

Le glioblastome est la tumeur cérébrale la plus fréquente de l'adulte. L'un des grands défis du traitement de ces tumeurs est que certaines cellules cancéreuses parviennent à résister à la mort cellulaire (appelée aussi apoptose). Ainsi, même après le traitement, toutes les cellules tumorales ne sont pas éliminées, et peuvent être à l'origine de récurrences. Ce sont les protéines inhibitrices de l'apoptose (IAP) qui se trouvent en excès dans les cellules tumorales qui leur permettent de résister à la mort cellulaire. En revanche, ces protéines sont presque indétectables dans les cellules saines cérébrales. Les IAP sont donc de bonnes cibles thérapeutiques pour contrer spécifiquement la résistance des cellules tumorales.

L'équipe GliOME travaille depuis plusieurs années sur cette thématique. Elle a montré que parmi les protéines IAP, la surexpression de MLIAP dans les échantillons de glioblastomes humains est corrélée à un plus mauvais pronostic chez les patients.

Pour mieux comprendre le rôle de MLIAP dans la progression tumorale et optimiser ainsi son ciblage thérapeutique, Théo Vialatte, étudiant en thèse en 2ème année a effectué une étude de protéomique en collaboration avec la plateforme PINT de l'INP. Grâce à une technique appelée spectrométrie de masse, il a pu identifier les protéines qui interagissent avec MLIAP. Les résultats ont permis de confirmer des partenaires déjà décrits dans la littérature, mais surtout d'identifier deux nouvelles protéines. Ces deux protéines sont actuellement à l'étude dans l'équipe. Mieux comprendre comment MLIAP fonctionne et avec quelles protéines elle interagit permettra de développer des thérapies ciblées, renforcer l'action des traitements actuels, réduire la résistance des cellules tumorales, et, à terme, améliorer la prise en charge des patients atteints de glioblastome.