

A02 : Analyse bio-informatique des gènes différentiellement exprimés dans le cancer du sein de la femme jeune

Titre

Français : Analyse bio-informatique des gènes différentiellement exprimés dans le cancer du sein de la femme jeune
Anglais : Bioinformatics analysis of differentially expressed genes in young women with breast cancer

Auteurs

Rania Prya Muthusamy Rengasamy (1), Mohcine Bennani Mechita (2), Naima Ghailani Nourouti (2), Amina Barakat (2), Joaira Bakkach (3) (1) , Faculté des sciences et techniques de Tanger, Boulevard Abi Hassan chadili, immeuble el boughaz 2, N 39 ,Tanger, 90200, Tanger, Maroc (2) , Faculté des sciences et techniques de Tanger, Faculté des sciences et techniques, BP Tanger, 90000, Tanger, Maroc (3) , Institut Supérieur des Professions Infirmières et Techniques de Santé Annexe el Hoceima, Hopital mohamed 5 , 32000, El Hoceima , Maroc

Responsable de la présentation

Nom : Muthusamy Rengasamy
Prénom : Rania Prya
Adresse professionnelle : raniaprya.muthusamyrengasamy@etu.uae.ac.ma
Code postal : 90200
Ville : Tanger
Pays : Maroc
Newsletter : 1
Inscription PJS : 1

Mots clés

Français : Cancer du sein,femme jeune,Analyse bioinformatique
Anglais : Breast cancer-young women-Bioinformatics analysis

Spécialité

Principale : Génétique

Texte

Contexte :

Au-delà des gènes BRCA1/2, les facteurs génétiques contribuant à la biologie du cancer du sein de la femme jeune sont encore mal connus (1).

Objectifs :

Notre étude vise à identifier les gènes différentiellement exprimés dans le cancer du sein chez les femmes jeunes ≤ 49 ans et à prédire les interactions protéine-protéine et déterminer les voies de signalisation fonctionnelles de ces gènes à l'aide d'une analyse bio-informatique.

Méthodes :

Les datasets GSE30682, GSE29044 et GSE20624, sont analysées par GEO2R, afin d'identifier les gènes différentiellement exprimés.

Résultats :

Un total de 1213, 3691 et 3745 gènes différentiellement exprimés a été identifié respectivement en fonction de la valeur p dont la valeur $p \leq 0.05$. L'analyse des gènes communs entre ces trois datasets par le diagramme de Venn a démontré un nombre de 15 gènes significatifs potentiellement impliqués dans le développement du cancer du sein chez les femmes jeunes ≤ 49 ans. Ces gènes sont ACBD3, SAMM50, CREB1, TBL1XR1, TMEM135, PTPN12, PBRM1, CRK, EEF1D, VSNL1, ANKRD11, LTBP1, RERE, AGBL5 et NFIB. L'ontologie des gènes par ShinyGO a démontré deux gènes CREB1 et CRK qui interviennent dans la réponse cellulaire au stimulus du facteur de croissance analogue à l'insuline IGF. Les gènes LTBP1 et CREB1 interviennent dans la régulation de transformer la production du facteur de croissance bêta et un troisième gène CRK intervient dans la réponse cellulaire au stimulus du facteur de croissance transformant. Parmi les 15 gènes significatifs, 9 gènes ont été impliqués dans la construction d'un réseau d'interaction protéine-protéine. La plupart des gènes régulés négativement ont la connectivité avec ceux régulés positivement. Deux réseaux ont été construits. Il existe une interaction critique entre ces gènes, qui sont impliqués dans le processus biologique en intervenant dans la réponse cellulaire au stimulus du facteur de croissance.

Discussion :

PTPN12 est suppresseur de tumeur dans le cancer du sein triple négatif. Son inactivation entraîne une hyperactivité et une transformation cellulaire

de HER2/EGFR dans les cancers du sein HER2 négatifs. Dans notre étude, PTPN12 est impliqué dans la régulation de la signalisation comme l'une des fonctions biologiques significativement enrichies dans l'ontologie des gènes et ainsi que dans la réponse cellulaire au stimulus du facteur de croissance en interaction avec le proto-oncogène CRK. Des études ont démontré que CRK, est surexprimé dans les tumeurs mammaires, dans le contrôle de la croissance tumorale et de la colonisation métastatique dans le cancer triple négatif (2). Par contre dans notre étude, CRK est régulé négativement dans le cancer du sein chez les femmes jeunes ainsi que ce gène CRK et CREB1 interviennent dans la réponse cellulaire au stimulus du facteur de croissance analogue à l'insuline IGF.

Conclusion :

Les gènes identifiés dans notre étude pourraient servir de cibles potentielles pour le cancer du sein de la femme jeune. D'autres travaux sont nécessaires afin de confirmer nos données.

Références bibliographiques :

- (1) Jara L, Morales S, Mayo T D, et al. (2017). Mutations in BRCA1, BRCA2 and other breast and ovarian cancer susceptibility genes in Central and South American populations. *Biological research*, 50 :
- (2) Kumar S, Davra V, Obr E, et al. (2018). Crk adaptor protein promotes PD-L1 expression, EMT and immune evasion in a murine model of triple-negative breast cancer. *Oncoimmunology*, 7 :