

Bio-informatique en oncologie

LES TESTS PRÉDICTIFS DU CANCER DU SEIN (SIGNATURES GÉNOMIQUES)

Signatures génomiques	Analyse génomique	Intérêt prédictif	Indications
Oncotype DX[®]	21 gènes RT-PCR Tissu fixé Analyse centralisée	Récidive à 10 ans 3 groupes : bas (RS < 18), intermédiaire, élevé (RS ? 30)	Pronostic et choix thérapeutique pour les CS RH+
MammaPrint[®]	70 gènes puce à ADN Tissu frais, ou fixé Analyse centralisée	2 catégories de pronostic : bon ou mauvais	Test pronostique Patientes < 61 ans CS stade I/II, < 5cm, N0 ou N 1 à N3)
Prosigna[®]	Gènes de PAM50 Tissu fixé Analyse décentralisée	Classe les CS en luminal A, B, HER2 et basal) Score de rechute à 10 ans 3 groupes de risque	Patientes ménopausée de stade précoce, RH+, traitées par hormonothérapie seule
EndoPredict[®]	11 gènes RT-PCR Tissu fixé Analyse décentralisée	Rechute précoce et tardive ; patientes en bas risque ou risque élevé	Facteur pronostique chez les patientes RH+, HER2? et traitées par CT puis hormonothérapie
MapQuant[®] France	97 gènes RT-PCR Tissu frais Analyse centralisée	Tumeurs exprimant les RH	Complète l'évaluation du grade histologique pour les cas équivoques

Breast Cancer Index®	Ratio HOXB13/IL17BR et du MGI Tissu fixé Analyse centralisée	Risque de récurrence métastatique précoce (< 5 ans) et tardive (> 5 ans)	Stratification du risque chez les patientes RH+ et N0
-----------------------------	--	---	--

<https://www.arcagy.org/infocancer/en-savoir-plus/bio-informatique-en-oncologie.html/>