



UNIVERSITÉ
DE GENÈVE

COMMUNIQUÉ DE PRESSE

Genève | 21 juillet 2014

ATTENTION: sous embargo jusqu'au 23 juillet, 19h, heure locale

GÉNÉTIQUE DU CANCER : L'ADN NON-CODANT PEUT ENFIN ÊTRE DÉCO- DÉ

Le cancer est une maladie génétique, c'est-à-dire qu'il est dû à une combinaison de modifications dans nos gènes. Ces modifications résultent en partie de l'héritage laissé par nos parents, qui nous prédispose plus ou moins fortement à certains cancers. S'ajoutent aux mutations héritées celles acquises tout au long de notre existence. Si l'origine génétique du cancer est étudiée depuis longtemps, le rôle des régions non-codantes du génome n'avait pu jusqu'ici être mesuré. Une équipe de généticiens de l'Université de Genève (UNIGE), en étudiant les tissus de patients atteints de cancer colorectal, a réussi à déchiffrer cette zone si peu connue de notre génome, et pourtant si importante. Des résultats à lire dans la revue *Nature*.

Afin de mieux comprendre comment se développe le cancer, les scientifiques cherchent à identifier les facteurs génétiques – innés ou acquis – qui peuvent agir comme déclencheur ou activateur de la progression des tumeurs. Jusqu'ici, la base génétique du cancer n'était habituellement examinée que dans les régions codantes du génome, qui n'en constitue que 2%. Cependant, comme le montrent des avancées scientifiques récentes, les 98% restants sont loin d'être inactifs : ils abritent des éléments fonctionnels de la régulation de l'expression des gènes et, par conséquent, jouent un rôle majeur dans le développement du cancer.

Pour mieux comprendre ce rôle, Emmanouil Dermitzakis, professeur Louis-Jeantet, et son équipe du Département de médecine génétique et développement de la Faculté de médecine de l'UNIGE ont étudié le cancer colorectal, l'un des cancers les plus fréquents et les plus meurtriers. En effet, un million de nouveaux cas sont détectés chaque année dans le monde, avec un taux de mortalité s'élevant à près de 50%. En comparant, grâce à des techniques de séquençage du génome, l'ARN des tissus sains et des tissus tumoraux de 103 patients, les généticiens de l'UNIGE sont partis à la recherche d'éléments régulateurs, présents dans la vaste portion non-codante du génome. Il s'agissait pour eux d'identifier les effets présents uniquement dans les tissus malades des mutations acquises, dont l'activation avait déclenché la maladie. Cette approche est totalement nouvelle : il s'agit de la première étude de cette ampleur qui examine le génome non-codant de patients atteints de cancer.

Des mutations inconnues

Les scientifiques de l'UNIGE ont pu identifier deux types de mutations qui ont un impact sur le développement du cancer colorectal. Ils ont trouvé, d'une part, des variants régulateurs hérités, inactifs dans les tissus sains mais qui sont activés dans les tumeurs, contribuant ainsi

à la progression du cancer. Cela montre donc que le génome hérité a une influence sur la progression du cancer, et pas seulement sur la prédisposition à développer la maladie. D'autre part, les chercheurs ont découvert les effets des mutations acquises sur la régulation de l'expression des gènes, à savoir qu'elles affectent la genèse des tumeurs colorectales.

« Les éléments responsables du développement et de la progression des cancers dans le génome non-codant sont aussi importants que ceux se trouvant dans la partie codante du génome. Analyser les facteurs génétiques dans l'ensemble de notre génome, et pas uniquement dans la partie codante comme c'était le cas jusqu'à présent, nous offre une compréhension beaucoup plus complète de ces facteurs », explique Halit Ongen, premier auteur de cette étude. « Cette méthode inédite d'analyse des origines génétiques du cancer colorectal pourra servir à la compréhension du développement d'autres cancers, » souligne le professeur Dermitzakis.

contact

Halit Ongen

halit.ongen@unige.ch

Emmanouil Dermitzakis

emmanouil.dermitzakis@unige.ch

UNIVERSITÉ DE GENÈVE
Service de communication

24 rue du Général-Dufour
CH-1211 Genève 4

Tél. 022 379 77 17
media@unige.ch
www.unige.ch