



OFFICE OF SPONSORED RESEARCH



Signature innovante de biomarqueurs en tant que prédicteur de l'issue du cancer du sein

Vue d'ensemble

L'Université McGill est à la recherche d'une entreprise souhaitant développer la signature d'expression CUX1 (C1S) pour en faire un essai clinique servant à diagnostiquer le cancer du sein. L'une des difficultés présentées par le cancer du sein, c'est l'hétérogénéité de la maladie. Certains répondent à des traitements spécifiques et d'autres pas, alors qu'environ 50 % n'aurait besoin d'aucun autre traitement que l'ablation chirurgicale de la tumeur. Il faut prendre une décision correcte dans chaque cas, car les traitements sont associés à des effets indésirables à court et long terme. Les méthodes actuelles de diagnostic ne peuvent discerner les cas nécessitant une thérapie agressive de ceux qui peuvent s'en passer. La signature de 29 gènes est capable d'identifier les personnes à haut risque nécessitant un traitement agressif par rapport à la population exposée à un faible risque.

Applications

Expression de gènes multiples dans des trousse de diagnostic et de pronostic *in vitro*.

Avantages

- ❖ L'utilisation clinique ne nécessiterait aucune modification des procédures hospitalières (échantillons tumoraux fixés au formol et inclus en paraffine [FFPE]). L'épreuve PCR C1S ne nécessiterait que ~ 2-3 sections de plus pour l'isolement d'ARN.
- ❖ Les informations pronostiques dérivées de l'épreuve C1S sont indépendantes des marqueurs pronostiques actuels (grade de la tumeur, envahissement ganglionnaire, statut ER et HER2, sous-types) et plus précises que celles provenant des prédicteurs cliniques actuels (MammaPrint® et Oncotype DX®).
- ❖ Les cliniciens pourront mieux stratifier les patients en vue d'un traitement adjuvant systémique, réduire la morbidité et diminuer les coûts superflus associés au sur-traitement et la mortalité liée au sous-traitement.
- ❖ Les gènes de signature sont impliqués dans la réplication de l'ADN et la mitose (deux processus communs aux cellules cancéreuses de tous les types de tissus).
- ❖ Cette signature est prédictive des résultats chez les personnes considérées à risque (ayant des résultats positifs relativement aux ganglions lymphatiques et à HER2 [LN+ / HER2+]) et les personnes à risque moindre, (celles ayant des résultats positifs sur les récepteurs d'œstrogènes et négatifs sur les ganglions lymphatiques [ER+ / LN-]).
- ❖ Potentiel de prédiction d'une réponse au traitement des programmes de chimiothérapie qui incluent des agents microtubulaires
- ❖ Le nombre limité de gènes (29) signifie qu'on peut faire un test RT-PCR sur les tissus tumoraux FFPE.

Technologie

En utilisant des souris transgéniques CUX1 et des systèmes cellulaires qui examinent la réplication de l'ADN et l'instabilité génomique, le Dr Nepveu et ses co-inventeurs ont identifié une signature de 29 gènes. Cette signature sert à identifier les patients atteints de cancer du sein avec un risque élevé de récurrence ou d'issue médiocre ou défavorable. Les gènes dans cette série sont impliqués dans l'une des deux fonctions suivantes : réplication de l'ADN ou point de contrôle d'assemblage du fuseau. Ce sont des cibles de la transcription du facteur de transcription à homéodomaine CUX1.

Informations

Olivia Novac, Ph.D.

olivia.novac@mcgill.ca

Code de référence : 08082