



UNIVERSITÉ
DE GENÈVE

COMMUNIQUÉ DE PRESSE

Genève | 4 mars 2016

ATTENTION: sous embargo jusqu'au 7 mars, 17h, heure locale

CANCER DE LA PEAU: À CHAQUE TUMEUR SES PARTICULARITÉS, À CHAQUE TUMEUR SON TRAITEMENT



Le cancer de la peau, nommé **carcinome basocellulaire (CBC)**, est l'un des cancers les plus répandus. 90% de la population risque de le développer un jour, notamment à cause du vieillissement de la population et de l'exposition aux rayons solaires ultra-violet. Bien que courant, ce cancer restait peu étudié. C'est aujourd'hui chose faite. Des chercheurs de l'Université de Genève (UNIGE) ont séquencé l'ADN de ces tumeurs de la peau, afin de les comparer à des tissus sains et déterminer les gènes responsables des mutations cancéreuses. Ils ont ainsi mis au jour de nouveaux gènes cancérogènes provoquant le CBC, ouvrant la voie à des traitements personnalisés à chaque tumeur. Une découverte à lire dans la revue *Nature Genetics*.

Le cancer est dû à des modifications de l'ADN d'une cellule qui entraînent une prolifération incontrôlée de celle-ci. C'est pourquoi les scientifiques utilisent de plus en plus largement le séquençage de l'ADN des tumeurs pour découvrir quelles mutations génétiques provoquent quels cancers. Sergey Nikolaev, généticien à la Faculté de médecine de l'UNIGE, s'est penché sur le cas du carcinome basocellulaire (CBC). L'objectif était de séquencer le génome des cellules tumorales et de comparer leur profil génétique à celui des cellules saines du patient, afin de déterminer les gènes responsables du développement du cancer. Pour ce faire, 293 tumeurs de 236 patients de tout âge ont été étudiées.

De nouveaux gènes cancérogènes découverts

« Nous savions déjà que l'un des responsables du cancer de la peau était la protéine appelée Sonic Hedgehog (SHh). Ce que par contre nous ignorions, c'est que le CBC est le champion des mutations incontrôlées. En effet, en plus du SHh, de nombreux autres gènes peuvent causer ce cancer de la peau, ce qui complique évidemment la manière de le traiter », explique le professeur Stylianos Antonarakis, responsable du laboratoire qui a mené cette étude. Ainsi, ils ont identifié trois gènes, MYCN, PTPN14 et LATS1, comme jouant également un rôle important dans le développement du CBC. Ces résultats expliquent pourquoi les personnes souffrant du syndrome de Gorlin, qui justement affecte ces trois gènes, ont une prédisposition particulière à développer ce cancer dès leur plus jeune âge.

Exemples de carcinomes basocellulaires (CBC).

© Sergey Nikolaev, UNIGE

Mais comment les chercheurs de l'UNIGE ont-ils pu identifier ces mutations génétiques ? « Nous avons mis au point un logiciel d'analyses statistiques qui nous a permis de localiser, au milieu du millier de mutations que l'on trouve lors du séquençage de l'ADN, quels gènes étaient responsables du développement d'un cancer de la peau », répond Sergey Nikolaev. « Nous les avons ensuite testés sur des protéines génétiquement modifiées, puis en effectuant une observation sur des tissus, et enfin en modélisant une molécule saine et une molécule atteinte, afin d'apporter la preuve que ces gènes étaient bel et bien liés au développement du CBC », ajoute-t-il. Ce travail a été rendu possible grâce aux collaborations avec l'Ecole de médecine de l'Université de New York, le Département de biochimie de l'Université de Würzburg (Allemagne) et le Département d'oncologie de l'Université de Lausanne.

Un traitement personnalisé au service du patient

Chaque tumeur possède donc ses particularités, car elle découle de mutations génétiques variant en fonction des gènes impliqués. Ainsi, à tumeur unique, traitement unique. « Nous suggérons de séquencer à chaque fois l'ADN sain du patient et celui de sa tumeur, afin de savoir quels gènes sont responsables du développement du cancer », explique Nikolaev. En effet, ce diagnostic précis permettrait d'améliorer la prise en charge du patient. « Les cellules, à cause des mutations de leurs gènes, réagissent de manière différente au traitement. Certaines développent une résistance face à une sorte de médicament, qui n'a dès lors aucun effet. Les mutations détectées seraient ainsi associées au traitement qui permettrait les meilleurs résultats », ajoute Antonarakis. Encore marginal en médecine clinique, le séquençage des tumeurs est en passe de s'inscrire progressivement dans les mœurs, prenant ainsi en compte les particularités des personnes malades. « Le Département de médecine génétique des Hôpitaux universitaires de Genève a toutes les infrastructures nécessaires pour mener ces développements à bien », conclut Antonarakis.

contact

Sergey Nikolaev

022 379 56 95

Sergey.Nikolaev@unige.ch

Stylinaos Antonarakis

022 379 57 08

Stylianios.Antonarakis@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