

Patrick Brest

Chercheur INSERM, Equipe Hofman (Team3), IRCAN, Faculté de Médecine, Nice

Titre

Analyses multi-niveaux (génomique, transcriptomique, protéomique): Outil d'aide à la décision thérapeutique en médecine personnalisée pour une meilleure prise en charge du cancer du poumon

Résumé

Le cancer du poumon est la première cause de mortalité par cancer en France et dans le monde. Aujourd'hui, en France, la survie à cinq ans après un diagnostic de cancer du poumon est de 14 % (13 % chez les hommes, 18 % chez les femmes). La médecine personnalisée est désormais l'approche privilégiée pour les cancers du poumon à un stade avancé et métastatique, avec notamment l'apparition de nouvelles stratégies telle que l'immunothérapie qui fait appel à notre système immunitaire pour lutter contre le cancer. Au sein de notre équipe qui regroupe tous les acteurs de la santé (des chercheurs fondamentaux aux chercheurs cliniciens), nous étudions principalement les signatures prédictives de l'évolution de ces cancers. Pour cela, nous avons à notre disposition d'énorme quantité de données OMICS (génomique, transcriptomique, protéomique), mais leur exploitation reste difficile. L'objectif de cette réunion est de fédérer nos compétences pour fournir au biologiste et au clinicien des algorithmes lui permettant

*Au niveau fondamental : Modélisation prédictive de la réponse aux drogues. Certains processus (Apoptose, Autophagie,...) semblent fondamentaux dans les réponses cellulaires aux chimiothérapies. A l'aide de rapporteurs protéiques, nous sommes capables d'observer certaines réponses cellulaires en temps réel au niveau de la cellule unique afin d'extraire un grand nombre de données dynamiques. A partir de ces données, nous utilisons des modèles mathématiques de voies de signalisation cellulaires pour prédire le devenir des cellules cancéreuses et chercher des cibles moléculaires.

* Au niveau clinique : a) En analyse en composantes multiples, chaque patient sera, outre le tableau clinique, associé à un nombre important de données (génomique, transcriptomique et protéomique) dans un futur proche. Le but de notre étude serait de déterminer si une analyse multiple multi-niveaux pourrait être envisagée permettant la liaison de l'ensemble de la variabilité individuelle au transcriptome, au protéome, et idéalement qui pourraient être associées à une mauvaise survie. b) En transcriptomique, une signature correspond finalement à une somme de sous-composantes cellulaires. Le but de notre étude serait de déterminer s'il est possible à partir de cette signature de « déconvoluer » le signal en ces sous composantes cellulaires afin de définir si leur proportion respectives pourraient être un signe prédictif de l'évolution cancer du poumon et d'autres cancers. En conclusion, l'enjeu est de hiérarchiser les signatures moléculaires clés du développement tumoral pour prédire les résistances et les rechutes pour une prise en charge plus précoce et plus efficace des patients.

Séminaire du Vendredi 5 Septembre 2014