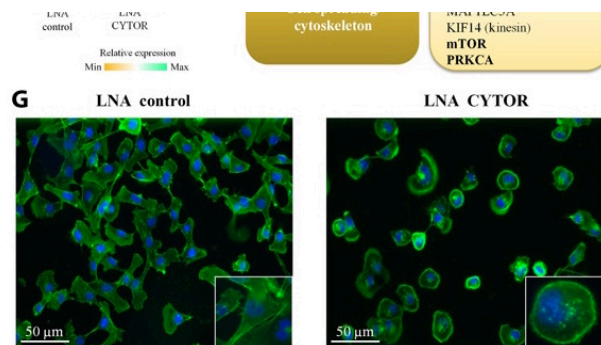
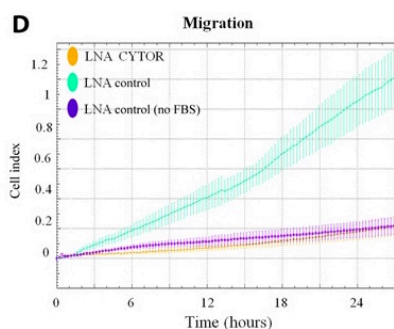
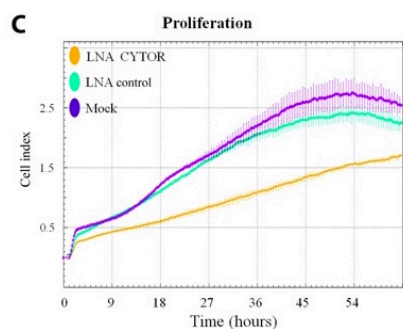


CANCER DU SEIN: LES « POUBELLES » DU GÉNOME LIVRENT LEURS SECRETS

Publié le 5 septembre 2016



Plus de deux cents ARNs non codants, présents en nombre chez les patientes souffrant d'un cancer du sein, ont été identifiés par les chercheurs du Centre de recherche contre le cancer (U-CRC) de l'Université Libre de Bruxelles (ULB). [Ils ont pu mettre ces ARNs en évidence](#) en étudiant des tissus mammaires provenant d'un millier de femmes.

Collaboration entre épigénéticiens, cliniciens et bio-informaticiens

Le cancer du sein n'est pas monolithique. De nombreux sous-types du cancer du sein ont déjà été identifiés. On ne parle donc plus d'un cancer du sein, mais « des » cancers du sein.

Résultats: des thérapies particulières et adaptées à ces différents sous-types sont désormais proposées aux patientes. C'est dans ce cadre que s'inscrivent les travaux du Pr François Fuks, spécialiste de l'épigénétique du cancer et directeur de l'ULB-Cancer Research Center. Pour améliorer davantage le diagnostic et personnaliser le traitement du cancer, les 215 ARNs non codants identifiés par l'équipe du Pr Fuks, avec le concours du Pr Christos Sotiriou de l'Institut Bordet (et Prix Quinquennal du F.R.S.-FNRS) et du groupe de bio-informaticiens de l'ULB vont s'avérer très utiles.

Bien que la règle communément admise en biologie soit que notre génome, notre ADN, est transcrit en ARN, qui est lui-même traduit en protéines, les récentes études ont mis en évidence l'existence de nombreux ARNs qui ne codent pas pour des protéines: ce sont les fameux « ARNs non codants » ou « lncRNAs ».

Initialement considérés comme un produit résiduel et non fonctionnel de l'expression du génome, ces longs ARNs non codants (appelés jadis et à tort « ARN poubelles ») sont maintenant reconnus comme des acteurs primordiaux dans le développement normal et pathologique.

Le voile se lève peu à peu sur le mystère des « non- codants »

Les ARNs non codants restent dans leur grande majorité mystérieux aux yeux des chercheurs. L'action de l'un d'eux a cependant déjà pu être mis en évidence lors de précédentes études. Il agit comme un inhibiteur de l'expression de gènes « suppresseur de tumeur ». En d'autres termes, il empêche un gène luttant contre la tumeur de faire son travail. La maladie a donc le champ libre pour se développer.

C'est dans ce contexte que les travaux des scientifiques de l'ULB se situent aujourd'hui. L'équipe a identifié 215 lncRNA exprimés de manière aberrante dans les tumeurs mammaires. Ils ont également mis en évidence l'implication des lncRNA dans différentes voies de signalisation moléculaire dérégulées dans le cancer.

Une utilité diagnostique, thérapeutique et pronostique

En outre, ils ont découvert que de nombreux lncRNAs peuvent servir de marqueurs pronostics de l'évolution du cancer et apportent des informations additionnelles et complémentaires aux marqueurs déjà connus.

En démontrant l'importance biologique des lncRNAs dans le développement des tumeurs mammaires, cette découverte laisse entrevoir la mise en lumière de nouveaux mécanismes par lesquels ces ARNs particuliers, qui ne codent pas pour des protéines, contribuent au processus de cancérogenèse.

Dans son ensemble cette étude, financée par le Télévie, le FNRS et par la Région Wallonne, ouvre une nouvelle approche thérapeutique en visant directement les lncRNA dérégulés, et pourrait donc mener à des thérapies plus ciblées et plus efficaces.