

Grand décryptage génétique des cancers de l'enfant

Par [damien Mascret](#) - le 29/05/2012

Les chercheurs mettent leurs données en commun pour accélérer la recherche.

Le génome complet de 260 enfants atteints de cancer ainsi que celui de leur tumeur vient d'être mis à disposition des chercheurs du monde entier par le St. Jude Children's Research Hospital, l'un des plus grands centres spécialisés américain, qui a lancé un vaste projet avec l'université de Washington. «On est en train de décortiquer chacune des tumeurs de l'enfant», s'enthousiasme le Pr Gilles Vassal, pédiatre oncologue, directeur de la recherche clinique à l'Institut Gustave-Roussy (IGR, Villejuif), «ce travail apporte des informations sur ce que sont les tumeurs et les altérations qui les caractérisent. On va pouvoir identifier leur talon d'Achille».

Car l'intérêt d'identifier une mutation particulière est de permettre, potentiellement, un traitement ciblé sur l'altération. D'ailleurs la France s'est dotée depuis 2006 de 28 plates-formes hospitalières de génétiques moléculaires qui dans certains cancers ont systématisé la démarche. On a alors plus de chance de donner au patient une chimiothérapie efficace pour son type de cancer et on évite, en outre, d'administrer le traitement à d'autres patients, pour qui il serait inutile. Malheureusement, il existe de nombreuses mutations possibles. Or, lorsqu'elles sont rares, le seul moyen de les repérer est de mettre en commun un maximum de données. Ce que viennent justement de faire les chercheurs du St. Jude: «Seulement 350 gènes du cancer sur un total supposé d'environ 2 000 ont été identifiés, souligne-t-il, et les causes génétiques de bien des cancers demeurent donc inaccessibles.»



«Les causes génétiques de bien des cancers demeurent inaccessibles», explique le Pr Gilles Vassal.

Cibler les cellules agressives

Grâce aux outils perfectionnés développés ces dernières années, les chercheurs ont cependant considérablement accéléré leur travail: «Depuis 3 ans, la nouvelle génération de machines permet de séquencer l'intégralité du génome au lieu d'être restreint à 1 ou 2 % de celui-ci, ce qui permet de découvrir des mutations dans des parties inattendues du génome», explique le Pr Daniel Gautheret, chef de l'unité bio-informatique de l'IGR. À Gustave-Roussy, on recherche d'ailleurs toutes les mutations pour lesquelles il existe des traitements lorsque des patients sont en situation d'échec thérapeutique.

Pour le Pr Vassal, le travail du St. Jude a le mérite d'être centré sur les cancers de l'enfant: «Les enfants ont des tumeurs et des mutations différentes de celles de l'adulte.» On compte chaque année environ 2500 nouveaux cas en France. Les cancers les plus fréquents sont les leucémies (29 %), les cancers du cerveau (23 %) et les lymphomes (12 %) selon le Bulletin épidémiologique hebdomadaire du 28 décembre 2010.

Autre avantage du séquençage à haut débit qui révolutionne la génétique des cancers, mieux comprendre l'agressivité de certains cancers, relève le Pr Gautheret: «Même pour un seul patient, on trouve à l'intérieur d'une tumeur des cellules ayant un patrimoine génétique sans danger et d'autres qui, même si elles ne représentent qu'un petit pourcentage de la tumeur, confère au cancer sa résistance au traitement et sa capacité à former des métastases.» Il devient alors particulièrement intéressant de cibler spécifiquement ces cellules agressives. «Tous les cancérologues rêveraient d'avoir le génome de chacun de leurs patients», conclut le Pr Gautheret.

LIRE AUSSI :

- » [Une encyclopédie génétique du cancer](#)
- » [La mortalité par cancer devrait diminuer en 2012](#)
- » [Comment diagnostiquer un cancer](#)

[damien Mascret](#)

VIGIZSM\$PE\$R I | WP1XXIV

W\$R\$W\$V\$V\$W\$I\$E\$Y\$J\$M\$K\$E\$V\$S\$M\$E\$R\$X\$Ø

V\$Ø\$E\$K\$M\$W\$S\$ \$S\$IX\$E\$V\$X\$M\$G\$P\$I\$S

Commentaires