découverte quasi-exhaustive des altérations génétiques à l'origine du cancer du sein

publié le 04.05.16 |par gilles camus

une étude internationale a analysé le génome entier de 560 cancers du sein et dressé une liste quasi exhaustive des mutations à l'origine de cette maladie. cette approche permet d'envisager de comprendre en totalité les causes génétiques du cancer du sein et, à terme, d'améliorer la prise en charge des malades.

le cancer du sein est de loin le cancer le plus fréquent chez la femme avec une prévision de 54 062 nouveaux cas en france en 2015, soit 31,1 % de tous les nouveaux cas de cancers chez la femme.

même si ce type de cancer possède l'un des meilleurs taux de guérison parmi tous les cancers (environ 80 %), le nombre important de personnes touchées explique que le cancer du sein soit responsable du plus grand nombre de décès par cancer chez la femme avec 11 913 décès prévus en france en 2015 [1], soit 18,2 % du total des décès par cancer (source : *les cancers en france – édition 2015* publié par l'institut national du cancer).

dans ce cadre, une étude internationale a réalisé le séquençage total du génome de 560 cancers du sein, permettant d'avoir une liste pratiquement exhaustive des anomalies génétiques retrouvées dans ce type de cancer (*landscape of somatic mutations in 560 breast cancer whole-genome sequences*, publié dans la revue *nature*). cette large étude, coordonnée par l'institut national du cancer pour la france, permet d'envisager de comprendre la génétique complète de la survenue du cancer du sein, avec bien évidemment des perspectives positives en termes de prise en charge de ce type de cancer. elle étude révèle ainsi que 93 gènes mutés (31 dominants, 60 récessifs, 2 incertains) sont impliqués dans la survenue du cancer du sein.

il est possible, et même probable, qu'il puisse encore rester à découvrir l'implication de quelques autres gènes, mais qui ont sans doute un rôle mineur. si cette étude a bien entendu retrouvé de nombreuses mutations déjà connues, elle en a également trouvé de nouvelles (12 substitutions de bases, 6 réarrangements). évidemment, certaines mutations sont beaucoup plus fréquentes que d'autres, et les 10 gènes mutés les plus fréquents sont retrouvés dans plus de la moitié des cancers du sein.

cette avancée majeure, permise par les techniques de séquençage à haut débit, devrait permettre à terme d'améliorer la prédiction, mais aussi la prise en charge des malades, en proposant de nouvelles voies thérapeutiques, mais également une individualisation encore plus poussée de cette prise en charge.

et l'histoire est loin d'être terminée. les auteurs proposent déjà certaines pistes de recherches visant à toujours mieux connaître l'origine génétique de cette maladie, comme mieux investiguer le rôle des virus et autres microbes, ou identifier les mutations des parties non-codantes de l'adn impliquées dans le cancer du sein.

CRÉDITS

AUTEUR(S)/AUTRICE(S)

gilles camus

professeur agrégé de svt. il a été le responsable éditorial du site planet-vie de 2004 à 2016.

LICENCE DU TEXTE DE L'ARTICLE



notes

1 **pour des données plus récentes voir le panorama des cancers en france - edition 2024**