



Un autre projet mis de l'avant par **GenomeCanada**

Mise au point et validation de micropuces d'hybridation génomique comparative (CGH) en vue de leur utilisation clinique pour le cancer

État	Actuel
Concours	Concours en recherche appliquée en santé humaine
Secteur	Santé
Centre de génomique	Génomique Colombie-Britannique
Directeur de projet	Douglas Horsman et Wan Lam

Résumé du projet

Gérer le cancer par la détection des changements génétiques

Le cancer chez les humains découle de changements acquis dans notre ADN, qui peut être endommagé au fil du temps. Souvent, ces dommages sont réparés ou la cellule affectée ne peut plus se diviser par suite d'un processus structuré appelé « mort cellulaire ». Cependant, certains types de dommages de l'ADN permettent que des cellules endommagées continuent à vivre et à proliférer—et ces cellules génétiquement endommagées finissent par causer le cancer, qui entraîne une croissance cellulaire incontrôlée et l'invasion d'autres sites du corps.

La recherche sur le cancer est actuellement axée sur la détection des changements génétiques liés à l'apparition et la progression du cancer. De nouvelles technologies, mises au point à la suite du projet du génome humain, permettent aux chercheurs d'examiner des milliers de gènes à la fois pour déterminer les altérations qui peuvent être liées au cancer. « Ces altérations génétiques peuvent être très spécifiques dans le cas de certains types de cancer, explique le Dr Douglas Horsman du B.C. Cancer Agency. Nous les utilisons pour faciliter le diagnostic du cancer, déterminer si un cancer est bénin ou malin, et comprendre si le malade réagira à certains types de thérapie. Dans l'avenir, l'évolution de ces technologies mènera à la mise au point de thérapies géniques contre le cancer. »

Dirigé par les Drs Horsman et Wan Lam, le projet Mise au point et validation de micropuces d'hybridation génomique comparative (CGH) en vue de leur utilisation clinique pour le cancer vise à élaborer et à évaluer une nouvelle technologie appelée hybridation génomique comparative à l'aide de micropuces de tout le génome (aCGH). Cette technologie permet aux chercheurs sur le cancer d'analyser tout l'ADN de cellules cancéreuses afin d'identifier des sites où il peut y avoir un changement de la quantité d'ADN. Les régions de l'ADN où l'on constate un gain ou une perte anormale peuvent indiquer l'emplacement de gènes responsables de l'apparition ou de la progression du cancer. Le projet comprendra une collaboration entre le BC Cancer Research Centre, le BC Cancer Agency et d'autres centres de recherche sur le cancer d'Edmonton et de Toronto.

« Cette technique découle d'un procédé novateur basé sur le génome dans le cadre duquel on applique de petits fragments d'ADN qui représentent tout le génome humain sur des lamelles de microscope au moyen d'une imprimante spéciale, puis des teintures qui émettent une lumière colorée, afin d'identifier les séquences d'ADN complémentaire provenant de spécimens cancéreux, explique le Dr Horsman. À l'aide de caméras spéciales, l'intensité de la lumière colorée émise par chaque point sur la lamelle indique s'il y a gain ou perte d'ADN dans les cellules tumorales. » À l'aide de programmes informatiques, les chercheurs comparent ensuite les identités des fragments altérés avec la séquence du génome humain pour déterminer quels gènes se trouvent dans ces fragments.

Jusqu'à maintenant, le prototype de la technologie CGH pangénomique (appelée micropuce SMRT) a été développé au BC Cancer Research Center et au Genome Sciences Centre, grâce au soutien permanent de Genome Canada qui a investi dans le projet intitulé « Génomique du cancer : approche multidisciplinaire à haut rendement visant l'identification des gènes impliqués dans les premiers stades du cancer ». Dans la poursuite des travaux, l'équipe du projet élaborera et validera maintenant la technologie aCGH aux fins de recherche et d'application clinique courante. La technologie aCGH pangénomique intégrera d'autres techniques de recherche actuellement en cours d'élaboration qui, en bout de ligne, transformeront l'investigation et la gestion des patients atteints de cancer. Dans un proche avenir, la technologie permettra d'utiliser la technologie à haute résolution, partiellement automatisée et à prix concurrentiel pour l'évaluation des changements du nombre de copies d'ADN dans le cancer.