

Note de correction / Correction notice

Note de correction à : Un contexte familial de défaut primaire d'éruption (DPE): identification d'une nouvelle mutation du gène PTHR-1. Cas clinique et revue de littérature

Émilie Quinke^{1*}, François Clauss², Thibaut Siebert³, Sophie Jung-Clauss^{1,2},
Sophie Bahi-Gross¹

¹ Département chirurgie buccale et implantologie, hôpitaux universitaires, Bas-Rhin, Strasbourg, France

² Département odontologie pédiatrique, hôpitaux universitaires, Bas-Rhin, Strasbourg, France

³ Département orthodontie, hôpitaux universitaires, Bas-Rhin, Strasbourg, France

MBCB 22 : 35-42 (2016) DOI : 10.1051/mbcb/2015052

Un certain nombre d'erreurs ont persisté dans cet article malgré la vigilance des relecteurs, du rédacteur en chef de Médecine Buccale Chirurgie Buccale et des co-auteurs. Voici les corrections à apporter à cette publication :

1 : Page 35 : Les affiliations des co-auteurs ont été modifiées, il faut lire :

Émilie Quinke^{1,2*}, François Clauss^{1,2,3}, Thibaut Siebert^{1,2}, Sophie Jung^{1,2,3},
Sophie Bahi-Gross^{1,2}

¹ Université de Strasbourg, Faculté de Chirurgie Dentaire, Strasbourg, France

² Hôpitaux Universitaires de Strasbourg (HUS), Pôle de Médecine et Chirurgie Bucco-dentaires

³ Hôpitaux Universitaires de Strasbourg (HUS), Pôle de Médecine et Chirurgie Bucco-dentaires, Centre de Référence des Manifestations Odontologiques des Maladies Rares, Strasbourg, France

2 : Page 36, Ligne 86 : Des précisions ont été apportées concernant le projet de recherche qui a permis l'inclusion du patient.

Le phénotype clinique a été détaillé et recueilli dans le registre D4/phenodent (approuvé par la CNIL N°908416 www.phenodent.org).

Le patient et ses parents ont accepté de participer à un projet de recherche clinique (INTERREG IV, Offensive Sciences A27) (<https://clinicaltrials.gov>: NCT01746121 and NCT02397824) et apporté un consentement écrit pour autoriser les tests génétiques. Les prélèvements salivaires ont été inclus dans une collection d'échantillons biologiques (Manifestations bucco-dentaires des maladies rares MESR DC-2012-1677 et DC-2012-1002).

3 : Page 37, Ligne 129 : Il nous a paru nécessaire de spécifier que le séquençage utilisé est un séquençage à haut débit grâce à l'outil ciblé GenoDENT. Il s'agit d'une nouvelle technique qui permet de séquencer des milliers de gènes simultanément, ce qui permet une détection plus efficace des mutations dans les gènes sélectionnés. Dans sa forme actuelle, l'outil permet de séquencer 585 gènes, dont 175 gènes constituent un sous-panel de diagnostic et qui sont des gènes déjà connus, impliqués dans ces maladies rares à expression bucco-dentaires. 410 autres gènes figurent dans un sous-panel de découverte.

Cette technique a été mise au point par l'équipe suivante :

Prasad MK, Geoffroy V, Vicaire S, Jost B, Dumas M, Le Gras S, et al. A targeted next-generation sequencing assay for the molecular diagnosis of genetic disorders with orodental involvement. *J Med Genet* 2016;53(2):98-110.

4 : Page 37, Ligne 140 : Il est important d'ajouter que cette mutation est prédite pathogène dans SIFT, Polyphen et Mutation Taster.

5 : Enfin il nous a paru indispensable d'ajouter des remerciements :

Aux patients ayant participé à ce projet

Au projet INTERREG IV/Offensive Sciences A27 « Manifestations bucco-dentaires des maladies rares ». Ce projet, lauréat de l'Offensive Sciences de la Région Métropolitaine Trinationale du Rhin supérieur (RMT), est cofinancé par le Fonds Européen de Développement Régional (FEDER) de l'Union européenne dans le cadre du programme INTERREG IV Rhin supérieur.

Au Laboratoire de Génétique Médicale INSERM U1112 de Strasbourg.

Nous prions les lecteurs de bien vouloir nous excuser de ces erreurs.