests d'accès libre sur internet

Faut-il autoriser les analyses de génétique chez les personnes dans la population générale en dehors de tout contexte clinique ? Exemple des tests d'accès libre sur internet



Faut-il autoriser les analyses de génétique chez les personnes dans la population générale en dehors de tout contexte clinique ? Exemple des tests d'accès libre sur internet













- Autonomie
- Liberté



- Accompagnement pour exercer sa liberté de choix de savoir ou de ne pas savoir
- Accompagnement pour l'annonce diagnostique
- Accompagnement familial

Faut-il autoriser les analyses de génétique chez les personnes dans la population générale en dehors de tout contexte clinique ? Exemple des tests d'accès libre sur internet

- Absence d'encadrement médical de la personne pour l'indication du test, pour établir que ces tests ont une utilité clinique, pour l'interprétation et le rendu des résultats, pour la prise en charge médicale du patient une fois le résultat connu, pour l'information de la famille,
- Absence d'encadrement éthique et juridique sur l'identité du patient, la nature du
 consentement, le fait qu'il soit possible de tester des mineurs sans contrôle, le fait que les
 résultats des tests puissent conduire à des interruptions de grossesse pour convenance
 comme cela peut être le cas avec la détermination du sexe fœtal pour des raisons sociales
 ou culturelles, les risques de l'utilisation des tests à des fins discriminatoires ou abusives
 (pressions de l'entourage familial, d'un employeur, d'une compagnie d'assurance etc.),
- Absence d'encadrement technique pour éviter les risques d'erreur au niveau du prélèvement, vérifier la validité des résultats et contrôler la qualité du laboratoire.

Guerrini et al, Am J Hum Genet 2022

Analyse des expériences de 23 196 personnes ayant fait appel à ces DTC-tests

- 72% ont réalisé le test uniquement par curiosité
- 82% ont appris quelque chose sur leur famille
- 61% ont appris qqch sur eux ou sur leurs proches (ex : issu d'un don, adoption, fausse paternité (3%), demi-frère/sœur (5%))
- 63% ont fait appel aux services d'un psychologue au décours du test
- 11% ont regretté avoir fait le test
- 51% ont modifié qqch dans leur vie (déménagement, changement d'activités, changement de travail...)

Julia Roberts

Emission « Finding Your Roots »

Les invités doivent se soumettre à un test ADN plusieurs jours avant le show.

L'actrice apprend en direct qu'il y a une incohérence

Relative identity discoveries	Yes, n (%)			
Any relative, N = 23,196	19,095 (82)			
Specific relative, c N = 19,095				
Mother	522 (3)			
Father	1,296 (7)			
Child	101 (1)			
Full and/or half sibling(s)	1,851 (10)			
Grandparent	1,883 (10)			
Other genetic relative	17,066 (89)			





Interprétation des variations



Attention aux raccourcis: une variation dans le gène *BRCA1* ne signifie pas obligatoirement une prédisposition au cancer du sein et de l'ovaire

- → Ne pas considérer le nom du gène. C'est la variation qui doit être considérée/son retentissement sur le fonctionnement de cette protéine
- Heidi Rehm
- Aux USA, une femme sur deux a eu une mastectomie bilatérale pour cancer du sein alors que la variation dans le gène BRCA est une variation de signification inconnue (J Clin Oncol. 2017)

Attention à la qualité de l'interprétation.

Annoncer l'existence d'une maladie génétique, c'est changer radicalement le parcours d'une vie pour cette personne et pour sa famille.



Partage de données



USA

Zoltick et al., Genome Medicine 2019

- De multiples sociétés de biotechnologie commercialisent des panels de prédisposition
- Des sociétés de vente de tests en accès libre sur internet
- Projets de recherche participatifs Community Health Initiative
 - → Reflet d'une adaptation de la société à un nouveau marché
 - → Reflet d'une évolution vers le partage des données



Seules 13,5% des personnes ont pris un RV avec un médecin après la réception des résultats

→ Les données génétiques ne sont pas converties en données médicales



L'identification de scores de risque polygéniques pour des maladies communes nécessite d'immenses cohortes de sujets chez qui les données de génétique sont associées à des données de santé.

→ A qui profite le système ?



Partage de données



UK

Johnson et al., Eur J Hum Genet 2019

« Dans la mesure où il existe un *bénéfice sociétal* à ce partage au sein de bases de données publiques, les patients qui bénéficient d'un WGS pourraient avoir l'*obligation de partager leurs données de santé*. De manière à maximiser les bénéfices de la génomique, le stockage et l'utilisation des données dans le but de faire avancer la connaissance devraient être permises *sans consentement explicite et spécifique* ».

Middleton et al., Eur J Med Genet 2019

Attitudes of publics who are unwilling to donate DNA data for research

Anna Middleton^{a,b,*}, Richard Milne^{a,c}, Adrian Thorogood^d, Erika Kleiderman^d, Emilia Niemiec^e, Barbara Prainsack^{f,g}, Lauren Farley^a, Paul Bevan^h, Claire Steed^h, James Smith^h, Danya Vears^{i,j,k}, Jerome Atutornu^{a,b,n}, Heidi C. Howard^{a,e}, Katherine I. Morley^{a,l,m}





Tests génétiques : le business de l'ADN













Un marché de 25 milliards de dollars annuel!

Modèle économique

Les tests génétiques sont vendus largement en dessous du prix de revient (99 à 200 euros) Ils sont revendus à prix d'or avec les données médicales et biologiques des personnes.

23&Me, co-financé par Google, a vendu l'accès aux données à

- Genentech (filiale du groupe Roche)
- Pfizer
- GlaxoSmithKline : août 2018 pour 300 millions de dollars /données de 5 millions de clients

deCODE Genetics: a vendu pour 415 millions de dollars les données génétiques et généalogiques de 10 000 islandais à la société pharmaceutique Amgen en 2013

MyHeritage: 92 des 96 millions de comptes utilisateurs ont été piratés en juin 2018

Certains auraient-ils intérêt à créer des besoins dans la population française uniquement pour alimenter un business ?



L'application au diagnostic des maladies génétiques ne constituent que la pointe de l'iceberg...



Identification de facteurs de risques génétiques pour des maladies communes (diabète, HTA, accident cardio-vasculaire,...) permettant d'adapter la prise en charge du patient.

Médecine personnalisée, prédictive et préventive



La vérité est-elle dans mon génome ?



Notion de facteurs de risque

- Les facteurs de risque sont identifiés par des études de populations
- Les facteurs de risque ne peuvent être utilisés au niveau individuel
- Le grand défi des prochaines années dans le domaine de la recherche est l'identification de scores de risque polygéniques pour préciser les risques individuels

Confusion entre prédisposition et diagnostic : il est fréquent de penser, même inconsciemment, que plus on prédira un risque, moins il aura de chances de survenir.

Rôle de l'environnement dans la régulation de l'expression de nos gènes.

L'expression des gènes de jumeaux monozygotes est identique à 3 ans mais différente à 50 ans.



Avis 46 du CCNE (1995):

« Aujourd'hui, les progrès en génétique humaine permettent d'entrevoir le jour prochain où tous les gènes humains (...) auront été identifiés (...) et où leur fonction ou au moins leur implication dans des maladies génétiques sera à peu près connue. Et le mythe du gène, support du programme de la vie, est tel que cela conduit à l'illusion qu'une connaissance parfaite du génome d'un individu donnerait accès à la réalité et au destin de la personne. C'est cette image à laquelle renvoie une métaphore comme celle du grand livre de la vie dont il suffirait de connaître l'alphabet et la syntaxe génétique pour parvenir à l'essence de l'être. Or une telle conception est scientifiquement inacceptable et éthiquement dangereuse ».





Question 5 : la thérapie germinale par CRISPR-Cas9

Edition génique par CRISPR

Permet de modifier, réduire ou augmenter de façon ciblée l'expression d'un ou de plusieurs gènes



Avantages

Peu coûteux

Précis

Facile à utiliser

Possibilité de plusieurs modifications simultanées du génome

Risque actuel

Modification d'une autre région du génome (off-target)

Thérapie d'avenir pour le cancer

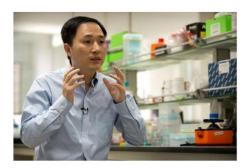
Peut-on introduire des modification dans la lignée germinale, les modifications effectuées étant alors transmises à toute la descendance ?

La modification de la lignée germinale est strictement interdite mais...

Nature 2 Août 2017

Correction of a pathogenic gene mutation in human embryos

Hong Ma^{1*}, Nuria Marti-Gutierrez^{1*}, Sang-Wook Park^{2*}, Jun Wu^{3*}, Yeonmi Lee¹, Keiichiro Suzuki³, Amy Koski¹, Dongmei Ji¹, Tomonari Hayama¹, Riffat Ahmed¹, Hayley Darby¹, Crystal Van Dyken¹, Ying Li¹, Eunju Kang¹, A.-Reum Park², Daesik Kim⁴, Sang-Tae Kim², Jianhui Gong^{3,6,7,8}, Ying Gu^{5,6,7}, Xun Xu^{5,6,7}, David Battaglia^{1,9}, Sacha A. Krieg⁹, David M. Lee⁹, Diana H. Wu⁹, Don P. Wolf¹, Stephen B. Heitner¹⁰, Juan Carlos Izpisua Belmonte³§, Paula Amato^{1,9}§, Jin-Soo Kim^{2,4}§, Sanjiv Kaul¹⁰§ & Shoukhrat Mitalipov^{1,10}§



27 Novembre 2018

Des bébés génétiquement modifiés sont nés en Chine/résistance HIV...

- Casser la fatalité de la transmission
- En remplacement du diagnostic prénatal et du diagnostic pré-implantatoire



- Cible les variations héritées et non les variations de novo
- Ne pas réduire de façon intentionnelle la diversité génétique (avantages de certains allèles)
- Effets indésirables : offtarget, mutations compensatoires, clivage d'un seul brin d'ADN, cellules mosaïques



Interdiction de modification de la lignée germinale

- Convention internationale d'Oviedo
- Conseil de l'Europe
- Loi française (article 16-4 du code civil)



Ne pas tomber dans le piège de l'illusion de la toute-puissance de la science



Réfléchir aux indications médicales, au meilleur moment pour le diagnostic, aux découvertes fortuites de mutations délétères

Importance du consentement éclairé





Conclusions



- La médecine génomique constitue une véritable révolution technologique et médicale /piège de l'illusion de la toute puissance de la science.
- La mondialisation exerce une pression pour généraliser des tests en population générale /système d'assurance maladie incompatible avec la généralisation de ces pratiques.
- Les demandes de tests en médecine prédictive reposent sur l'argument de l'autonomie /la question clé que chacun doit se poser n'est-elle pas : pour quoi faire ?
- Il existe un marché financier considérable des tests de génétique /Les sociétés de biotechnologies n'ont-elles pas intérêt à faire émerger ces demandes de généralisation des tests de génétique ?
- Les données de génétique impactent notre société. /Quelles sont les conséquences collectives de la somme de nos décisions individuelles ? /Quel monde voulons-nous pour demain ?

