

UNIVERSITÉ GRENOBLE-ALPES

THÈSE

Pour obtenir le grade de

DOCTEUR DE L'UNIVERSITÉ DE GRENOBLE-ALPES

Spécialité : **Modèles, méthodes et algorithmes en biologie, santé et environnement**

Arrêté ministériel : ?

Présentée par

Thomas Karaouzene

Thèse dirigée par **Pierre Ray**

Thèse co-dirigée par **Nicolas Thierry-Mieg**

préparée au sein du laboratoire
et de l'école doctorale "**Ingénierie de la Santé, de la Cognition et Environnement**" (EDISCE)

Écrire le titre de la thèse ici

Thèse soutenue publiquement le 31 octobre 2017,
devant le jury composé de :



**Université
Grenoble
Alpes**

Préface

This is an example of a thesis setup to use the reed thesis document class (for LaTeX) and the R bookdown package, in general.

Table des matières

Chapitre 1 : Delete line 6 if you only have one advisor	1
Remerciements	3
Résumé	5
Chapitre 2 : Introduction	7
Chapitre 3 : Investigation génétique et physiologique de la globo- zoospermie	9
Chapitre 4 : Mise en place d’une stratégie pour l’analyse des données exomiques – application en recherche clinique	11
4.1 Intro	11
4.2 Résultats	12
4.2.1 Description de la pipeline	12
4.2.2 Utilisation du pipeline dans des cas familiaux :	15
Description des familles	15
Résultats des exomes	17
Discussion	33
4.2.3 Etude d’une large cohorte de patients MMAF	36
Description de la cohorte	36
Application de la pipeline - Résultats	37
Analyse des listes de gènes	39
Discussion	63
4.3 Conclusion	66
Chapitre 5 : MutaScript	67
Conclusion	69
Chapitre 6 : The First Appendix	71
References	73

Liste des tableaux

4.1	Liste simplifiée des conséquences prédites par VEP avec leur description et impact associée	14
4.2	Tableau récapitulatif des familles séquencées et de leur phénotype . .	16
4.3	Récapitulatif des variants ayant passé l'ensemble des filtres pour chaque famille	34
4.4	Liste des différents projets de séquençages effectués	36
4.5	Liste des patients portant au moins un variant homozygote ou deux variants hétérozygotes sur le gène *DNAH1*	43
4.6	List des gènes sur lesquels au moins deux patients portent une mutation tronquante présents dans la liste ciliome	49
4.7	Liste des patients portant un variant non tronquant homozygote sur un des gènes suivant : TODOOOOOOO	49
4.8	List des gènes sur lesquels au moins deux patients portent une mutation tronquante non présents dans la liste ciliome	53
4.9	Liste des patients portant un variant non tronquant homozygote sur un des gènes suivant : TODOOOOOOO	53
4.10	Liste des patients portant au moins deux variants hétérozygotes sur un des gènes suivant : TODOOOOOOO	54
4.11	List des gènes sur lesquels au moins deux patients portent une mutation tronquante non présents dans la liste ciliome	57
4.12	Liste des patients portant au moins deux variants hétérozygotes sur un des gènes suivant : TODOOOOOOO	57

Table des figures

4.1	Listes des différentes conséquences prédites par VEP et leur positionnement sur le transcrit	13
4.2	Processus simplifié du contrôle qualité des *reads*	18
4.3	Contrôle qualité des variants appelés	21
4.4	Annotation des variants par VEP	23
4.5	Filtrage des transcrits jugés "non pertinents" et des variants les chevauchant	25
4.6	Nombre d'individus composant la cohorte contrôle de chaque famille .	26
4.7	Comparaison de l'efficacité de chacun des six filtres utilisés	28
4.8	Expression tissulaire des gènes *SPINK2* et *GUF1*	29
4.9	Expression tissulaire du gène *PLCZ1*	30
4.10	Expression tissulaire des gènes retenus pour la famille MMAF3	31
4.11	Expression tissulaire du gène *TGIF2*	32
4.12	Nombre de gènes passant l'ensemble des filtres par famille	35
4.13	Résultats de l'appel des variants par individus et par projet de séquençage	38
4.14	Résultats de l'étape de filtrage	39
4.15	Analyse du gène *DNAH1*	42
4.16	TODOOOOOOOOOOOOOOOOOOOO	46
4.17	Analyse des gènes sélectionnés dans l'Analyse n°1	48
4.18	TODOOOOOOOOOOOOOOOOOOOO	52
4.19	Résumé des gènes identifiés au cours de l'analyse n°2	54
4.20	Analyse des gènes sélectionnés dans l'Analyse n°3	56
4.21	Expression tissulaire des gènes gènes candidats retenus	62
4.22	Conclusion des analyses WES de notre large cohorte MMAF, liste des gènes candidats	65

Chapitre 1

Delete line 6 if you only have one advisor

Remerciements

Résumé

Chapitre 2

Introduction

Chapitre 3

Investigation génétique et physiologique de la globozoospermie

Chapitre 4

Mise en place d'une stratégie pour l'analyse des données exomiques – application en recherche clinique

4.1 Intro

4.2 Résultats

Dans cette partie, nous allons détailler les résultats de l'analyse des données de WES de 75 patients tous atteints d'un phénotype d'infertilité. Ces études seront séparées en deux parties distinctes, la première se concentrera sur l'études de ... familles incluant 13 de ces patients. Le seconde portera sur l'analyse des 62 patients restant étant tous non-apparentés et présentant un phénotype MMAF.

4.2.1 Description de la pipeline

Après avoir été séquencés les données recueillies pour ces patients sont traitées au sein de la même pipeline d'analyse qui comprend quatre étapes allant de l'alignement de *reads* au filtrage des variants :

1. **L'alignement** : L'alignement des *reads* le long du génome de référence (hg19 / GHRC37) est effectué par le logiciel MAGIC (Su et al., 2014). Afin d'écarté toute ambiguïté au moment de l'interprétation de l'alignement, l'intégralité des *reads* dupliqués et / ou s'alignant à plusieurs zones du génome seront filtrés et ne seront donc pas pris en compte pour l'ensemble des analyses en aval. Suite à cela,, MAGIC va produire quatre comptages pour chaque position couverte du génome : R+, V+, R- et V- :
 - a. **R+ et R-** : Ces deux comptages correspondent au nombre de *reads forward* (+) et *reverse* (-) sur lesquels est observé l'allèle de **référence** (R) à une position donnée.
 - b. **V+ et V-** : À l'inverse de R+ et R-, ces comptages correspondent au nombre de *reads forward* et *reverse* sur lesquels est observé un allèle de **variant** (V) à une position donnée.
2. **L'appel des variants** : Comme nous l'avons vu plus tôt, il est fortement conseillé d'effectuer l'appel des variants en tenant compte de l'aligneur choisi (Nielsen, Paul, Albrechtsen, & Song, 2011, M. A. DePristo et al. (2011), Lunter & Goodson (2011)). C'est pourquoi, nous avons conçu notre propre algorithme d'appel des variants spécialement conçu pour l'analyse des données de MAGIC. Ainsi, l'appel des variants sera directement basé sur les quatre comptages vus précédemment. Tout d'abord, les positions ayant une couverture < 10 sur l'un des deux *strands* sera considérée comme de faible qualité, celles ayant une couverture < 10 sur les deux *strands* seront exclus. Ensuite pour chaque variant, des appels indépendants seront effectués pour chaque *strand*. L'appel final sera une synthèse de ces deux appels où seul les cas où ces deux appels sont concordants seront considérés comme de bonne qualité.

3. **L'annotation** : Chaque variant retenu sera ensuite annoté tout d'abord par le logiciel *variant effect predictor* (VEP) (W. McLaren et al., 2016) qui nous indiquera pour chaque variant la conséquence que celui-ci aura sur la séquence codante de l'ensemble des transcrits Ensembl qu'il chevauche (**Figure** : 4.1) (**Table** : 4.1). Ensuite, nous ajouterons récupérerons pour chaque gène son expression tissulaire en nous basant sur le projet Illumina BodyMap [TODO ref] qui recense les données RNAseq des gènes humains pour 16 tissus différents. Suite à cela nous ajoutons, lorsque celle-ci est disponible, la fréquence du variant dans les bases de données ExAC (Lek et al., 2016), ESP600 [TODO] et 1000Genomes [TODO] donnant ainsi une estimation de sa fréquence dans la population générale. De même, la particularité de ce pipeline est qu'elle conserve l'ensemble des variants identifiés dans les études effectuées précédemment permettant d'ajouter aux annotations la fréquence d'un variant chez les individus déjà séquencé et donc la fréquence d'un variant dans chaque phénotype étudié créant ainsi une base de données interne qui pourra servir de contrôle dans les études ultérieures.

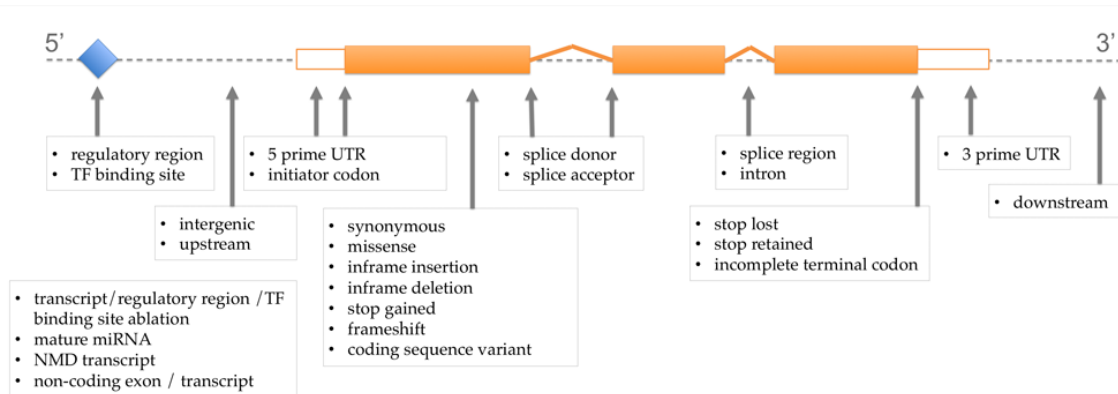


Figure 4.1 – Listes des différentes conséquences prédites par VEP et leur positionnement sur le transcript d'après [VEP site](<http://www.ensembl.org/info/genome/variation/consequences.jpg>)

4. **Le filtrage des variants** : L'étape de filtrage est extrêmement importante si l'on souhaite analyser de manière efficace les données provenant de WES. C'est pourquoi elle occupe une place importante dans notre pipeline. L'intégralité des paramètres de cette étape peuvent être modifiés par l'utilisateur de sorte à faire correspondre les critères de filtre aux besoins de l'étude. Afin de rendre son utilisation la plus efficace possible, nous avons souhaité définir des paramètres par défauts pertinents dans la plupart des études de séquençage exomique de sorte que, à moins que le contraire ne soit spécifié, seuls les variants impactant les transcrits codant pour une protéine sont conservés. De même, les variants synonymes ou affectant les séquences UTRs sont filtrés ainsi que les variants ayant une fréquence $\geq 1\%$ dans les bases de données (ExAC, ESP6500 ou 1KH). Aussi, pour un phénotype donné, l'ensemble des variants observés chez les individus étudiés présentant un phénotype différent sont de même enlevés de la liste finale.

Table 4.1 – Liste simplifiée des conséquences prédites par VEP avec leur description et impact associée

VEP consequence	VEP impact	Description
Splice acceptor / donor	HIGH	A splice variant that changes the 2 base region at the 3' / 5' end of an intron
Stop gained	HIGH	A sequence variant whereby at least one base of a codon is changed, resulting in a premature stop codon, leading to a shortened transcript
Frameshift	HIGH	A sequence variant which causes a disruption of the translational reading frame, because the number of nucleotides inserted or deleted is not a multiple of three
Stop lost	HIGH	A sequence variant where at least one base of the terminator codon (stop) is changed, resulting in an elongated transcript
Start lost	HIGH	A codon variant that changes at least one base of the canonical start codon
Inframe insertion / deletion	MODERATE	An inframe non synonymous variant that inserts / deletes bases into in the coding sequence
Missense	MODERATE	A sequence variant, that changes one or more bases, resulting in a different amino acid sequence but where the length is preserved
Splice region	LOW	A sequence variant in which a change has occurred within the region of the splice site, either within 1-3 bases of the exon or 3-8 bases of the intron
Stop retained	LOW	A sequence variant where at least one base in the terminator codon is changed, but the terminator remains
Synonymous	LOW	A sequence variant where there is no resulting change to the encoded amino acid
5' / 3' prime UTR	MODIFIER	A UTR variant of the 5' / 3' UTR
Intron	MODIFIER	A transcript variant occurring within an intron
NMD transcript	MODIFIER	A variant in a transcript that is the target of NMD
Non coding transcript	MODIFIER	A transcript variant of a non coding RNA gene

4.2.2 Utilisation du pipeline dans des cas familiaux :

Description des familles

Dans cette partie, je me concentre sur l'analyse bioinformatique des résultats des séquençages exomiques effectués entre 2012 et 2014 de 13 individus infertiles provenant de 6 familles différentes. Parmi celles-ci, 3 phénotypes différents ont été observés :

1. **L'Azoospermie** : Comme nous avons pu le voir, l'azoospermie est un phénotype d'infertilité masculine caractérisé par l'absence de spermatozoïde dans l'éjaculat
2. **Échec de fécondation** : Ce phénotype d'infertilité se caractérise par l'incapacité des spermatozoïdes à féconder l'ovocyte.
3. **MMAF** : Le syndrome MMAF (*multiple morphological abnormalities of the sperm flagella*) caractérise comme son nom l'indique les patients présentant une majorité de spermatozoïdes atteints par une mosaïque d'anomalie morphologique du flagelle.

Parmi ces 6 chacune composée de 2 à 3 frères, 3 d'entre elles présentent un historique de consanguinité, les parents étant soit cousins germains, pour les familles ... et ..., soit cousins au second degré, pour la famille La consanguinité favorisant la transmission de variants à l'état homozygote, nous avons décidé, dans un premiers temps de concentrer nos analyses uniquement sur les variants (SNVs et indels) homozygotes pour l'ensemble des familles. Pour les 3 familles n'ayant pas d'historique de consanguinité, ce choix nous permet de réduire la liste des variants candidats de sorte à faciliter les analyses. L'études des variants hétérozygotes sera effectuée *a posteriori* pour les familles dont la cause génétique du phénotype n'a pas pu être identifiée en se limitant aux variants homozygotes. Un récapitulatif des familles et de leur phénotype est disponible dans la table 4.2.

Table 4.2 – Tableau récapitulatif des familles séquencées et de leur phénotype

Family	Consanguinity	Individuals	Phenotype	Year	Place
AZ	Yes	AZ1, AZ2	Azoospermia	2012	Mount Sinai Institut
FF	Yes	FF1, FF2	Fertilization failure	2014	Genoscope (Evry)
MMAF1	No	MMAF1.1, MMAF1.2	MMAF	2014	Genoscope (Evry)
MMAF2	Yes	MMAF2.1, MMAF2.2	MMAF	2014	Genoscope (Evry)
MMAF3	No	MMAF3.1, MMAF3.2	MMAF	2014	Genoscope (Evry)
MMAF4	No	MMAF4.1, MMAF4.2, MMAF4.3	MMAF	2014	Genoscope (Evry)

Résultats des exomes

Résultat de l'alignement Pour rappel, l'alignement consiste à repositionner l'ensemble des *reads* générés au cours de l'étape de séquençage le long d'un génome de référence.

La quantité de *reads* composant les exomes de chaque individu peut varier en fonction de plusieurs paramètres et n'est donc pas égale pour chaque patient bien que l'ordre de grandeur reste le même avec une médiane de 91438630 *reads*. Seuls les deux frères AZ1 et AZ2 se distinguent avec près de 3 fois plus de *reads* que les autres patients. Cette différence peut être expliquée car ces deux patients sont les deux seuls à avoir été séquençés au Mount Sinai Institut or leur protocole d'amplification précédant le séquençage contient un nombre de cycles de PCR supérieur à ceux appliqués au Génomex d'Évry où ont été séquençés les autres patients. Il faut noter que ce nombre plus important de *reads* n'est en rien le reflet d'une meilleure qualité. En effet, ce nombre important de *reads* est causé par une grande quantité de *reads* dupliqués qui seront pour la plupart filtrés au cours des analyses ultérieures (**Table : 4.2, Figure : 4.2 - A**).

L'ensemble de nos exomes ayant été réalisés en *paired-end*, les deux extrémités de chaque fragment sont séquençées. Chaque *end* d'un même *read* peut donc être considéré comme un *read* à part entière qui sont alignés **indépendamment** le long du génome de référence. L'information fournie par le *paired-end* n'étant utilisée qu'à *posteriori* en tant que critère qualité. La première étape du contrôle qualité des *reads* consiste à filtrer les *reads* ne s'étant pas alignés sur le génome. Ces *reads* sont extrêmement minoritaires puisqu'ils ne représentent qu'entre 1.2 et 5.5 % des *reads* de nos individus (**Figure : 4.2 - B**).

Une fois cela fait, nous vérifions la "compatibilité" des deux *ends* composant chacun des *reads* s'étant correctement alignés. Un *reads* est dit compatible lorsque les deux *ends* qui le composent s'alignent face à face (une sur le *strand* + et l'autre sur le *strand* -) et couvrent une zone ne faisant pas plus de 3 fois la taille médiane de l'insert. Les *reads* dont les deux *ends* se sont alignés mais ne remplissant pas ces conditions seront dit "Non compatible", ceux dont une seule des deux *ends* s'est alignée seront appelés "orphelins". Dans nos analyses, seuls les *reads* compatibles sont conservés, c'est à dire environ 89.5 % des *reads* s'étant correctement alignés. (**Figure : 4.2 - C**).

La dernière étape de ce contrôle-qualité consiste à analyser le nombre de sites auxquels se sont alignés les *reads*. En effet, certaines zones du génome étant dupliquées, l'une des problématiques des *short-reads* est qu'il est possible que ceux-ci s'alignent à plusieurs régions différentes du génome. Afin d'éviter toute ambiguïté, seuls ceux s'étant alignés sur un site unique sont conservés pour la suite des analyses. Ces *reads* représentent entre 92.3 et 96.9 % des *reads* ayant passé les précédents filtres (**Figure : 4.2 - C**).

Les *reads* ayant passé l'ensemble des critères qualité mentionnés précédemment seront ensuite utilisés pour effectuer l'appel des variants.

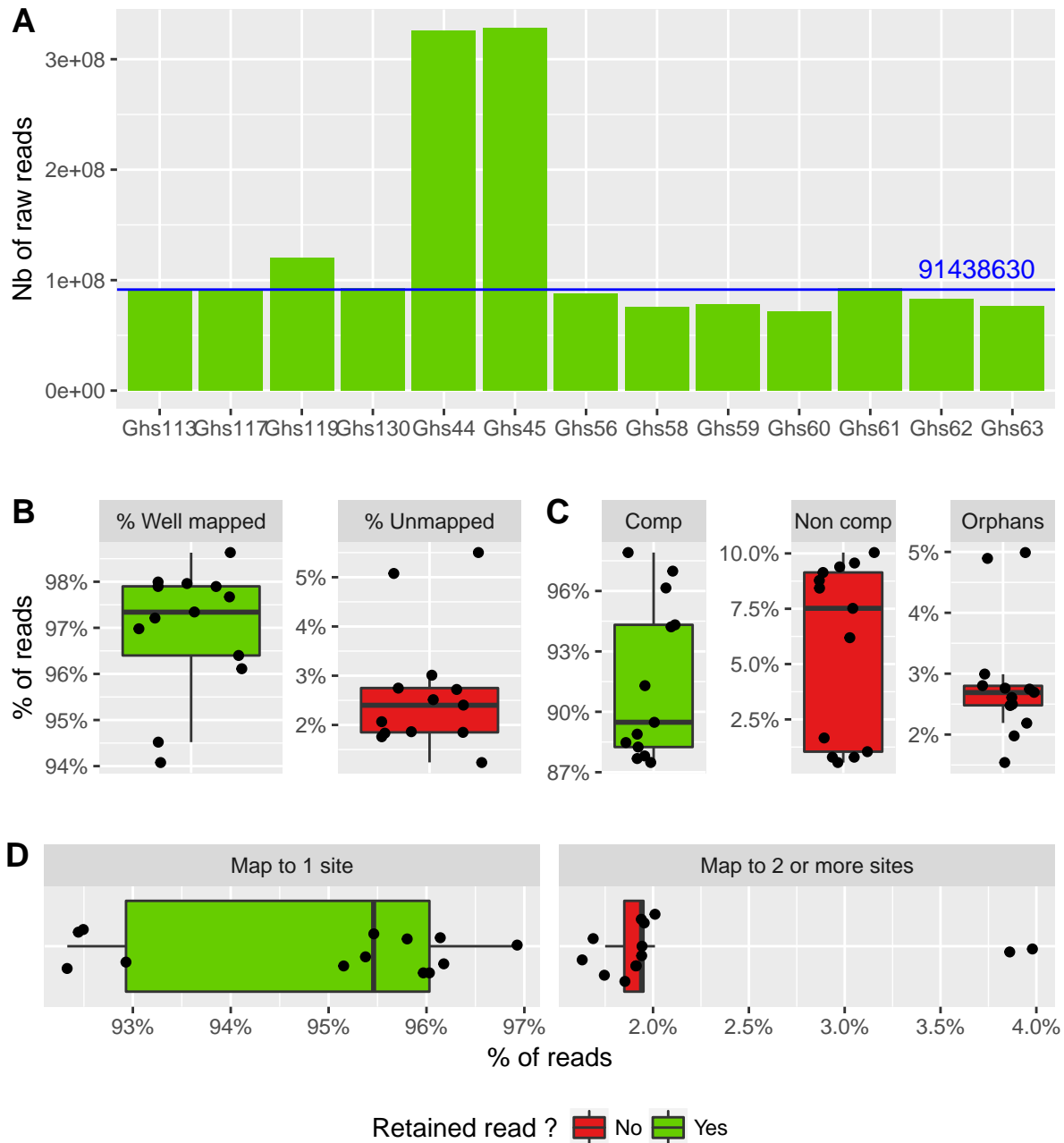


Figure 4.2 – Processus simplifié du contrôle qualité des *reads* : Pour chacun des graphiques, les *reads* représentés en vert sont conservés tandis que ceux en rouge sont filtrés. **A** : Quantité de *reads* bruts générés pour chaque patient au cours de l'étape de séquençage. La médiane des *reads* est représentée en bleu. **B** : Pourcentage pour chaque individu de *reads* s'étant aligné correctement et ne s'étant pas alignés sur le génome de référence. **C** : Distribution pour chaque patient des *reads* compatibles (Comp), non compatibles (Non comp) et orphelins (Orphans). **D** : Présentation pour chaque *reads* du nombre de site auxquels ils s'alignent

Résultat de l'appel des variants Comme dit précédemment, l'appel des variants fait suite à l'alignement et consiste à comparer la séquence d'un individu avec celle d'un génome de référence afin d'en relever les différences. La particularité de notre algorithme d'appel est d'effectuer pour chaque position deux appels indépendants. Le premier sera effectué en utilisant uniquement les *reads forward* et le second le *reads reverse*. Encore une fois, plusieurs filtres sont appliqués de sorte à conserver uniquement les variants les plus qualitatifs.

Tout d'abord, nos appels sont classés en trois catégories :

1. **Les appels *double strand* (DS) :** Qualifie les positions ayant une couverture ≥ 10 sur les deux *strands*. Ces appels sont ceux ayant la meilleure qualité
2. **Les appels *single strand* (SS) :** Ces appels définissent les positions pour lesquels **un des deux** *strands* présentent une couverture ≤ 10 . Dans ce cas, ce *strand* est ignoré et l'appel est effectué uniquement en utilisant le second *strand*.
3. **Les appels *non strand* (NS) :** Les positions NS sont celles pour lesquelles la couverture est ≤ 10 sur les deux *strands*. Aucun appel n'est effectué à ces positions.

Dans nos données, les appels SS sont majoritaires et représentent environ 48.1 % de nos appels (contre 35.6 % d'appels DS). Au vu de l'importance de ces appels, nous avons fait le choix de les conserver afin de ne pas filtrer une quantité trop importante de données. Ces appels seront cependant considérés comme étant de faible qualité, de fait, leurs analyses et interprétation seront plus précautionneuses. En revanche, au vu de la trop grande incertitude de l'appel des variants NS, ceux-ci sont systématiquement filtrés éliminant ainsi entre 10.3 et 18.7 % des positions appelées (**Figure : 4.3 - A**).

Un second filtre est appliqué aux variants ayant été précédemment appelés DS. Celui-ci consiste à comparer les appels effectués indépendamment sur chacune des deux *ends* et à vérifier leur concordance, c'est à dire que les deux appels soit identique. Les appels discordant et ambigus sont filtrés, soit environ 86.3 % des variants DS. Il est intéressant de noter que bien que les variants *single strand* (SS) soient conservés, on peut s'attendre à ce qu'environ 13.7 % de ceux-ci soient aberrants, ceux-ci n'ayant pu subir le même contrôle que les SS (**Figure : 4.3 - B**).

Pour l'ensemble des variants ayant passé les filtres énoncés ci-dessus, c'est à dire les variants SS et les variants DS avec appels concordants, le génotype est déterminé en fonction du pourcentage de *reads* portant le variant à cette position. Par exemple, si à une position donnée, 0% des *reads* portent un variant, l'individu sera appelé "Homozygote référence", si 50% des *reads* sont porteurs d'un variant, l'appel sera "hétérozygote" et si 100% des *reads* portent un variant, l'appel sera "Homozygote variant". Ainsi, pour chaque individu nous avons pu établir une liste de SNVs et d'indels avec leur génotype associé. Pour chacun de nos 13 patients les ordres de

grandeur du nombre de variants appelés sont identique. Ainsi pour chaque patient nous avons appelés environ 43670 variants hétérozygotes (41044 SNVs et 2626 indels) et 65040 variants homozygotes (32520 SNVs et 1809 indels) (**Figure : 4.3 - C**).

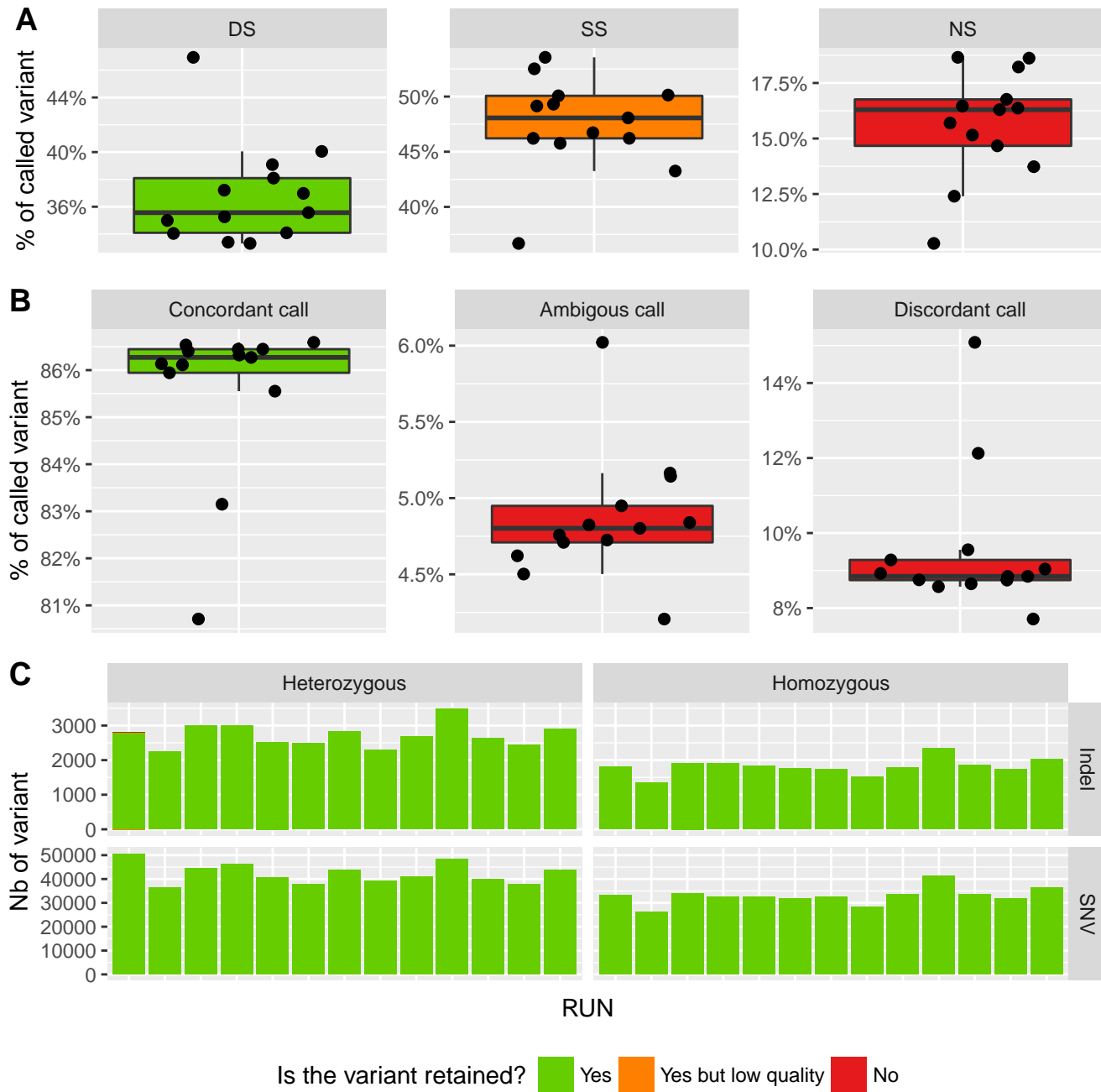


Figure 4.3 – Contrôle qualité des variants appelés : Pour chacun des graphiques, les variants représentés en vert et en orange sont conservés tandis que ceux en rouge sont filtrés. ****A**** : Distribution du *stranding* des appels pour chaque patient. ****B**** : Comparaison des appels entre les deux *ends* des variants appelés DS. ****C**** : Distribution des SNVs et indels en fonction de leur génotype pour chaque patients (représentés par une barre

Résultats de l'annotation L'annotation des variants appelés consiste à ajouter un maximum d'informations sur les variants. Ces informations seront ensuite utilisées afin de filtrer et / ou prioriser les variants. Dans ces analyses nous avons utilisé le logiciel *Variant Effect Predictor* (VEP) (W. McLaren et al., 2016) qui va à la fois prédire l'effet qu'auront ces variants sur l'ensemble des transcrits (et gènes) qu'ils chevauchent, ajouter, lorsqu'elle est disponible, la fréquence de chacun de ces variants dans les bases de données ExAC, 1000Genomes (1KG) et ESP6500. Pour finir VEP nous permettra de connaître les prédictions de pathogénicités fournies par SIFT et PolyPhen pour les variants faux-sens.

Après avoir annoté nos variants par VEP, nous avons pu constater que pour chaque patient 24975 gènes sont en moyenne affecté par au moins un variant pour en moyenne 122735 transcrits (soit environ 5 transcrits par gènes). Il faut noter que parmi ces gènes se trouvent à la fois des gènes codant pour des protéine **et** d'autres non codant (**Figure : 4.4 - A**).

Chaque variant affectera l'ensemble des transcrits qu'il chevauche, ainsi un même variant pourra impacter plusieurs transcrits. Ces impacts sont ensuite classés par VEP en quatre catégories qui sont, de la plus délétère à la moins délétère : HIGH, MODERATE, LOW, MODIFIER (**Table :4.1**). Comme attendu, les variants ayant un impact trouquant se retrouvent être les moins fréquent chez chacun de nos patients. Ceci est d'autant plus flagrant pour l'impact HIGH qui regroupe, entre autres, les variants créant un codon stop ou encore ceux causant un décalage du cadre de lecture (**Table :4.1**), se retrouvent en quantité extrêmement faible puisqu'ils ne représentent en moyenne que 0.15 % des variants, soit une moyenne de 466 hétérozygotes et 370 homozygotes par patient) (**Figure : 4.4 - B**).

Parmi ces variants, certains étaient déjà recensés dans une des trois base donnée (ExAC, ESP et 1KG). Ainsi, on peut observer qu'entre 38.6 et 55.5 % de nos variant étaient listés dans ExAC et entre 33.1 et 43.8 % dans ESP. En revanche environ 87.1 % d'entre eux sont recensés dans 1KG (**Figure : 4.4 - C**) (À discuter!!!!).

(À discuter!!!!) (**Figure : 4.4 - D**)

LES FIGURES SUR LA FRÉQUENCE SONT À DISCUTER CAR LEUR INTERPRÉTATION ME LAISSE PERPLEX (SURTOUT LA PROPORTION DE NOS VARIANTS PRÉSENTS DANS 1KG)

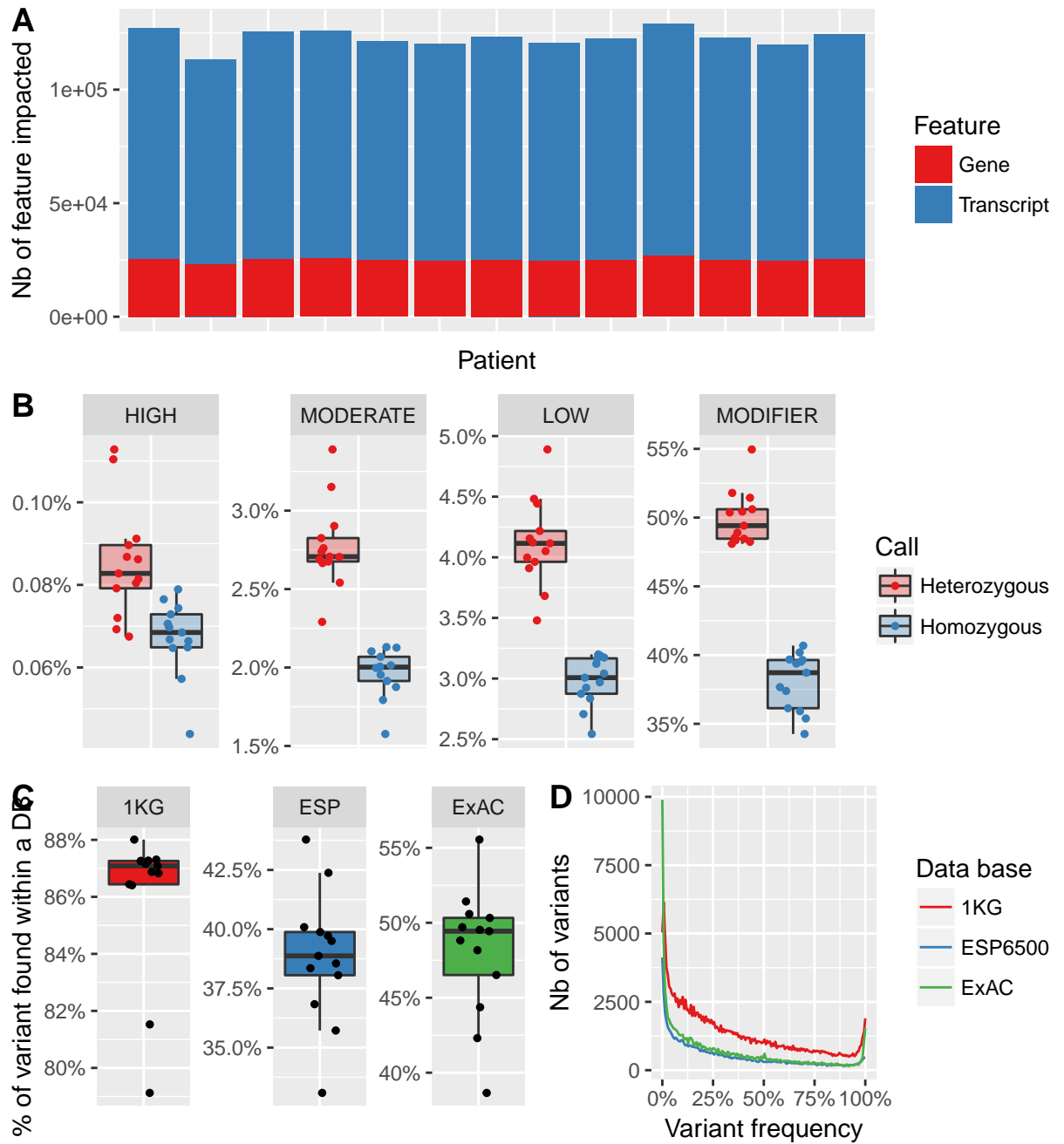


Figure 4.4 – Annotation des variants par VEP : ****A**** : Quantification du nombre de gènes (en bleu) / transcrits (en rose) impactés par au moins un variant pour chaque patient chacun représentés par une barre. ****B**** : Distribution des impacts HIGH MODERATE LOW et MODIFIER en fonction des patients et du génotype du variant. ****C**** : Pourcentage des variants retrouvés au sein des trois bases de données : ExAC, ESP et 1KG. ****D**** : Distribution des fréquences de nos variants au sein des trois bases de données : ExAC, ESP et 1KG

Résultats du filtrage Les étapes précédentes nous ont permis de mettre en évidence pour chaque patient une liste de variants passant l'ensemble de nos critères qualités. Ces variants ont dès lors pu être annotés nous permettant notamment d'avoir connaissance de leurs impacts sur les différents transcrits qu'ils chevauchent ou encore leur fréquence dans la population générale. Désormais, afin de ne conserver que les variants ayant la plus forte probabilité d'être responsable du phénotype de ces patients, nous avons appliqué successivement six filtres basés à la fois sur les différentes annotations que nous avons ajoutées mais aussi sur nos connaissances du mode de transmission du phénotype :

1. **Filtre 1 : L'union des variants** : Dans ces différentes études, nous avons à chaque fois séquencé des frères (deux ou trois) présentant phénotype. Ainsi nous avons pu formuler l'hypothèse d'une cause génétique commune entre les différents patients d'une même famille et donc filtrer l'ensemble des variants qui ne sont pas partagés les deux ou trois frères atteints testés.
2. **Filtre 2 : Génotype des variants** : Dans ces études, nous avons émis l'hypothèse d'une transmission récessive du phénotype. Ainsi, seuls les variants homozygotes ont été conservés. (**Figure : ??, ??**).
3. **Filtre 3 : Impact du variant** : Afin de ne conserver que les variants ayant un effet potentiellement délétère sur la protéine, nous avons filtré les variants intronique et ceux tombant dans les séquences UTRs. De même les variants synonymes ne sont pas conservés (exceptés ceux se trouvant proches des régions d'épissage) car ceux-ci n'ont aucun effet sur la séquence protéique. Pour les variants faux sens (changement d'un seul aa de la séquence protéique) il est plus difficile de se trancher, nous avons donc utilisé les logiciels SIFT (Kumar, Henikoff, & Ng, 2009) et Polyphen (Adzhubei et al., 2010) et filtré l'ensemble des faux-sens prédits comme *tolerated* par SIFT et *benign* par Polyphen.
4. **Filtre 4 : Les transcrits "non pertinents"** : Au cours de nos analyses nous nous sommes concentré uniquement sur les transcrits codant pour une protéine. Ainsi, l'ensemble des transcrits annotés comme étant non codant furent filtrés. De même le mécanisme NMD (*nonsense-mediated decay*) a pour but de contrôler la qualité des ARNm cellulaires chez les eucaryotes (Y.-F. Chang, Imam, & Wilkinson, 2007) en éliminant les ARNm qui comportent un codon stop prématuré (Baker & Parker, 2004), pouvant être le résultat d'une erreur de transcription, d'une mutation ou encore d'une erreur d'épissage. Il est donc peu probable que les variants présents sur des transcrits annotés NMD soient responsables du phénotype. Dès lors, ces transcrits ont été également filtrés. Ainsi, nous avons pu retirer de nos listes de variants l'ensemble des mutations impactant **uniquement** des transcrits non codant et / ou annoté NMD. Cette étape de filtre permet à elle seule de filtrer systématiquement entre 36576 et 44581 transcrits différents par patients, soit une moyenne de 3107 variants par individus (**Figure : 4.5**).

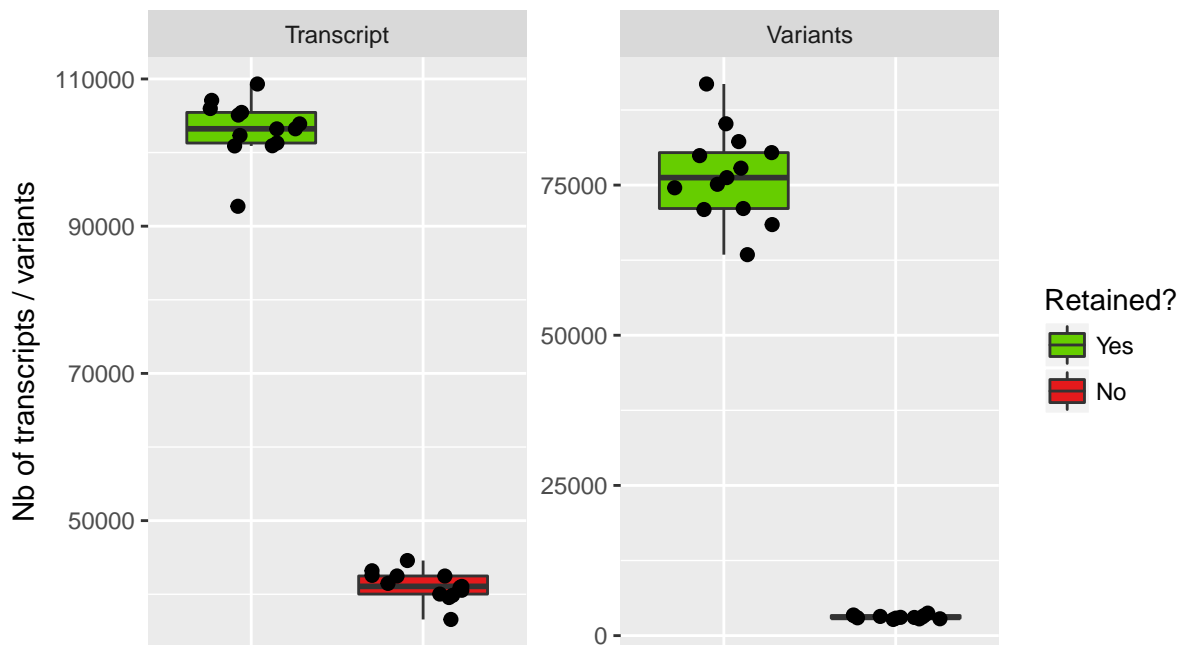


Figure 4.5 – Filtrage des transcrits jugés "non pertinents" et des variants les chevauchant : Pour chaque patients nous avons filtrer les transcrits jugés "non pertinents" pour l'analyse, c'est à dire ceux ne codant pas pour une protéine et ceux annoté NMD. Dès lors, l'intégralité des variants chevauchant uniquement des transcrits non pertinents ont put systématiquement être filtrés (boites rouges). les autres furent conservés (boites vertes)

5. **Fréquence des variants** : La fréquence d'un variant dans la population générale est un moyen rapide d'avoir une prédiction fiable de l'effet délétère ou non de celui-ci. En effet, il est peu probable qu'un variant retrouvé fréquemment dans la population générale soit causal d'une pathologie sévère. Ainsi nous avons filtré pour l'ensemble de nos patients l'ensemble des variants ayant une fréquence ≥ 0.01 dans l'une des trois bases de données que sont ExAC, ESP et 1KG.
6. **Présence des variants dans la cohorte contrôle** : Au cours de nos différentes études, nous avons été amenés à séquencer un total de 134 un des 6 phénotypes étudiés au cours de nos différentes études (**Table : ??**). Ces phénotypes étant très différents, on peut émettre l'hypothèse que leurs causes génétiques soient également différentes. De même, les variants recherchés étant rares, il est peu probable qu'un individu porte les variants de deux phénotypes différents. Ainsi, pour chacune des 6 familles, nous avons pu constituer une cohorte contrôle composée dans l'ensemble des patients précédemment analysés et ne présentant pas le même phénotype que celui étudié dans la famille (**Figure : 4.6**). Dès lors, nous avons pu filtrer l'ensemble des variants retrouvés à la fois chez nos patients et observés à l'état homozygote dans la cohorte contrôle. Cette cohorte contrôle

présente ainsi le même rôle que les bases de données publiques. Son intérêt principale par rapport à celles-ci est que les individus qui la composent ont pour la plupart la même origine ethnico-géographique que nos patients. De plus ceux-ci ont été séquencés en même temps dans les mêmes centres permettant ainsi d'identifier les artefacts dûs aux protocoles de séquençage.

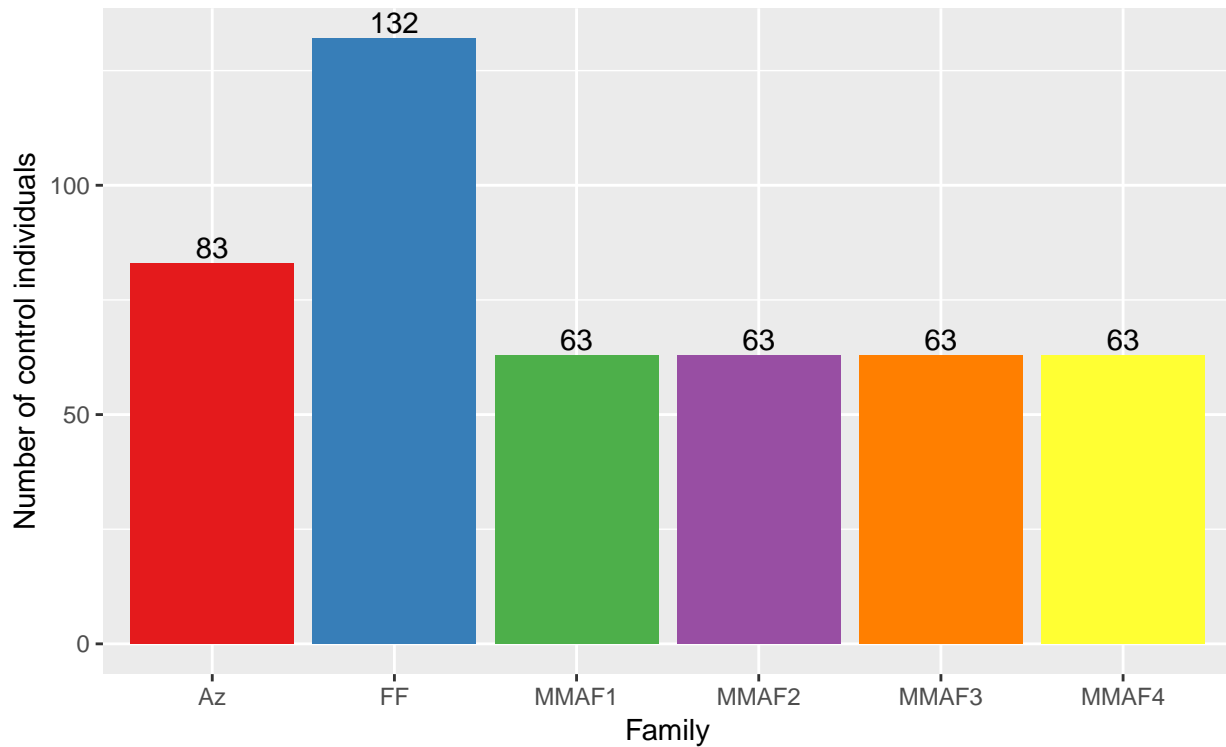


Figure 4.6 – Nombre d'individus composant la cohorte contrôle de chaque famille : Ici, chaque barre représente une famille et sa hauteur est déterminée par le nombre d'individus composant la cohorte contrôle à laquelle elle a été confrontée. Chaque individu de la cohorte contrôle a été séquencés en WES par notre équipe. Afin d'être considéré comme "contrôle" et intégrer cette cohorte, un individu doit être sain ou présenter un phénotype d'infertilité différent de la famille étudiée. Par exemple, un individu MMAF pourra servir de contrôle aux familles AZ et FF mais pas aux familles MMAF1-4

Comme on pouvait s’y attendre, ces six filtres ont un pouvoir discriminant extrêmement différent (**Figure : 4.7**). En effet, tandis que le filtre “Transcript relevance” (filtre n°4) élimine en moyenne 3.9 % des variants de chaque individu tandis que le filtre “Variant impact” (filtre n° 3) élimine jusqu’à 90.1 % de ces mêmes variants (**Figure : 4.7 - A**). Cette différence n’est pas surprenante. En effet, comme nous l’avons vu plus tôt, les variants de la catégorie VEP MODIFIER qui regroupe entre autres les variants chevauchant les séquences UTRs et introniques (**Table : ??**) représentent en moyenne ... % des variants de nos patients (**Figure : 4.4 - A**). Ceux-ci étant tous filtrés, on s’attendait donc à une valeur aussi élevée. On peut également constater l’importance de la cohorte contrôle qui, je le rappelle, permet de filtrer l’ensemble des variants homozygotes observés en son sein, puisque ce filtre permet retirer entre 76.5 et 88.4% des variants de chaque individus (**Figure : 4.4 - A**).

Cependant, regarder uniquement le pourcentage de variants filtrés par chaque filtre révèle une information partielle. En effet, dans ce cas de figure, on observe la quantité de variant éliminé par chaque filtre indépendamment les uns des autres. Ainsi, un même variant peut donc être filtré par plusieurs filtres. Dès lors, il faut également analyser la quantité de variants filtrés **spécifiquement** par chaque filtre. Ainsi, on peut constater que le classement des filtres en fonctions de leur stringance reste quasiment identique (**Figure : 4.7 - B**) il est tout de même intéressant de noter que désormais le filtre “Variant impact” apparaît moins efficace que les filtres “Ctrl” et “Genotype” en filtrant spécifiquement une moyenne de 253 variants par individu contre 423 pour le filtre génotype et 882 pour le filtre “Ctrl”. Ainsi, ce dernier devient celui filtrant spécifiquement le plus de variants avec entre 364 et 1060 variants spécifiquement filtrés par patients confirmant ainsi l’importance de ce filtre dans nos analyses. Aussi, les filtres “Transcript relevance”, “Union” et “Frequency” apparaissent désormais comme étant anecdotiques en comparaison aux trois autres filtres puisqu’ils filtrent au maximum 43 variants spécifiques (**Figure : 4.7 - B**).

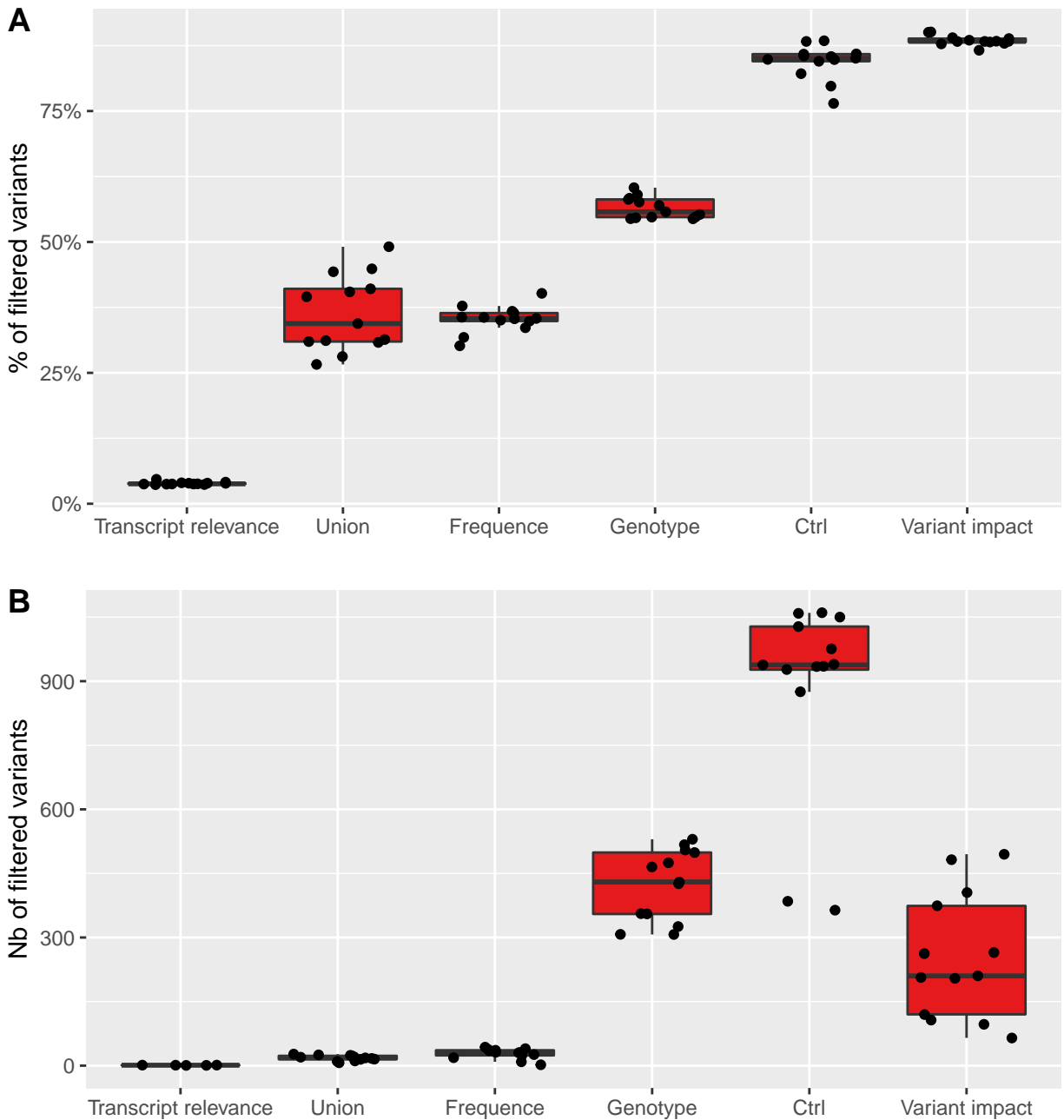


Figure 4.7 – Comparaison de l'efficacité de chacun des six filtres utilisés : ****A**** : Comparaison du pourcentage de variants filtrés par chacun des six filtres indépendamment les uns des autres pour chaque patient (représenté par les points. Dès lors, un même variant peut être filtré par plusieurs filtres. ****B**** : Comparaison du nombre de variant filtrés spécifiquement par chacun des filtres. Ici, un variant ne peut-être filtré que par un seul filtre

Après avoir appliqué l'ensemble de ces filtres, seuls quelques variants subsistent nous permettant d'obtenir une liste de gènes restreinte pour chaque famille (**Table : 4.3**) et ainsi de tirer des conclusions quant au variant responsable du phénotype.

1. **Famille AZ** : Parmi les 2 gènes restant pour cette famille, *SPINK2* est apparu comme étant un candidat évident. Notamment son expression étant spécifique au testicule tandis que celle de *GUF1* est ubiquitaire (**Figure : 4.8**). De plus, des mutations du gène *Spink2* chez la souris avait déjà été identifiée comme induisant des défauts de la spermatogenèse (Lee et al., 2011).

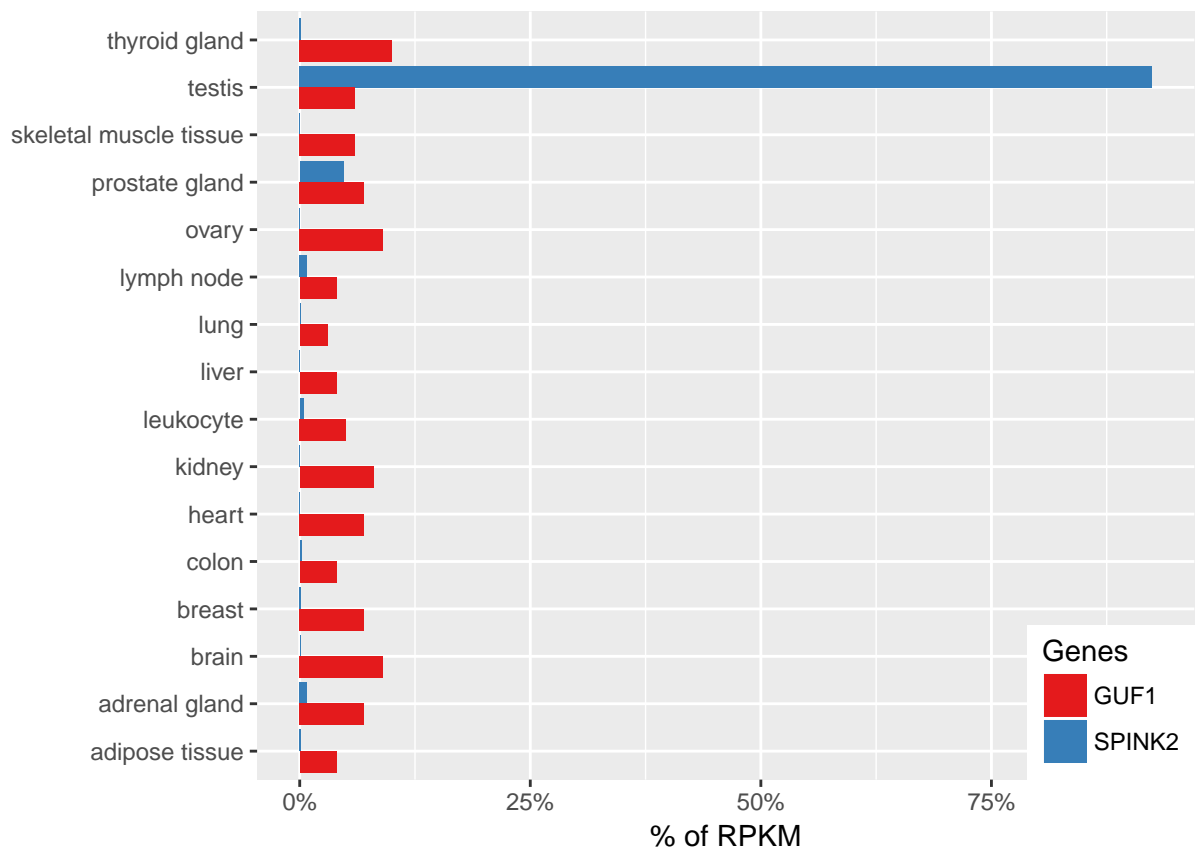


Figure 4.8 – Expression tissulaire des gènes **SPINK2** et **GUF1** : Données provenant du projet de transcriptome Illumina bodyMap

2. **Famille FF** : Pour cette famille, le gène *PLCζ1* a passé l'ensemble des filtres. Nos connaissances sur la fonction de ce gène et notamment son rôle dans l'activation ovocytaire (TODO : REF) ainsi que sa forte expression testiculaire ont fait de ce gène le candidat idéal pour expliquer le phénotype de ces deux frères (**Figure : 4.9**).

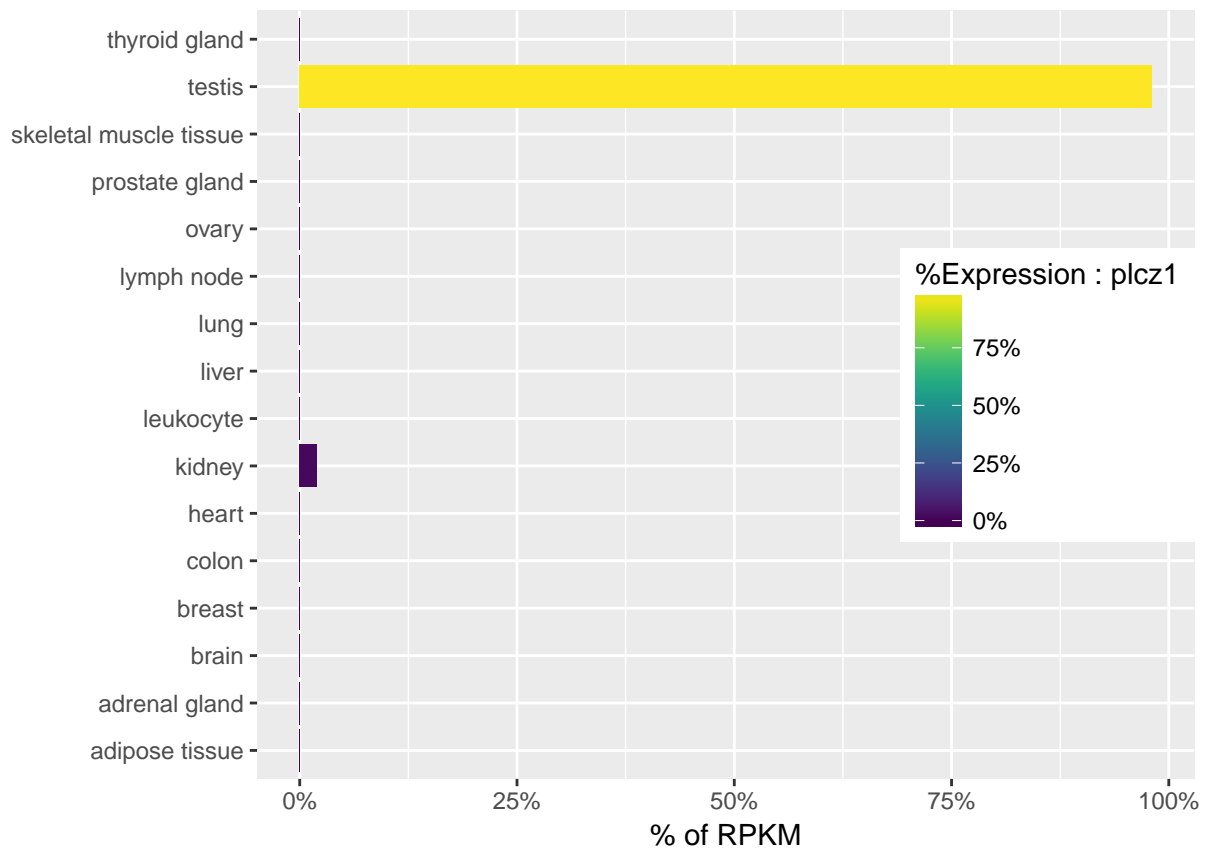


Figure 4.9 – Expression tissulaire du gène *PLCZ1* : D'après les données du Illumina BodyMap

3. **Famille MMAF1** : L'analyse bibliographique des 2 gènes ayant passé l'ensemble des filtres n'a pas pu nous permettre de d'affirmer que l'un de ces gènes étaient responsable du phénotype MMAF de ces 2 frères.
4. **Famille MMAF2** : À l'issue des filtres, 2 gènes ressortaient chez ces deux frères : *MYH11* et *DNAH1*. Or, notre équipe ayant déjà établi le lien entre des mutations du gène *DNAH1* et le syndrome MMAF (Ben Khelifa et al., 2014) ce gène s'est révélé être un candidat idéal pour expliquer le phénotype de ces 2 frères. De plus, l'implication de *MYH11* dans le phénotype de dissection aortique (Imai et al., 2015) l'ont écarté des candidats pour le phénotype MMAF.
5. **Famille MMAF3** : Comme pour les gènes de la famille MMAF2, l'analyse bibliographique des 7 gènes ayant ici passé les filtres de même que l'étude de leurs expressions ne nous a pas permis de conclure que l'un d'entre eux étaient responsable du phénotype MMAF de ces 2 frères.

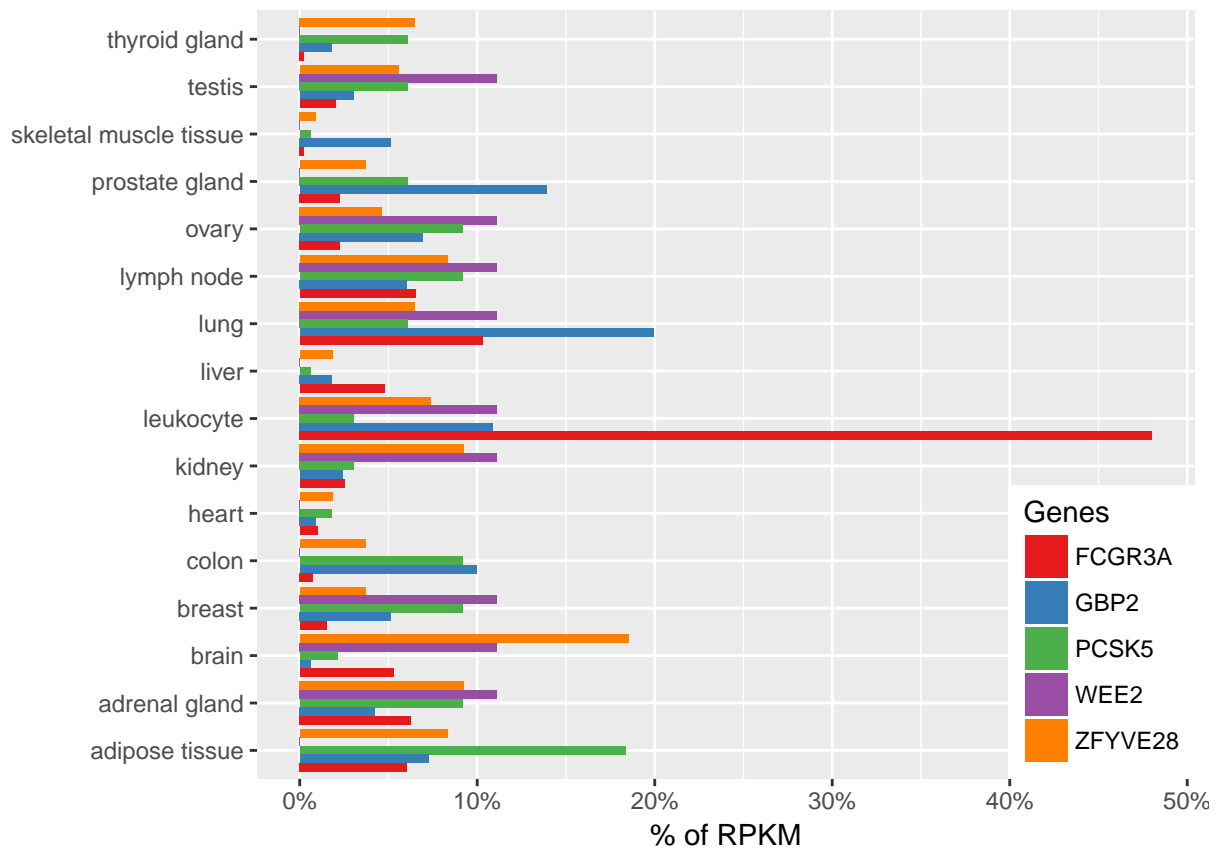


Figure 4.10 – Expression tissulaire des gènes retenus pour la famille MMAF3 : Données provenant du projet de transcriptome Illumina bodyMap

6. **Famille MMAF4** : Seul le gène *TGIF2* a passé l'ensemble des filtres pour la famille MMAF4. L'expression ubiquitaire de ce gène n'en font pas un candidat idéal. Cependant une étude de 2011 effectuée sur le wallaby décrit que la protéine TGIF2 est localisée spécifiquement dans le cytoplasme du spermatide, ainsi que dans le corps résiduel et la pièce intermédiaire du flagelle du spermatozoïde mature (Hu, Yu, Shaw, Renfree, & Pask, 2011). Ces données pourraient corrélérer avec le phénotype MMAF de ces 3 frères bien que l'expression de ce gène soit ubiquitaire (**Figure** : 4.11).

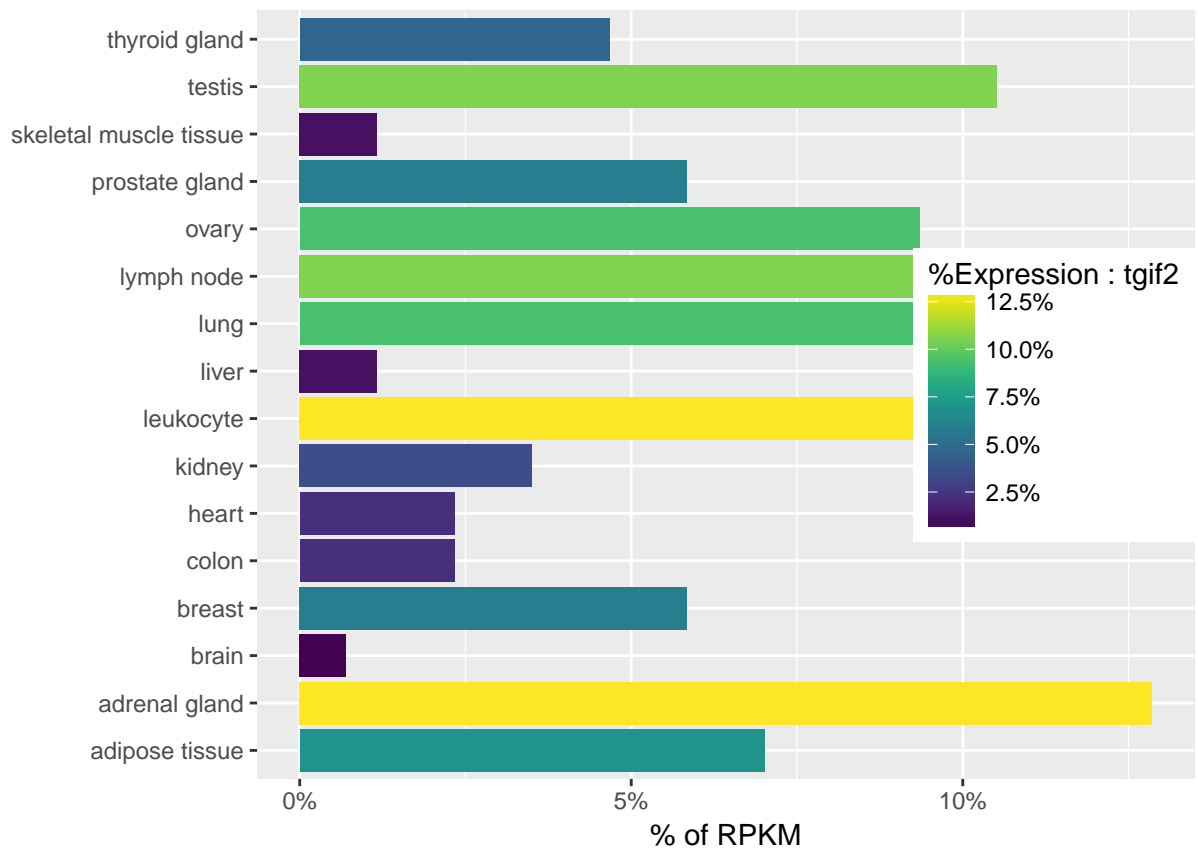


Figure 4.11 – Expression tissulaire du gène *TGIF2* : D'après les données du Illumina BodyMap

Discussion

L'analyse de ces 6 familles nous a permis de mettre en évidence l'efficacité de notre pipeline d'analyse puisque pour 3 d'entre elles (soit 50%) le variant causal a pu être identifié avec certitude (**Figure : 4.12**) et les résultats publiés dans trois revus dont je suis co-auteur :

1. **Famille AZ : SPINK2 deficiency causes infertility by inducing sperm defects in heterozygotes and azoospermia in homozygotes** : Dans cet article j'ai effectué non seulement l'intégralité des analyses bioinformatiques des données d'exomes de deux frères infertiles présentant un phénotype d'azoospermie mais j'ai aussi séquencé en Sanger les séquences codantes du gène *SPINK2* pour une partie des 611 individus analysés ainsi que contribué à l'extraction de l'ARN testiculaire des souris pour l'analyse fonctionnelle du gène *Spink2* sur le modèle murin.
2. **Famille FF : Homozygous mutation of PLCZ1 leads to defective human oocyte activation and infertility that is not rescued by the WW-binding protein PAWP** : Dans cet article j'ai, effectué l'intégralité des analyses bioinformatiques des données d'exomes effectuées sur deux frères infertiles présentant des échecs de fécondation.
3. **Famille MMAF2 : Whole-exome sequencing of familial cases of multiple morphological abnormalities of the sperm flagella (MMAF) reveals new DNAH1 mutations** : Dans cet article j'ai, comme précédemment, effectué l'ensemble des analyses bioinformatiques des données d'exomes effectuées sur deux frères infertiles présentant des échecs de fécondation.

Pour une d'entre elle, un candidat potentiel a pu être mis en évidence avec le gène *TGIF2* et notre équipe travaille actuellement sur la caractérisation de ce gène afin de savoir s'il peut effectivement expliquer le phénotype MMAF de cette famille (**Figure : 4.12**).

TODO : Il faut aller plus loin dans l'analyse et les arguments pour convaincre qu'il s'agit d'un bon candidat : quel type de mutation, ce gène est-il bien conservé, son expression n'est pas spécifique au testicule et ce gène serait impliqué dans un phénotype d'holoprocéphaly...

Pour les 2 familles restantes, aucun variant n'a pu pour l'instant expliquer leur phénotype. L'explication la plus vraisemblable est que le variant ait été filtré par l'un de nos six filtres, probablement celui consistant à filtrer l'ensemble des variants hétérozygotes. En effet, l'hypothèse d'un variant causal homozygote était extrêmement crédible pour les familles AZ, FF et MMAF2 étant donné l'historique consanguin de ces 3 familles dont les parents sont à chaque fois apparentés. En revanche rien ne laisse supposer une telle chose pour les familles restantes. Cependant, le filtre des variants hétérozygotes pour l'ensemble des patients de ces 3 familles a été maintenu en

première intention afin de faciliter les analyses en réduisant au maximum le nombre de variant. Au vu des résultats il apparaît clair que les variants responsables de leur phénotype aient été filtrés pour au moins 2 de ces familles. Dès lors, l'ensemble des analyses effectuées lors de l'étape de filtrage doivent être refaites en changeant les paramètres de filtrage. Cette fois-ci, les variants hétérozygotes seront conservés et les gènes sur lesquels au moins deux variants hétérozygotes seront recensés seront analysés en priorité. En effet, bien que les analyses exomiques nous fournissent en l'état pas d'informations suffisante pour savoir si ces deux variants sont présent sur le même allèle ou bien sur deux allèles différents, cela pourrait-être la signature de variants hétérozygotes composites. C'est donc sur ces analyses que se concentre actuellement notre équipe.

Table 4.3 – Récapitulatif des variants ayant passé l'ensemble des filtres pour chaque famille

Family	Gene	Impact
MMAF4	TGIF2	missense
MMAF3	PCSK5	missense
MMAF3	WEE2	missense
MMAF2	MYH11	missense
MMAF2	DNAH1	splice acceptor
MMAF3	GBP2	missense
FF	PLCZ1	missense
FF	PLCZ1	missense
FF	PLCZ1	missense
MMAF3	FCGR3A	missense
MMAF3	FCGR3A	missense
MMAF3	FCGR3A	missense
MMAF1	PLA2G4B	splice region
MMAF1	JMJD7-PLA2G4B	splice region
AZ	SPINK2	splice region
AZ	GUF1	missense
MMAF3	ZFYVE28	missense

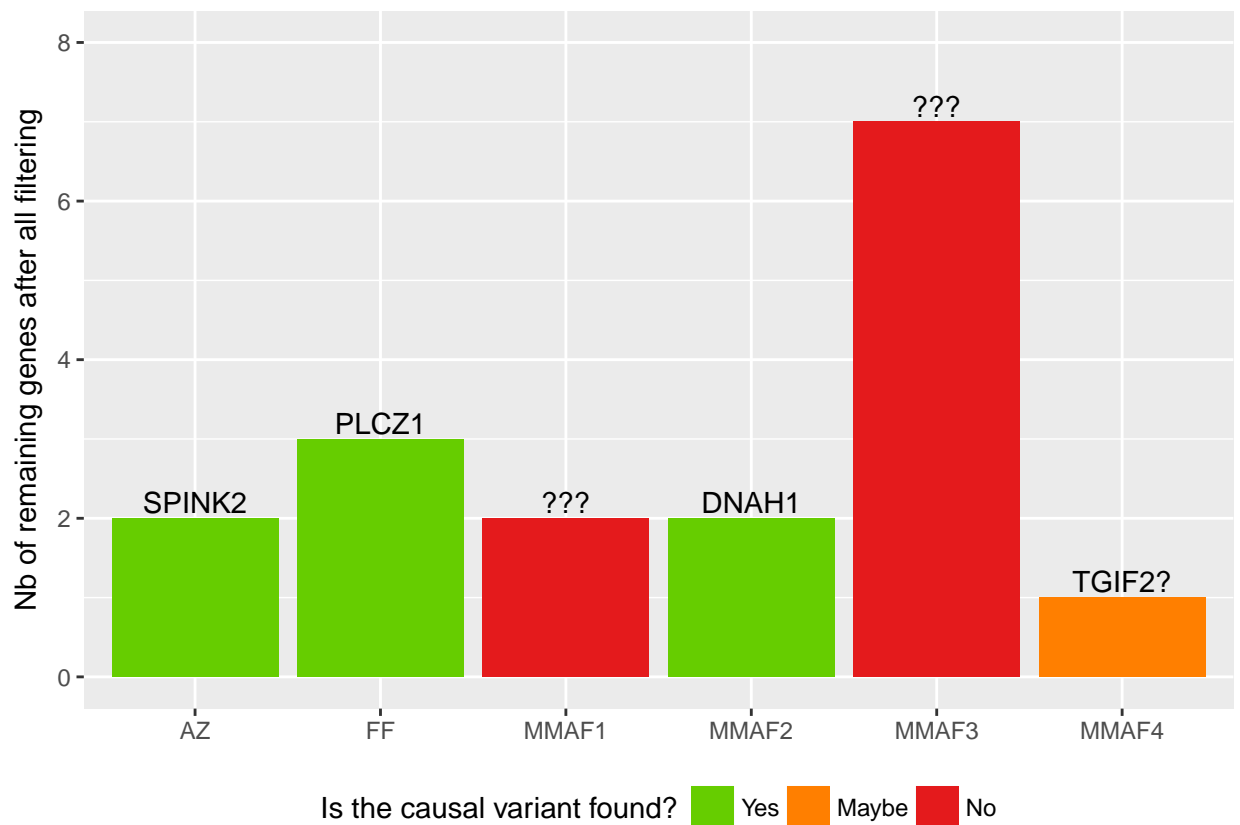


Figure 4.12 – Nombre de gènes passant l'ensemble des filtres par famille : Chaque barre représente une des familles analysées. La hauteur de cette barre correspond au nombre de gènes ayant passé l'ensemble des filtres pour chaque famille. Les barres vertes caractérisent les familles pour lesquelles le gène responsable de la pathologie a été identifié parmi la liste de gène (dans ce cas le symbole du gène est écrit au-dessus de la barre). La barre orange caractérise la famille pour laquelle un candidat potentiel a été identifié (le symbole du gène est écrit au-dessus suivi d'un "?"). Les barres rouges indiquent qu'aucun des gènes ayant passé les filtres pour ne semble expliquer le phénotype (dans ce cas il est écrit "???" au-dessus de la barre)

4.2.3 Etude d'une large cohorte de patients MMAF

Description de la cohorte

Historique : après avoir mis en évidence DNAH1 -> MMAF notre équipe s'est en partie spécialisé dans ce syndrome.

ainsi, entre (année) et année, notre équipe a effectué le séquençage de ... individus présentant ce phénotype afin d'en établir la cause génétique. parmi ces patients, la majorité provenait d'Afrique du Nord, cependant ... venaient de et de ... ces séquençage ont été effectué dans ... centres différents que sont (listes des centre de séquençage) et sur ... plateforme : liste des plateformes

Table 4.4 – Liste des différents projets de séquençages effectués

Place	Year	Nb of sequenced individuals
MountSinai	2012	2
Strasbourg	2012	13
Genoscope	2013	13
Genoscope	2014	28
Genoscope	2015	6

Application de la pipeline - Résultats

Après avoir appelé les variants de nos 62 patients, nous avons obtenu un total de 4484558 variants différents comprenant 4160274 SNVs et 324284 indels. Ces variants étant réparti entre chaque patient qui portaient environs chacun 81618 SNV et 5148 indels dont 42.8 % étaient homozygote. Comme on peut le voir, la proportion de chaque appel est relativement homogène lorsque l'on compare les patients ayant été séquencés dans le même centre la même année. Cependant, il est possible de noter de grandes disparités lorsque l'on compare les données provenant de différents centres ou bien du même centre avec plusieurs années de différences. Ces écarts peuvent-être causés par plusieurs facteur, tel que les différents kits de capture d'exons qui on put être utilisés puisque ... (**todo lister les différents kits de capture dans une table**) en revanche nous pouvons écarter un effet dus à la plateforme de séquençage ou encore le modèle de séquenceur puisque tous ces projets ont été réalisés sur des Illumina HiSeq2000 (**Table : 4.4**) (**Figure : 4.13 - A**).

Le même constat peut être effectué lorsque l'on compare la qualité des appels puisque plus les projets de séquençage s'avèrent être récent, plus la proportion d'appel *Single Strand* s'avère être faible tandis que la proportion d'appel *Double Strand* (DS) est élevée. Ceci est une bonne chose, car, bien que ces deux appels soient conservés dans les analyses ultérieures, les appels DS sont de meilleure qualité que les appels SS. Cette augmentation des appels DS au cours du temps pourrait s'expliquer par une amélioration des protocoles de séquençage ainsi que des kits de capture. En revanche cela est à pondérer avec le taux croissant d'appels *No-strand* (NS) au fur et à mesure des années pour atteindre environs 21.3 % en 2015 avec un projet réalisé au Génoscope. Ces derniers appels étant systématiquement filtrés, ils n'altéreront en rien les résultats obtenus en aval hormis le fait qu'ils réduisent la quantité des données utilisées (**Figure : 4.13 - B et C**).

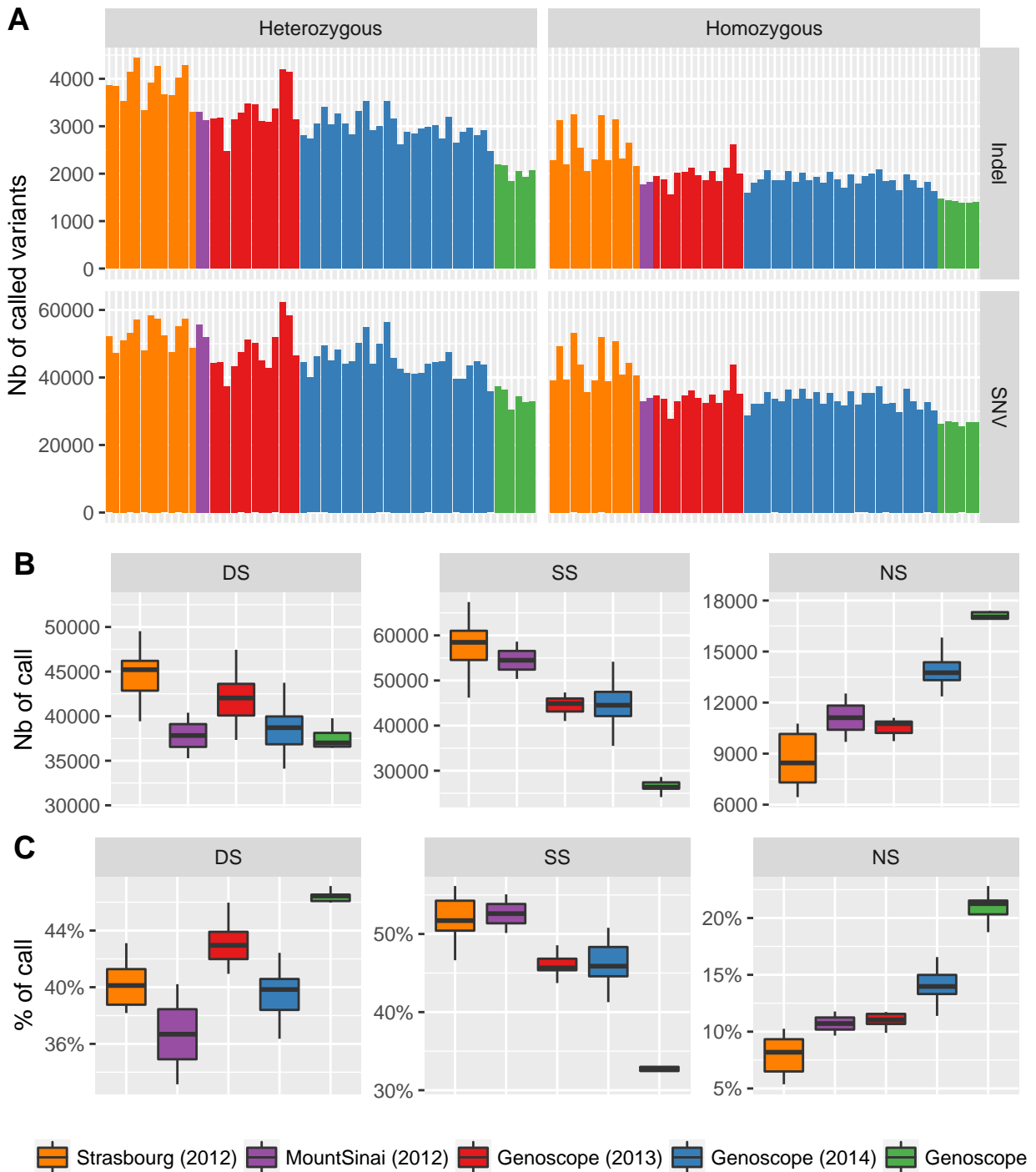


Figure 4.13 – Résultats de l'appel des variants par individus et par projet de séquençage : Chaque couleur définit un projet de séquençage caractérisé par un centre de séquençage et une année. ****A**** : Quantification pour chaque individus (représentés par les barres) du nombre de variants (SNVs et Indels) appelés homozygotes et hétérozygotes. ****B**** : Quantification des appels **Double Strand** (DS), **Single Strand** (SS) et **No strand** (NS) pour chaque projet de séquençage. ****C**** : Même chose en pourcentage

Analyse des listes de gènes

Après avoir appliqué les mêmes filtres que ceux décrit précédemment à l'exception du filtre n°1 "Union" puisqu'ici nous avons uniquement des individus non apparentés, nous avons pu obtenir une liste de 1711 variants différents composés de 1470 SNVs et 241 indels et impactant un total de 1432 gènes distincts. Ces variants étant répartis sur l'ensemble de nos 62 patients ceux-ci portaient en moyenne 27 SNVS et 5 indels, de sorte que chacun d'entre eux avaient entre 1 et 86 gènes impactés par au moins un variants homozygote (**Figure : 4.14 - A et B**).

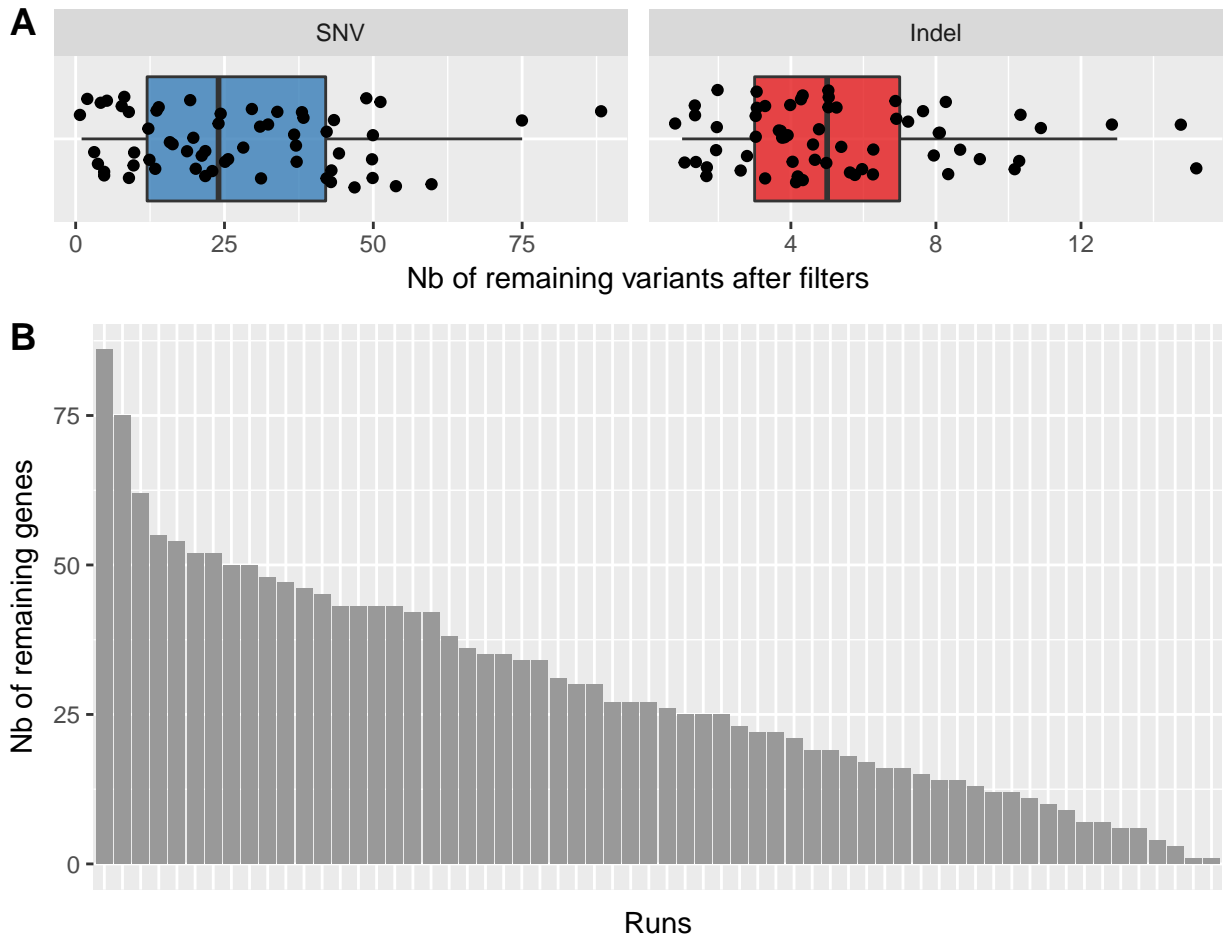


Figure 4.14 – Résultats de l'étape de filtrage : ****A**** : Quantification du nombre de SNVs et indels ayant passé l'ensemble des filtres pour chaque patient. ****B**** : Nombre de gènes impactés par au moins un variant ayant passé les filtres pour chaque individu représenté par les barres. ****C**** : Présentation

Afin de déterminer parmi cette ensemble de gènes ceux responsables du phénotype de nos patients, nous avons procédés en trois étapes :

1. **Étape n°1** : Cette étape consiste à sélectionner uniquement les variants ayant un effet tronquant sur la protéine comme un décalage du cadre de lecture, l'apparition d'un codon stop prématuré ou encore une perturbation des sites accepteurs / donneur d'épissage. Une analyse de l'expression testiculaire des gènes retenus ainsi qu'une étude bibliographique nous permet ensuite de sélectionner tout ou partie de ceux-ci. Du fait des effets extrêmement délétères de ces variants, les patients ressortant de cette première étape sont considérés comme de confiance élevée (*High trust*).
2. **Étape n°2** : Pour l'ensemble des gènes retenus dans l'étape n°1, nous recherchons ensuite des patients portant, toujours à l'état homozygote, des variant aux effet non tronquant tel que des variants faux-sens ou encore des variants intronique situés proches des sites d'épissage. Dans le cas des variants faux-sens, les logiciels SIFT et PolyPhen sont ensuite utilisés afin de nous orienter quant à l'effet délétère du variant, bien que comme nous l'avons déjà vu, ces logiciels son contredisent régulièrement [TODO : ref!!!]. Au vus de la difficulté à déterminer l'effet délétère de ces variants, les patients identifiés au cours de cette étape sont marqués comme de confiance modérée (*Moderate trust*).
3. **Étape n°3** : Cette étape consiste à recherche des patients éventuellement hétérozygotes composites, c'est à dire des patients portant deux variants hétérozygotes différents sur chacun des deux allèles d'un même gène. Malheureusement, dans le cadre de séquençage WES WGS, il est impossible de connaitre le "phasage" des variants, c'est à dire que l'on ne peut déterminer si deux variants hétérozygotes sont situés sur le même allèles ou sur deux allèles différents. Pour cela, des analyses de biologie moléculaire sont nécessaire. C'est pour cette raison que les patients identifier au cours de cette étape sont labellisés comme étant de faible confiance (*Low trust*).
4. **Étape n°4** : Les données des patients pour lesquels les étapes 1 à 3 ont permis d'identifier un ou plusieurs variants causaux **avec certitude** sont ensuite retirées pour les analyses ulterieures, allegeant ainsi le nombre de variant et donc de gène à analyser.

***DNAH1*, un acteur primordial dans le phénotype MMAF** Au moment de nos analyses, le gène *DNAH1* était encore le seul décrit comme responsable du phénotype MMAF faisant de lui un candidat évident pour expliquer le phénotype MMAF de nos patients malgré son expression non spécifique au testicule (**Figure : 4.15 - A**). C'est pourquoi nous avons appliqué les 3 étapes précédemment décrites en ciblant spécifiquement les patients ayant des variants chevauchant les gènes *DNAH1*.

Ainsi, nous avons pu identifier 3 de nos patients portant au moins un variant homozygote sur le gène *DNAH1* dont 1 portant un indel entraînant un décalage du cadre de lecture ayant ainsi un effet tronquant sur la protéine. Pour les 2 autres, le patient Ghs90 porte 3 variants successifs induisant 3 variations faux-sens, le patient Ghs95 porte lui un seul variant entraînant lui aussi un faux-sens. On peut noter que SIFT ne propose aucune prédiction pour aucun de ces trois faux-sens tandis que PolyPhen les prédit tous comme *benign*. Cependant, l'implication déjà bien connue de ce gène dans le phénotype MMAF (**Table : 4.5**).

La recherche d'hétérozygotes composites nous a permis d'identifier 6 autres patients. Parmi ceux-ci, on peut noter le patient Ghs36 portant à la fois un faux-sens prédit comme *probably damaging* par PolyPhen (pas de prédiction pour SIFT) ainsi qu'un second entraînant la formation d'un codon stop prématuré. Pour les 5 autres, les variants entraînent pour la plupart des mutations faux-sens (**Table : 4.5**).

Ainsi, cette première analyse nous a permis de révéler que 9 des 62 patients de notre cohorte portaient au moins 1 variant sur le gène *DNAH1* et que pour 3 d'entre eux ce(s) variant(s) étaient présents à l'état homozygote. Ainsi, les mutations du gène *DNAH1* seraient ainsi responsables du phénotype MMAF de 5 % si l'on ne considère que les patients portant un variant homozygote à 15 % si l'on compte également les patients potentiellement hétérozygotes composites (**Figure : 4.15 - B**).

Bien que ce pourcentage soit en deçà des 40% (TODO : à confirmer!) observés dans notre étude précédente (Ben Khelifa et al., 2014), ces résultats confirment néanmoins le rôle primordial de la protéine DNAH1 dans la structure du flagelle et l'implication majeure du gène *DNAH1* dans le phénotype MMAF.

La cause génétique expliquant le phénotype MMAF ayant été identifiée avec certitude chez au moins 3 des patients (ceux portant un variant homozygote), l'intégralité de leurs variants spécifiques (retrouvés chez aucun autre patient) fut retirée de notre liste réduisant celle-ci à 1595 variants impactant 1342 gènes différents.

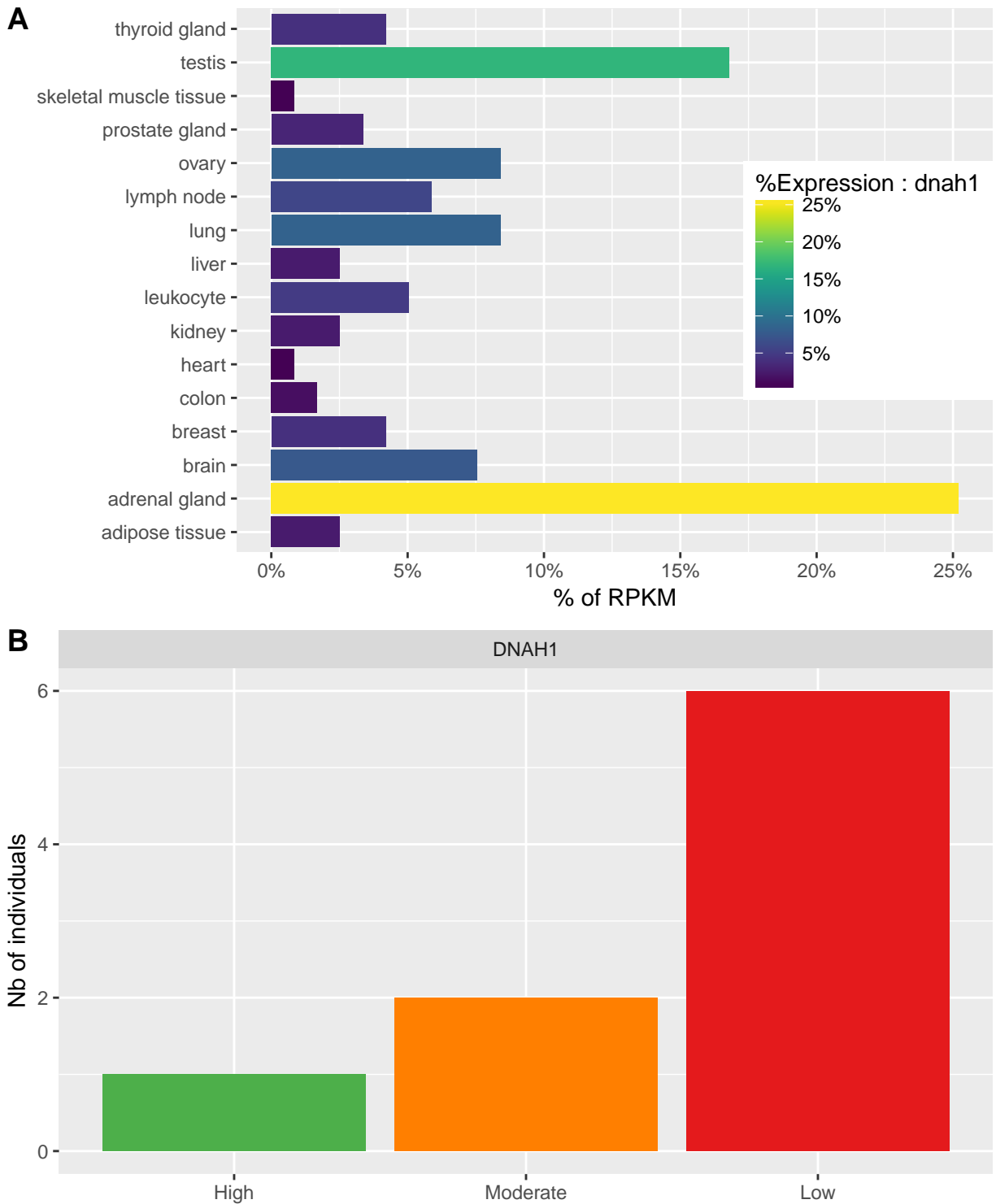


Figure 4.15 – Analyse du gène **DNAH1** : Expression tissulaire du gène **DNAH1** d'après les données du projet Illumina BodyMap. Quantification du nombre de patients portant au moins un variant sur le gène **DNAH1** pour chacun des 3 niveau de confiance

Table 4.5 – Liste des patients portant au moins un variant homozygote ou deux variants hétérozygotes sur le gène *DNAH1*

Patient	Trust	Consequence	Genotype	SIFT	PolyPhen
Ghs122	High	frameshift	Homozygous	No prediction	No prediction
Ghs90	Moderate	missense	Homozygous	No prediction	benign
Ghs90	Moderate	missense	Homozygous	No prediction	benign
Ghs90	Moderate	missense	Homozygous	No prediction	benign
Ghs95	Moderate	missense	Homozygous	No prediction	benign
Ghs129	Low	missense	Heterozygous	No prediction	probably damaging
Ghs129	Low	missense	Heterozygous	No prediction	probably damaging
Ghs28	Low	missense	Heterozygous	No prediction	benign
Ghs28	Low	missense	Heterozygous	No prediction	benign
Ghs36	Low	missense	Heterozygous	No prediction	probably damaging
Ghs36	Low	stop gained	Heterozygous	No prediction	No prediction
Ghs42	Low	missense	Heterozygous	No prediction	probably damaging
Ghs42	Low	splice region	Heterozygous	No prediction	No prediction
Ghs87	Low	missense	Heterozygous	No prediction	benign
Ghs87	Low	missense	Heterozygous	No prediction	probably damaging
Ghs88	Low	missense	Heterozygous	No prediction	benign
Ghs88	Low	missense	Heterozygous	No prediction	benign

Les nouveaux acteurs Comme dit à l'instant, la recherche de variants sur le gène *DNAH1* nous permettrait d'expliquer jusqu'à 15 % des phénotypes des patients de notre cohorte. Cela signifie donc que pour au moins 85 % d'entre eux, la cause génétique du phénotype MMAF est donc expliquée par d'autres facteurs.

Afin de nous orienter dans nos recherches, nous nous sommes basés sur une étude de 2012 qui établissait une liste des gènes humains pouvant être impliqués dans cillio-me, c'est à dire (todo def cillio-me) (Ivliev, 't Hoen, Roon-Mom, Peters, & Sergeeva, 2012). La constitution de cette liste se basait à la fois sur les données de CilDB [ref?] et de MEDLINE [ref?] mais aussi des analyse *in silico* permettant d'effectuer des prédiction. Ainsi, chaque gène était classé dans l'une des 3 catégories suivantes en fonction des preuves déjà existante (au moment de l'étude) permettant de lier un gène au cillio-me humain : **Strong evidence from previous studies** (Strong), **Weak evidence from previous studies** (Weak) et **No evidence from previous studies** (Novel). L'utilisation de cette liste nous a permis d'ajouter une nouvelle annotation pertinente à nos gènes. En effet, le spermatozoïde humain est une cellule ciliée, et le flagelle en est le cil. Nous pouvons donc attendre à ce qu'une partie des gènes responsables du phénotype MMAF soit présents dans cette liste de 371 gènes.

Ainsi, 30 de nos 1342 gènes retenus faisaient partis de cette liste dont 19 présentaient des preuves fortes de leur appartenance au cillio-me. Il faut tout de même noter que bien que cette liste soit un bon outil pour orienter les recherches et prioriser certains gènes, elle ne peut constituer un critère suffisant pour filtrer les gènes n'en faisant pas partie. Par exemple le gène *DNAH1*, de par son expression ubiquitaire n'a pas été intégré à cette liste (**Figure : ??**, or on connaît désormais son implication dans le phénotype MMAF (**Figure : ?? - A**).

Suite à cela, afin de nous concentrer en priorité sur les gènes entraînant un phénotype MMAF chez le plus grand nombre d'individus, nous avons sélectionnés ceux sur lesquels plusieurs patients portaient au moins un variant ayant passé l'ensemble des filtres nous permettant alors d'obtenir une liste de 206 gènes dont 142 (soit 69 %) étaient retrouvés variants chez uniquement 2 patients (**Figure : ?? - B**).

Ces deux informations nous ont ensuite permis de *designer* 4 analyses que nous avons effectué de manière successives nous permettant ainsi de sélectionner dans un premier temps les gènes candidats les plus évidents nous permettant ainsi d'épurer progressivement notre liste de variants rendant ainsi plus facile l'identification des candidats les moins évidents.

1. **Analyse n°1** : Dans un premier temps, nous avons étudié uniquement les gènes **présents dans la liste cillio-me** sur lesquels **au moins deux** de nos patients présentaient au moins 1 variant tronquant à l'état **homozygote**.
2. **Analyse n°2** : Ensuite, nous avons étudié les gènes **absents dans la liste cillio-me** mais sur lesquels on trouvait toujours **au moins deux** de nos patients présentant au moins 1 variant tronquant à l'état **homozygote**.
3. **Analyse n°3** : Dans un troisième temps nous sommes revenus à étudier les gènes **présents dans la liste cillio-me** en considérant cette fois-ci les gènes sur

lesquels **un seul** de nos patients présentaient au moins 1 variant tronquant à l'état **homozygote**.

4. **Analyse n°4** : Pour finir nous avons étudié les gènes **absents dans la liste cilliome** sur lesquels **un seul** de nos patients présentaient au moins 1 variant tronquant à l'état **homozygote**.

Il faut noter qu'au sein des chacun de ces 4 analyses nous avons appliqué les étapes n°1-4 décrites précédemment.

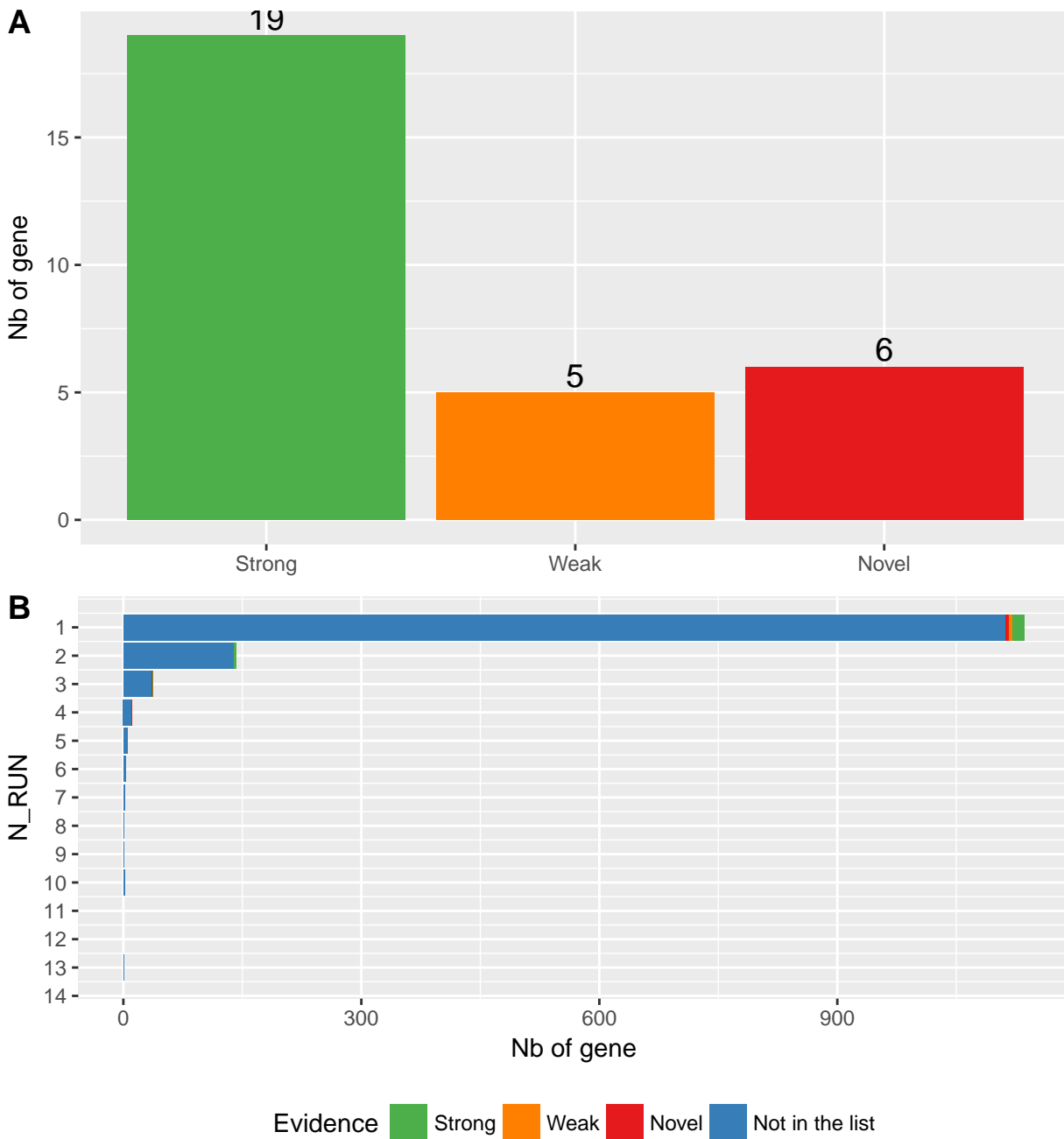


Figure 4.16 – TODOOOOOOOOOOOOOOOOOOOOOOOOO : Chaque couleur définit une classe de la liste des gènes du cillioime décrit dans [Ivliev2012]. Vert = *Strong evidence from previous studies* (*Strong*), Orange = *Weak evidence from previous studies* (*Weak*), rouge = *No evidence from previous studies* (*Novel*), bleu = Non présent dans la liste. ****A**** : Quantification du nombre de gène ayant passé les filtres au sein des 3 classes de la liste des gènes du cillioime. ****B**** : TODOOOOOOO : Besoin d'aide pour le nom de l'axe des Y!!!!

Analyse n°1 Comme dit précédemment, dans cette analyse nous nous sommes concentrés sur les gènes **présents dans la liste cillio-me** sur lesquels **au moins deux** de nos patients présentaient au moins 1 variant **homozygote** ayant un effet tronquant sur la protéine.

1. **Étape n°1** : Nous sommes ainsi arrivé à une liste de 4 gènes différents : TTC29, CFAP44, CCDC146, ARMC2 présentant tous une forte expression testiculaire (**Table : 4.6, Figure : 4.17 - A**). Parmi ces gènes, on peut noter que *CCDC146* codant pour la protéine CCDC146 avait déjà été décrit comme composant du centrosome spermatique, un organelle ayant un rôle dans l'orientation des cellules et étant à l'origine des cils et des flagelles (Firat-Karalar, Sante, Elliott, & Stearns, 2014) renforçant ainsi les arguments de l'implication de ce gène dans le phénotype MMAF. L'analyse bibliographique des 3 autres gènes n'a cependant rien révélés ceux-ci étant jusqu'à présent peu étudiés.
2. **Étape n°2** : Après avoir identifié ces gènes, nous sommes passés à l'étape n°2 de notre analyse, c'est à dire que nous avons étendu notre champs de recherche aux patients portant des variants homozygotes sur l'un d'eux en ne se limitant pas cette fois-ci aux variants tronquant. Nous avons ainsi pu identifier 2 nouveaux patients présentant tout deux des variants faux-sens homozygote, l'un sur le gène *ARMC2*, l'autre sur *CFAP44*. On peut noter que ces deux variants faux-sens sont prédit comme délétères par au moins 1 des deux logiciels de prédiction utilisés (SIFT et PolyPhen).
3. **Étape n°3** : Pour finir avec ce premier lot de gènes, nous avons comme précédemment cherché des patients potentiellement hétérozygotes composites, c'est à dire portant au moins deux variants hétérozygotes, tronquant ou non. Cependant, aucun de nos patients restant ne remplissaient ces critères
4. **Étape n°4** : La cause génétique responsable du phénotype de ces 10 patients ayant été identifiés, nous avons comme précédemment avec les patients *DNAH1* retirer l'intégralité de leurs variants des analyses ultérieures afin de réduire à nouveau la liste des variants et des gènes à analyser facilitant ainsi les analyses. Ainsi, ... variants sur ... gènes.

Pour résumer, cette première analyse nous a permis de mettre en évidence 2 gènes dont différents plusieurs preuves laissent supposer leur implication dans le phénotype MMAF de 10 de nos patients. Parmi ceux-ci, 8 portent un variant tronquant à l'état homozygote nous donnant ainsi une grande confiance dans le fait que le variant soit effectivement à l'origine du phénotype. Pour les 2 autres patients, les variants faux-sens portés par ces patients laisse planer un doute, cependant, le fait que (**Figure : 4.17 - B**)

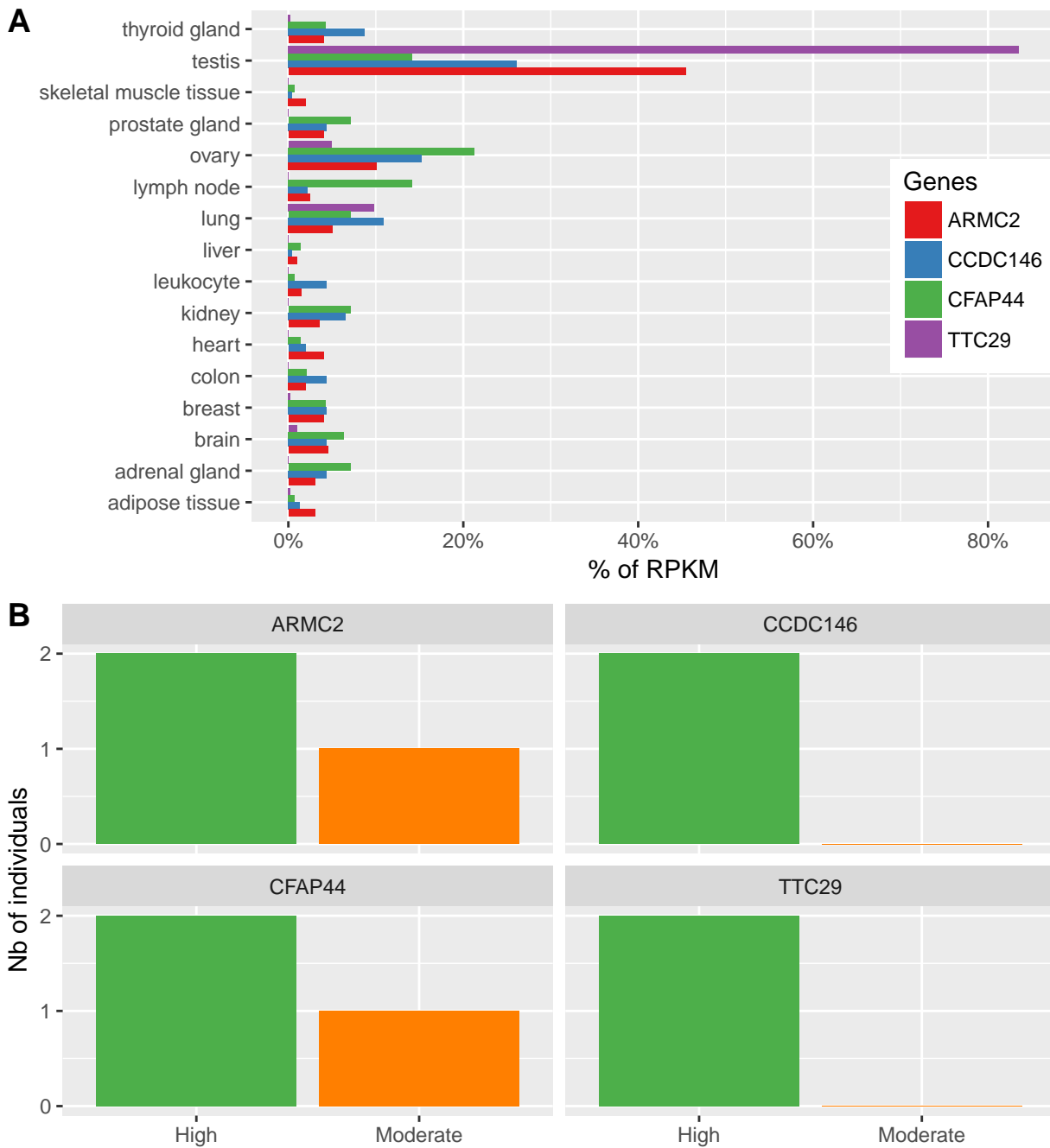


Figure 4.17 – Analyse des gènes sélectionnés dans l'Analyse n°1 : Expression tissulaire des gènes retenus d'après les données du projet de transcriptome Illumina bodyMap. Résumé de l'Analyse 1, quantification du nombre de patients retrouvés mutés sur chacun des gènes retenus ainsi que du degré de confiance accordé à la cause génétique

Table 4.6 – List des gènes sur lesquels au moins deux patients portent une mutation tronquante présents dans la liste ciliome

Gene	Patient	Consequence	Ciliome
ARMC2	Ghs37	frameshift	Novel
ARMC2	Ghs93	splice donor	Novel
CCDC146	Ghs32	stop gained	Strong
CCDC146	Ghs35	frameshift	Strong
CFAP44	Ghs22	stop gained	Strong
CFAP44	Ghs34	splice donor	Strong
TTC29	Ghs19	splice donor	Strong
TTC29	Ghs26	splice donor	Strong

Table 4.7 – Liste des patients portant un variant non troquant homozygote sur un des gènes suivant : TODOOOOOO

Gene	Patient	Consequence	SIFT	PolyPhen
ARMC2	Ghs107	missense	deleterious	probably damaging
CFAP44	Ghs89	missense	tolerated	possibly damaging

Analyse n° 2 Pour rappel, au cours de cette analyse, nous avons étudié les gènes **absents dans la liste cillio** mais sur lesquels on trouvait toujours **au moins deux** de nos patients présentant au moins 1 variant tronquant à l'état **homozygote**.

1. **Étape n°1** : Nous avons ainsi pu identifier 8 gènes sur lesquels au moins 2 de nos patients restant et jusqu'à 5 portaient un variant homozygote ayant un effet tronquant sur la protéine. Cela nous a permis d'obtenir une liste de 17 nouveaux patients avec un candidat potentiel (**Table : ??, Figure : 4.18 - A**). Parmi les gènes identifiés, 3 se démarquent avec une forte expression testiculaire : *CFAP43*, *FSIP2* et *CCDC129* respectivement retrouvés mutés chez 19, 4, et 2 des 17 patients sélectionnés. C'est pourquoi nous avons focalisé nos analyses sur ceux-ci. (**Table : 4.8, Figure : 4.18 - B**). L'analyse bibliographique du gène *FSIP2* révèle qu'une équipe a démontré en 2003 l'implication de ce gène dans la structure de la gaine fibreuse du flagelle spermatique confirmant que ce gène est un bon candidat pour expliquer le phénotype MMAF des 4 patients portant un variant homozygote sur celui-ci (Brown, Miki, Harper, & Eddy, 2003).
2. **Étapes n°2 et n°3** : La recherche de patients portant des variants homozygotes non tronquant sur ces 3 gènes ainsi que ceux portant au moins deux variants hétérozygotes tronquant ou non nous a permis d'identifier 6 nouveaux patients. Il faut cependant noter que parmi ceux-ci, certains portent de variant pour lesquels il est difficile d'affirmer avec certitude qu'ils sont responsables du phénotype. Le patient Ghs25 par exemple porte un variant homozygote chevauchant le gène *CFAP43*. Cependant, le variant est un variant intronique situé dans la région d'épissage (et non sur un site donneur ou accepteur). Bien que ce type de variants puissent effectivement avoir un impact sur l'épissage, il pourrait également être sans effet, or, il est difficile de le prédire à ce stade. De même pour le patient Ghs131, dont le variant faux-sens chevauchant le gène *FSIP2* qu'il porte est prédit comme *benign* par PolyPhen alors que SIFT ne fournit aucune prédiction pour celui-ci. Pour les patients Ghs40, Ghs92 et Ghs101, au delà du fait qu'il nous est impossible de savoir à ce stade si les deux variants hétérozygotes qu'ils portent impactent le même allèle ou bien deux allèles différents, tous portent des variants faux-sens sur le gène *FSIP2* là encore prédit pour la plupart comme sans effet par SIFT et / ou PolyPhen. Le patient Ghs132 en revanche semble plus intéressant, puisque celui-ci porte deux variants hétérozygotes sur le gène *CFAP43* parmi lesquels un est un indel entraînant un décalage du cadre de lecture tandis que l'autre est un faux-sens prédit comme *possibly damaging* par PolyPhen, bien qu'il soit annoté *tolerated* par SIFT (**Tables : 4.9 et 4.10**).
3. **Étape n°4** : Dans cette analyse seuls 9 des patients identifiés au cours de l'étape n°1 présentaient des arguments génétiques suffisamment convaincants pour affirmer avec certitude qu'ils étaient responsables de leur phénotype MMAF. Ainsi, seuls leurs données furent retirées pour les analyses ultérieures. Pour les 6 des analyses de biologie moléculaire sont nécessaires afin de pouvoir déterminer si les variants mis en évidence dans les étapes n°3 et 4 sont bien responsables de leur phénotype. En attendant, leurs données sont conservées afin de voir si les analyses ultérieures ne permettraient pas d'identifier un meilleur candidat pour ces patients.

Dans cette Analyse, nous avons pu déterminer avec certitude la cause génétique du phénotype MMAF de seulement 9 patients, c'est à dire ceux identifiés au cours de l'étape n°1. Pour 6 autres patients des analyses complémentaires sont nécessaires. Cela nous a tout de même permis de pouvoir impliquer 3 nouveaux gènes au phénotype MMAF (**Figure : 4.19**).

Table 4.8 – List des gènes sur lesquels au moins deux patients portent une mutation tronquante non présents dans la liste ciliome

Gene	Patient	Consequence
BAZ1A	Ghs18	frameshift
BAZ1A	Ghs94	frameshift
CCDC129	Ghs91	frameshift
CCDC129	Ghs132	frameshift
CFAP43	Ghs17	stop gained
CFAP43	Ghs41	stop gained
CFAP43	Ghs102	frameshift
CFAP43	Ghs105	splice acceptor
CFAP43	Ghs126	stop gained
FSIP2	Ghs20	frameshift
FSIP2	Ghs21	frameshift
ICA1	Ghs17	frameshift
ICA1	Ghs40	frameshift
ICA1	Ghs105	frameshift
NACA	Ghs39	frameshift
NACA	Ghs41	frameshift
SART3	Ghs31	splice donor
SART3	Ghs38	splice donor
SART3	Ghs40	splice donor
SART3	Ghs41	splice donor
TRAV26-1	Ghs40	frameshift
TRAV26-1	Ghs43	frameshift
TRAV26-1	Ghs55	frameshift

Table 4.9 – Liste des patients portant un variant non troquant homozygote sur un des gènes suivant : TODOOOOOO

Gene	Patient	Consequence	SIFT	PolyPhen
CFAP43	Ghs25	splice region	No prediction	No prediction
FSIP2	Ghs131	missense	No prediction	benign

Table 4.10 – Liste des patients portant au moins deux variants hétérozygotes sur un des gènes suivant : TODOOOOOO

Gene	Patient	Consequence	SIFT	PolyPhen
FSIP2	Ghs40	missense	No prediction	benign
FSIP2	Ghs40	missense	No prediction	probably damaging
FSIP2	Ghs40	missense	No prediction	benign
FSIP2	Ghs92	missense	No prediction	benign
FSIP2	Ghs92	missense	No prediction	benign
FSIP2	Ghs101	missense	No prediction	unknown
FSIP2	Ghs101	missense	No prediction	benign
CFAP43	Ghs132	frameshift	No prediction	No prediction
CFAP43	Ghs132	missense	tolerated	possibly damaging

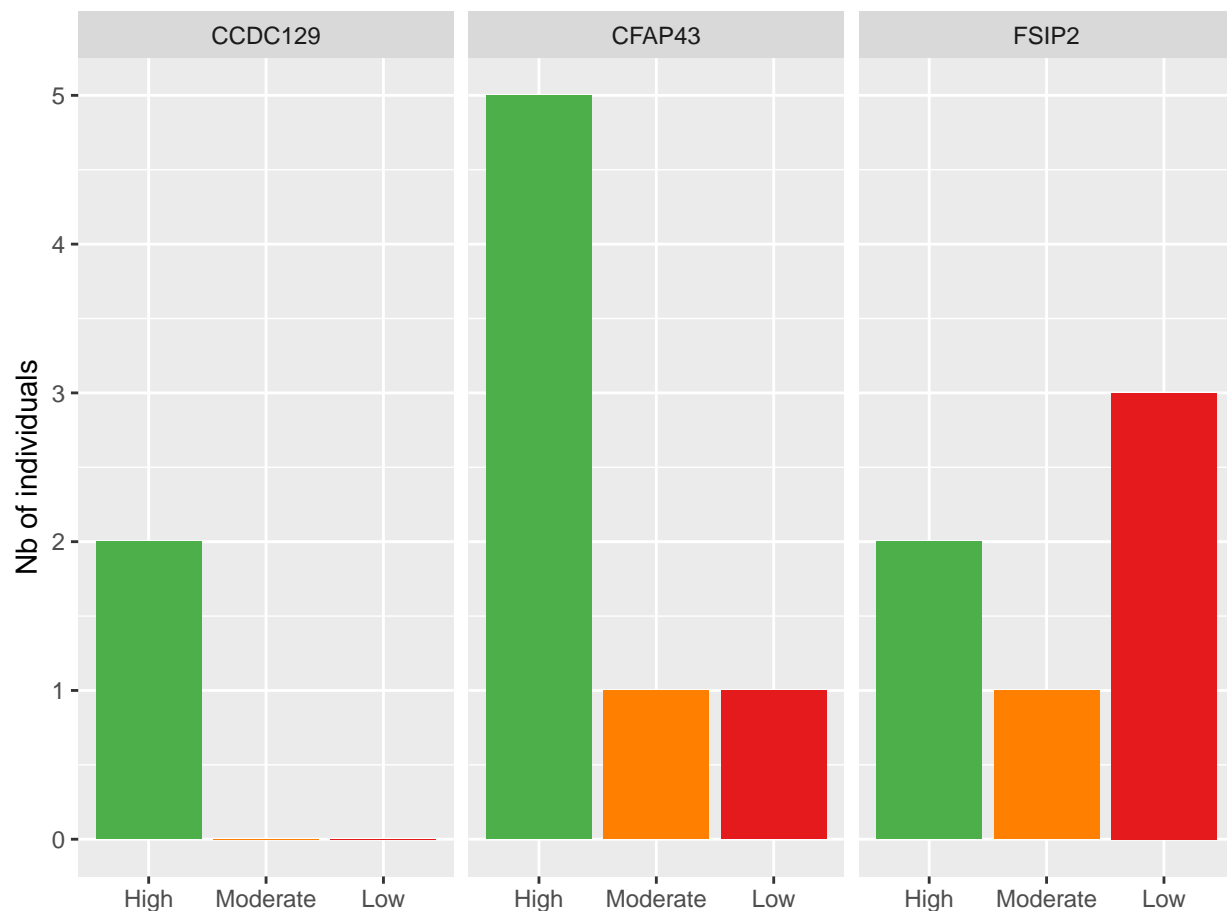


Figure 4.19 – Résumé des gènes identifiés au cours de l'analyse n°2 : Quantification du nombre de patients retrouvés mutés sur chacun des gènes retenus ainsi que du degré de confiance accordé à la cause génétique

Analyse n°3 Dans cette troisième analyse, nous avons sélectionné à nouveau les gènes **présents dans la liste ciliome** en conservant cette fois-ci ceux sur lesquels **un seul** de nos patients présentait au moins 1 variant tronquant à l'état **homozygote**.

1. **Étape n°1** : La recherche de variants homozygote tronquant nous a permis d'identifier 4 patients d'un variant sur un des 4 gènes suivants : C6orf118, C21orf59, CCDC65, SPEF2. Cependant, l'analyse de l'expression testiculaire de ces gènes nous a incitée à n'en garder que CCDC65, C6orf118 d'entre eux : CCDC65, C6orf118 (**Table : 4.11, Figure : 4.20 - A**). En effet, *CCDC65* présente une forte et quasi exclusive expression testiculaire de plus, la protéine NYD-SP28 (ancien nom de CCDC65) avait déjà été caractérisée comme faisant partie du flagelle spermatique (Y. Zheng et al., 2006). En revanche *C6orf118* présente une forte expression à la fois dans le testicule mais également dans le poumon de plus, ce gène a récemment été décrit comme étant associé au phénotype de tuberculose pulmonaire (E. P. Hong, Go, Kim, & Park, 2017). Cependant cela n'est en rien contradictoire avec le phénotype MMAF du patient, le poumon comprenant de nombreuses cellules ciliées, notamment au niveau de l'épithélium respiratoire, il n'est donc pas surprenant que des gènes du flagelle aient également une fonction au sein d'autres organes ciliés.
2. **Étape n°2** : Nous avons ensuite cherché si des patients présentaient des variants homozygotes non tronquants sur au moins 1 de ces 2 gènes cependant aucun ne remplissait ces critères.
3. **Étape n°3** : La recherche de potentiels hétérozygotes composites s'est elle révélée plus fructueuse puisque 1 de nos patients portait deux variants faux-sens sur le gène *C6orf118* à l'état hétérozygote. Le premier de ces variants étant prédit *probably damaging* par PolyPhen et *tolerated low confidence* par SIFT tandis que le second est prédit *possibly damaging* et *tolerated*, il est difficile de se prononcer quant à l'effet délétère de ces deux variants (**Table : 4.12**).
4. **Étape n°4** : Comme pour l'analyse n°2, nous avons ici décidé de ne retirer de notre liste de variant que ceux présents chez les patients identifiés au cours de l'étape n°1. Cela nous a ainsi permis de réduire à nouveau cette liste arrivant ainsi à 934 variants chevauchant 824 gènes différents.

Analyser les gènes de la liste ciliome sur lesquels *un seul* patient portait un variant tronquant à l'état homozygote nous a permis d'identifier 4 parmi lesquels 2 présentaient une forte expression testiculaire. L'analyse de ces 2 derniers gènes nous a permis d'identifier 2 patients chacun portant un variant tronquant homozygote sur l'un de ces 2 gènes. Étendre notre recherche à la fois aux variants tronquant ainsi qu'aux hétérozygotes composites nous a permis d'identifier 1 patient pour qui deux faux-sens hétérozygotes sur le gène *C6orf118* pourraient expliquer le phénotype (**Figure : 4.20 - B**).

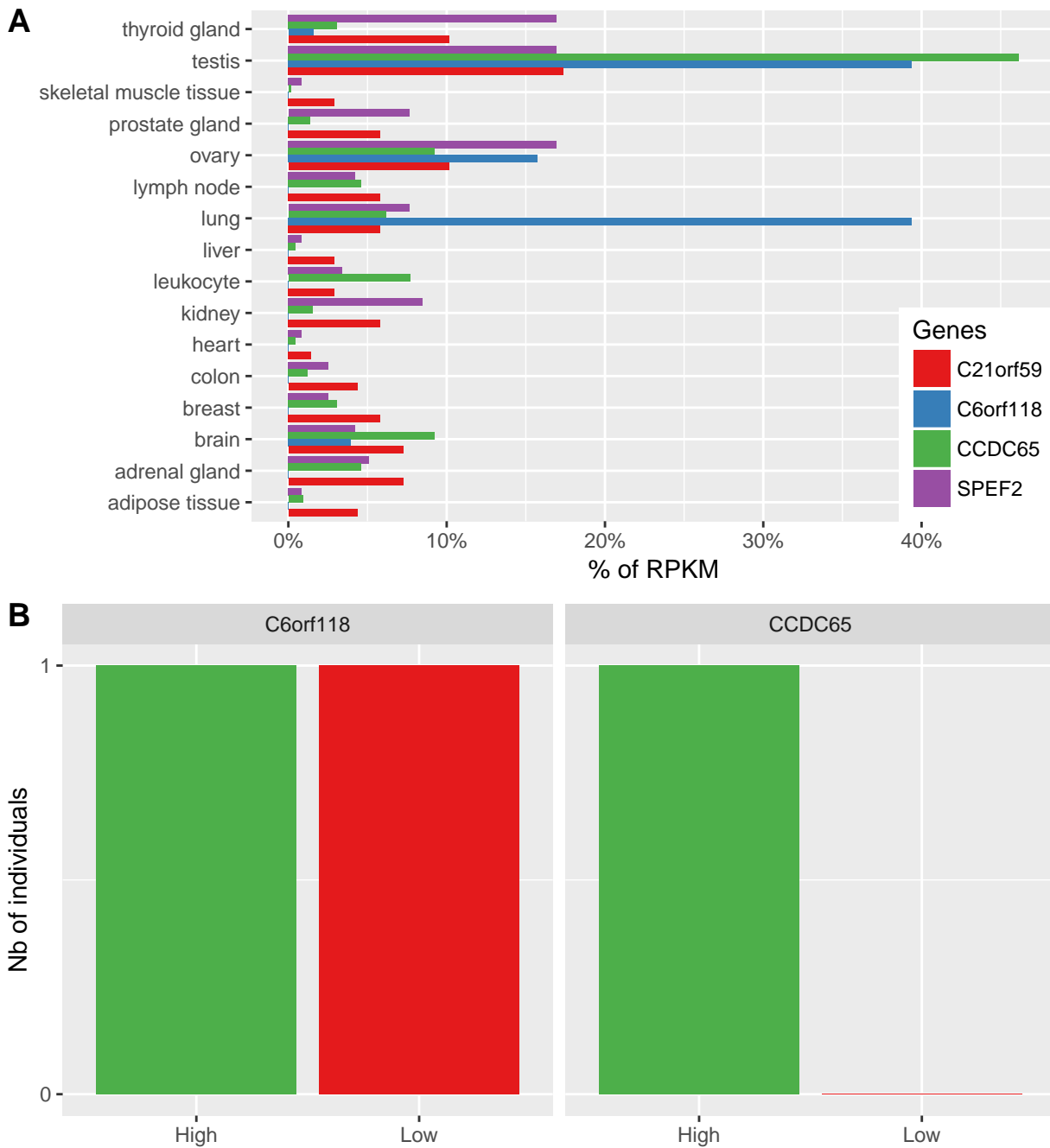


Figure 4.20 – Analyse des gènes sélectionnés dans l'Analyse n°3 : Expression tissulaire des gènes retenus dans cette analyse d'après les données du projet de transcriptome Illumina bodyMap. Résumé de l'Analyse 3, quantification du nombre de patients retrouvés mutés sur chacun des gènes retenus ainsi que du degré de confiance accordé à la cause génétique

Table 4.11 – List des gènes sur lesquels au moins deux patients portent une mutation tronquante non présents dans la liste ciliome

Gene	Patient	Consequence
C21orf59	Ghs88	frameshift
C6orf118	Ghs40	stop gained
CCDC65	Ghs127	frameshift
SPEF2	Ghs131	frameshift

Table 4.12 – Liste des patients portant au moins deux variants hétérozygotes sur un des gènes suivant : TODOOOOOO

Gene	Patient	Consequence	SIFT	PolyPhen
C6orf118	Ghs27	missense	tolerated low confidence	probably damaging
C6orf118	Ghs27	missense	tolerated	possibly damaging

Analyse n°4

Cette approche nous a permis de rapidement identifier ... nouveaux acteurs potentiels pour le phénotype MMAF impliquant ... de nos patients qui portaient tous au moins une mutation homozygote sur l'un de ces gènes. Comme précédemment nous avons ensuite cherché des éventuels hétérozygotes composites nous permettant ainsi mettant ainsi en évidence ... patients portant au moins deux variants hétérozygotes différents sur un de ces gènes.

1. **WDR52** : Ce gène (récemment renommé *CFAP44*) a été le premier à être identifié. En effet, malgré une expression ubiquitaire (**Figure : ??**), ce gène fait partie des gènes prédit avec des preuves fortes comme étant impliqué dans le cillome humain. De plus, 0 de nos patients portaient des variants homozygotes sur ce gène, tous ayant un effet tronquant sur la protéine. La recherche d'hétérozygotes composites sur ce gène s'est cependant révélées négatives puisqu'aucun de nos patients ne correspondaient aux critères (**Table : ??**).
2. **EFCAB6, TTC29, CCDC146** : Ces trois gènes ont ensuite été identifié simultanément puisque pour tous trois deux patients sont retrouvés avec un variant homozygote. Pour *TTC29* les deux patients portent la même variation impactant un site donneur d'épissage pouvant donc altérer l'épissage du transcrit induisant à la production d'une protéine aberrante. Les deux patients *CCDC146* portent chacun un variant induisant respectivement un codon stop prématuré et un décalage du cadre de lecture. Ces deux entraînant la production d'une protéine tronquée. Et enfin, deux variants faux-sens différents sont portés par les patients *EFCAB6*. De plus ces trois gènes sont présents dans notre liste des gènes du cillome avec de fortes preuves et les bases de données publiques indiquent que ces trois gènes ont une forte (et quasi exclusive) expression testiculaire. La recherche d'e potentiels hétérozygotes composites s'est en revanche avérées négatives pour les gènes *TTC29* et *CCDC146*. Cependant, un patient portait deux variants hétérozygotes sur *EFCAB6*, l'un induisant un décalage du cadre de lecture et l'autre un faux-sens (**Table : ??**).

3. ***LRRC43*** : En poursuivant nos analyses, nous avons identifié le gène *LRRC43* sur lequel 4 portaient le même variant faux-sens à l'état homozygote. De plus, un autre patient portait ce même variant à l'état hétérozygote couplé à un second variant faux-sens hétérozygote lui aussi. Ce gène est également connu pour avoir une forte expression et exclusive testiculaire. De plus, ce gène est inclus dans notre liste de gène du cillome bien qu'il soit classé dans la catégorie *No evidence from previous studies* (**Table : ??**).
4. ***ARMC2*** : Comme *LRRC43*, *ARMC2* est classé dans la catégorie *No evidence from previous studies* des gènes du cillome de notre liste. Cependant son expression testiculaire forte et exclusive font de lui un bon candidat pour expliquer le phénotype MMAF de 3 portant respectivement à l'état homozygote un variant faux-sens, un impactant le site d'épissage et l'autre entraînant un décalage du cadre de lecture (**Table : ??**).
5. ***ANKRD20A3*** : Ce gène sur lequel 8 de nos patients portent un variant homozygote (7 d'entre eux portent le même variant faux-sens) et 9 au moins deux variants hétérozygotes ne fait pas parti de la liste des gènes du cillome. Cependant sa forte et quasi exclusive expression testiculaire fait tout de même de ce gène un très bon candidat (**Table : ??**).
6. ***WDR96*** : Ce gène non plus ne fait pas parti de la liste de gène cillome, cependant, comme *ANKRD20A3* sa forte expression spécifique au testicule font de lui un bon candidat. Au sein de notre cohorte, 0 patients ont été identifiés car ils portaient un variant homozygote sur ce gène. Parmi eux, -1 portaient une mutation tronquante, le dernier portait un variant intronique proche de la zone d'épissage. En plus de ceux-ci, 0 portait deux variant hétérozygotes dont un causait un décalage du cadre de lecture l'autre entraînant un faux-sens (**Table : ??**).

7. ***FSIP2*** : Bien que ce gène ne soit lui non plus pas inclus dans la liste des gènes du cillioome, une équipe a démontré en 2003 l'implication de ce gène dans la structure de la gaine fibreuse du flagelle spermatique (Brown et al., 2003) faisant également de ce gène un excellent candidat dans l'explication du phénotype MMAF de 3 patients portant respectivement à l'état homozygote deux indels différents induisant un décalage du cadre de lecture et un variant faux-sens. De même, les doubles ou triples variants faux-sens retrouvés à l'état hétérozygotes chez 3 de nos patients pourraient aussi expliquer leur phénotype MMAF (**Table : ??**).

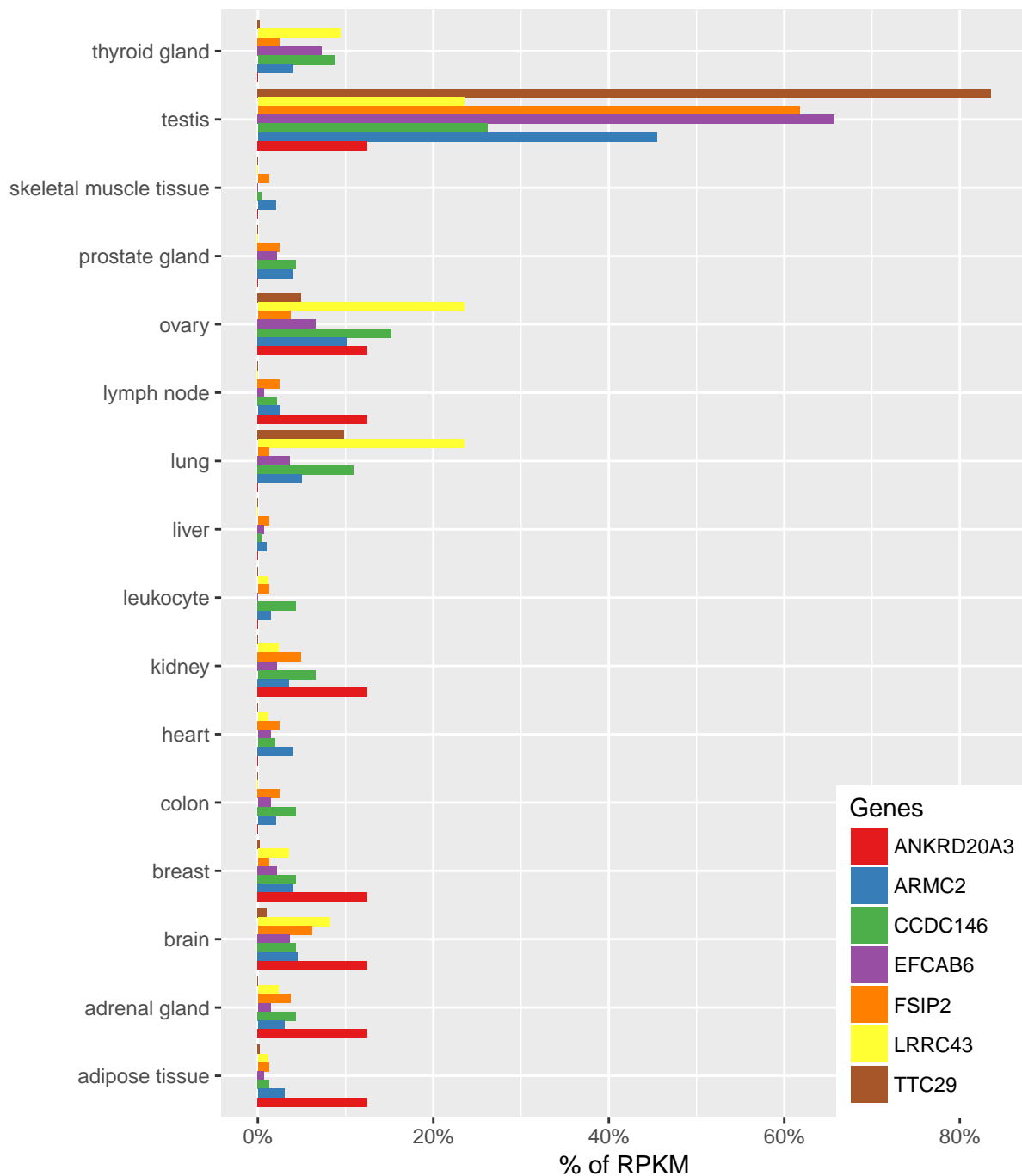


Figure 4.21 – Expression tissulaire des gènes candidats retenus :
Données provenant du projet de transcriptome Illumina bodyMap

Discussion

L'analyse de cette cohorte de 62 patients MMAF nous dans un premier temps permis de confirmer l'importance de l'implication du gène *DNAH1* dans ce phénotype grâce à ... patients présentant des variants sur ce gène dont ... à l'état homozygote. Elle nous a également permis d'identifier 7 nouveaux gènes candidats pouvant expliquer le phénotype de 28 de nos patients soit 45 % de la cohorte. Parmi ceux-ci, ... portaient au moins un variant homozygote sur un de ces gènes. Pour les autres des études sont nécessaires afin de déterminer si les différents variants hétérozygotes qu'ils portent sont situés sur leurs deux allèles différents faisant d'eux des hétérozygotes composites (**Figure : 4.22 - A**).

Parmi cet ensemble de patients, il faut noter que 5 d'entre eux porte des variants pouvant expliquer leur phénotype sur plusieurs des gènes candidats que nous avons identifiés. En effet, 5 de nos patients portent des variants sur deux de nos gènes candidats et 0 sur 3 d'entre eux (**Figure : ?? - B**).

Cependant, parmi ces différents variants certains semblent plus probables pour expliquer le phénotype (**Table : ??**) avec par exemple :

1. Patient Ghs105 : Ce patient porte à la fois un variant homozygote affectant le site d'épissage du gène *WDR96* ainsi que deux variants hétérozygotes causant tous les deux un faux-sens sur le gène *EFCAB6*. Au vu du génotype homozygote et de l'effet tronquant du variant impactant *WDR96*, il paraît plus probable que celui-ci soit responsable du phénotype MMAF au détriment des deux variants hétérozygotes chevauchant *EFCAB6*.
2. Patient Ghs17 : Deux variants homozygotes ont été retenus pour ce patient. L'un causant un faux-sens sur le gène *EFCAB6* l'autre créant un codon stop prématuré sur *WDR96*. Ici aussi, au vu de l'impact délétère du variant chevauchant *WDR96*, il paraît plus probable que ce soit celui-ci qui soit la cause du phénotype de ce patient.
3. Patients Ghs32 et Ghs35 : Ces patients portent tous deux à la fois des variants sur le gène *ANKRD20A3* et sur le gène *CCDC146* cependant l'effet tronquant de leur variant impactant ce dernier nous laisse penser que ceux-ci soient la cause du phénotype MMAF de ces deux patients.

En procédant de la même manière pour les autres patients il est, dans la grande majorité des cas, possible de dégager un gène pour lequel l'implication dans le phénotype des patients paraît plus évidente bien que des analyses complémentaires soient nécessaires.

Ainsi, cette analyse révèle l'efficacité de notre pipeline puisqu'elle a permis d'identifier au moins un gène candidat pour 45 % de nos patients. Pour les autres des analyses

individuelles complémentaires sont nécessaires afin d'identifier la cause génétique responsable de leur phénotype.

Une partie de ces différents résultats ont déjà été publiés dans deux articles dont je suis co-auteur :

1. **Whole exome cohort study and analysis of mouse and Trypanosoma models demonstrate the importance of WDR proteins in flagellogenesis and male fertility**, *Nat Genet* (soumis) : Cette article présente nos différents résultats dans la caractérisation des gènes *WDR96* et *WDR52* ainsi que les différentes preuves de leur implication dans le phénotype MMAF.
2. **Whole-exome sequencing of familial cases of multiple morphological abnormalities of the sperm flagella (MMAF) reveals new DNAH1 mutations** : En plus des résultats évoqués précédemment pour la famille MMAF2, cet article inclus ceux de ... patients de cette cohorte présentant des variants sur le gène *DNAH1*

Pour les autres, notre équipe travaille actuellement à la caractérisation des différents gènes afin de comprendre les processus moléculaires

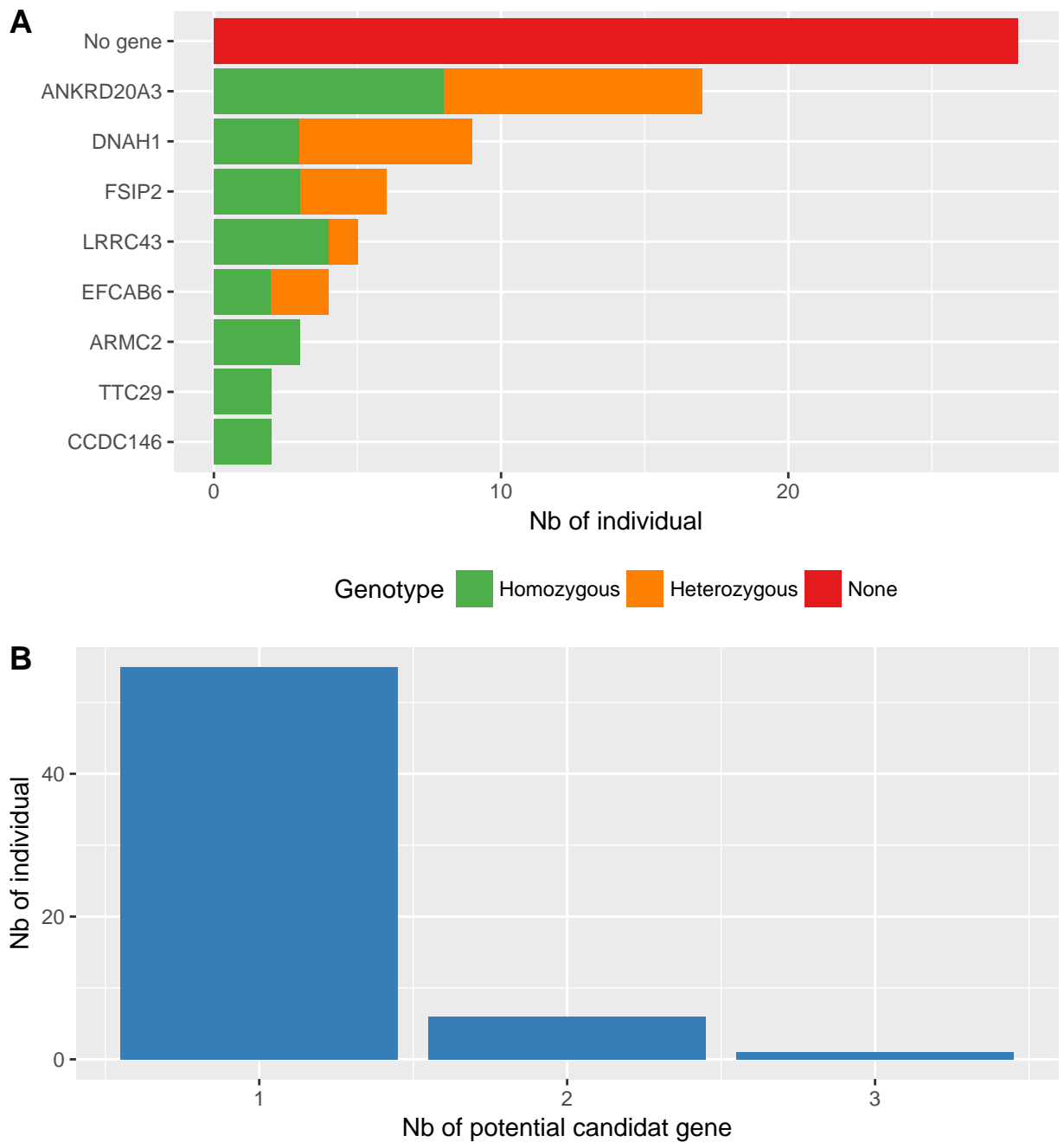


Figure 4.22 – Conclusion des analyses WES de notre large cohorte MMAF, liste des gènes candidats : ****A**** : Quantification du nombre de patient portant un ou plusieurs variants sur un des gène candidat. La couleur des barres dépend du génotype des patients, la barre rouge indique les patients pour lesquels aucun candidat n'a été identifié. ****B**** : Nombre de candidat potentiel pour chaque patient (parmi ceux pour lesquels au moins un gène candidat a été identifié)

4.3 Conclusion

Au cours de ces différentes études nous avons pu identifier les variants pouvant expliquer les phénotypes de ... des différents patients que nous avons analysé que ce soit au sein d'études familiales ou bien au sein de plus large cohorte composés d'individus non apparentés. Bien que ces résultats soient satisfaisant, il faut noter que pour ... patients, soit ... % d'entre eux aucun candidat n'a pu à ce jour être identifié. Pour ces patients, le WES permet désormais de nouvelles approches permettant d'identifier de larges variants structuraux (insertion ou délétions) pouvant eux aussi être responsable du phénotype qui ne sont pas détectés par les analyses classiques. Néanmoins, il semble clair que des avancées soient encore nécessaires afin d'améliorer l'efficacité de ce genre d'étude notamment en créant de nouveaux filtres permettant ainsi d'épurer les listes de variants facilitant ainsi l'identification des gènes candidats.

Chapitre 5

MutaScript

Conclusion

Chapitre 6

The First Appendix

References

- Adzhubei, I. A., Schmidt, S., Peshkin, L., Ramensky, V. E., Gerasimova, A., Bork, P., ... Sunyaev, S. R. (2010). A method and server for predicting damaging missense mutations. *Nature Methods*, 7(4), 248–9. <http://doi.org/10.1038/nmeth0410-248>
- Baker, K. E., & Parker, R. (2004). Nonsense-mediated mRNA decay : terminating erroneous gene expression. *Current Opinion in Cell Biology*, 16(3), 293–9. <http://doi.org/10.1016/j.ceb.2004.03.003>
- Ben Khelifa, M., Coutton, C., Zouari, R., Karaouzène, T., Rendu, J., Bidart, M., ... Ray, P. F. (2014). Mutations in DNAH1, which encodes an inner arm heavy chain dynein, lead to male infertility from multiple morphological abnormalities of the sperm flagella. *American Journal of Human Genetics*, 94(1), 95–104. <http://doi.org/10.1016/j.ajhg.2013.11.017>
- Brown, P. R., Miki, K., Harper, D. B., & Eddy, E. M. (2003). A-Kinase Anchoring Protein 4 Binding Proteins in the Fibrous Sheath of the Sperm Flagellum. *Biology of Reproduction*, 68(6), 2241–2248. <http://doi.org/10.1095/biolreprod.102.013466>
- Chang, Y.-F., Imam, J. S., & Wilkinson, M. F. (2007). The Nonsense-Mediated Decay RNA Surveillance Pathway. *Annual Review of Biochemistry*, 76(1), 51–74. <http://doi.org/10.1146/annurev.biochem.76.050106.093909>
- DePristo, M. A., Banks, E., Poplin, R., Garimella, K. V., Maguire, J. R., Hartl, C., ... Pritchard, E. (2011). A framework for variation discovery and genotyping using next-generation DNA sequencing data. *Nature Genetics*, 43(5), 491–498. <http://doi.org/10.1038/ng.806>
- Firat-Karalar, E. N., Sante, J., Elliott, S., & Stearns, T. (2014). Proteomic analysis of mammalian sperm cells identifies new components of the centrosome. *Journal of Cell Science*, 127(Pt 19), 4128–33. <http://doi.org/10.1242/jcs.157008>
- Hong, E. P., Go, M. J., Kim, H.-L., & Park, J. W. (2017). Risk prediction of pulmonary tuberculosis using genetic and conventional risk factors in adult Korean population. *PloS One*, 12(3), e0174642. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0174642>
- Hu, Y., Yu, H., Shaw, G., Renfree, M. B., & Pask, A. J. (2011). Differential roles of TGIF family genes in mammalian reproduction. *BMC Developmental Biology*, 11, 58.

<http://doi.org/10.1186/1471-213X-11-58>

Imai, Y., Morita, H., Takeda, N., Miya, F., Hyodo, H., Fujita, D., ... Komuro, I. (2015). A deletion mutation in myosin heavy chain 11 causing familial thoracic aortic dissection in two Japanese pedigrees. *International Journal of Cardiology*, 195, 290–292. <http://doi.org/10.1016/j.ijcard.2015.05.178>

Ivliev, A. E., 't Hoen, P. A. C., Roon-Mom, W. M. C. van, Peters, D. J. M., & Sergeeva, M. G. (2012). Exploring the Transcriptome of Ciliated Cells Using In Silico Dissection of Human Tissues. *PLoS ONE*, 7(4), e35618. <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0035618>

Kumar, P., Henikoff, S., & Ng, P. C. (2009). Predicting the effects of coding non-synonymous variants on protein function using the SIFT algorithm. *Nature Protocols*, 4(7), 1073–1081. <http://doi.org/10.1038/nprot.2009.86>

Lee, B., Park, I., Jin, S., Choi, H., Kwon, J. T., Kim, J., ... Cho, C. (2011). Impaired spermatogenesis and fertility in mice carrying a mutation in the Spink2 gene expressed predominantly in testes. *The Journal of Biological Chemistry*, 286(33), 29108–17. <http://doi.org/10.1074/jbc.M111.244905>

Lek, M., Karczewski, K. J., Minikel, E. V., Samocha, K. E., Banks, E., Fennell, T., ... Exome Aggregation Consortium, D. G. (2016). Analysis of protein-coding genetic variation in 60,706 humans. *Nature*, 536(7616), 285–91. <http://doi.org/10.1038/nature19057>

Lunter, G., & Goodson, M. (2011). Stampy : A statistical algorithm for sensitive and fast mapping of Illumina sequence reads. *Genome Research*, 21(6), 936–939. <http://doi.org/10.1101/gr.111120.110>

McLaren, W., Gil, L., Hunt, S. E., Riat, H. S., Ritchie, G. R. S., Thormann, A., ... Cunningham, F. (2016). The Ensembl Variant Effect Predictor. *Genome Biology*, 17(1), 122. <http://doi.org/10.1186/s13059-016-0974-4>

Nielsen, R., Paul, J. S., Albrechtsen, A., & Song, Y. S. (2011). Genotype and SNP calling from next-generation sequencing data. *Nature Reviews. Genetics*, 12(6), 443–51. <http://doi.org/10.1038/nrg2986>

Su, Z., Łabaj, P. P., Li, S. S., Thierry-Mieg, J., Thierry-Mieg, D., Shi, W., ... Shi, L. (2014). A comprehensive assessment of RNA-seq accuracy, reproducibility and information content by the Sequencing Quality Control Consortium. *Nature Biotechnology*, 32(9), 903–14. <http://doi.org/10.1038/nbt.2957>

Zheng, Y., Zhang, J., Wang, L., Zhou, Z., Xu, M., Li, J., & Sha, J.-H. (2006). Cloning and characterization of a novel sperm tail protein, NYD-SP28. *International Journal of Molecular Medicine*, 18(6), 1119–25. Retrieved from <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/17089017>