



# Projet Consortium (Groupe?) CDG-France

- G2m (Pascale de Lonlay)
- Bichat - Biochimie-INSERM
- Lyon (David Cheillan)
- Necker et KB (Delphine Borgel, Alexandre Kauskot)
- Lille (François Foulquier, Zoé Durin, Anne Harduin-Lepers)
  - Imagine (Hortense de Calbiac, Pascale de Lonlay)
  - CEA Saclay (François Fenaille, Yann Tenier, Gabriel Mansour)
  - G2m (Jean-Médi Alili, Pascale de Lonlay)



# CDG et clinique, filière G2m (coordination P de Lonlay)

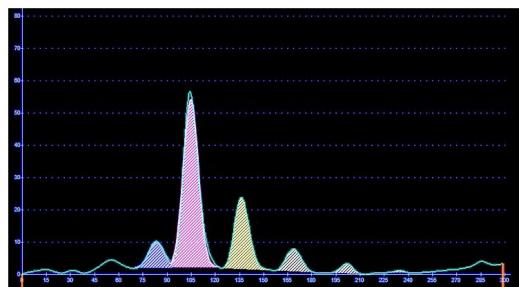
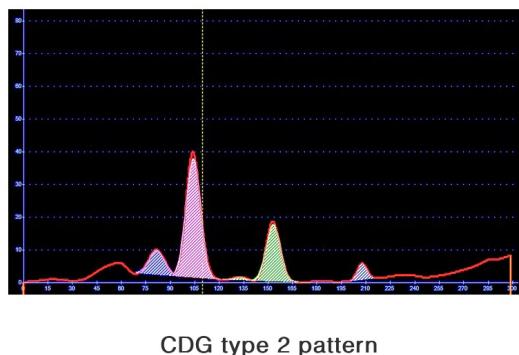
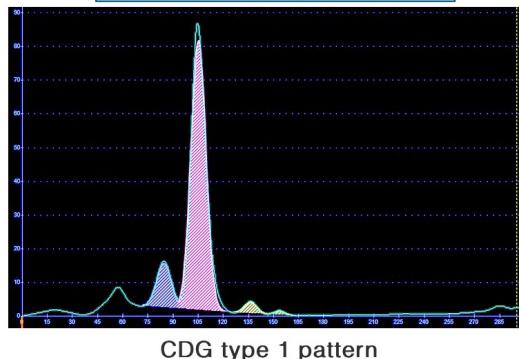
- Diagnostic:
  - que 2 labos, qui sont dans G2m > réseau très bien organisé
  - Génomes autres équipes > retour vers ces 2 labos pour études fonctionnelles
- RCP CDG nouveaux patients interfilière: diagnostic et traitement
  - Mounira: re rediffuser la RCP à toutes les filières; ce sont svt ces 2 labos qui invitent médecins à RCP
- CCP obtenu pour tout traitement et tout CDG pour la filière (p de lonlay et c tuchmann-durand)
- Protocole urgences pour PMM2-CDG (site internet)
  - Fièvre: anomalies hémostase et thrombose/saignement/CIVD/Stroke-like
  - Question Est-ce vasculaire ou aussi pb traffic ? Qs F Foulquier et HdC/PdL
- Necker: PMM2-CDG essais cliniques
  - site phase II Man-1-P glycomine démarrage juin 2025
  - PHRC en cours écriture multi-sites diamox et epalrestat
- Necker Pour delphine hemostase
  - Voir heterozygotes parents hemostase (F Foulquier) et surtout si fièvre ?
  - donner liste CDG necker pour re regarder a posteriori (FVIII notamment)
  - Reprélever pour delphine borgel à sa demande (mais prélvts systématiques)
- Journée 27 et 28 mars 2025 recherche et clinicobio
- Discuter le règlementaire/declaration banque biologique – jean-meidi allili (serum systématiquement envoyé au labo et Fibro)
- Faire registre ? Notamment pour
  - hemostase des nouveaux CDG
  - CDG traitables/traités: évolution naturelle et sous traitement
  - Tous nos CDG – force de frappe que 2 labos et 1 RCP-G2m qui centralise



## Biochimie Bichat

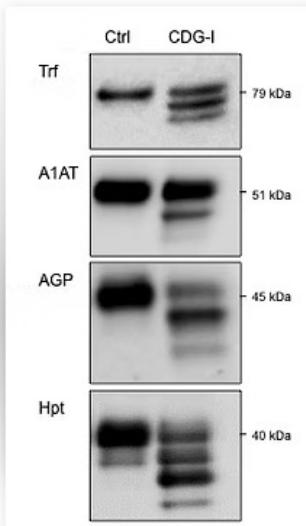
Thierry Dupré, Sandrine Vuillaumier-Barrot, Arnaud Bruneel,  
Elodie Lebredonchel, Alexandre Raynor, Katell Peoc'h  
2 techniciens référents : Faly Cisse & Yoann Cabeza

**Capillaire Transferrine  
(N-glycosylation)**

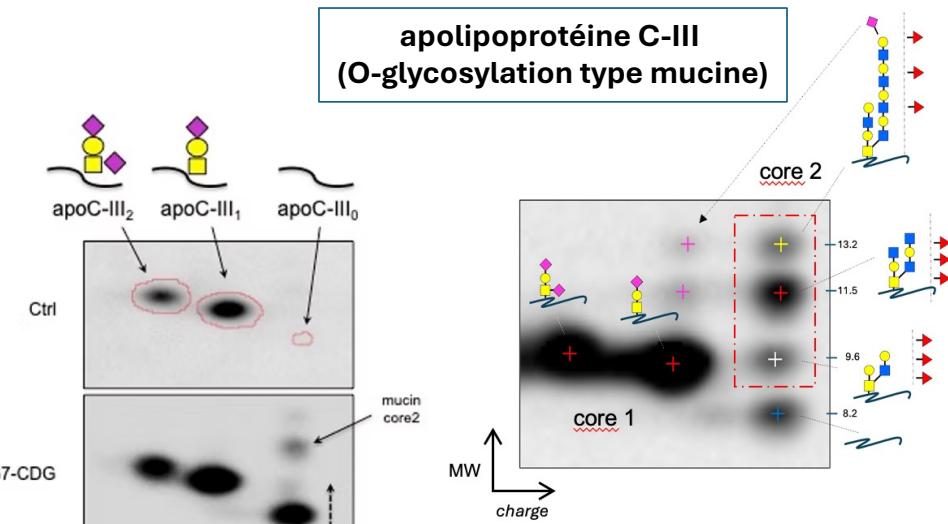


→ 1500/2000  
dépistages CDG/an

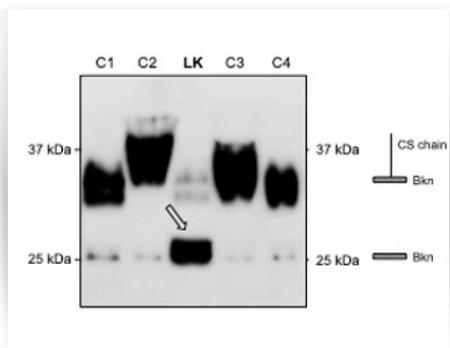
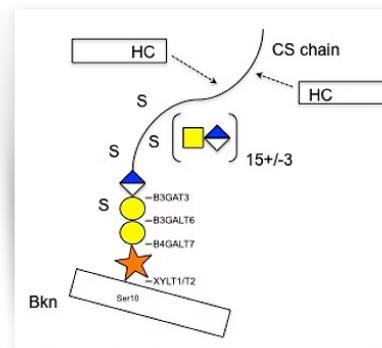
**Western-blot (N-glycosylation)**



**apolipoprotéine C-III  
(O-glycosylation type mucine)**



**Bikunine (GAG type chondroitine sulfate)**



→ Sérothèque  
→ Cellules (fibroblastes)

+ dosage mannose  
+ dosage sorbitol

+ trafic et lectines et  
cytosquelette possibles  
à Saclay

## Panel 44 CDG genes

CDG I (n=24) + others (n=2)			CDG II (n=18)
MPI	DOLK	MGAT2	
PMM2 + intron 7	DPM1	COG1	
ALG1	DPM2	COG5	
ALG11	DPM3	COG6	
ALG12	STT3A	COG7	
ALG13	PGM1	COG8	
ALG14	GALT	ATP6V0A2	
ALG3	ALDOB	Man1B1	
ALG6		B4GALT1	
ALG8		SLC35A1	
ALG9		SLC35A2	
DHDDS		SLC35A3	
DPAGT1		TRAPPC11	
MPDU1		CCDC115	
RFT1		TMEM199	
SRD5A3		ATP6AP1	
SSR4		ATP6AP2	
SSR2		ATP6V1F	

# Génétique

## $\alpha$ -DG genes Panel

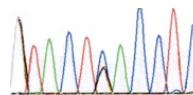
*B3GALNT2  
B3GNT1  
DAG1  
FKRP  
FKTN  
GMPPB  
INPP5K  
ISPD  
LARGE  
POMGNT1  
POMGNT2  
POMK  
POMT1  
POMT2  
TMEM5*

- *Gene sequencing*

- Sanger
- Panel NGS
- exome

- *Whole genome sequencing : SeqOIA*

- CDG 1 & 2
- Alpha dystroglycanopathies
- GLUT1



→ *Post and prenatal diagnosis*

*NGS and Sanger Sequencing*

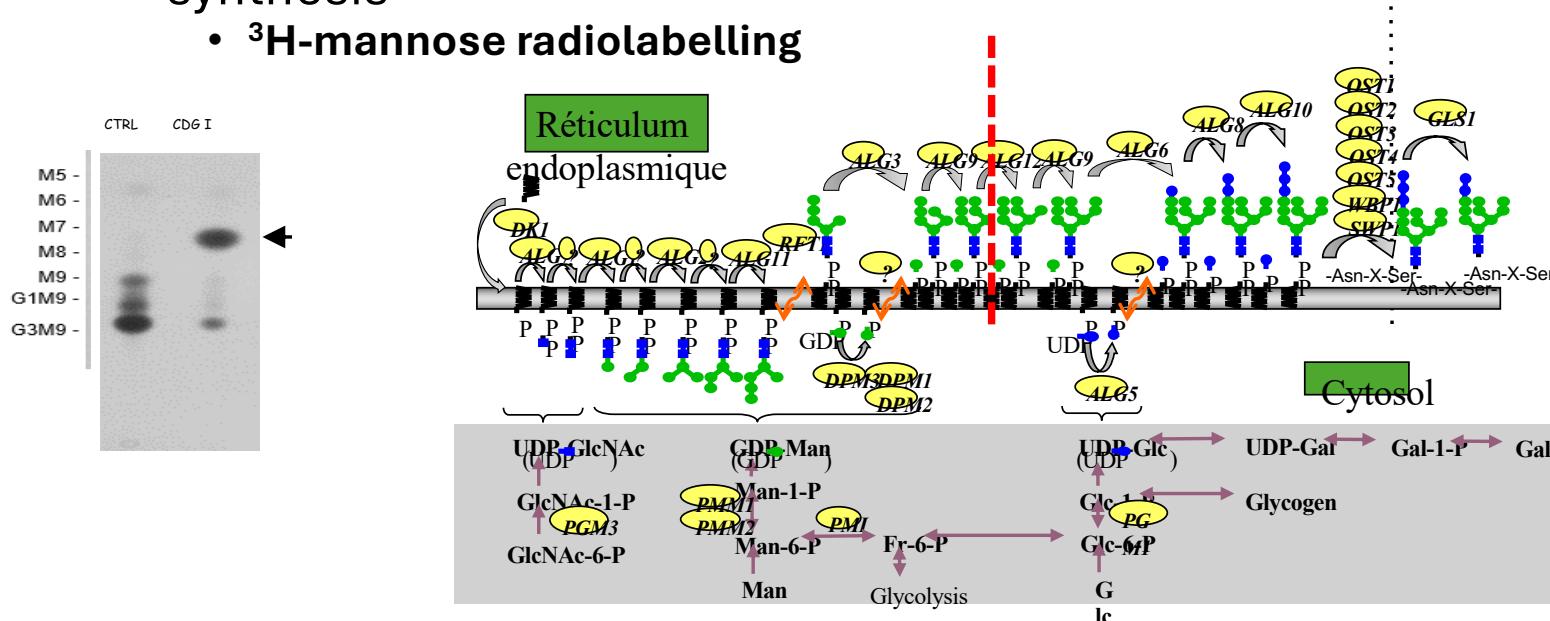
# Collaboration with the Inserm group

S. Moore, I. Chantret



- Phenotypic characterisation of the blocking step of the oligosaccharide synthesis

- **$^3\text{H}$ -mannose radiolabelling**



- Yeast transcomplementation
  - Enzyme activity assay
  - c-DNA studies

# Service Biochimie et Biologie Moléculaire

LBMR « MHM » dont CDG syndromes

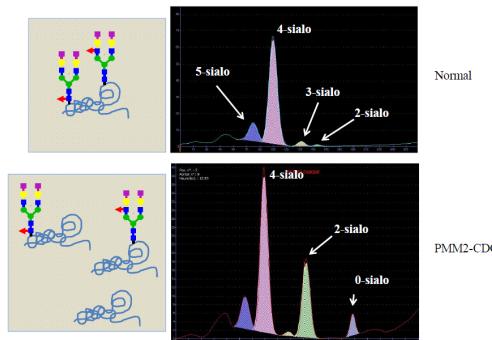
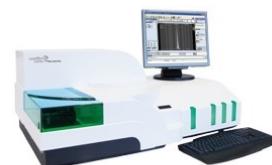
Dr David Cheillan

## Diagnostic biochimique

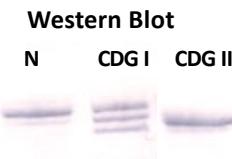
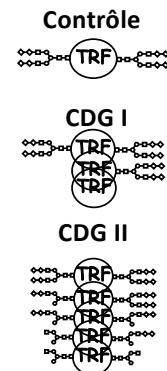
Profil de glycosylation plasmatique

~400 prélèvements / an

1 / Transferrine  
carboxydéficiente en  
Électrophorèse capillaire



2 / Transferrine et orosomucoïde en WB  
(DBS)



# Service Biochimie et Biologie Moléculaire

LBMR « MHM » dont CDG syndromes

*Dr David Cheillan*

## Diagnostic moléculaire

Profil de glycosylation plasmatique

**~20 CI/ an + 20 LA (anasarque)**

Design d'un panel « CDG\_113gènes»  
comprenant les gènes de la N-  
Glycosylation + « GPI »-CDG  
*Capture Roche + Illumina*



Panel Anomalies de la glycosylation: liste des 113 gènes étudiés :  
ALG1 (NM\_019109), ALG10 (NM\_032834), ALG11 (NM\_001004127),  
ALG12 (NM\_024105), ALG13 (NM\_001099922), ALG14 (NM\_144988),  
ALG2 (NM\_033087), ALG3 (NM\_005787), ALG5 (NM\_013338), ALG6  
(NM\_013339), ALG8 (NM\_001007027), ALG9 (NM\_024740), ATP6AP1  
(NM\_001183), ATP6AP2 (NM\_005765), ATP6V0A2 (NM\_012463), ATP6V1A  
(NM\_001690), ATP6V1E1 (NM\_001696), B4GALT1 (NM\_001497), CAD  
(NM\_004341), CCDC115 (NM\_032357), COG1 (NM\_018714), COG2  
(NM\_007357), COG3 (NM\_031431), COG4 (NM\_015386), COG5  
(NM\_006348), COG6 (NM\_020751), COG7 (NM\_153603), COG8  
(NM\_032382), DDOST (NM\_005216), DHDDS (NM\_205861), DOLK  
(NM\_014908), DPAGT1 (NM\_001382), DPM1 (NM\_001317034), DPM2  
(NM\_003863), DPM3 (NM\_018973), FUT8 (NM\_178155), GFPT1  
(NM\_001244710), GMPPA (NM\_205847), GPAA1 (NM\_003801),  
MAGT1(NM\_032121), MAN1B1 (NM\_016219), MGAT2(NM\_002408),  
MOGS (NM\_006302), MPDU1 (NM\_004870), MPI (NM\_002435), NANs  
(NM\_018946), NUS1 (NM\_138459), PGAP1 (NM\_024989), PGAP2  
(NM\_014489), PGAP3 (NM\_033419), PGM1 (NM\_002633), PGM3  
(NM\_001199917), PIGC (NM\_153747), PIGG (NM\_001127178), PIGL  
(NM\_004278), PIGN (NM\_176787), PIGO (NM\_032634), PIGP  
(NM\_153681), PIGS (NM\_033198), PIGT (NM\_015937), PIGV  
(NM\_001202554), PIGW (NM\_178517), PIGY (NM\_001042616), PMM2  
(NM\_000303), RFT1 (NM\_052859), SLC35A1 (NM\_006416), SLC35A2  
(NM\_005660), SLC35A3 (NM\_001271685), SLC35C1 (NM\_018389),  
SLC39A8 (NM\_022154), SLC9A7 (NM\_001257291), SRD5A3  
(NM\_024592), SSR4 (NM\_001204526), STT3A (NM\_001278503), STT3B  
(NM\_178862), TMEM165 (NM\_018475), TMEM199 (NM\_152464),  
TRAPPC11 (NM\_021942), TRAPPC12 (NM\_001321102), TUSC3  
(NM\_0067651 VPS12B / NM\_0178901)



**Delphine Borgel, Alexandre Kauskot**  
**Plaquettes & coagulation**

INSERM U1176 Hémostase, inflammation, thrombose, KB  
+ Necker



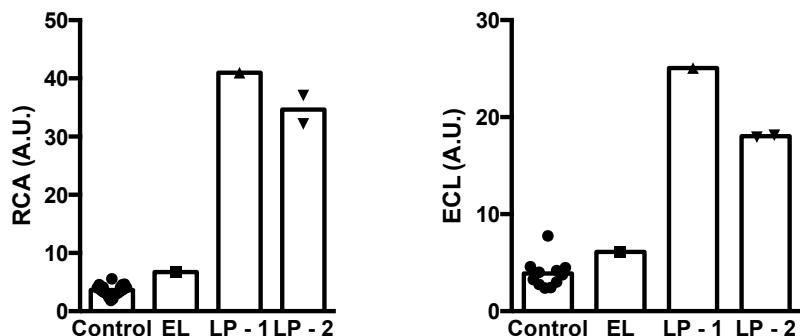
## Plaquettes et glycosylation

Avancées récentes montrent : que l'exposition du beta-galactose est un signal de clairance des plaquettes

Technique de base au laboratoire : cytométrie en flux – lectines + tous les tests fonctionnels des plaquettes

- Nous avons montré le rôle de SLC35A1 dans la survie des plaquettes (patients)
- Nous avons investigué (sans publier) des patients GNE : bien qu'il n'existe pas de biomarqueur, les plaquettes semblent montrer un déficit en acide sialique (publié par d'autres groupes) et nous le voyons également.

Est-ce que la plaquette pourrait être un biomarqueur chez les patients GNE ?



Contrôles sains n= 33  
EL : contrôle (mère)  
LP : patient GNE à 2 prlvts (1 et 2)

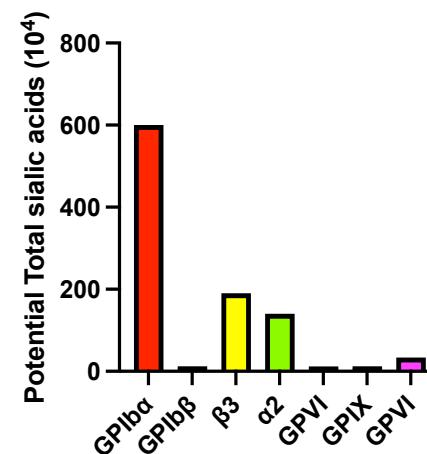
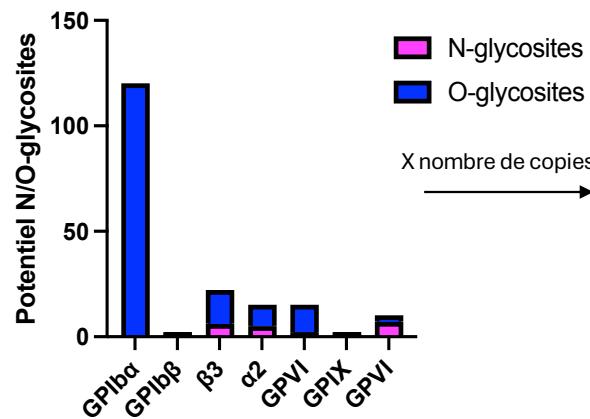
## Plaquettes et glycosylation

Les N-glycans sont importants pour les fonctions de plaquettes : nous avons montré un impact d'un déficit en MAGT1 (XMEN) sur les fonctions des plaquettes

Bien que les N-glycosylations soient importantes, nous avons une vue qui est encore limitée :

- Bien que nous avons l'analyse de la N-glycomique
- [L'analyse de la O-glycomique est primordiale](#) (faite par les collègues/concurrents? International) car les principaux récepteurs portent plus de O-glycosylations que des N.

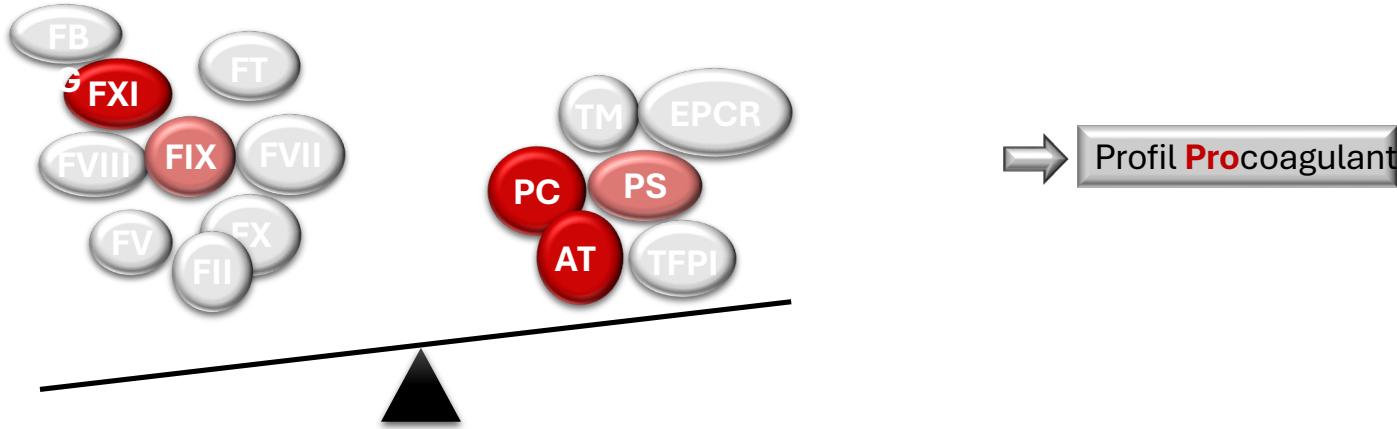
Analyse sur NetNGlyc 1.0 & NetOGlyc 4.0



## Coagulation et glycosylation

Anomalies caractéristiques de la coagulation dans les CDG de type I

Touchant à la fois des facteurs anticoagulants (AT, PC, PS) et procoagulants (FIX, FXI)



Questions:

- Les patients hétérozygotes ont-ils des taux strictement normaux des facteurs de la coagulation?
- Un taux à la limite de la normale d'AT, de PC, de PS, de FIX ou de FXI peut-il être expliqué par une hétérozygotie?
- Ont-ils un risque thrombotique accru ?

Etude des apparentés?

**Institut Imagine  
Hortense de Calbiac - Zebrafish**



# Zebrafish to model metabolic diseases

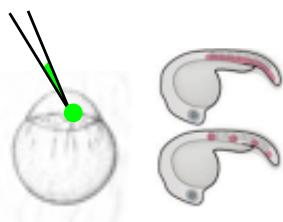
institut  
imagine  
GUÉRIR LES MALADIES GÉNÉTIQUES

## Advantages



- Vertebrate
- Similar biology and genetics to humans
- Measurable behaviour
- Transparent
- Permeable
- Easy to modify genetically
- High reproduction rate
- Fast and external development
- Small size

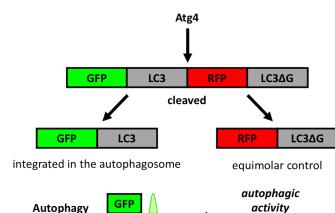
Genetic investigation  
Gene editing, gene inhibition,  
test of variants pathogenicity  
Transgenic models



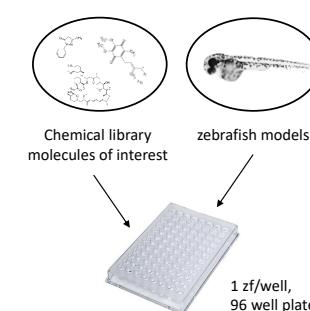
Behavioural screens



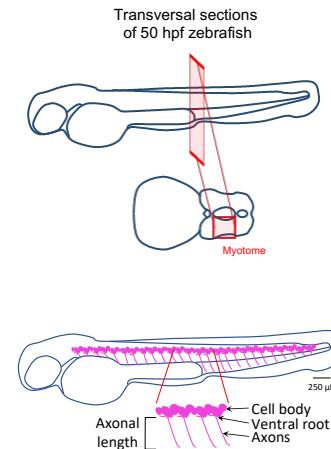
Physiopathological mechanisms



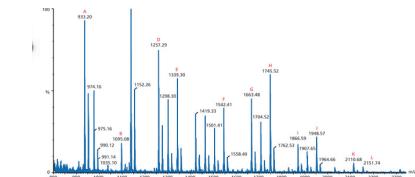
Chemical screens



Tissues' contribution to disease,  
development, organs morphology



« omics » analysis  
Proteomics, transcriptomics,  
metabolomics, lipidomics)





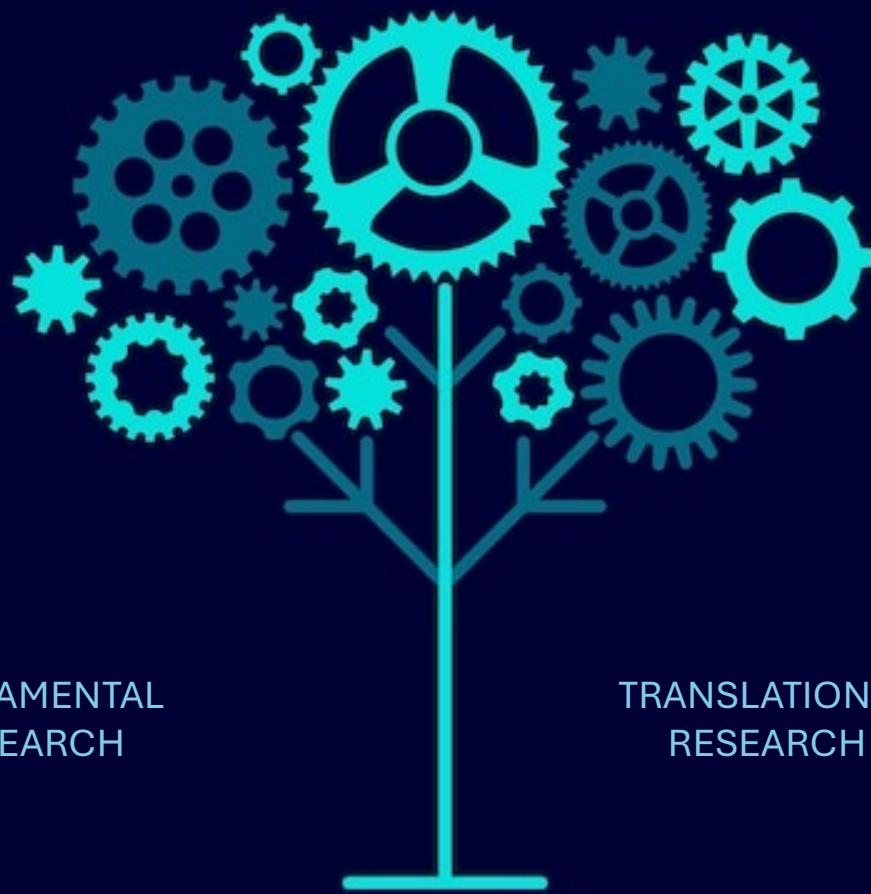
Lille

**François Foulquier, Zoé Durin, Anne Harduin-Lepers**

UGSF UMR8576 CNRS

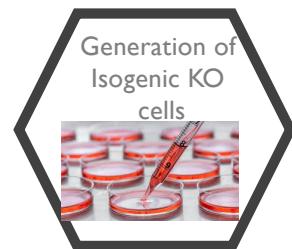
# In Lille

Glycobiology engineering

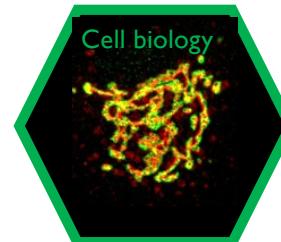
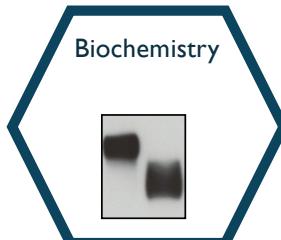




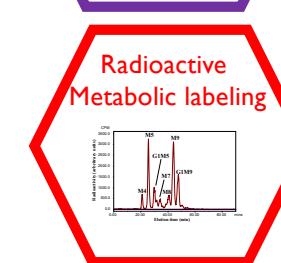
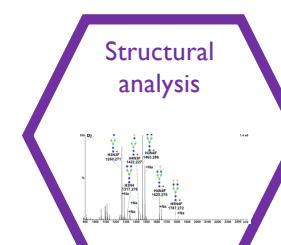
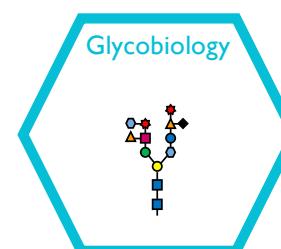
- ❖ Sialic acid pathway/ Fucose pathway
- ❖ Follow the trafficking of glycoconjugates
- ❖ Visualize a defect by click chemistry



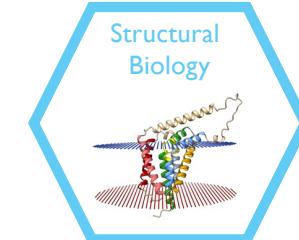
- ❖ Mammalian cells:  
KO TMEM165,  
SLC10A7, SPCA1...  
Complemented or not
- ❖ Yeast:  
KO for any genes,  
Double KO, Triple KO



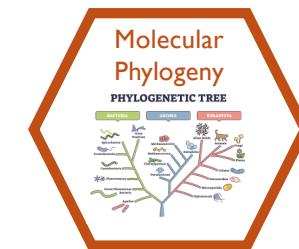
- ❖ Confocal microscopy
- ❖ Expression of tagged fluo proteins
- ❖ RUSH for the dynamic
- ❖ Ca2+ analysis
- ❖ ICP-MS to measure Mn2+



- ❖ N- , O-GalNAC and glycolipid analysis by Mass spec, In cells but also fluids
- ❖ ER glycosylation analysis, LLO, NLO and free oligosaccharide
- ❖ NMR for polymannan yeasts analysis
- ❖ Test in vitro for glycosylation enzyme activities



- ❖ Alpha fold model



**CEA Saclay**  
**François Fenaille, Yann Tenier, Gabriel Mansour**



# CEA Saclay

## François Fenaille

Laboratoire Innovations en spectrométrie de Masse pour la Santé (LI-MS)

## Mass spectrometry-based omics methods

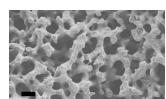
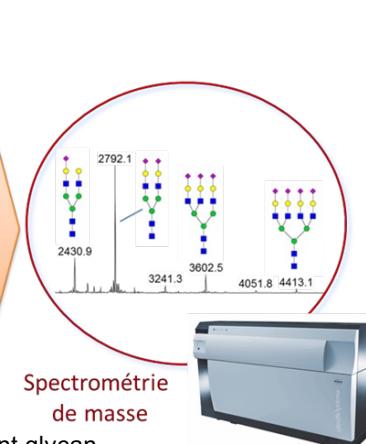
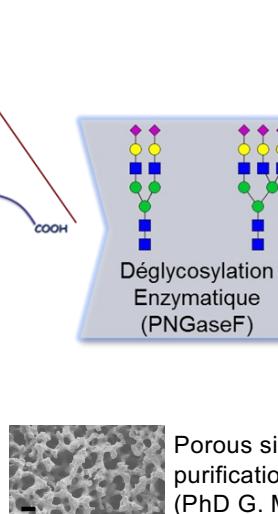
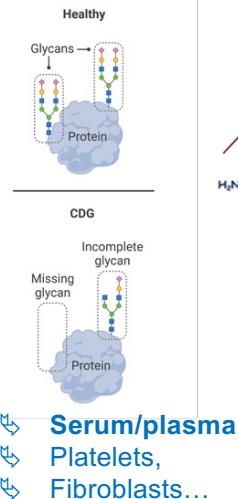
Biomarker Discovery

Biomarker Validation

Detection/Diagnostic

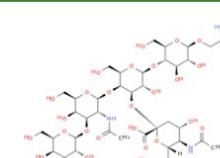


### N-glycomics

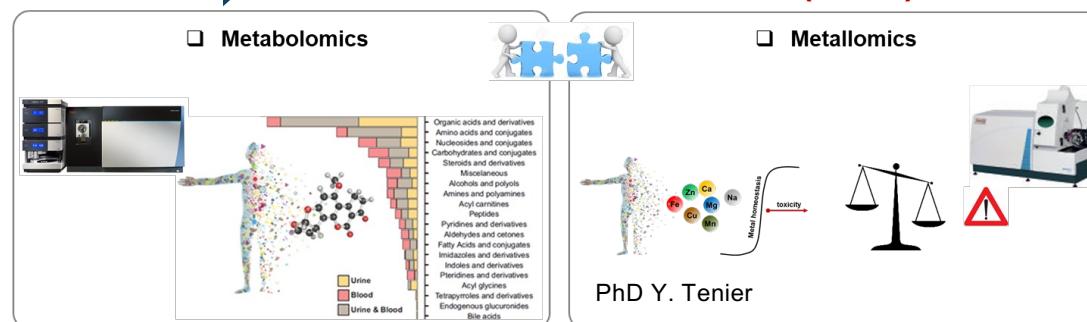
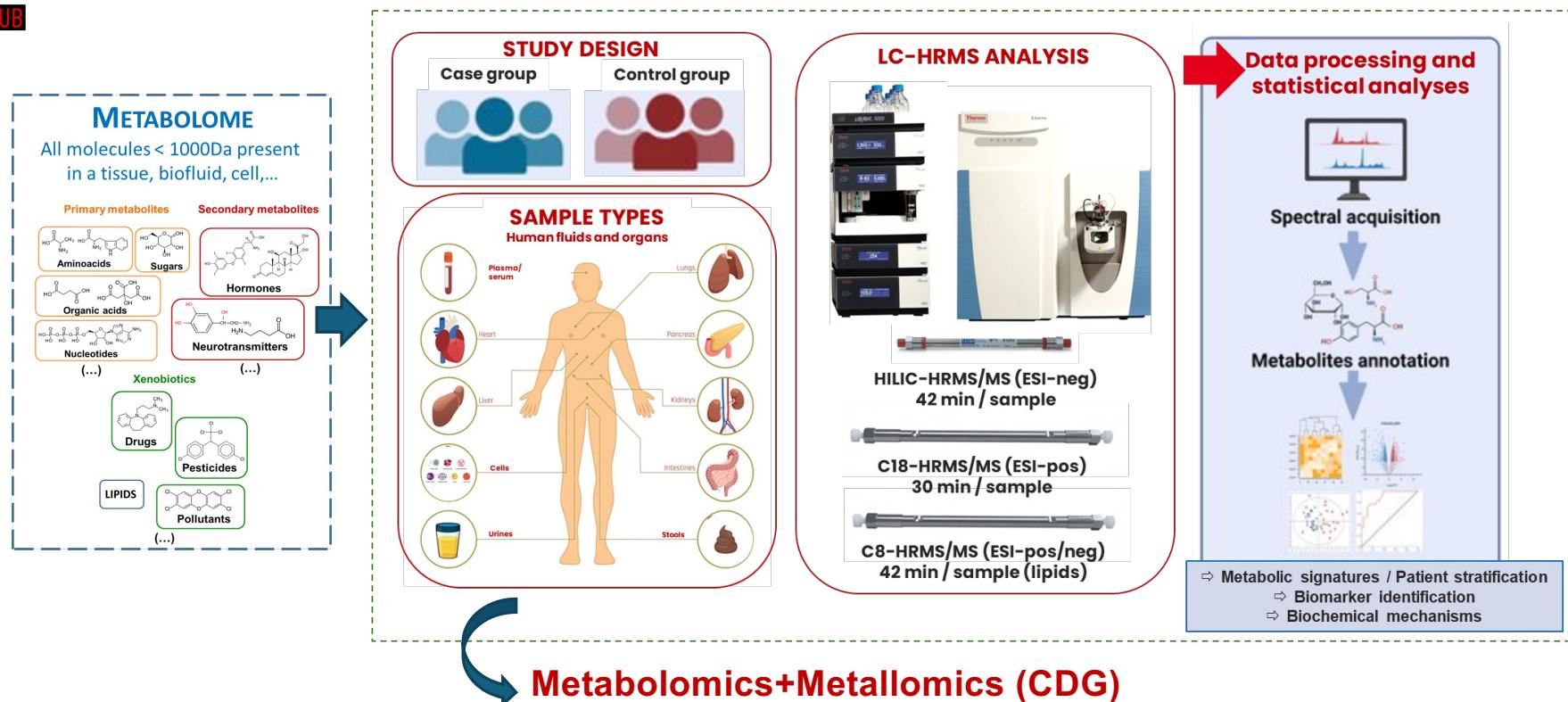


Porous silica monoliths for efficient glycan purification  
(PhD G. Mansour)

### Glycolipids



# Metabolomics



G2m  
Jean-Meidi Alili



Pharmacien filière G2m, référent traitements et recherche

- **recherche de matières premières de qualité pharmaceutique (MPUP)**
- **échange avec académiques, autorités de tutelle (ANSM, HAS, DGS/DGOS...) et industriels pour mise à disposition de traitements avec différents statuts réglementaires (préparation, accès compassionnel, etc.)**
- diffusion information filière, notamment si besoin **recrutement essai clinique** (*via* guichet unique G2m)
- **biobanque collections biologiques « fond de tube »**