





MP O. Bylicki Service de Pneumologie HIA PERCY, Clamart





Conflits d'intérêt

Contrat Expert : MSD

Congrès: MSD, Lilly, BMS



Mais aucun avec le sujet d'aujourd'hui



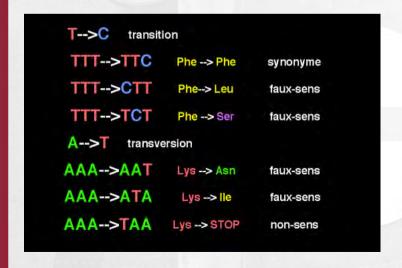


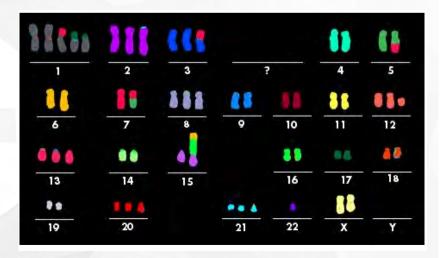
Introduction

Le cancer est une maladie génétique

- Remaniements chromosomiques (translocation, polysomie)
- Mutations (EGFR, PTEN, P53,...)











Introduction

Les anomalies peuvent être:

→ Acquise (somatique)

N'était pas présente initialement dans le génome de la cellule Peut être à l'origine d'un clone cellulaire porteur de cette mutation

N'est pas transmissible à la descendance

→ Constitutionnelle (germinale)

présente dans toutes les cellules somatiques de l'individu et dans ses cellules germinales

est transmissible à la descendance



Environ **5-10% des cancers** se développent dans un contexte de prédisposition génétique





Prédisposition génétique au cancer



- → Un facteur héréditaire est soupçonné devant une agrégation familiale de cancers :
 - → le plus souvent d'apparition précoce,
 - → multifocale,
 - → une bilatéralité des atteintes
 - → ou l'existence de tumeurs primitives multiples chez un même sujet de manière synchrone
 - → ou successive sur une période plus ou moins grande.
- → Cette situation clinique ne concerne en fait que les pathologies ayant un mode de transmission mendélien (dominant ou récessif).



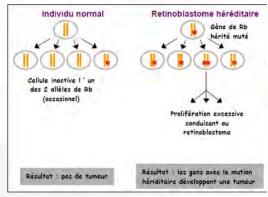


Prédisposition génétique au cancer

 Cancers rares et syndromes héréditaires se transmettant selon les lois de Mendel (ex : Rétinoblastome et gène Rb1)

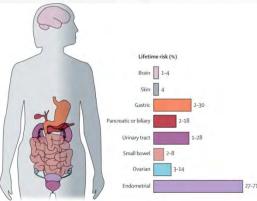






 Agrégations familiales de tumeurs communes (Ex : Syndrome HNPCC)







Prédisposition génétique au cancer



- Syndromes avec anomalies de structure ou de nombre de chromosomes (ex: le cancer du sein et le syndrome de Klinefelter)
- Susceptibilité génétique au cancer en l'absence d'agrégation familiale évidente





Tableau INCA des principales prédispositions et des gènes

associés.





Tableau 1. Principales prédispositions génétiques et principaux gènes associés (source INCA [11]).

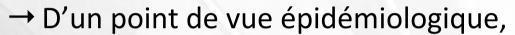


MINISTÈRE DE LA DÉFENSE



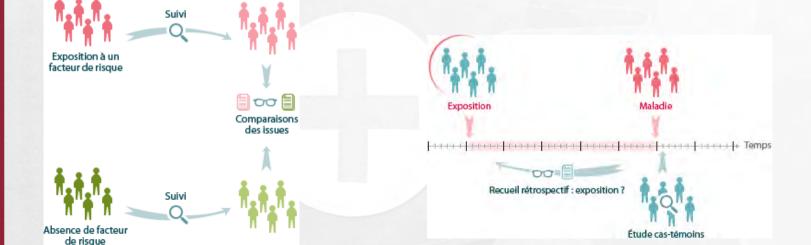
notre combat

Quels arguments pour une susceptibilité génétique aux cancers bronchiques



- 2 type d'études peuvent répondre à cette questions.
- → Un antécédent familial de cancer bronchique (parents au 1 degré) augmente le risque de cancer du poumon indépendamment du statut tabagique



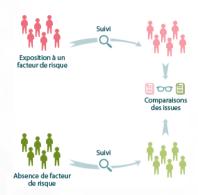














- Etude de Nitadori et Al. <u>HR de 1.95</u> (Cl95% 1.31-2.88) Cohorte de 102 255 personnes d'origine japonaise suivi pendant 13 ans

Table 2—Prevalence of Lung Cancer According to Family History of Lung Cancer and Overall Cancer in First-Degree Relatives (Parents and Siblings)*

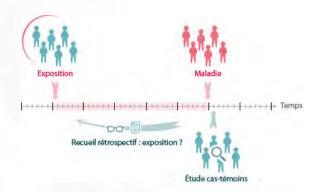
		Family	History of	Lung Cance	er		Family History of All Cancers						
	Parents or	Siblings	Par	Parents		Siblings		Parents or Siblings		Parents		Siblings	
Variables	No	Yes	No	Yes	No	Yes	No	Yes	No	Yes	No	Yes	
Person-years	1,094,533	22,199	1,099,152	17,580	1,111,918	4,814	880,040	236,691	926,973	189,759	1,047,294	69,438	
No. of cases	765	26	774	7	781	10	607	184	658	133	719	72	
HR	1.00	1.95	1.00	1 79	1.00	2.37	1.00	1.12	1.00	1.08	1.00	1.16	
95% CI	(Ref)	1.31-2.88	(Ref)	1.1(-2.89	(Ref)	1.27-4.43	(Ref)	0.95 – 1.33	(Ref)	0.89-1.30	(Ref)	0.91–1.48	
Gender Men													
No. of cases	568	16	572	12	579	5	447	137	483	101	533	51	
HR	1.00	1.69	1.00	1.79	1.00	1.64	1.00	1.13	1.00	1.11	1.00	1.10	
95% CI	(Ref)	1.03-2.78	(Ref)	1.01-3.17	(Ref)	0.68-3.96	(Ref)	0.93 - 1.37	(Ref)	0.89-1.38	(Ref)	0.82-1.47	
Women													
No. of cases	197	10	202	5	202	5	160	47	175	32	186	21	
HR	1.00	2.65	1.00	1.82	1.00	4.40	1.00	1.10	1.00	0.99	1.00	1.32	
95% CI	(Ref)	1.40-5.01	(Ref)	0.75 - 4.43	(Ref)	1.81-10.7	(Ref)	0.79 - 1.54	(Ref)	0.67 - 1.45	(Ref)	0.84-2.09	



MINISTÈRE DE LA DÉFENSE



Etudes cas/témoins





Etude de Cote et Al. <u>HR à 1.51</u> (IC95% : 1.39 – 1.63)

Analyse de 24 études de l'*International Lung Consortium*

24380 cas 23399 temoins









MINISTÈRE DE LA DÉFENSI

Etudes cas/témoins

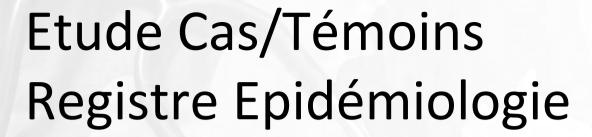
Table 3
The association between family history of lung cancer and lung cancer, by relative type.

	Family history of lung cancer in 1st degree relative	Family history of lung cancer in father	Family history of lung cancer in mother	Family history of lung cancer in sibling
	OR (95% confidence interval)	OR (95% CI)	OR (95% CI)	OR (95% CI)
Overall	1.51 (1.39, 1.63)	1.25 (1.13, 1.39)	1.37 (1.17, 1.61)	1.82 (1.62, 2.05)
Proband gender				
Male	1.53 (1.37, 1.70)	1.23 (1.06, 1.43)	1.32 (1.05, 1.66)	2.07 (1.76, 2.45)
Female	1.48 (1.33, 1.65)	1.27 (1.09, 1.48)	1.43 (1.15, 1.77)	1.59 (1.35, 1.87)
Proband ethnicity				
White	1.46 (1.34, 1.58)	1.19 (1.07, 1.34)	1.37 (1.16, 1.62)	1.77 (1.56, 2.00)
Black/African	1.67 (1.16, 2.40)	1.48 (0.87, 2.54)	1.13 (0.55, 2.30)	2.07 (1.19, 3.60)
American				
Asian	2.38(1.50, 3.82)	2.82(1.54, 5.70)	0.97(0.39, 2.38)	4.35(1.83, 10.34)
Proband histology				
Small cell carcinoma	1.51 (1.33, 1.70)	1.33 (1.13, 1.57)	1.31 (1.00, 1.73)	1.63 (1.36, 1.95)
Non-small cell	1.58 (1.44, 1.73)	1.40 (1.23, 1.59)	1.28 (1.07, 1.54)	1.77 (1.55, 2.02)
carcinoma				
Squamous cell	1.54 (1.39, 1.72)	1.32 (1.14, 1.53)	1.16 (0.91, 1.49)	1.85 (1.59, 2.16)
carcinoma				
Large cell	1.81(1.60, 2.06)	1.55(1.30, 1.92)	1.58(1.25, 2.10)	1.23(1.78, 2.56)
carcinoma				
Adenocarcinoma	1.59 (1.45, 1.74)	1.25 (1.10, 1.43)	1.61 (1.34, 1.93)	1.85 (1.61, 2.12)
BAC	1.56(1.45, 1.69)	1.09(0.90, 1.35)	1.68(1.24, 2.12)	1.93(1.64, 2.70)
Non-small cell		, , ,		
carcinoma, nos				
Carcinoma	1.78 (1.58, 2.01)	1.48 (1.24, 1.75)	2.24 (1.78, 2.83)	1.73 (1.44, 2.08)
Carcinoid	1.28(1.13, 1.45)	0.92(0.69, 1.10)	1.48(1.16, 1.92)	1.78(1.48, 2.42)
Others/missing	1.30(1.17, 1.48)	1.10(0.96, 1.35)	1.20(0.95, 1.62)	1.85(1.55, 2.30)
Proband smoking star				,,
Never smokers	1.25 (1.03, 1.52)	1.09 (0.82, 1.45)	1.10 (0.74, 1.66)	1.44 (1.07, 1.93)
Ever smokers	1.55 (1.42, 1.68)	1.27 (1.13, 1.43)	1.40 (1.17, 1.66)	1.91 (1.68, 2.17)
Former smokers	1.46 (1.29, 1.65)	1.23 (1.03, 1.47)	1.26 (0.97, 1.62)	1.83 (1.53, 2.18)
Current smokers	1.57 (1.37, 1.79)	1.33 (1.11, 1.59)	1.51 (1.15, 1.99)	1.85 (1.48, 2.32)
Proband age at onset		, , , , ,		, , , , ,
<50	1.83 (1.47, 2.28)	1.68 (1.28, 2.20)	1.51 (1.04, 2.20)	3.72 (2.00, 6.90)
50+	1.45 (1.33, 1.57)	1.10 (0.97, 1.24)	1.27 (1.06, 1.52)	1.86 (1.65, 2.09)

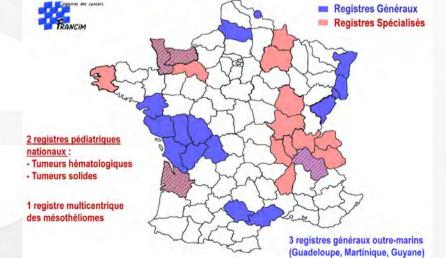
All ORs are adjusted for age, gender, ethnicity, education, smoker type, pack years and study site, where appropriate.







- → Registre SUEDOIS des cancers
 - →89000 cas de cancers survenues de 1958-1997
 - → HR de 1.9 de cancers bronchiques chez un parents de 1^{er} degré
- → Registre de l'ETAT de UTAH (US)
 - → HR de 2.55



Les Registres de cancers en 2016





Quelles anomalies génétiques associés à un risque de cancers bronchiques



- → Littérature très abondante
- → Anomalies multiples souvent associées
- →On abordera quelques exemples :
 - → Polymorphisme du Cytochrome CYP1A1
 - →Glutathione S transféras M1 (GSMT1)
 - → Variant I572 du Gène CHEK2
 - → SNP



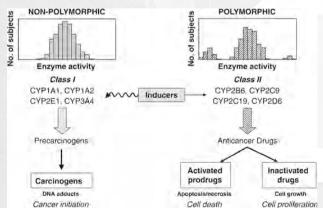






Polymorphisme Cytochrome CYP1A1

- → Le cytochrome CYP1A1 joue un rôle important dans la bio activation de nombreux pro-carcinogènes.
- → Bartsch et Al. a regroupé les résultats de plusieurs études cas-témoins publiées depuis 1990 sur les effets des variantes génétiques de CYP1A1, 1A2, 1B1,
- → Les résultats ont montré qu'un certain nombre de variant CYP sont associés à un risque accru de cancer du poumon

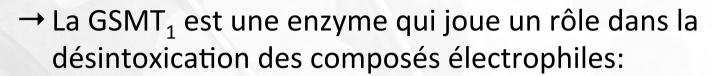




notre combat

(GSMT1)





Glutathione S transférase M1

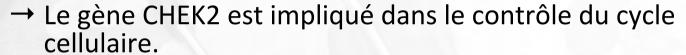
- → les médicaments,
- → les toxines environnementales
- → les agents cancérogènes
- → Des variations génétiques de la GSMT₁ peuvent modifier la susceptibilité d'un individu
- → Par Ex : le polymorphisme de GSMT1 augmente le risque de cancer bronchique avec un HR à 1.17 (IC95% 1.07-1.27)





notre combat

Variant 1157 du gène CHEK2



- → Le variant I157T augmente le risque de plusieurs cancers (colon, sein, prostate) et est présent à une fréquence relativement élevée dans les populations du nord et de l'Europe centrale
- → Les porteurs du variant rare (I157) ont une incidence de cancer du poumon significativement plus faible que les individus avec le génotype homozygote commun (HR=0.44, p <0,00001).</p>
- → Ce résultat a été également retrouvé dans une étude en Pologne (HR= 0.3)
- → Cependant la base physiopathologique de cet effet n'est pas claire.









Analyse des SNP par « genome whole association study » (GWAS)

L'apport du « whole-exome sequencing » et du « wholegenome sequencing » ont permis l'étude des polymorphismes d'un nombre considérable de gênes (SNP).

→ Identification de plusieurs loci de susceptibilité au cancer bronchique:

Locus 15q25 (gènes CHRNA3, CHRNA5, CHRNB4)

Locus 5p15 (gène TERT)

Locus 6p,...



Table 1. Demographic and histologic characteristics of patients with familial and sporadic lung cancer



Votre vie. notre combat

Locus 15q25

ORIGINAL ARTICLE



Focused Analysis of Exome Sequencing Data for Rare Germline Mutations in Familial and Sporadic Lung Cancer

CrossMark

Yanhong Liu, PhD, a Farrah Kheradmand, MD, a Caleb F. Davis, PhD, a Michael E. Scheurer, PhD. David Wheeler, PhD. Spiridon Tsavachidis, MS. A Georgina Armstrong, MPH, a Claire Simpson, PhD, b Diptasri Mandal, PhD, c Elena Kupert, MS, Marshall Anderson, PhD, Ming You, MD, PhD, Ming You, MD, PhD, Marshall Anderson, PhD, Ming You, MD, PhD, Marshall Anderson, PhD, Ming You, MD, Ming You Donghai Xiong, PhD, e Claudio Pikielny, PhD, Ann G. Schwartz, PhD, g Joan Bailey-Wilson, PhD, h Colette Gaba, MPH, Mariza De Andrade, PhD, j Ping Yang, MD, PhD, Susan M. Pinney, PhD, The Genetic Epidemiology of Lung Cancer Consortium, Christopher I. Amos, PhD, Margaret R. Spitz, MDa,*



Familial LC Sporadic LCa Characteristics (n = 54)(n = 48)Age of diagnosis Mean (SD) 56.0 (10.1) 60.9 (4.7) Range 48-65 30-70 Sex 44 (91.7) Male (%) 22 (40.0) Female (%) 32 (60.0) 4 (8.3) Smoking history Ever-smoker (%) 46 (85.2) 48 (100)

Nonsmoker (%) 8 (14.8) 0 (0) Cigarette pack-years Mean (SD) 52.3 (30.8) 60.3 (30.9) 0-165 14-150 Range Histologic characteristicsb NSCLC 37 (90.5) 37 (86.0) 13 (30.2) Adenocarcinoma 17 (40.5) 17 (39.5) Squamous cell carcinoma 16 (38.1) Large cell carcinoma 7 (16.3) 5 (11.9) SCLC 6 (14.0) 4 (9.5)

^aOf the patients in the 48 sporadic cases of LC, 37 also had severe

^bNumbers do not add up because of missing data.

LC, lung cancer; NSCLC, non-small cell lung cancer; SCLC, small cell lung cancer.

Table 2.	Table 2. List of 30 candidate deleterious germline mutations in familial and sporadic cases of lung cancer									
Region	Disease association	Gene	Marker ^a	SNV/Indels	Ref./ Alt.	RS ID	MAF in TG/ESP	CADD C-score ^b	N mutated familial vs. sporadic	Total N mutated LC cases
10q25.1	LC+SM+PF	CCDC147	10:106163533-SNV	p.Arg696Cys	C/T	rs41291850	0.0026/0.0072	16.2	2:1	3
9q34.2	SM	DBH	9:136501569-SNV	p.Val26Met	G/A	rs76856960	0.0034/0.0045	17.3	0:2 ^c	3
			7.1303EE317 3NV	p.mccooorni	17.0	13201713011	0.000 <i>L</i>	20.5	1.0	
15q25.1	LC+SM+PF+COPD	IREB2	15:78783019-SNV	p.Gly747Glu	G/A	rs139092247	0.0014/0.0034	35	1:0	3
		CHRNA5	15:78880766-SNV	g. splice donor	G/A	rs200616965	NA	22.7	0:1 ^{c,d}	
		CHRNB4	15:78921343-SNV	p.Ala435Val	G/A	rs56317523	0.0008/0.0028	27.2	1:0	
16022 1	DE	VADC	16.75665288_CNIV	n Arg/21Cln	C/T	rc1/10772/170	0.0002/0.0018	26.1	0 · 1 ^c	2
			16:75665146-SNV	p.Arg448Cys	G/A	rs77573084	0.0006/0.0030	19.6	0 : 1 ^{c,d}	
		WWOX	16:78466521-SNV	p.Arg310Cys	C/T	rs193001955	0.0006/0.0006	24.1	0:1 ^c	







Locus 15q25

→La région de sensibilité 15q25 contient six régions codantes identifiées, dont trois gènes codant pour des récepteurs cholinergiques de la nicotine (CHRNA3, CHRNA5 et CHRNB4).

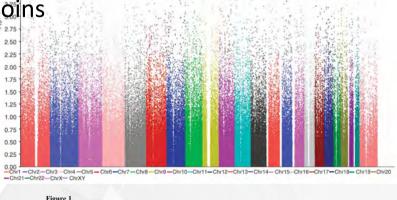
→ L'équipe de Amos et Al. a publié une étude dans Nat Gen.

→2 populations cas/témoin

→Texas 711 cancers/632 témoins

→UK 2013 cancers/3062 témoins











MINISTÈRE DE LA DÉFENSE

Summary of ten fast-track SNPs analyzed in discovery and replication studies

										Disc	covery	Texas rep	plication	UK rej	olication	Cor	nbined
Ref. allele ^a Ch	Chromosome	Position (bp)	Nearest gene or RNA ^b	OR (95% CI)	P value ^c (trend P)	OR (95% CI)	P value ^C (trend P)	OR (95% CI)	P value ^c (trend P)	OR (95% CI)	P value (ind.) d (P value (rep.) ^e)						
G	1	156493941	CRP	0.76	2.05 × 10 ⁻⁵	0.93	0.426	Not done		0.82	7.40 × 10 ⁻⁶						
				(0.67-0.86)	(1.60×10^{-5})	(0.79-1.10)	(0.421)			(0.74-0.91)	(0.426)						
G	Nat 3	191833163	ILIRAP	1.46	2.12×10^{-5}	1.05	0.709	1.05	0.512	1.16	7.80×10^{-6}						
	3 4 4 & 8 Nat Genet. Author manuscript;			(1.23-1.74)	(1.94×10^{-5})	(0.83-1.32)	(0.708)	(0.891-1.20)	(0.512)	(1.05-1.28)	(0.451)						
C	e. 4	145615286	GYPA	1.30	8.49×10^{-6}	0.92	0.267	1.00	0.970	1.06	>1 × 10 ⁻⁵						
	utho			(1.16-1.46)	(8.67×10^{-6})	(0.79-1.06)	(0.262)	(0.91-1.09)	(0.970)	(1.00-1.14)	(0.556)						
G	B 4	148991033	ARHGAP10	0.65	4.90×10^{-5}	0.82	0.143	1.03	0.667	0.86	>1 × 10 ⁻⁵						
	nusc			(0.53-0.80)	(4.45×10^{-5})	(0.64-1.07)	(0.144)	(0.89-1.21)	(0.664)	(0.78-0.97)	(0.704)						
A	apt 8	72944049	MSC	1.30	1.04×10^{-5}	1.12	0.144	0.98	0.613	1.09	1.25×10^{-5}						
	ava			(1.16-1.47)	(1.21×10^{-5})	(0.96-1.31)	(0.142)	(0.89-1.07)	(0.620)	(1.02-1.16)	(0.770)						
С	available	119436858	EMX2	0.74	1.42×10^{-5}	1.02	0.849	1.00	0.948	0.92	$>1 \times 10^{-5}$						
	E.			(0.65-0.85)	(1.37×10^{-5})	(0.85-1.21)	(0.848)	(0.91-1.11)	(0.948)	(0.85-0.99)	(0.880)						
A	PM 15	76593078	L0C123688	1.30	1.76×10^{-5}	1.34	0.00036	1.33	1.94×10^{-11}	1.32	3.15×10^{-18}						
	200			(1.15–1.47)	(1.94×10^{-5})	(1.14–1.57)	(0.00047)	(1.22–1.44)	(3.61×10^{-11})	(1.24–1.41)	(2.88×10^{-14})						
G	2009 July	76681394	CHRNA3	1.31	9.84×10^{-6}	1.33	0.00042	1.32	2.33×10^{-10}	1.32	7.00×10^{-18}						
	ly 21	11000		(1.16–1.48)	(1.14×10^{-5})	(1.13–1.55)	(0.00052)	(1.20-1.43)	(3.53×10^{-10})	(1.23-1.39)	(3.91×10^{-13})						
U	18	08203433	CBLN2	0.39	1.09 × 10	0.84	0.232	1.04	0.033	0.85	>1 × 10						
				(0.47–0.75)	(1.12×10^{-5})	(0.62-1.12)	(0.226)	(0.88-1.23)	(0.636)	(0.76-0.96)	(0.859)						
C	20	52949270	DOK5	0.75	6.24×10^{-6}	0.91	0.243	1.05	0.266	0.93	>1 × 10 ⁻⁵						
				(0.66-0.85)	(8.60×10^{-6})	(0.77-1.07)	(0.240)	(0.96–1.16)	(0.264)	(0.87-0.99)	(0.704)						

ature was set according to definitions for top SNPs provided for Illumina Hap300 v1.1 platform.

transcribed sequence, as reported by Illumina.

lue from χ^2 test for alleles, bottom line is P value from Armitage-Doll trend test.



Locus 15q25



- → Impliqués dans la vulnérabilité à la dépendance à la nicotine
- → Associés au cancer bronchique mais aussi à BPCO et cancers ORL
- → Majoration du risque de cancer bronchique par majoration de l'addiction au tabac ??
- → Chez les non fumeurs : Plusieurs variants de ce locus ont été associés au cancer bronchique











Récepteurs nicotiniques de l'acétylcholine:

- → Récepteurs transmembranaires ubiquitaires
 - \rightarrow Exprimés dans l'épithélium bronchique (2 isoformes : α 7 et α 3)
 - → Rôle dans la réparation des lésions de l'épithélium :
 - →α3 surexprimé dans les cellules migrantes sur les berges d'un épithélium lèsé

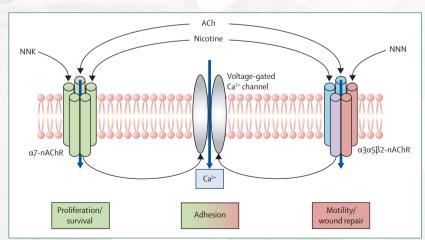


Figure 3: Nicotine cholinergic signalling system in bronchial mucosal cells

The two main categories of nAChRs are shown in green (α 7-nAChR) or pink (α 3 α 5 β 3-nAChR). The same colours show the participation of these receptors in downstream effects. nAChR=nicotinic acetylcholine receptor.

NNK=4-(methylnitrosamino)-1-(3-pyridyl)-1-butanone. ACh=acetylcholine. NNN=N-nitrosonornicotine. Ca=calcium.



notre combat





MINISTÈRE

Locus 15p25

- → Le polymorphisme des gènes CHRNA prédispose au cancer bronchique par la modulation :
 - → Capacités de migration
 - → Réparation des lésions tissulaires
 - → Potentiel invasif et de métastases

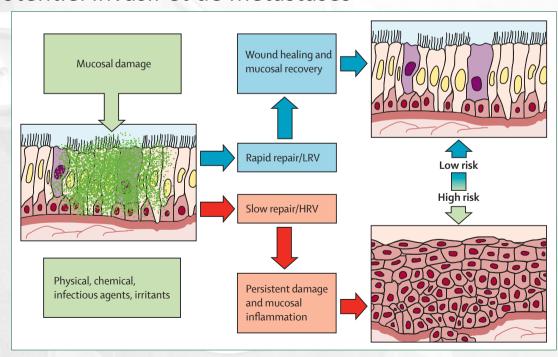


Figure 4: Role of CHRNA variants as determinants of rapid or slow repair of the bronchial mucosa after damage

LRV=low-risk variants. HRV=high-risk variants.

Brenan et Al. Lancet 2011

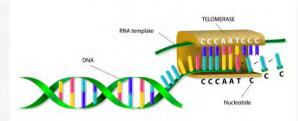




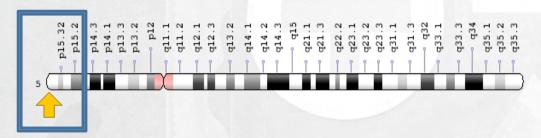
Locus 5p15

- → Gene TERT: human telomerase reverse transcriptase gène
 - → > 90% des tumeurs expriment la télomérase
 - → Régénération des télomères permet la prolifération des cellules cancéreuses
- → 2 variants associés à un risque augmenté de cancer bronchique
 - \rightarrow rs402710 (OR = 1.14)
 - → rs2736100 (OR = 1.15)

TELOMERASE













MINISTÈRE DE LA DÉFENSE

Données chez les non

European Journal of Cancer (2012) 48, 1299-1311



Available at www.sciencedirect.com

SciVerse ScienceDirect
journal homepage: www.ejconline.com



Review

Lung cancer in never smokers - A review

Sébastien Couraud a,b,* , Gérard Zalcman b,c , Bernard Milleron b,d , Franck Morin b , Pierre-Jean Souquet a,b

Table 2
Principal genomic polymorphisms associated with a risk of lung cancer in never smokers.

fumeurs

Pathway	Gene	Protein	Studied polymorphism	OR (95% confidence interval)	Comments	Ref.
Carcinogenic metabolism (polycyclic	CYP1A1	Enzyme involved in early (phase 1) metabolism steps	T3801C (MspI) A2455G (Ile462Val)	NS 2.21 [1.12–4.37]	Role in hormone- dependent cancers?	95 95
aromatic hydrocarbons, nitroaromatics, arylamines)	GSTM1	Enzyme involved in late (phase 2) metabolism steps (conjugation)	Null genotype	NS	If associated with the Ile462Val polymorphism of <i>CYP141</i> , OR= 4.67 [2.00-10.9]. Role in cancers before the age of 50?	95 148
	NQO1	Phase 1 and 2 enzyme	Pro187Ser	NS	before the age of 50:	149
DNA repair	XRCCI	DNA base repair enzyme	Arg399Gln	2.4 [1.2–5.0]	Protective factor in 'heavy' smokers (relation dose / odds ratio) Expression differential increased in the presence of <i>ERCC2</i> Asp312Asn and Lys751Gln polymorphisms	98
	ERCC2	Nucleotide repair enzyme	Lys751Gln and	NS		101
	(XPD) MLH1	Mismatch repair enzyme	Asp312Asn GG Genotype	1.64 [1.10–2.44]	Role in cancers caused by exposure to environmental tobacco smoke?	103
Inflammation pathways	IL10	Inflammation mediator	TT genotype of rs1800871	2.5 [1.3–5.1]		107
	TNF		CC genotype of rs1799964	0.36 [0.17–0.77]		107
	IL1-β-31T/C		TT genotype	2.24 [1.15-4.38]	If associated with	108
	IL1-RN		Allele *2 VNTR	5.09 [1.39– 18.67]	atopy, asthma, chronic cough	108
7	IL6		Allele 634 G	1.44 [1.07-1.94]		108

Couraud et Al. ERJ 2012



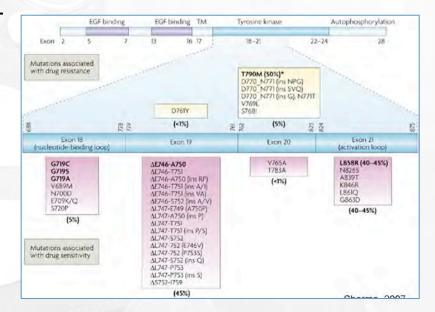


Cas Familiaux de cancer du poumon

- → Dans la littérature, il existe des rares cas familiaux de cancers bronchiques et notamment par des mutations germinales de l'EGFR, BRCA2, NBN.
- → Quatre types de mutations de l'EGFR ont été décrits :

→ Exon 20 : T790M, R776H

→ Exon 21 : V843l et P848L



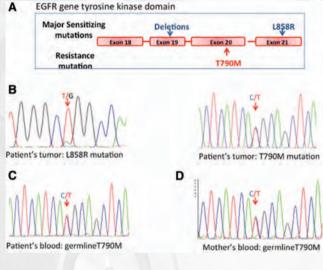


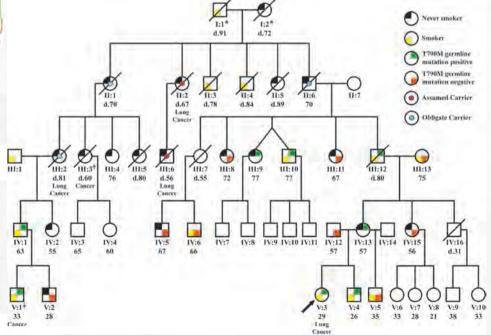






Mutation germinale T790M A EGFR gene tyrosine kinase domain Major Sensitizing Delgtions LBSRR







MINISTÈRE DE LA DÉFENSE

Gazdar et Al. JTO 2014







MINISTÈRE DE LA DÉFENSE

Hereditary Lung Cancer Syndrome Targets Never Smokers with Germline *EGFR* Gene T790M Mutations

Adi Gazdar, MD,*† Linda Robinson, MS,‡ Dwight Oliver, MD,† Chao Xing, PhD,§ William D. Travis, MD,||
Junichi Soh, MD,¶ Shinichi Toyooka, MD,¶ Lori Watumull, MD,# Yang Xie, PhD,**

Kemp Kernstine, MD,†† and Joan H. Schiller, MD‡‡

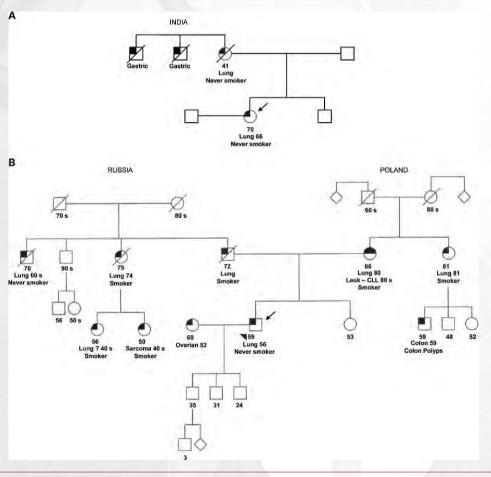
TABLE 1. Summary of Literature Regarding Lung Cancer Patients with Germline T790M Mutations and Family Member with Lung Cancer (Mutation Status Known and Assumed)

Reference	Case	Family	Other Family Members with Lung Cancer/ Relationship to Proband	Ethnicity	Age	Sex	Smoker	Tumor	T790M Germline Mutation	Second <i>EGFR</i> Gene Mutation	Comment
Bell et al. ²¹	1	1	Proband	White	50	M	S	5 ADCs	Yes	5 tumors L858R in 2 of 5	Multiple bilateral nodules
										delL747-T751 in 1 of 5	
Bell et al. ²¹	2	1	Yes, brother	White	55	M	?	ADC	Yes	G719A	Widespread metastases
Bell et al. ²¹	3	1	Yes, mother	White	62	F	?	ADC	Mutation assumed	NA	
Bell et al. ²¹	4	1	Yes, grandfather	White	72	M	?	ADC	Mutation assumed	NA	
Girard et al.18	5	2	Proband	East Indian	66	F	NS	ADC	Yes	L858R	Multiple bilateral nodules
Girard et al.18	6	2	Yes, father	East Indian	41	F	NS	NA	Mutation assumed	NA	
Girard et al.18	7	3	Proband	White	56	M	NS	ADC	Yes	L858R	Widespread metastases
Girard et al.18	8	3	Yes, either father or mother	White	72/80	M/F	S	N/A	Mutation assumed	NA	
Prudkin et al.19	9	4	Proband	?	72	F	NS	2 ADCs 1 LCNEC	Yes	None in 3 tumors	
Prudkin et al.19	10	4	Yes, sister	?	?	F	?	ADC	Mutation unknown	NA	
Oxnard et al.14	11–12	5, 6	One case had a sibling with cancer	?	44/73	F/M	NS/S	ADC	Yes	Both had exon 19 deletions	
Oxnard et al.14	13	7	No	?	44–73	F	NS	ADC	Yes	6 Nodules—4 had L858R, 2 exon 19 deletions	
Tibaldi et al. ²⁰	14	8	Proband	White	72	F	NS	ADC	Yes	Del; E746-A750 in exon 19	Bilateral pulmonary lesions
Tibaldi et al.20	15	8	Yes, sister	White	74	F	NS	NSCLC	Yes	None	
UTSW V-3	16	9	Proband	White	29	F	S	ADC	Yes	L858R	
UTSW II-2	17	9	Yes, great-great-aunt of proband	White	67	F	NS	NA	Mutation assumed	Unknown	
UTSW III-6	18	9	Yes, son of case 17	White	56	M	NS	NA	Mutation assumed	Unknown	
UTSW III-2	19	9	Yes, distant aunt of proband	White	81	F	NS	NA	Obligate carrier	Unknown	





Mutation germinale T790M



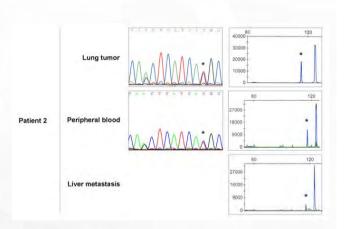






Fig. 3. Pedigrees of patients found to have a germ line EGFR T790M mutation. Numbers, ages of family members; arrows, probands; Lung, patients with ung cancer (followed by age at onset); Leuk, leukemia; CLL, chronic lymphoid leukemia; Gastric, gastric cancer.



Mutation germinale EGFR

A Strasbourg : détection de mutations germinales de l'*EGFR* chez 2 patients suivis pour un cancer bronchique non à petites cellules

Cas n°1: Un homme caucasien de 63 ans, non fumeur, adénocarcinome bronchique avec atteinte pleurale

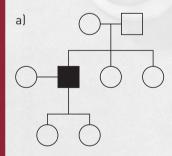
Analyses moléculaires :

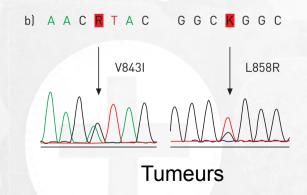
sur tissu tumoral : double mutation EGFR : L858R et V834I

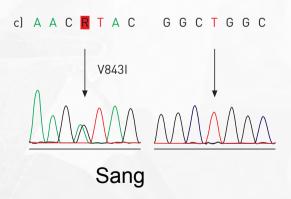
sur tissu sain : détection de la mutation V834I

Stabilité sous TKI-EGFR (10 mois de traitement)













Mutation germinale EGFR

Cas n°2 : Une femme de 31 ans, caucasienne, tabagisme actif, adénocarcinome bronchique avec métastase cérébrale Analyses moléculaires :

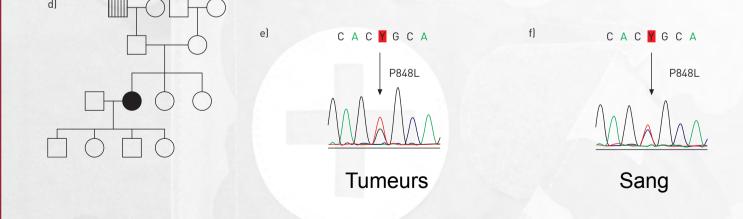
sur tissu tumoral: mutation EGFR P848L

sur tissu sain: mutation EGFR P848L

Progression sous TKI-EGFR

Pas d'histoire familiale de cancer bronchique









Conclusion

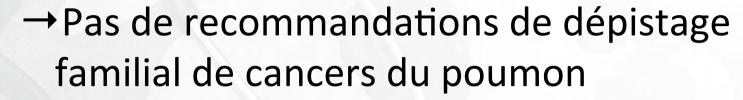
- → Le Cancer Bronchique ne fait pas partie de cancers à risque familiale majeur.
- → Mais il existe des déterminants génétiques pouvant favoriser les cancers bronchiques.
- →L'identification de ces polymorphismes par exemple a pour intérêt une meilleure compréhension des mécanismes d'oncogenèses et potentiellement cibler des populations à risque







Conclusion



- → Ni d'indication de consultation oncogénétique systématique
- →Il faut néanmoins toujours garder à l'esprit cette possibilité et orienter vers une consultation d'oncogénétique au moindre doute.















Un remerciement tout particulier au Pr MARGERY qui a quitté notre service pour de plus hautes fonctions