



HAL
open science

Étude génétique de la chimiosensibilité d'un mélanome malin métastatique greffé sur souris athymiques

Sabrina Vergnaud

► **To cite this version:**

Sabrina Vergnaud. Étude génétique de la chimiosensibilité d'un mélanome malin métastatique greffé sur souris athymiques. Sciences pharmaceutiques. 1994. dumas-02153558

HAL Id: dumas-02153558

<https://dumas.ccsd.cnrs.fr/dumas-02153558>

Submitted on 12 Jun 2019

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

AVERTISSEMENT

Ce document est le fruit d'un long travail approuvé par le jury de soutenance et mis à disposition de l'ensemble de la communauté universitaire élargie.

Il n'a pas été réévalué depuis la date de soutenance.

Il est soumis à la propriété intellectuelle de l'auteur. Ceci implique une obligation de citation et de référencement lors de l'utilisation de ce document.

D'autre part, toute contrefaçon, plagiat, reproduction illicite encourt une poursuite pénale.

Contact au SID de Grenoble :
bump-theses@univ-grenoble-alpes.fr

LIENS

Code de la Propriété Intellectuelle. articles L 122. 4

Code de la Propriété Intellectuelle. articles L 335.2- L 335.10

<http://www.cfcopies.com/juridique/droit-auteur>

<http://www.culture.gouv.fr/culture/infos-pratiques/droits/protection.htm>

2^e exemplaire

UNIVERSITE Joseph FOURIER - GRENOBLE I - Sciences Technologie Médecine
U.F.R. DE PHARMACIE
Domaine de la Merci - La Tronche

ANNEE : 1994

N° D'ORDRE

7008

**ETUDE GENETIQUE DE LA CHIMIOSENSIBILITE
D'UN MELANOME MALIN METASTATIQUE
GREFFE SUR SOURIS ATHYMIQUES.**

THESE

Presentée à l'Université Joseph FOURIER - GRENOBLE I
pour obtenir le grade de : DOCTEUR EN PHARMACIE.

Par

Mlle Sabrina VERGNAUD

[Données à caractère personnel]

Cette thèse sera soutenue publiquement le 17 Février 1994.

Devant : M. le Professeur J. CALOP, Président du Jury

et : Mme le Docteur M. JACROT, Directeur

Mme le Docteur J. CHROBOCZEK

M. Le Professeur A. FAVIER

Mme le Docteur M. MOUSSEAU



Thèse préparée au sein du Laboratoire de Génétique, Histologie et
Biologie de la Reproduction du Pr P. JALBERT

UNIVERSITE Joseph FOURIER - GRENOBLE I - Sciences Technologie Médecine
U.F.R. DE PHARMACIE
Domaine de la Merci - La Tronche

ANNEE : 1994

N° D'ORDRE 7008

**ETUDE GENETIQUE DE LA CHIMIOSENSIBILITE
D'UN MELANOME MALIN METASTATIQUE
GREFFE SUR SOURIS ATHYMIQUES.**

THESE

Presentée à l'Université Joseph FOURIER - GRENOBLE I
pour obtenir le grade de : DOCTEUR EN PHARMACIE.

Par

Mlle Sabrina VERGNAUD

[Données à caractère personnel]



Cette thèse sera soutenue publiquement le 17 Février 1994.

Devant : M. le Professeur J. CALOP, Président du Jury

et : Mme le Docteur M. JACROT, Directeur

Mme le Docteur J. CHROBOCZEK

M. Le Professeur A. FAVIER

Mme le Docteur M. MOUSSEAU

Thèse préparée au sein du Laboratoire de Génétique, Histologie et
Biologie de la Reproduction du Pr P. JALBERT

Je tiens à remercier :

Mr le Professeur P. JALBERT, pour m'avoir accueilli, au sein de son équipe, dans le laboratoire de Génétique, Histologie et Biologie de la Reproduction, où ce travail a été en partie réalisé.

très chaleureusement, Mme le Docteur M JACROT, sans qui cette thèse n'aurait pu exister. Sa patience, son expérience, ses compétences ainsi que ses qualités humaines, m'ont été extrêmement précieuses à l'accomplissement de ce travail.

Mme le Docteur Dominique LEROUX, pour ses compétences et sa gentillesse, ainsi que toute l'équipe de cytogénétique pour leurs aides diverses.

tout particulièrement, Mme Dominique DESPLANQUES, de sa disponibilité et pour m'avoir apporté une aide, plus que précieuse, tant pour la recherche bibliographique que pour la réalisation de la cytogénétique.

Mme le Docteur J. CHROBOCZEK et son équipe, pour m'avoir accueillie au sein de son laboratoire, pour leur soutien, leur disponibilité et leurs compétences, et pour m'avoir permis la réalisation de toute l'étude de Biologie Moléculaire.

Mme le Docteur M. MOUSSEAU pour son aide, son savoir, ses conseils et sa gentillesse infinie.

Mme A. BRONNE pour le travail photographique, d'une grande qualité, qu'elle a fait.

L'ensemble de ces personnes m'ont permis de réaliser un travail, touchant à des domaines que je ne connaissais pas auparavant. J'ai pu ainsi étendre mes connaissances, et me passionner pour la recherche, je les en remercie

Je remercie les membres de ce jury de leurs aides, ainsi que d'avoir accepté de juger mon travail :

Mr le Professeur J. CALOP, de l'acquis qu'il m'a apporté au cours de mes études en pharmacie et de m'avoir fait l'honneur de présider ce jury.

Mme le Docteur M JACROT et Mme le Docteur J. CHROBOCZEK, d'avoir accepté de diriger cette thèse.

Mr le Professeur A. FAVIER, des connaissances qu'il m'a apportées au cours de mes études en pharmacie et d'avoir accepté de participer à ce jury.

Mme le Docteur M. MOUSSEAU, d'avoir accepté de juger mon travail en tant que clinicienne.

Je remercie particulièrement :

- le laboratoire SERVIER en la personne de Mme Maryse BERLION
- le laboratoire ROGER BELLON

de m'avoir généreusement fourni les médicaments nécessaires à cette étude.

A Jean-Noël;

A ma grand-mère, mes parents, ma soeur;

Envers qui je n'aurai jamais assez de reconnaissance pour l'affection qu'ils m'ont témoignée, les encouragements qu'ils m'ont apportés, et la patience dont ils ont fait preuve en ces moments où j'en avais le plus besoin.

A mes amis/amies;

Dans les moments difficiles, mes amis(es) m'ont entourés, je les remercie du soutien qu'ils m'ont apporté durant la réalisation de ce travail. Je promets d'être là chaque fois qu'ils en ressentiront le besoin.

Et à tous les autres.



SOMMAIRE

INTRODUCTION

P.7

ETAT ACTUEL DES DONNEES

I- LE MELANOME MALIN ET SES TRAITEMENTS.	P.9
1. LE MELANOME MALIN.	P.9
2. LA FREQUENCE DES MELANOMES MALINS.	P.10
3. THERAPIES ET MELANOMES MALINS.	P.11
3.1. LES TRAITEMENTS DES MELANOMES MALINS.	P.11
3.1.1. LES MONOTHERAPIES.	
3.1.2. LES POLYCHIMIOETHERAPIES.	
3.1.3. CHIMIOETHERAPIES A FORTES DOSES ET AUTOGREFFE DE MOELLE.	
3.1.4. CHIMIOETHERAPIE ET IMMUNOTHERAPIE.	
3.1.5. CHIMIOETHERAPIE ET HORMONOTHERAPIE.	
3.1.6. CONCLUSION.	
3.2. CLASSIFICATION DES ANTICANCEREUX EN FONC- TION DE LEURS MECANISMES D'ACTION.	P.16
3.2.1. LES DROGUES AGISSANT PAR INTERFE- RENCE AVEC LA BIOSYNTHESE DES ACIDES NUCLEIQUES ET DES PROTEINES.	
3.2.2. LES DROGUES AGISSANT PAR INTERFERENCE AVEC LA DUPLICATION, LA TRANSCRIPTION ET LA TRADUCTION.	
3.2.3. LES DROGUES AGISSANT SUR LE FUSEAU MITOTIQUE.	
3.2.4. LES AUTRES SUBSTANCES À MECANISMES D'ACTION COMPLEXE.	

3.3. LES CYTOSTATIQUES ALKYLANTS UTILISES DANS L'ETUDE. P.18

3.3.1. DACARBAZINE ou DETICENER^R (DTIC).

3.3.2. FOTEMUSTINE ou MUPHORAN^R .

II- LA CHIMIORESISTANCE. P.22

1. SES MECANISMES MOLECULAIRES. P.22

2. LES GENES DE CHIMIORESISTANCE. P.23

2.1. LA RESISTANCE PLEIOTROPIQUE "TYPIQUE" OU MULTIDRUG RESISTANCE (MDR). P.23

2.1.1. LE GENE MDR.

2.1.2. LA P-GLYCOPROTEINE.

2.1.3. EXPRESSION DU GENE MDR1 HUMAIN DANS LES TISSUS NORMAUX ET LES TUMEURS.

2.1.4. REVERSION DE LA RESISTANCE.

2.2. LA RESISTANCE PLEIOTROPIQUE "ATYPIQUE". P.27

2.2.1. LES GLUTATHION-S-TRANSFERASES.

2.2.2. LES TOPOISOMERASES.

2.2.3. INHIBITION DE LA O⁶ -ALKYLGUANINE-ALKYLTRANSFERASE.

3. LES MECANISMES MULTIFACTORIELS DE RESISTANCE AUX DROGUES ANTICANCEREUSES. P.33

STRATEGIE ET RESULTATS

III- CHIMIOSENSIBILITE DE LA RECIDIVE D'UN MELANOME MALIN ACHROMIQUE GREFFE SUR SOURIS ATHYMIQUES.	P.36
1. LA SOURIS NUDE.	P.36
2. LA TRANSPLANTATION SUR SOURIS ATHYMIQUE.	P.37
2.1. LA TUMEUR A L'ORIGINE DU MODELE EXPERIMENTAL.	
2.2. LA TECHNIQUE DE GREFFE.	
3. ETUDE DE LA CHIMIOSENSIBILITE DE LA TUMEUR TRANSPLANTEE.	P.38
3.1. DETERMINATION DES DOSES MAXIMALES DE FOTE- MUSTINE ET DE DACARBAZINE TOLEREES PAR L'ANIMAL.	
3.2. DETERMINATION DE LA DOSE DE FOTEMUSTINE.	
3.3. ETUDE DE L'ASSOCIATION : FOTEMUSTINE/DACARBA- ZINE.	
4. RESULTATS.	P.41
4.1. DETERMINATION DES DOSES MAXIMALES.	
4.2. DETERMINATION DE LA DOSE DE FOTEMUSTINE.	
4.3. ASSOCIATION FOTEMUSTINE ET DACARBAZINE.	
IV- ETUDE CYTOGENETIQUE.	P.45
1. ANOMALIES CHROMOSOMIQUES DES MELANOMES.	P.45
2. ANALYSE CYTOGENETIQUE.	P.46
3. MATERIEL.	P.47

4. RESULTATS.	P.47
4.1. ETUDE COMPARATIVE DES ANOMALIES DE NOMBRE.	
4.2. ETUDE COMPARATIVE DES ANOMALIES DE STRUCTURE.	
4.2.1. CARYOTYPES AVANT TRAITEMENT.	
4.2.2. CHROMOSOMES METAPHASIQUES APRES TRAITEMENT PAR LA FOTEMUSTINE.	
4.2.3. CARYOTYPE APRES TRAITEMENT PAR L'ASSOCIATION FOTEMUSTINE/DACARBAZINE.	
5. CONCLUSION.	P.53
V- BIOLOGIE MOLECULAIRE.	P.54
1. MATERIEL.	P.55
2. METHODES.	P.56
2.1. EXTRACTION DES ACIDES NUCLEIQUES.	P.56
2.1.1. EXTRACTION DES DNAs.	
2.1.2. EXTRACTION DES RNAs.	
2.1.3. TRANSFORMATION DES RNAs EN cDNA PAR LA TECHNIQUE DE LA REVERSE TRANSCRIPTASE.	
2.2. CONTROLE DE QUALITE DES ACIDES NUCLEIQUES.	P.61
2.2.1. DNAs ET cDNA.	
2.2.2. RNAs.	
2.3. TECHNIQUE DE PCR.	P.63
2.3.1. PRINCIPE ET MATERIEL.	
2.3.2. DNA MATRICE ET AMORCES.	
2.3.3. LA REACTION DE PCR.	
3. RESULTATS.	P.69
3.1. ETUDE DE L'AMPLIFICATION GENES.	P.70
3.1.1. MDR1.	
3.1.2. GST π .	
3.1.3. TOPOII.	

3.2. ETUDE DE L'EXPRESSION DES GENES.	P.73
3.2.1. MDR1.	
3.2.2. GST π .	
3.2.3. TOPOII.	
3.3. RECAPITULATIF.	P.76
3.4. VERTUES ET LIMITES DE LA METHODE DE PCR.	P.77
4. DISCUSSION ET CONCLUSION.	P.78

CONCLUSIONS ET PERSPECTIVES. P.82

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES. P.84

ANNEXES.

LISTE DES ABRÉVIATIONS.	P.94
DEFINITIONS (*).	P.95
MARQUEURS.	P.96
SEQUENCE DU GENE MDR1 (EMBL data library).	P.98
SEQUENCE DU GENE GST π (EMBL data library).	P.100
SEQUENCE DU GENE TOPOII (EMBL data library).	P.102

INTRODUCTION

Pour améliorer les résultats obtenus dans le traitement des cancers, il faut d'abord tenter d'en comprendre les mécanismes, en particulier ceux qui concernent leurs évolutions et leurs résistances aux chimiothérapies. C'est le cas du mélanome malin disséminé, une tumeur réputée peu chimiosensible. Sous sa forme récidivante, c'est un cancer à évolution très rapide et volontiers métastasiant (94). Malgré les progrès apportés en matière de diagnostic, le mélanome malin, une fois disséminé, garde un pronostic péjoratif. Un certain nombre de combinaisons chimiothérapeutiques, parfois associées à une immunothérapie ou à une hormonothérapie, ont des réponses objectives, mais malheureusement de courte durée (4 à 6 mois) (17, 94).

Le développement d'une résistance à une chimiothérapie antitumorale constitue donc un obstacle majeur au traitement des cancers humains. Dans certains cas, lors de traitements avec des antimétabolites, cette résistance s'avère plurifactorielle : elle associe entre eux non seulement différents mécanismes moléculaires mais aussi des mécanismes métaboliques (115). Trois mécanismes principaux sont impliqués dans la chimiorésistance : la multidrogue résistance ou MDR1, le système du glutathion et plus particulièrement la glutathion-S-transférase π ou GST π , et les topoisomérases I et II. Les mécanismes qui entraînent l'apparition d'une chimiorésistance sont donc, le plus souvent, d'une extrême complexité : ainsi deux mécanismes, MDR1 et GST π , peuvent expliquer la résistance présentée à la suite d'un traitement avec la Vincristine. Pour d'autres drogues, comme les alkylants, il semble qu'un seul mécanisme soit en cause, GST π . De plus, en ce qui concerne les antimétabolites, il peut exister des résistances croisées (82).

L'examen d'une pièce d'exérèse*, obtenue à partir d'une tumeur humaine, ne permet pas d'effectuer des études très poussées, le plus souvent faute de matériel. La greffe sur souris athymiques, réalisable depuis 1969 grâce à RYGAARD et POVLSEN, représente un apport considérable pour ces études (67). **En effet, elle permet d'étudier, *in vivo*, les cancers humains, tout en conservant les principales caractéristiques du tissu humain tumoral qui lui a donné naissance.**

Actuellement, dans le mélanome malin métastasé, l'association de la fotémustine, d'utilisation récente (Laboratoire SERVIER), à la dacarbazine (laboratoire ROGER BELLON) considérée comme le cytostatique de référence, semble apporter les meilleurs résultats, notamment au cours des métastases cérébrales (1, 16, 71). Les associations chimio-immunothérapeutiques apportent

de meilleurs résultats, mais sont beaucoup plus difficiles à tolérées par les malades. Certes, l'activité antitumorale de la fotémustine a été étudiée, *in vitro* et *in vivo*, sur les principaux modèles expérimentaux préconisés par le "National Cancer Institute", en utilisant, entre autres, différentes lignées tumorales d'origine humaine ou animale avant toute utilisation en clinique. Cependant, il n'existe aucune étude concernant l'observation des effets, de cette chimiothérapie, sur le mélanome malin humain greffé sur souris athymiques.

Ceci nous a conduit naturellement à utiliser la technique des xenogreffes, pour tenter d'obtenir une meilleure compréhension de quelques uns de ces phénomènes. Pour ce faire, la récurrence d'un mélanome malin métastatique humain a été établie en modèle expérimental, sur des souris athymiques. En effet, l'utilisation de ce mutant a permis, depuis plus de vingt ans, la pérennité d'un grand nombre de tumeurs humaines (12). Ainsi, grâce à cette technique, plusieurs études peuvent être menées simultanément. Le but de ce travail, a donc été de maintenir, après greffe sur souris nues, une métastase ganglionnaire, d'un mélanome malin humain achromique, afin d'en étudier les modifications génétiques liées à la chimiothérapie. Le premier objectif de ce travail a donc été la recherche de doses uniques ou fractionnées, de fotémustine et de dacarbazine, tolérées par cet animal. Dans un second temps, la chimiosensibilité de la tumeur, à cette association, a été étudiée. Pour ce faire, au sacrifice des animaux, des prélèvements ont été effectués afin de permettre des études comparatives concernant à la fois l'analyse cytogénétique et l'étude de l'amplification et/ou de l'expression des gènes de chimiorésistance les plus couramment rencontrés, bien que seul GST π soit à priori concerné. En revanche, cette métastase pouvait présenter une chimiorésistance intrinsèque, où MDR1 et TOPO II pouvaient être impliqués; c'est la raison pour laquelle ces gènes ont été également étudiés. Ainsi des études comparatives peuvent être pratiquées, entre une tumeur non traitée et les effets induits sur le génome par une chimiothérapie, *in vivo*, grâce aux méthodes de cytogénétique et de biologie moléculaire, entre autres.

N.B. : Les abréviations utilisées au cours de ce travail, ainsi que la définition correspondant aux termes marqués par un astérisque (*) sont présentées, à la fin de la thèse, dans l'annexe.

ETAT ACTUEL DES DONNEES

I- LE MELANOME MALIN ET SES TRAITEMENTS

I- LE MELANOME MALIN ET SES TRAITEMENTS.

1. LE MELANOME MALIN.

Le mélanome malin est une tumeur solide, rare et grave de la peau, se développant, le plus souvent, à partir d'un *nævus* pigmentaire ou grain de beauté.

C'est un des cancers, à évolution rapide, sous sa forme récidivante (94). Il représente 1% de toutes les tumeurs malignes et 5 à 10% de celles qui affectent la peau. Il atteint environ 5 personnes pour 100.000 habitants par an en France, et malgré sa rareté, il est responsable de 65% des décès par cancers cutanés. Cette incidence est due, essentiellement, à l'exposition accrue au soleil et au changement du style de vie au cours des 50 dernières années (33, 94) et de ce fait a doublé en 10 ans (Registre du Cancer de l'Isère). Toutefois une composante génétique n'est pas à exclure. La plupart des mélanomes malins apparaissent donc au niveau de grains de beauté préexistants, sur des sites d'exposition au soleil, et se disséminent rapidement, par voie sanguine, s'ils ne sont pas détectés et enlevés précocement par chirurgie (94).

Cette tumeur est notoire pour sa grande capacité à métastaser, après quelques mois ou années, n'importe où dans le corps. Le mélanome malin, une fois disséminé, garde un pronostic redoutable. Cependant il existe une grande disparité au niveau de la gravité de la maladie suivant le nombre de métastases et leurs localisations (17). La médiane de survie n'est que de 11 mois en cas de métastases pulmonaires isolées (17, 94). Elle est encore plus faible, de l'ordre de quelques mois, en cas de métastases cérébrales, hépatiques et/ou osseuses avec seulement 10% de survivants à 1 an : d'où l'importance du dépistage précoce. Par conséquent, il est impératif d'effectuer des campagnes de sensibilisation auprès du public. En effet le temps moyen entre la découverte de la première lésion, souvent curable par chirurgie, et la détection des métastases, présentant un taux impressionnant d'échecs aux chimiothérapies, est de 4 ans (94). Le pronostic est également dépendant de l'âge et du sexe du malade (17).



2. LA FREQUENCE DES MELANOMES MALINS.

Aux USA, parmi les personnes atteintes d'un mélanome malin, 6.000 décès par an sont constatés. Le suivi de 635 patients, traités par chimiothérapie contre cette maladie, permet d'observer un taux de réponses objectives* de 11% (89). D'autres études américaines montrent, qu'en 1935, 1 personne sur 1.500 développait ce type de tumeur, alors qu'en 2000, 1 personne sur 100 devrait être atteinte (43). De plus, l'augmentation des mélanomes malins est de 4% par an, soit 32.000 nouveaux cas en 1992. En cas de mélanomes malins, en 1930, 75% de décès ont été recensés, alors que de nos jours seulement 15% sont observés (soit 6.700 décès en 1992) : ce phénomène semble être, en partie, dû au dépistage précoce de la maladie, où l'exérèse* de la tumeur permet une éventuelle guérison. Après une chimiothérapie, le taux de survie à 5 ans, est seulement de 2%. Aucune corrélation entre le taux de survie et le traitement chimiothérapique n'a pu être démontré, d'où la nécessité de tester de nouveaux médicaments (33).

De 1973 à 1991, l'Institut Pasteur de Nouméa, a recensé 97 observations de mélanomes malins, et conclut à un pronostic global médiocre démontrant que la population européenne de phototype clair est nettement plus exposée que la population mélanésienne ou polynésienne, relativement protégée comme les noirs américains ou africains (52). Cette constatation est confortée par une étude, sur deux ethnies Israéliennes, concluant que les peaux noires sont moins sujettes aux mélanomes malins, mais, lorsqu'elles sont atteintes, la maladie semble de nature plus virulente (46).

Une étude danoise montre qu'au cours des 30 dernières années, la survie après un mélanome malin s'est remarquablement améliorée dans tous les groupes d'âges pour les deux sexes. Au cours de cette même période une augmentation des diagnostics précoces est constatée (60 nouveaux cas en 1940 contre 650 en 1987). De plus les patients ayant une maladie localisée ont une meilleure espérance de survie que ceux ayant une maladie disséminée au moment du diagnostic. De même l'âge, au moment du diagnostic, a un impact net sur la durée de survie, les patients les plus jeunes ont un meilleur pronostic. Tous groupes d'âges confondus, les femmes ont un taux de survie supérieur à celui des hommes. Aujourd'hui les mélanomes malins ne représentent que 2,5% de l'ensemble des cancers, mais l'attention est particulièrement attirée par l'accroissement rapide chaque année de ce taux (78).

L'ensemble des travaux, concernant le mélanome malin, conduisent aux conclusions suivantes dans le cas des mélanomes malins :

- le diagnostic précoce du mélanome malin est primordial car au stade disséminé la survie est le plus souvent brève;
- les phototypes clairs sont plus fréquemment touchés;
- les femmes ont une survie supérieure à celle des hommes;
- l'âge au moment du diagnostic influence le pronostic et la durée de survie;
- les traitements chimiothérapeutiques actuels ne sont pas satisfaisants et leurs utilisations sont plus palliatives que curatives.

3. THERAPIES ET MELANOMES MALINS.

Au stade localisé, une exérèse* du mélanome malin, plus ou moins complétée par une immunothérapie (interféron- α pendant 18 mois), peut amener à une guérison. Au stade loco-régional, une exérèse de la peau atteinte et du ganglion le plus proche, suivi d'une radiothérapie au niveau de ce ganglion et d'un traitement par de l'interféron- α durant 3 mois, peut quelques fois, amener à une guérison. Dans le cas où la maladie a progressée jusqu'au stade métastatique, le traitement sera alors la chimiothérapie plus ou moins complétée d'une immuno ou hormonothérapie. Malheureusement, souvent la maladie, à ce stade, présente un pronostic pessimiste.

N.B. : Une liste, des drogues citées dans ce mémoire, avec leurs différentes dénominations, est présentée à la fin de ce chapitre.

3.1. LES TRAITEMENTS DES MELANOMES MALINS.

Les mélanomes malins résistent de façon notoire à la chimiothérapie (24). En effet, cette dernière n'est habituellement utilisée qu'au stade III, c'est-à-dire pour le traitement des métastases dont le nombre ou la localisation ne permet pas l'exérèse* chirurgicale qui, du fait du fort potentiel de diffusion métastatique de cette tumeur, est exceptionnellement le traitement de première intention(78). De plus, la plupart des médicaments cytotoxiques ont fait l'objet d'essais thérapeutiques de phase II, sur les

mélanomes malins disséminés, mais malheureusement les taux de réponses objectives plafonnent à 20%. Actuellement, les antimétabolites considérés comme les plus actifs, sur les mélanomes malins, sont : la dacarbazine, considérée comme la substance de référence; les nitrosourées et tout particulièrement la fotémustine; les sels de platine et, à un moindre degré, les alcaloïdes de la pervenche et les taxanes; plus ou moins associés à des immunothérapies ou à des hormonothérapies.

3.1.1. LES MONOTHERAPIES.

La dacarbazine (DTIC) montre un taux de réponses objectives* de 21% dont 5% de réponses complètes* et une durée de réponse de 5 à 6 mois, soit environ 20 à 25 mois (17).

Les nitrosourées (BCNU, CCNU) apportent approximativement 15% de réponses objectives* avec une durée de réponse plus courte (12 à 16 semaines). La plus récente de cette classe, la fotémustine, de par sa liposolubilité, permet d'espérer un passage de la barrière hémato-méningée et semble ainsi plus active sur les métastases cérébrales, avec 28% de réponses objectives* sur ce site (17). Une autre étude utilisant la fotémustine, en monothérapie, sur les mélanomes malins disséminés, permet d'obtenir un taux de réponses objectives* de 24,2% dont un quart sur le site cérébral avec une médiane de survie* des patients répondeurs augmentée comparativement à celle des non répondeurs (85 semaines contre 17) (16).

Le cisplatine, utilisé à des doses supérieures à 100 mg/m² de surface corporelle, donne les mêmes résultats que la dacarbazine mais entraîne une plus grande toxicité. Associé, dans certains cas, à un protecteur rénal (WR 2721), la toxicité observée est alors acceptable, le taux de réponses objectives* atteint 35%, mais avec une courte durée de réponse (17).

3.1.2. LES POLYCHIMIOETHERAPIES.

Il n'existe pas encore de consensus sur l'intérêt des associations d'antimétabolites dans les mélanomes malins métastatiques car, si des taux de réponses plus élevés sont enregistrés, les durées de ces réponses restent décevantes et la toxicité élevée (17).

L'association dacarbazine/fotémustine a fait l'objet de plusieurs études. L'une, s'intéressant à 103 patients, met en évidence un taux de réponses objectives* de 26,3% dont 11,6% de réponses complètes* et près de 40 % de réponses objectives sur les sites non viscéraux (peau, ganglions), la médiane de survie est de 55 semaines (16). Une autre, plus restreinte, comportant 17 patients avec des métastases cérébrales, révèle un taux de réponses complètes* de 11,7%, 5,8% de réponses partielles* et 17,6% de stabilisations*. De plus une bonne tolérance a été observée (71). D'après les hypothèses suivantes, selon lesquelles : d'une part, le système de réparation du DNA, le O⁶-alkylguanine-alkyltransférase, interviendrait dans la résistance envers certains agents alkylants, et d'autre part, la dacarbazine serait susceptible de saturer cette enzyme en 3 à 4 heures, un groupe suggère que l'administration de dacarbazine, 3 heures avant celle de fotémustine, devrait restaurer la sensibilité des cellules aux nitrosouées. Ce protocole a été expérimenté sur 24 patients atteints de mélanomes malins avancés. Le taux de réponses objectives* obtenu est de 33% dont 4 réponses complètes*, 4 réponses partielles* et 4 stabilisations* avec une moyenne de survie de 28 semaines, ce qui n'est pas réellement meilleur que les résultats obtenus dans les autres études. La seule toxicité observée avec la fotémustine est hématologique, elle est réversible (1). Différentes doses de dacarbazine, associées à la fotémustine ont également été testées sur 60 patients. Le taux moyen de réponses* obtenu est de 30% avec une médiane de survie de 15 semaines, sans différence significative entre les doses de dacarbazine testées. Cependant l'augmentation des doses est corrélée avec l'augmentation de la toxicité hématologique (59), mais l'association fotémustine-dacarbazine est tout de même mieux tolérée, sur le plan hématologique, que la fotémustine seule (53bis). Un essai, sur 60 patients, associant fotémustine-vindésine-dacarbazine a permis d'obtenir 43% de réponses objectives* avec une durée de survie de 32 semaines et une toxicité acceptable.

Ces résultats laissent suspecter la supériorité de la fotémustine sur d'autres nitrosouées (26% de réponses dans une association similaire comportant le CCNU) (59). Cependant seule une étude randomisée permettrait de le démontrer (la durée de survie plafonne à 8 mois soit environ 32 semaines). De plus, les variations observées dans les taux de réponses sont probablement dues à la méthode de sélection des patients et/ou aux traitements chimiothérapeutiques précédemment administrés, comme en témoigne l'absence d'amélioration de la survie.

3.1.3. CHIMIOTHERAPIES A FORTES DOSES ET AUTO-GREFFE DE MOELLE.

Elles ont constitué un espoir thérapeutique permettant d'obtenir jusqu'à 75% de réponses objectives avec le melphalan et le BCNU. Cependant ces espoirs ont été, le plus souvent, déçu par la courte durée de ces réponses (médiane de 6 mois).

3.1.4. CHIMIOTHERAPIE ET IMMUNOTHERAPIE.

Ces associations médicamenteuses permettent d'espérer à la fois des taux de réponses plus élevés et des allongements de la durée de survie. Mais les multiples modalités d'associations donnent, le plus souvent, des résultats très difficiles à interpréter.

Une étude comportant 32 patients, concernant l'association dacarbazine-cisplatine-interleukine-2, montre un taux de réponse objectives* de 41%, soit 16% de rémissions complètes* et 25% de rémissions partielles*. La médiane de survie est d'une quarantaine de semaines. Quelques néphrotoxicités mineures ont été observées, mais les retards de traitements ont été rares (36).

L'association interféron- α et interleukine-2, a été étudiée selon deux protocoles différents, associant soit l'interféron- α à l'interleukine-2 en continu, soit l'interféron- α à une dose de charge d'interleukine-2, suivie d'une réduction de la dose en administration continue. Ces protocoles apportent respectivement des taux de réponses objectives* de 18% et de 41% et montrent qu'une forte dose, suivie d'un traitement à plus faible dose, ne réduit pas le taux de réponses, tout en améliorant la tolérance du traitement (56). L'association cisplatine-interféron- α -interleukine-2, peut permettre d'obtenir des taux de réponses objectives de l'ordre de 54%, avec des réponses prolongées allant de 12 à 89 semaines (56bis). Malheureusement, la tolérance de ces traitements, contenant des immunothérapies, est assez mauvaise et les protocoles sont très difficiles à supporter par les malades.

3.1.5. CHIMIOThERAPIES ET HORMONOTHERAPIES.

Partant de l'identification de récepteurs d'oestrogènes sur les cellules tumorales, un groupe a été conduit à utiliser un antioestrogène, le tamoxifène, en complément des chimiothérapies. 117 patients, atteints d'un mélanome malin métastasé, sont randomisés* pour recevoir, soit la dacarbazine seule, soit l'association dacarbazine/tamoxifène. Le taux de réponses objectives* avec la dacarbazine seule est de 12% (10% chez les femmes et 13% chez les hommes) avec une moyenne de survie de 29 semaines (30 pour les femmes contre 27 pour les hommes). L'association dacarbazine/tamoxifène montre un taux de réponses objectives* de 28% (38% chez les femmes et 19% chez les hommes) avec une moyenne de survie de 38 semaines (69 pour les femmes contre 31 pour les hommes) (25). Il existe, dans cette étude, une différence significative, en terme de réponses objectives et de durée de survie, en faveur de l'association dacarbazine/tamoxifène, chez les femmes.

L'association dacarbazine, carmustine, cisplatine, avec tamoxifène montre un taux de réponses objectives* de 50% dont 15% de rémissions complètes* avec une moyenne de survie de 10,8 semaines. La même association sans le tamoxifène, ne donne que 10% de réponses objectives dont 8% de rémissions complètes* avec une moyenne de survie de 9,8 semaines (68, 69).

3.1.6. CONCLUSION.

Ces résultats, bien qu'encourageants, surtout pour les associations chimio-immunothérapeutiques, sont tempérés par la lourdeur des protocoles et par leur toxicité importante, dans une situation qui reste palliative. Par conséquent de nombreux patients ne peuvent les recevoir. Ainsi, on observe une tendance à sélectionner, au départ, des patients dont le pronostic est le meilleur (âge, nombre de sites, siège des métastases), ce qui peut améliorer artificiellement les résultats. Un meilleur contrôle de la toxicité permettrait, éventuellement, des indications plus larges de ce type de traitement. A l'heure actuelle, des protocoles de plus en plus complexes, associant le plus souvent chimiothérapie et immunothérapie, apportent maintenant des taux de réponses objectives* allant jusqu'à 50%, alors que les meilleurs

associations chimiothérapeutiques seules donnent des réponses objectives* de l'ordre de 25%. Effectivement, les antimétabolites "les plus actifs" (15 à 30% de réponses objectives) sont la dacarbazine, la fotémustine et le cisplatine, mais les combinaisons d'antimétabolites ne permettent pas d'améliorer ces résultats (20 à 30% de réponses objectives). En revanche, les taux de réponses objectives dépassent 50% en combinant ces trois drogues avec le tamoxifène (66bis). Il faut noter que les taux de réponses complètes* augmentent (13% pour les meilleures) et par conséquent les durées de survie devraient être prolongées (85 mois pour les plus longues) (56bis).

Donc rien de bien décisif n'apparaît en matière de traitement du mélanome malin disséminé. Cependant, ces données sont à considérer avec précautions, car de nombreux biais peuvent éventuellement influencer les résultats et expliquer cette disparité (choix des patients, traitements précédents...).

Dans cette étude, le choix s'est porté sur l'association de la dacarbazine, considérée comme la substance de référence, à la fotémustine la dernière née des nitrosourées, association qui paraît apporter de bons résultats. En effet de par sa liposolubilité, elle peut franchir la barrière hémato-méningée et ainsi atteindre les métastases cérébrales, en partie responsables des décès dans les mélanomes malins métastasés.

3.2. CLASSIFICATION DES ANTICANCEREUX EN FONCTION DE LEURS MECANISMES D'ACTIONS.

La présentation des drogues antimétabolites, qui paraît la plus claire, est celle qui les classent selon leurs mécanismes d'actions (Figure 1.1., page 21). On peut ainsi distinguer quatre grandes familles :

- les drogues agissant par interférence avec la biosynthèse des acides nucléiques et des protéines;
- les drogues agissant par interférence avec la duplication, la transcription et la traduction;
- les drogues agissant sur le fuseau mitotique;
- les autres substances à mécanismes d'action complexe.

3.2.1. LES DROGUES AGISSANT PAR INTERFERENCE AVEC LA BIOSYNTHESE DES ACIDES NUCLEI- QUES ET DES PROTEINES.

Ces drogues sont encore appelées antagonistes ou ANTIMETABOLITES dans la mesure où leurs formules chimiques présentent une ressemblance plus ou moins étroite avec des coenzymes ou des métabolites nécessaires à la synthèse du DNA, du RNA ou des protéines, mais elles en diffèrent suffisamment pour agir comme des inhibiteurs compétitifs dans ces processus métaboliques. Elles regroupent :

- les antagonistes de l'acide folique (ex. : méthotrexate);
- les analogues des purines (ex. : 6-mercapto-Purine);
- les analogues des pyrimidines (ex. : 5-fluoro-uracile);
- les drogues affectant la biosynthèse des acides nucléiques (ex. : hydroxyurée);
- les inhibiteurs de la synthèse protéique (ex. : L-asparaginase).

3.2.2. LES DROGUES AGISSANT PAR INTERFERENCE AVEC LA DUPLICATION, LA TRANSCRIPTION ET LA TRADUCTION.

Ces drogues agissent au niveau des acides nucléiques eux-mêmes, notamment sur la duplication du DNA, la transcription et la traduction. Les agents appartenant à ce groupe sont :

- les ALKYLANTS qui constituent des ponts stables entre les deux brins de DNA; ceux-ci ne peuvent plus se séparer et jouer ainsi leur rôle dans la division cellulaire (ex. : nitrosourées);

- les agents qui interfèrent avec la transcription ou INTERCALANTS : une série de composés extraits de micro-organismes, désignés sous le terme "d'antibiotiques" partagent le même mécanisme d'action qui est la liaison sélective au DNA aboutissant au blocage de la transcription, c'est-à-dire de la synthèse de RNAs (ex. : anthracyclines, actinomycine D). La bléomycine est partiellement intercalante en se liant à un brin de DNA.

- les agents altérant la traduction : ces molécules inhibent la synthèse protéique en bloquant la mise en place du système RNA de transfert/acide aminé activé sur le complexe ribosome/RNA messenger (ex. : puromycine). La procarbazine, outre son action en tant qu'alkylant, semble également altérer la méthylation du RNA de transfert, et ainsi inhiber la traduction.

3.2.3. LES DROGUES AGISSANT SUR LE FUSEAU MITOTIQUE.

Ces composés sont des POISONS DU FUSEAU entraînant la dislocation des formations microtubulaires de la cellule, empêchant donc la division cellulaire. Ils regroupent les alcaloïdes de la pervenche et les dérivés de la podophyllotoxine (étoposide et téniposide). Ces derniers agissent également en stabilisant les complexes clivables DNA-topoisomérase II.

3.2.4. LES AUTRES SUBSTANCES À MECANISMES D'ACTION COMPLEXE.

Le cisplatine agit à la fois en tant qu'alkylant et intercalant, mais intervient aussi probablement sur les phénomènes de réparations du DNA.

La dacarbazine agit plus en tant qu'alkylant qu'inhibiteur de la biosynthèse des purines.

3.3. LES CYTOSTATIQUES ALKYLANTS UTILISES DANS L'ETUDE.

Ils fixent un radical sur la molécule de DNA interdisant, d'une part, la réplication, par formation d'un pont stable entre les deux chaînes de DNAs, d'autre part, la division cellulaire, par cassure de ces molécules de DNAs (68).

3.3.1. DACARBAZINE ou DETICENER[®] (DTIC).

Laboratoire ROGER BELLON.

C'est une molécule alkylante affectant la synthèse du DNA et de ses bases puriques, après une probable activation métabolique. C'est un analogue d'un précurseur des bases puriques entraînant un blocage de la chaîne métabolique en se substituant à ces dernières.

Ses principales indications sont les lymphomes malins non Hodgkiniens, la maladie de Hodgkin, les sarcomes, les mélanomes.

La posologie chez l'homme est de 400 à 1000 mg/m² de surface corporelle, par cure, par voie intra-veineuse répartie en 1 à 5 jours avec une cure tous les 21 jours environ, ou de 100 mg/j, en 2 cycles de 5 jours, en intra-artérielle avec des cures espacés de 48 heures.

Les principaux effets indésirables, souvent réversibles, sont : digestifs (nausées, vomissements, anorexie, constipation); hématologiques (leucopénie, thrombopénie, anémie); alopecie; photosensibilisation; veinite au point d'injection.

3.3.2. FOTEMUSTINE ou MUPHORAN[®] (S10036).

Laboratoire SERVIER.

C'est un agent de la famille des nitrosourées ayant une activité alkylante et carbamoylante sur les acides nucléiques et les protéines. Son action alkylante se situe sur les groupes nucléophiles des acides nucléiques et des protéines.

Ses principales indications sont le mélanome malin métastatique et les glioblastomes.

La posologie chez l'homme est d'une administration par semaine, pendant 3 semaines, à 100 mg/m² de surface corporelle, en traitement d'attaque, suivie d'une administration toutes les 3 semaines à 100 mg/m² de surface corporelle, après 4 à 5 semaines d'interruption, en traitement d'entretien par voie intraveineuse.

Les principaux effets indésirables, souvent réversibles, sont : hématologiques (leucopénie, thrombopénie); digestifs (nausées, vomissements, diarrhées, douleurs abdominales); hépatique; neurologique; hyperthermie; veinite au point d'injection.

LISTE DES DROGUES CITEES DANS CE CHAPITRE.

DENOMINATION USUELLE (D.C.I.)	DENOMINATION CHIMIQUE	ABREVIATION
ACTINOMYCINE D	$C_{62}H_{86}N_{12}O_{16}$	ACT D
L-ASPARAGINASE		L-ASP
CARMUSTINE	1,3-bis(2chloroéthyl)-1-nitrosourée	BCNU
CISPLATINE	Cis-diamminodichloroplatine	CDDP
DACARBAZINE	Imidazocarboxamide	DTIC
5 FLUOROURACILE	Dihydroxy-2,4 fluoro-5pyrimidine	5 FU
FOTEMUSTINE	{[(Chloro-2-éthyl)-3 nitroso-3 uréido]-1 éthyl} phosphonate de diéthyl	S 100 36
HYDROXYUREE	Hydroxycarbamate	HUR
LOMUSTINE	1-(2-chloroéthyl)-3-cyclohexyl-1-nitrosourée	CCNU
6-MERCAPTOPURINE	$C_5H_4N_4S, H_2O$	6 MP
METHOTREXATE	Acide 4-amino-N ₁₀ -méthylptéroyl-L-glutamique	MTX
TENEPOSIDE	O-déméthyl-4'O-(O,O-thiényllidène-2)-4,6β-D-glucopyranosyl)-épipodophyllotoxine	VM 26
VINDESINE	$C_{43}H_{55}N_5O_7$	VDS

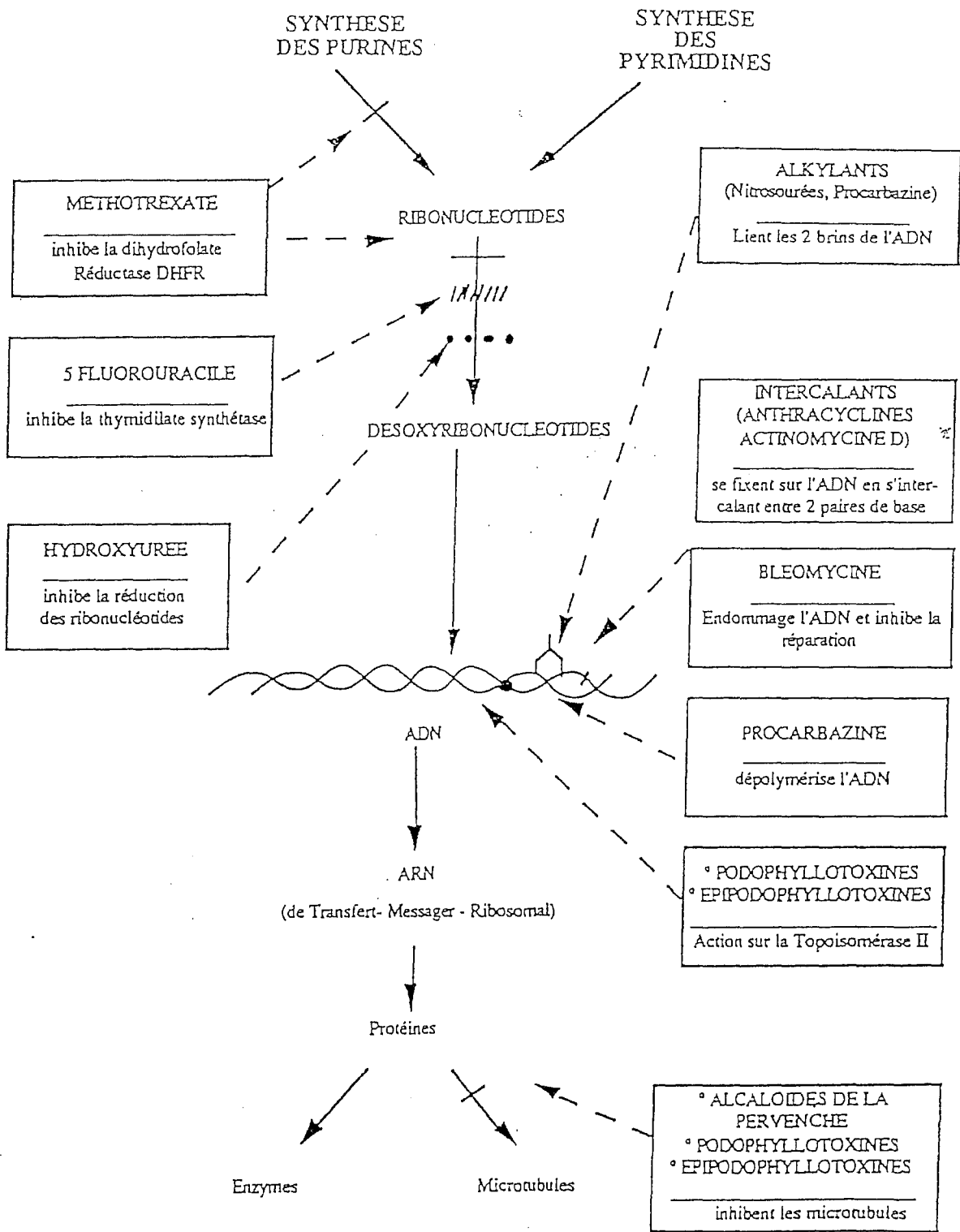


FIGURE 1.1. :
 MECANISMES D'ACTIONS DES PRINCIPAUX ANTICANCEREUX (30, 73).

II- LA CHIMIORESISTANCE

II- LA CHIMIORESISTANCE.

1. SES MECANISMES MOLECULAIRES.

La résistance est souvent définie par une absence de réponse thérapeutique. Son développement constitue un obstacle majeur au traitement des cancers (82).

Pour une tumeur donnée, l'émergence d'une chimiorésistance résulte de plusieurs facteurs, qui tiennent à la tumeur elle-même ou à son environnement physiologique (42, 109). On distingue donc :

- la résistance temporaire, liée à des facteurs de cinétique cellulaire ou de biodisponibilité pharmacologique avec notamment des "sanctuaires" rendant inaccessible la pénétration de la drogue;

- la résistance permanente, correspondant au développement, au sein d'une population tumorale, d'une sous-population de cellules résistantes, capables de transmettre cette résistance à leurs descendances.

Elle peut exister d'emblée, c'est la résistance intrinsèque, ou apparaître en cours de traitement, c'est la résistance acquise (82, 106). Ceci ne signifie pas que l'agent induise l'acquisition de cette résistance. En fait, l'agent sélectionne des cellules spontanément résistantes parmi une population majoritaire de cellules sensibles, ces cellules résistantes repeuplent ensuite la tumeur, d'où l'image d'une acquisition de résistance sous traitement. Cette résistance peut être limitée à un seul agent, alors que la tumeur ou les cellules tumorales sont sensibles à d'autres agents. Elle est en règle général d'origine génétique, les deux événements génétiques majeurs étant la mutation et l'amplification génique.

Pour une drogue donnée, plusieurs mécanismes peuvent concourir à rendre une cellule résistante (30). Ils peuvent intéresser :

- la membrane cellulaire entraînant une diminution de la pénétration des drogues par modification des mécanismes de transport spécifique;

- le cytoplasme par inactivation enzymatique de la drogue;

- le noyau par modification des mécanismes de réparation du DNA.

De plus, il existe des résistances simples (ou spécifiques) du type de la dihydrofolate réductase et des résistances multiples comme celles de type MDR1, GST π ou TOPO II.

La chimiorésistance est acquise par une cellule comme conséquence d'une mutation survenue dans son génome et dont la probabilité de survenue n'est pas influencée par le traitement. Dans certains cas de chimiorésistance, l'amplification et/ou la modification de l'expression d'un ou de plusieurs de ces gènes est présente.

2. LES GENES DE CHIMIORESISTANCE.

2.1. LA RESISTANCE PLEIOTROPIQUE "TYPIQUE" OU MULTI DRUG RESISTANCE (MDR).

Les premières observations de résistance pléiotropique* ont été décrites il y a plus de 20 ans (16). Cette résistance MDR est due à l'expulsion active, des drogues, hors de la cellule, par une glycoprotéine membranaire de 170 kDa (P-gp)(13, 19, 54, 65, 82). La P-gp est produite à partir du gène MDR. Il y aurait une corrélation entre la quantité de protéine détectée et la diminution de l'accumulation cellulaire des drogues, reflet de l'index de résistance observé. En effet, la P-gp fonctionne comme une pompe consommatrice d'énergie (ATP); elle est capable de se lier à la drogue pour en réaliser l'efflux actif. Cette résistance se manifeste à l'égard de nombreux composés toxiques d'origine naturelle, de nature hydrophobe et de structures très différentes tels que les alcaloïdes de la pervenche, les anthracyclines, les épipodophyllotoxines ou l'actinomycine D (14, 85, 109). Elle entraîne une résistance croisée vis-à-vis de ces drogues (42, 87).

2.1.1. LE GENE MDR.

Le gène MDR1 est un membre d'une famille multigénique présente chez l'homme et les rongeurs. Alors que 5 gènes ont pu être identifiés chez le hamster, 2 gènes, MDR1 et MDR2, sont connus chez l'homme. Cependant, la fonction du gène MDR2 n'est pas encore connue. Seul le gène MDR1 est capable de conférer le phénotype MDR par transfection dans des cellules sensibles. Enfin, la régulation de l'expression du gène MDR1 pourrait être médiée par des oncogènes viraux tels que v-h-ras et v-h-raf (18). Mais il semble également que le gène MDR1 pourrait être activé, durant la

progression tumorale, par l'intermédiaire de l'oncogène c-Ha-Ras-1 et du gène suppresseur des tumeurs (P53 mutée) (73).

Les deux gènes MDR humains sont localisés sur le chromosome 7q21.1 et ne sont séparés que par 330 kb. Le gène MDR1 s'étend sur plus de 100 kb. Il comporte 29 exons, 28 introns et 2 sites majeurs d'initiation de la transcription qui sont situés environ 140 bases en amont de la séquence ATG (Adénine-Thymine-Guanine) d'initiation de la traduction. Ce gène code pour un RNA messager de 4,5 kb, présent dans les cellules en quantité proportionnelle à leurs degrés de résistance (73). La surexpression du gène MDR1 peut être ou non précédée de son amplification (11, 38, 87). Dans le mélanome, son taux génique est normalement faible ou indétectable. Une plus grande quantité de protéines peut résulter d'une augmentation du nombre de copies du gène, cette amplification putative est exceptionnellement détectée dans les prélèvements frais de tissu cancéreux humain. Plus fréquemment, cette augmentation de la quantité de protéines résulte d'une augmentation du taux de transcription du gène, le RNA correspondant étant détecté en plus grande quantité. La surexpression de la P-gp est relativement fréquente, et dépend en partie de la localisation du cancer. Le produit du gène MDR1 est la P-gp ayant un rôle de pompe membranaire chassant, hors de la cellule, les cytostatiques tel que les anthracyclines, les alcaloïdes de la pervenche, les épipodophylotoxines, le taxol et l'actinomycine D (85).

2.1.2 LA P-GLYCOPROTEINE.

La P-glycoprotéine (P-gp) appartient à une super famille de protéines de transport de différents substrats d'eucaryotes et de procaryotes (Figure 2.1.). C'est une protéine de 1280 acides aminés, constituée de 2 parties homologues d'égales longueurs. Ces 2 parties sont représentées par 6 domaines hydrophobes trans-membranaires (13, 49, 65). La molécule purifiée de P-gp a une activité ATPase. Sa liaison avec l'ATP et son hydrolyse sont nécessaire à l'efflux des drogues. La mutation de l'un ou l'autre des 2 sites de liaison avec l'ATP est responsable de la disparition de la résistance aux drogues pour les cellules transfectées qui expriment la P-gp mutée. La liaison directe de la drogue sur la P-gp est une étape essentielle de son transport. Le site probable de fixation de la drogue, sur la P-gp, est la glycine

en position 185. Lorsque cet acide aminé est remplacé par une valine, il apparaît une modification de la résistance, qui est accrue pour le VP16 et l'adriamycine mais qui est diminuée pour la vinblastine, la vincristine ou l'Actinomycine D.

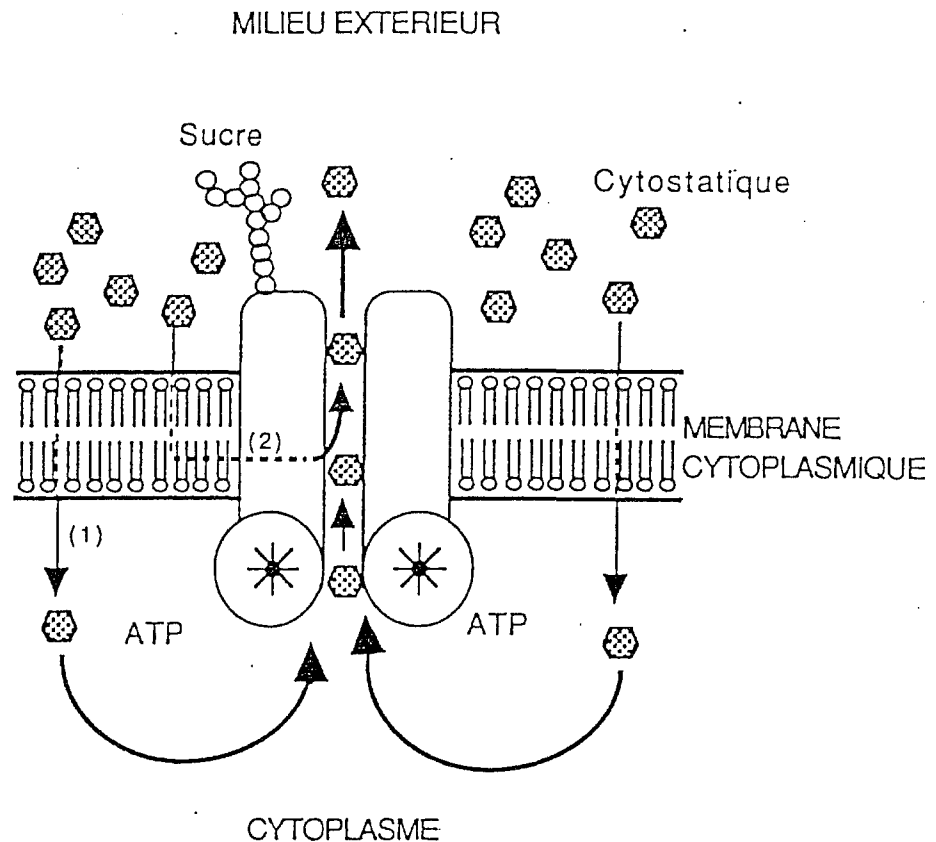


FIGURE 2.1. :
SCHEMA DE LA P-GLYCOPROTEINE (P-gp) (65)

- (1) : Le passage intracellulaire du cytostatique est passif, l'efflux par la P-gp est actif (2sites ATP).
- (2) : Il est possible que les cytostatiques très lipophiles ne pénètrent pas dans le cytoplasme.

2.1.3. EXPRESSION DU GÈNE MDR1 HUMAIN DANS LES TISSUS NORMAUX ET LES TUMEURS.

L'expression du gène MDR1 dans les tissus peut-être déterminé en mesurant (10) :

- soit le taux de RNAs par Northern blot, reverse transcriptase PCR...
- soit le taux de P-gp par Western blot, par immunohistochimie par différents anticorps monoclonaux (49, 65)...

Dans les tissus normaux, le gène MDR1 est généralement exprimé à un niveau faible (38,41). Cependant, dans certains tissus comme le colon, le foie, le rein, la surrénale, ce gène présente une expression élevée. Cette variabilité d'expression d'un tissu à l'autre suggère l'existence de phénomènes de régulation au cours de la différenciation cellulaire (49, 65). Le rôle physiologique de la P-gp dans les tissus normaux est mal connu. La localisation de la P-gp à la surface luminaire des cellules des tubes contournés proximaux rénaux, des hépatocytes bordant les canalicules biliaires et des cellules iléo-coliques est compatible avec une possible fonction d'excrétion des substances toxiques.

Dans les tumeurs humaines (41, 49, 65), l'expression du gène MDR1 est élevée soit dans les tumeurs dérivant d'un tissu normal surexprimant MDR1, soit dans certaines tumeurs telles que la leucémie myéloïde chronique (LMC) acutisée. Dans le mélanome son taux d'expression est normalement faible (41).

2.1.4. REVERSION DE LA RESISTANCE MDR.

Différents agents peuvent bloquer la P-gp et ainsi rendre réversible le phénotype de résistance (49, 55, 65, 92) :

- les inhibiteurs calciques (vérapamil, diltiazem, nifédipine);
- les antagonistes de la calmoduline (clomipramine);
- certains antiarythmiques (quinidine, amiodarone);
- autres (tamoxifène, certains progestatifs, la ciclosporine A).

Cependant, à l'heure actuelle, les résultats cliniques obtenus avec ces différentes molécules restent peu probants et une toxicité, plus ou moins importante, a été constatée (85).

2.2. LA RESISTANCE PLEIOTROPIQUE "ATYPIQUE".

L'identification de mécanismes de résistance croisée vis-à-vis de divers antimétabolites, sans qu'il y ait expression de la P-gp (8, 15) est à l'origine de l'appellation "résistance pléiotropique atypique". Deux mécanismes principaux ont été décrits. Un mécanisme de détoxification cytoplasmique, comme celui du glutathion, peut être mis en jeu avec l'une des isoenzymes clefs de son métabolisme surexprimée : la glutathion-S-transférase (112). L'autre mécanisme est représenté par l'altération des topoisomérases (8), enzymes régulant la conformation du DNA (49, 65).

2.2.1. LES GLUTATHION-S-TRANSFERASES.

Lorsqu'une substance exogène, telle qu'une drogue anticancéreuse est introduite dans un organisme, elle subit l'action de plusieurs systèmes enzymatiques, hépatiques et/ou extra-hépatiques. On distingue des enzymes dites de phase I, assurant l'hydrolyse, la réduction et l'oxydation de la molécule et les enzymes dites de phase II, inactivant la molécule ou ses métabolites et facilitant son excrétion. Parmi ces enzymes, certaines sont plus particulièrement impliquées dans la détoxification des drogues anticancéreuses. Ainsi, selon la drogue, différentes enzymes sont mises en jeu :

- la thymidilate synthétase pour le 5 Fluoro-Uracile;
- les glutathion-S-transférases pour les Alkylants ou l'Adriamycine.

a- Rappels biochimiques sur les glutathion-S-transférases :

Le glutathion (GSH) est un tripeptide intra-cellulaire, le gamma-glutamyl-cystéine-glycine présent dans un grand nombre de cellules de mammifères. En réagissant avec les radicaux libres ou les ions peroxydes générés par les anticancéreux, il permet la détoxification de la cellule et par là même, l'introduction d'une résistance aux alkylants, aux anthracyclines, aux nitrosourées et au cisplatine. Par conséquent la baisse du taux de GSH restaure une chimiosensibilité des cellules vis-à-vis de ces agents (85, 105). De ce fait, on conçoit l'importance de ces enzymes qui participent à l'activité

détoxifiante du glutathion en catalysant la conjugaison des drogues à la cystéine du glutathion. Elles appartiennent aux systèmes enzymatiques de phase I et II, assurant l'élimination de nombreuses substances étrangères à la cellule. Elles ont également une activité peroxydasique, leur permettant d'éliminer les hypéroxydes et les dérivés oxygénés fabriqués par l'adriamycine, entraînant ainsi une diminution de sa cytotoxicité (Figure 2.2.).

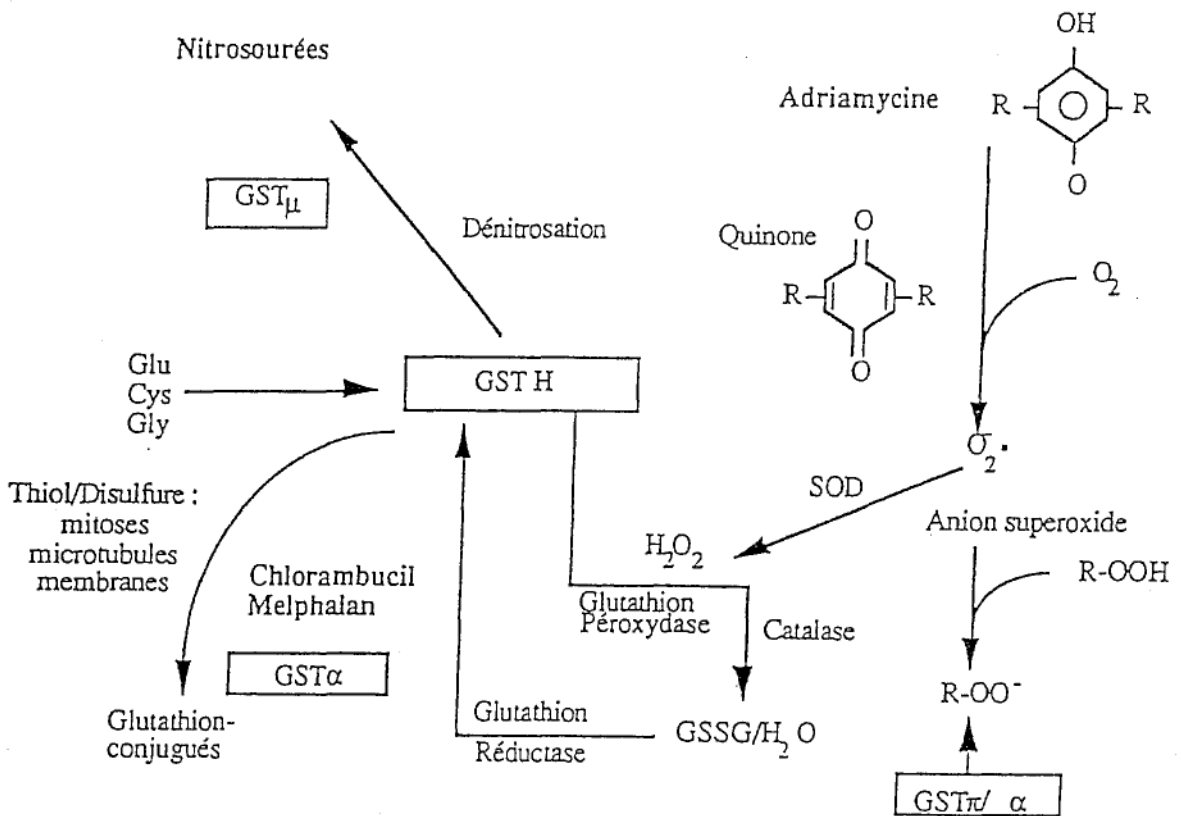


FIGURE 2.2. :
SCHEMA SIMPLIFIE DU ROLE DES GLUTATHION-S-TRANSFERASES
ET DES ENZYMES ASSOCIÉS
AUX MECANISMES DE DETOXIFICATION CELLULAIRE (73, 105).

b- Les glutathion-S-transférases (GSTs) :

Chez l'homme, il existe 3 familles d'enzymes distinctes par leurs propriétés chimiques et leurs structures polypeptidiques (26) et dénommées GST α , GST μ et GST π . Ces enzymes résident dans le cytosol sous forme d'homo et d'hétérodimères constitués de sous-unités protéiques dont le poids moléculaire varie de 23.000 à 28.000 daltons. Une augmentation de l'activité des GSTs ou du taux de transcrits de l'une de ces familles a été décrite dans différentes lignées cellulaires tumorales (60, 91, 102, 104, 116) et dans diverses tumeurs expérimentales (70, 104, 114).

Les glutathion-S-transférases constituent une famille d'enzymes qui catalysent l'attaque nucléophile d'un sulfure du glutathion dans le centre électrophile de nombreux composés chimiques. Les GSTs diffèrent d'un tissu à l'autre et sont supposées jouer un rôle important dans la protection de macromolécules cellulaires attaquées par des réactifs électrophiles, d'où leurs fonctions de détoxifiants cellulaires. De plus elles auraient un rôle de transporteurs pour des protéines intracellulaires telles que l'hème, la bilirubine, les hormones.... Un taux augmenté de GSTs a été observé dans de nombreuses cellules tumorales chimiorésistantes, d'où un rôle possible de ces enzymes dans le développement de la résistance au cours des chimiothérapies (112).

Grâce aux lignées cellulaires cancéreuses, sélectionnées pour leurs résistances aux drogues, il a été mis en évidence l'existence d'une relative spécificité des GSTs :

- la surexpression de GST α est associée à la résistance aux alkylants (cyclophosphamide) et à une résistance collatérale à d'autres drogues de ce type (melphalan, chlorambucil);
- la surexpression de GST μ a été observée après exposition d'une lignée cellulaire aux nitrosourées comme le BCNU (81);
- la surexpression de GST π est responsable de la résistance à de nombreuses drogues, dont les nitrosourées, le cisplatine et l'adriamycine.

c- Les gènes GSTs :

Trois familles de gènes codent pour ces 3 groupes d'enzymes chez l'homme (53). La GST α , de nature basique, est à l'origine des sous-unités 1, 2, 8

et 10. Ce gène appartient au chromosome 6p12 et sa séquence humaine n'est pas encore totalement identifiée mais, à priori, comparable à celles observées chez le rat et chez la souris. La GST μ , de nature neutre, donne naissance aux sous-unités 3, 4, 6, 9 et 11. Ce gène est porté par le chromosome 1p31 et il existe une corrélation entre la séquence du gène chez le rat, en partie connue, et celle de l'humain (112). Le gène correspondant à GST π , enzyme de nature acide, appartient au chromosome 11q13 et produisant un mRNA de 0,7 kb, permettant la production de la protéine constituée d'une seule sous-unité, la 7. Il est à noter que cette région du bras long du chromosome 11 s'avère être amplifiée dans un grand nombre de cancers humains, et plus particulièrement dans les tumeurs mammaires (58). La régulation de l'expression de GST π pourrait être médiée par les oncogènes viraux v-h-ras et v-h-raf (18) et par les oncogènes cellulaires c-fos et c-jun (72). De plus, elle pourrait être commune à celle de la MDR1 dans la mesure où une augmentation de l'activité GST est souvent associée à un niveau de transcrits élevés pour MDR1 dans différentes lignées cellulaires tumorales (116).

d- Expression des GSTs dans les tissus normaux et les tumeurs :

La fonction majeure de détoxification, assurée par les GST et la diversité des molécules sur lesquelles elles peuvent agir, explique l'hétérogénéité de leurs distributions et les variations importantes de leurs taux (10). Dans les tissus normaux de rat, les GSTs, sont présentes dans presque tous les tissus (105). Chez l'homme, le taux de transcrits de GST π est élevé dans le placenta et le poumon, mais bas dans le foie (74).

Comparées aux tissus normaux, dont elles dérivent, un grand nombre de tumeurs humaines (cérébrales, gynécologiques, digestives, urinaires, pulmonaires, hématologiques) présentent une augmentation de l'activité glutathion-S-transférase (76). Dans ces tumeurs, la GST π est souvent prédominante (49, 96). Elle semble donc associée au processus de transformation et peut être considérée comme un marqueur tumoral (105). Dans certains cas, comme les cancers du sein, l'expression de GST π varie de manière inverse à celle des récepteurs hormonaux et constitue par conséquent un facteur pronostic péjoratif (107). Dans les mélanomes non traités, son taux est souvent bas. Ce système de défense faisant intervenir la

GST π , est plus fréquemment observé que l'augmentation de l'efflux des drogues, c'est-à-dire le phénotype MDR classique, dans les tumeurs humaines, (28, 38, 74).

e- Réversion de la résistance aux GSTs :

La buthionine sulfoximine, un inhibiteur irréversible de la gamma-glutamyl-cystéine synthétase, entraîne une réduction significative du taux de GSH. Cet effet peut rendre chimiosensible des cellules devenues résistantes aux alkylants. L'utilisation de ces réversants, fait l'objet d'études préliminaires actuellement, afin de définir si leurs utilisations en thérapeutique serait bénéfique. Il semble ainsi que l'efficacité du melphalan puisse être accrue sans majoration de sa toxicité. En revanche, des toxicités rénales ont été observées avec les nitrosourées. L'estermonoéthyl de GSH, un réversant, pourrait être utile en association avec le cyclophosphamide ou le BCNU.

2.2.2. LES TOPOISOMERASES (62, 88).

Ce sont des enzymes nucléaires, impliquées dans la division et la croissance cellulaire (113), tout particulièrement au niveau des processus de réplication, de transcription et de recombinaison, en contrôlant la superhélicité du DNA. Il existe deux types de topoisomérases selon qu'elles entraînent la cassure d'un seul brin d'ADN (type I) ou des deux brins d'ADN (type II). Ces enzymes coupent de manière transitoire le DNA; pendant ce temps, un brin de DNA complémentaire dans le cas de la Topo I et deux brins dans le cas de la Topo II, sont synthétisés puis réinsérés au niveau de la lésion créée auparavant (82).

a- Les gènes (23, 101, 118).

La TOPO I est codée par une seule copie du gène porté par le chromosome 20q12-13. Les 2 isoenzymes de la TOPO II sont codées par 2 gènes

différents, ayant 75% d'homologie, et portées par le chromosome 17q21-22. Leurs transcrits (mRNA) sont de taille identique : 6,5 kb.

b- Les topoisomérases.

La TOPO I isolée des eucaryotes permet la relaxation, *in vitro*, du DNA surenroulé (113). C'est une protéine monomérique dont le poids moléculaire varie de 67 à 110 kDa, selon l'origine du système cellulaire.

Les TOPO II des eucaryotes sont des dimères dont chaque sous-unité a un poids moléculaire compris entre 170 et 180 kb (23). Elles catalysent, *in vitro*, les réactions de topoisomérisation de molécules circulaires bicaténares telle que la relaxation de supertours négatifs, la caténation et la décaténation, le nouage et le dénouage (49).

c- Expression dans les tissus.

L'activité de la TOPO II est corrélée avec la croissance cellulaire (10). Elle est élevée lorsque les cellules sont en phase de croissance logarithmique et plus basse lorsque la croissance cellulaire est en phase de plateau (99). De même, l'activité TOPO II est élevée en période de haute activité mitotique, comme au cours de la régénération hépatique après hépatectomie partielle (32), durant l'embryogénèse précoce (34) ou pendant le développement cérébral (110) chez le rat. C'est la cible de plusieurs antinéoplasiques dont l'adriamycine, le téniposide, l'étoposide, les anthracyclines, les épipodophyllotoxines... Une résistance multidrogue atypique est possible grâce à une diminution de synthèse de ces enzymes ou à une modification (mutation) de leur structure moléculaire, la reconnaissance de la cible par l'agent chimiothérapeutique est alors altérée. Son taux est inversement corrélé avec le taux de chimiorésistance.

d- Réversion de cette résistance.

Les nouvelles approches, pour contourner cette résistance médiée par la TOPO II, viennent d'une meilleure compréhension des mécanismes d'action

des drogues, qui ont pour cible cette enzyme, et de la meilleure connaissance des aspects biochimiques de cette forme de résistance. Actuellement, deux types d'agents laissent espérer que ce mécanisme de résistance pourra être contourné : les inhibiteurs des mécanismes de réparation tels que le 3-amino benzamide se sont avérés efficaces dans les lignées cellulaires CEM/VM1, au phénotype "at-MDR" ou toporésistant (9); les différents analogues des aminoacridines, des épipodophyllotoxines, des anthracyclines (le N-benzyladriamycine-14-valérate, méthoxymorpholinodoxorubicine) ne reconnaissent pas cette lésion de chimiorésistance et peuvent ainsi être cytotoxiques sur des cellules au phénotype toporésistant. De plus, une résistance à un inhibiteur de la TOPO I peut conférer une sensibilité relative à un inhibiteur de la TOPO II et *vice versa* (45, 100).

2.3. INHIBITION DE LA O⁶-ALKYLGUANINE-ALKYL-TRANSFERASE (AT).

Une mention spéciale doit être apportée aux nitrosourées qui sont capables de méthyler une guanine du DNA, sur l'oxygène en position 6 (85). Cette lésion peut être réversée par "l'enzyme suicide", la AT, qui serait absente dans certains modèles tumoraux, entraînant une extrême sensibilité, de ces cellules, aux nitrosourées. La corrélation entre le taux de AT et la résistance aux nitrosourées est encore à l'étude. De plus l'activité du O⁶-methylguanine ou du O⁶-benzylguanine en tant qu'inhibiteur de cette détoxification enzymatique est actuellement à l'étude en clinique. Ces deux composants sont des pseudo-substrats de l'enzyme qui ne peut, ainsi, plus otter le groupe alkyl du DNA. Il pourrait être intéressant de l'étudier dans notre modèle expérimental de mélanome malin.

3. LES MECANISMES MULTIFACTORIELS DE RESISTANCE AUX DROGUES ANTICANCEREUSES.

La résistance aux antimétabolites s'avère souvent être plurifactorielle : elle associe non seulement des mécanismes métaboliques et moléculaires mais aussi les mécanismes moléculaires entre eux (Tableau 2.1.). Chaque mécanisme de résistance est associé à une ou plusieurs drogues

antinéoplasiques, d'où l'extrême complexité des mécanismes de chimiorésistance. Les interrelations entre ces mécanismes sont encore mal établies; certains ont suggéré, par exemple, que les conjugués glutathions formés sous l'action de la GST pourraient être le substrat de la P-gp (115).

Trois mécanismes impliquant MDR1, GST π , TOPO II sont rencontrés dans la résistance vis-à-vis de deux familles de drogues : les épipodophyllotoxines (ex. VP16) et les anthracyclines (ex. doxorubicine). Deux mécanismes, impliquant ces gènes, peuvent expliquer la résistance pour les drogues suivantes : MDR1 et GST π pour la Vincristine; MDR1 et TOPO II pour le VM26 et l'actinomycine D; GST π et TOPO II pour la mitoxantrone. Pour les autres drogues, comme les nitrosourées, il semble qu'un seul mécanisme moléculaire de résistance soit en cause, dans ce cas GST π .

Cette résistance peut être croisée : les cellules résistantes sélectionnées après traitement par un agent (doxorubicine), sont résistantes à de nombreux autres agents, non apparentés (vinblastine, taxol, taxotère) (82). Cette résistance croisée peut être liée à la sélection de cellules possédant plusieurs mécanismes de résistance ou bien à un seul mécanisme de défense qui reconnaît plusieurs agents. De plus en plus fréquemment, on constate que ces résistances cohabitent, donnant une image d'ensemble particulièrement complexe.

TABLEAU 2.1. :
CARACTERISTIQUES DES MECANISMES MOLECULAIRES
DE CHIMIORESISTANCE ETUDIES (73).

MECANISMES DE CHIMIORESISTANCE				
GENE localisation chromosomique	amplification génique	surexpression génique	traduction du gène : protéine induite	FONCTION PHARMACOLOGIQUE DE LA PROTEINE
MDR1 7q21.11	+/-	+	P-gp	efflux des drogues hors de la cellule Touche : alcaloïdes de la pervenue, épipodophillotoxines, actinomycine D, anthracyclines
GSTπ 11q13	+/-	+	GST π	détoxification cellulaire marqueur de résistance associé au processus de cancérogénèse Touche : alkylants, 5-FU, antibiotiques, cisplatine
TOPO II 17q21.22	-	-	- défaut qualitatitatif ou quantitatif de TOPO II	associé à la croissance cellulaire son altération entraine une résistance envers certaines drogues Touche : anthracyclines, actinomycine D, épipodophyllotoxines

STRATEGIE ET RESULTATS

**III- CHIMIOSENSIBILITE DE LA
RECIDIVE D'UN MELANOME
MALIN ACHROMIQUE GREFFE
SUR SOURIS ATHYMIQUES**

III- CHIMIOSENSIBILITE DE LA RECIDIVE D'UN MELANOME MALIN ACHROMIQUE GREFFE SUR SOURIS ATHYMIQUES.

La découverte, chez la souris, d'un mutant privé de thymus, dont le déficit immunitaire est sévère, a fourni aux immunologistes un modèle idéal. Elle est aussi un instrument de choix en cancérologie, ce qui explique son utilisation pour tester, entre autres, de nouvelles thérapeutiques.

1. LA SOURIS NUDE.

En 1962, une souris mutante a été découverte, par GRIST, dans un élevage de l'hôpital à Glasgow, et examinée à l'institut de génétique animale d'Edimbourg. FLANAGAN l'a décrite avec précision et l'a appelée Nude (nu/nu) (37). Deux ans plus tard, PANTELOURIS mit en évidence l'athymie (79). Ainsi toutes les anomalies la concernant s'expliquent par un déficit immunitaire.

La souris nude, en effet, n'a pas de thymus mais possède cependant deux rudiments épithéliaux dépourvus de lymphocytes et composés de conduits anastomosés où les produits s'accumulent. Cette structure se modifie en fonction de l'âge. Dès la quatrième semaine de vie, les rudiments sont envahis de kystes au contenu visqueux, qui deviennent volumineux et se remplissent de débris cellulaires chez la souris âgée. Quelques lymphocytes de type B, peuvent-être rencontrés dans le tissu conjonctif entre les kystes. On a d'abord cru à l'absence totale de lymphocytes T, mais, l'utilisation d'antisérums a permis de caractériser, chez la souris nude, une population de lymphocytes possédant peu d'antigène Thy₁ et dont la membrane est dépourvue d'immunoglobuline. Ces cellules s'accumulent dans la rate où elles représentent 20 à 22% des cellules nucléées (64). Elles pourraient être des préthymocytes déterminés pour la lignée T mais qui ont besoin du micro-environnement thymique pour se développer.

En dépit de ce statut immunitaire la souris nude présente une résistance normale au développement de tumeurs spontanées ou induites. En effet, l'activité des cellules tueuses non induites (Natural Killer Cells) est plus importante chez la souris nude, quelque soit sa race, que chez la souris normale de même souche (50). Ces cellules lysent spontanément des cellules tumorales, certaines cellules normales en provenance de la moëlle osseuse et une partie des très jeunes thymocytes (47). Elles dérivent de la moëlle osseuse et leur degré d'activité varie en fonction de la race. Abondantes dans la rate et le sang, ces cellules ont l'aspect de petits lymphocytes, mais ne sont ni des cellules B, ni des macrophages, ni des cellules T (51), quoique l'on puisse détecter une faible quantité d'antigène Thy₁ sur leur membrane et donc les assimiler à des préthymocytes. L'activité importante de ces cellules NK expliquerait pourquoi les tumeurs se développent de façon particulière chez la souris nude : certaines se développent mal parce qu'elles y sont sensibles; d'autres croissent bien parce qu'elles leur résistent (50).

En 1969 RYGAARD et POVLSEN ont montré que des tumeurs humaines pouvaient être greffées chez la souris nude. Depuis la variété de tumeurs transplantées avec succès est impressionnante (12, 40, 117). Après avoir été greffées à intervalles réguliers pendant plusieurs années, elles conservent leurs principales caractéristiques histologiques et leur caryotype (humain) reste stable. La souris nude peut donc servir pour tester de nouvelles thérapeutiques adaptées spécifiquement aux différents cancers humains (40, 67, 83, 98). Ceci explique une partie de son succès de par le monde.

2. LA TRANSPLANTATION SUR SOURIS ATHYMIQUES.

2.1. LA TUMEUR A L'ORIGINE DU MODELE EXPERIMENTAL

Le malade était atteint d'un mélanome malin, cutané et achromique, de type SSM de 1,61 mm d'épaisseur selon BRESLOW et de niveau IV selon CLARK, de la paroi thoracique antérieure droite. Ce mélanome a bénéficié immédiatement d'une exérèse et, un an après d'un curage suivi d'un traitement à l'interféron- α et d'irradiations. La tumeur transplantée correspond à la récurrence ganglionnaire, de ce mélanome malin, au niveau de

la région axillaire, découverte un mois après les derniers traitements. Le bilan d'extension montrait l'existence concomittente d'une métastase pulmonaire, de multiples localisations hépatiques, et des lésions osseuses diffuses. Le malade a été traité par de l'interleukine-2 et de la dacarbazine, suivi d'une corticothérapie. Un traitement à la fotémustine avait été envisagé, mais le malade est décédé rapidement, un mois après le début des traitements. Le ganglion prélevé a été transplanté sur souris athymiques, permettant d'étudier les effets des chimiothérapies sur ce tissu tumoral, qui n'avait pas été en contact avec la chimiothérapie car l'exérèse avait eu lieu avant l'administration de celle-ci. Sur le plan histologique, le tissu tumoral prélevé montre une prolifération mélanocytaire maligne faite de cellules arrondies, globuleuses, très irrégulièrement pigmentées avec des noyaux fortement nucléolés mais pauvres en figures mitotiques. Les marqueurs déterminés (CD45-; protéine S100+; KL1+) confirment le diagnostic. Ces caractéristiques morphologiques se trouvent conservées dans la xénogreffe au cours des passages successifs.

2.2. LA TECHNIQUE DE GREFFE.

Après une légère anesthésie à l'éther, le fragment tumoral a été greffé par voie sous-cutanée, dans la région sous-scapulaire, sur des femelles âgées de 6 semaines.

Des mesures tridimensionnelles permettent de calculer le volume ($V = \pi/6 \times \text{Longueur} \times \text{largeur} \times \text{hauteur}$) et de suivre la croissance. Au sacrifice des animaux les tumeurs sont à la fois mesurées et pesées. Ceci permet de vérifier la validité des mesures effectuées pour calculer le volume. La différence entre le volume calculé et le poids tumoral n'excède généralement pas 5%.

3. ETUDE DE LA CHIMIOSENSIBILITE DE LA TUMEUR TRANSPLANTEE.

Le traitement choisi correspond à un de ceux utilisés en thérapeutique humaine. Il s'agit de la fotémustine à 100 mg/kg, J1 et J8 (MUPHORAN) associé à la dacarbazine à 250 mg/kg, J15, J16, J17 et J18 (DETICENE), qui

semble être l'un des plus efficaces sur le mélanome malin récidivant (1, 24, 71).

3.1. DETERMINATION DES DOSES MAXIMALES DE FOTEMUSTINE ET DE DACARBAZINE TOLEREES PAR L'ANIMAL.

Dans une première expérimentation, les doses maximales de fotémustine et de dacarbazine tolérées par les animaux et les meilleurs schémas d'administration ont été étudiés séparément. Les doses utilisées et les schémas d'administration pour chaque cytostatique utilisé sont répertoriées dans le tableau 3.1..

La croissance de la tumeur étant rapide (21 jours en moyenne entre deux passages, avec un temps de latence de 5 jours et un temps de doublement du volume tumoral de 4 à 5 jours). Les traitements ont tous débutés 6 jours après la greffe. Tous les animaux ont été sacrifiés 3 semaines après la transplantation.

TABLEAU 3.1. : SCHEMA D'ADMINISTRATION DES DOSES MAXIMALES, DE FOTEMUSTINE ET DE DACARBAZINE, TOLERÉES PAR L'ANIMAL.

LOTS	CYTOSTATIQUE	TRAITEMENT	JOURS
A	Témoins	Solvant : eau pour préparations injectables	J6/J7/J8/J9
B	Dose unique de fotémustine	50 mg/kg	J6
C	Doses fractionnées de fotémustine	12,5 mg/kg/j	J6/J7/J8/J9
D	Dose unique de dacarbazine	80 mg/kg	J6
E	Doses fractionnées de dacarbazine	20 mg/kg/j	J6/J7/J8/J9

3.2. DETERMINATION DE LA DOSE DE FOTEMUSTINE.

La dose unique de fotémustine (50 mg/kg) s'étant montrée toxique, une seconde expérimentation a été programmée pour mieux déterminer les doses compatibles avec la survie des animaux et l'association médicamenteuse. La durée de l'expérimentation a été de 21 jours.

TABLEAU 3.2. :
DETERMINATION DE LA DOSE DE FOTEMUSTINE.

LOTS	CYTOSTATIQUE	TRAITEMENT	JOURS
F	Témoins	Solvant : eau pour préparations injectables.	J6/J14
G	Fotémustine	20 mg/kg/j	J6/J14
H	Fotémustine	35 mg/kg	J6
I	Fotémustine	35 mg/kg 20 mg/kg	J6 J14

3.3. ETUDE DE L'ASSOCIATION : FOTEMUSTINE/DACABAZINE.

Compte-tenu de l'évolution rapide de la tumeur transplantée le schéma d'administration adopté ne peut suivre aveuglement celui pratiqué en clinique humaine, néanmoins le nombre d'injections pour chaque cytotatique est le même. Tous les animaux ont été suivis 25 jours après la greffe puis sacrifiés.

TABLEAU 3.3. :
ETUDE DE L'ASSOCIATION : FOTEMUSTINE ET DACARBAZINE.

LOTS	CYTOSTATIQUE	TRAITEMENT	JOURS
J	Témoins	Solvant : eau pour préparations injectables	J6/J10/J14/ J15/J16/J17
K	Fotémustine Dacarbazine	20 mg/kg/j 20 mg/kg/j	J6/J10 J14/J15/J16/J17

4. RESULTATS.

La chimiosensibilité du mélanome malin récidivant a été étudiée au travers de l'association fotémustine-dacarbazine. Trois étapes ont été nécessaires. Les résultats présentés ci-dessous correspondent, à l'analyse des prélèvements tumoraux, au moment du sacrifice des animaux, soit 3 semaines après la greffe.

4.1. DETERMINATION DES DOSES MAXIMALES.

LOTS	CYTOSTATIQUES	ANIMAUX VIVANTS/ TRAITES	TRAITEMENTS	POIDS TUMORAL MOYEN en g	TEST DE STUDENT
A	témoins : eau pour préparations injectables	9/9	J6/J7/J8/J9	8,04 ± 0,9	
B	Dose unique de fotémustine	1/9	50 mg/kg à J6	0,32	
C	Doses fractionnées de fotémustine	7/7	12,5 mg/kg/j à J6/J7/J8/J9	5,7 ± 1,05	0,2 > P > 0,1
D	Dose unique de dacarbazine	8/8	80 mg/kg à J6	6,85 ± 0,8	0,3 > P > 0,2
E	Doses fractionnées de dacarbazine	7/7	20 mg/kg/j à J6/J7/J8/J9	6,05 ± 1,3	0,3 > P > 0,2

Dans le lot B (fotémustine en dose unique à 50 mg/kg) une toxicité retardée, entraînant une perte de poids rapide, a été observée. Les décès ont commencé 4 jours après l'administration du médicament. Dans ce lot, 21 jours après la greffe, on ne trouvait qu'un seul survivant. Une fonte importante du tissu tumoral, avant la mort, a pu être néanmoins constatée pour tous les

animaux traités. La fotémustine, employée à cette dose, semble correspondre au seuil de toxicité pour les souris nues. De plus, la lyse tumorale rapide, peut être à l'origine du décès des animaux, en provoquant des désordres métaboliques importants.

Aucune différence significative de réduction du poids tumoral, entre les témoins (lot A) et les lots traités à des doses fractionnées de fotémustine (lot C) ainsi qu'à des doses uniques de dacarbazine (lots D et E), n'a été observée.

4.2. DETERMINATION DE LA DOSE DE FOTEMUSTINE.

LOTS	CYTOSTATIQUES	ANIMAUX VIVANTS/ TRAITES	TRAITEMENTS	POIDS TUMORAL MOYEN en g	TEST DE STUDENT
F	témoins : eau pour préparations injectables	13/13	à J ₆ et J ₁₄	12,95 ±0,7	
G	fotémustine	10/10	20 mg/kg/j à J ₆ et J ₁₄	8,41 ±1,05	0,001<P P<0,01
H	fotémustine	6/7	35 mg/kg à J ₆	4,62 ±1,6	P<0,001
I	fotémustine	5/6	35 mg/kg à J ₆ 20 mg/kg à J ₁₄	7,58 ±1,4	0,001<P P<0,01

Deux injections de fotémustine à 20 mg/kg (G) à 8 jours d'intervalle sont bien supportées; l'état général est bon, la perte de poids peu importante (en moyenne 2 g) et l'inhibition de la croissance tumorale par rapport au groupe témoin (F) est significative (0,001<P<0,01).

En revanche, avec l'utilisation d'une première dose plus élevée (35 mg/kg), on retrouve la toxicité retardée, effet observé au cours de la première expérimentation (fotémustine en dose unique à 50 mg/kg). En effet, 2 animaux (1 dans le lot H et 1 dans le lot I) meurent 5 jours après la première injection. Ce groupe est alors scindé en deux. Les 6 animaux sur lesquels a lieu la plus grosse fonte tumorale (H) ne reçoivent pas de traitement complémentaire. Les 5 autres dont les tumeurs semblent moins touchées reçoivent une seconde injection à concentration plus faible.

Au sacrifice, l'inhibition de la croissance tumorale est significative par rapport au groupe de témoins. Ceci permet de souligner la nécessité d'utiliser une première dose d'attaque la plus élevée possible. Cette observation peut également être faite en clinique humaine.

4.3. ASSOCIATION FOTEMUSTINE ET DACARBAZINE.

LOTS	CYTOSTATIQUES	ANIMAUX VIVANTS/ TRAITES	TRAITEMENTS	POIDS TUMORAL MOYEN en g	TEST DE STUDENT
J	témoins : eau pour préparations injectables	10/10	J6/J10/J14/ J15/J16/J17	13,07 ± 1,0	
K	fotémustine dacarbazine	11/11	20 mg/kg/j à J6/J10 20 mg/kg/j à J14/J15/J16/J17	7,97 ± 1,0	0,01>P> 0,001

On retrouve une inhibition tumorale voisine de celle obtenue avec la même dose de fotémustine employée seule. Ce modèle expérimental semble donc peu répondre à la dacarbazine.

Bien que la réduction du poids tumoral moyen obtenu soit significatif, il faut cependant noter qu'elle reste, bien évidemment, transitoire. En effet du tissu tumoral, résiduel, prélevé à la suite de cette association, a été greffé sur souris athymiques. Après une latence, d'une quinzaine de jours, la croissance tumorale a peu à peu repris. Néanmoins plusieurs passages ont été nécessaires avant de pouvoir effectuer une analyse cytogénétique, c'est-à-dire d'avoir des métaphases interprétables.

Pour réaliser une telle étude, nous avons eu besoin d'une centaine de souris athymiques. Ceci rend bien compte du travail nécessaire à la réalisation de telles études. Elles apportent des résultats très intéressants, notamment sur les effets de drogues sur une tumeur humaine et, elles permettant également des études plus poussées, de ces tissus avant et après divers traitements, par des techniques de cytogénétique et de biologie moléculaire, entre autres.

IV- ETUDE CYTOGENETIQUE

IV- ETUDE CYTOGENETIQUE.

Comme pour beaucoup de tumeurs solides, les premières analyses cytogénétiques concernant le mélanome malin furent d'abord faites à partir de quelques lignées cellulaires. Ce n'est que depuis une dizaine d'années que la mise au point de techniques plus performantes a permis d'étudier ce type de tumeurs soit directement à partir de pièces d'exérèse* soit après quelques jours de culture cellulaire de ce tissu tumoral.

1. ANOMALIES CHROMOSOMIQUES DES MELANOMES.

Les anomalies, les plus souvent répertoriées, parmi plus de cent cas de mélanomes malins analysés, concernent à la fois le nombre et la structure de nombreux chromosomes, sont celles touchant les chromosomes 1, 6, 7 et 9. Par contre, les chromosomes 2, 3, 10 et 11 paraissent moins impliqués (2, 6, 7, 29, 61, 97).

Les réarrangements portant sur le chromosome 1 sont détectés dans approximativement 82% des cas. La délétion totale ou partielle du bras court (1p) est rencontrée dans 60% des mélanomes métastasés (31).

Les réarrangements du chromosome 6 touchent l'ensemble de la structure. En ce qui concerne le bras long (6q), les délétions peuvent être partielles (6q21-23 ou 6q11-13), voire totales aboutissant alors à la formation d'un isochromosome du bras court (i(6)p). Ceci permet d'envisager la présence, sur le bras long, d'un éventuel gène impliqué dans la régulation négative de la croissance tumorale (108). En effet, TRENT *et coll.* ont montré que l'introduction d'un chromosome 6 normal dans des cellules de mélanome malin, portant une délétion du bras long, entraîne la disparition du phénotype malin (107), témoignant de la présence d'un facteur de suppression tumorale sur ce chromosome.

Au niveau du chromosome 7, la polyploïdie et/ou la perte totale du bras court entraînant l'apparition d'un isochromosome du bras long (i(7)q), ont été observés dans presque 50% des cas. L'augmentation du nombre de copies du chromosome 7 est souvent liée à une éventuelle surexpression d'un oncogène contrôlant le récepteur de l'E.G.F. (Epidermal Growth Factor) (57).

Il existe une corrélation inverse entre la survie clinique et la présence d'altérations structurales sur le chromosome 7 (108bis).

Enfin des remaniements du chromosome 9 sont notés dans environ 46% des mélanomes analysés. Ils peuvent être localisés dans la région 9p24-q12. Des délétions du bras court pourraient être considérées comme des événements précoces dans l'évolution tumorale vers la dissémination métastatique (2). La région 9p21 est localisée à proximité du gène codant pour l'interféron- α . La même hypothèse a été émise à propos des anomalies moins fréquentes (26%), observées au niveau du bras long du chromosome 10 (10q11-q26). Enfin, il existe également une corrélation inverse entre la survie clinique et la présence d'altérations structurales sur le chromosome 11. De plus, la détermination de marqueurs génétiques des syndrômes de *nævi* dysplasiques laisse suspecter que les gènes candidats, à cette susceptibilité, seraient localisés sur les chromosomes 1 et 9 (12bis).

2. ANALYSE CYTOGENETIQUE.

Le tissu tumoral coupé en fragments a été dilacéré à la toile à bluter, filtré sur gaze stérile, lavé au RPMI et centrifugé trois fois à 1.500 tours par minute pendant 10 minutes. Le culot cellulaire obtenu a été mis en culture dans un milieu utilisé pour les cellules des liquides amniotiques (RPMI; Sérum de Veau Foetal; ultrosor G; antibiotiques; glutamine). Deux jours plus tard, une solution de colchicine (concentration 0,01 $\mu\text{g/ml}$) a été ajoutée au milieu, pendant 14 heures environ pour bloquer les cellules en métaphase.

Après lavage avec du RPMI seul, les cellules ont été détachées par addition de trypsine (0,025%), puis centrifugées. Elles ont été remises en suspension dans un milieu hypotonique (chlorure de potassium 0,075M) pendant 30 minutes. Une série de 3 centrifugations suivies de 3 fixations (méthanol 3 volumes/acide acétique 1 volume) ont été pratiquées. Des étalements sur lames sèches ou humides ont été traités par dénaturation thermique, colorés au Giemsa puis observés au microscope. La technique de dénaturation thermique ménagée dans un bain de dihydrogénophosphate de sodium monohydraté met en évidence les bandes "R" des chromosomes (95).

En final, les métaphases rencontrées sur les préparations, ont été photographiées au microscope, à immersion, pour permettre l'analyse des caryotypes.

3. MATERIEL.

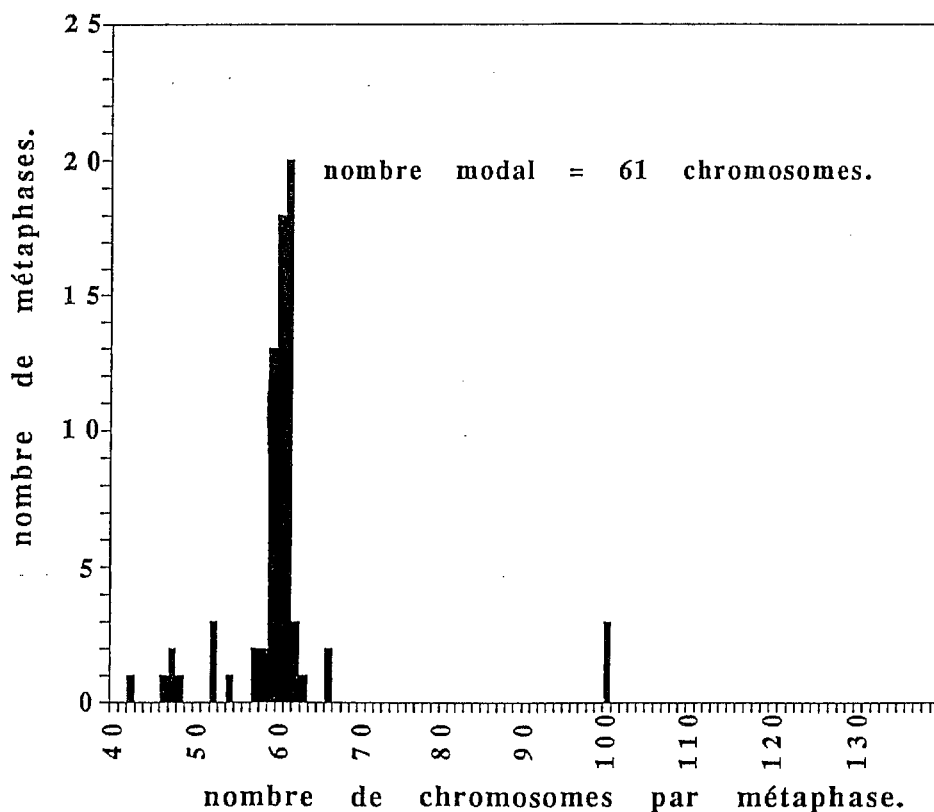
L'analyse cytogénétique a porté tout d'abord sur le modèle expérimental avant tout traitement (lot A). Puis, l'obtention de caryotypes immédiatement après traitements s'étant avérée difficile, seuls les lots G (fotémustine à 20 mg/kg x2) et K (association de la fotémustine à 20 mg/kg x2 avec la dacarbazine à 20 mg/kg x4) ont été étudiés. De plus, le tissu tumoral obtenu, après l'association médicamenteuse, était trop abimé pour obtenir des métaphases analysables. Il a donc été nécessaire de tenter une transplantation, d'attendre une reprise de la croissance puis de faire cinq passages supplémentaires avant de pouvoir étudier le caryotype.

4. RESULTATS.

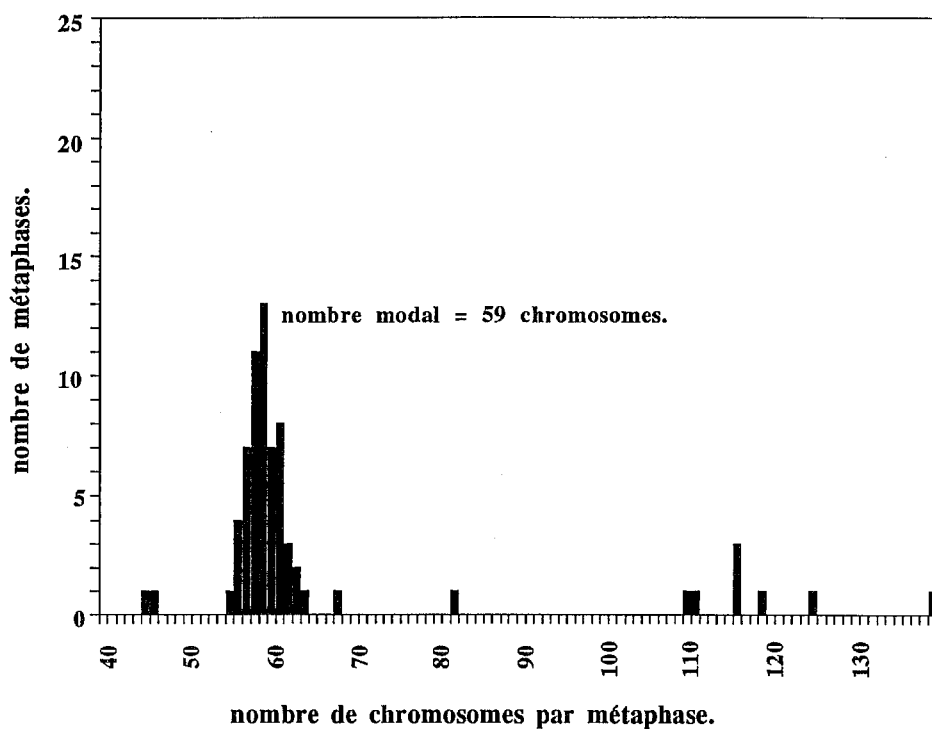
4.1. ETUDE COMPARATIVE DES ANOMALIES DE NOMBRE.

L'analyse du nombre modal, représentant le plus grand nombre de métaphases possédant le même nombre de chromosomes, dans les différents lots choisis (lots A, G et K) a donné les résultats suivants :

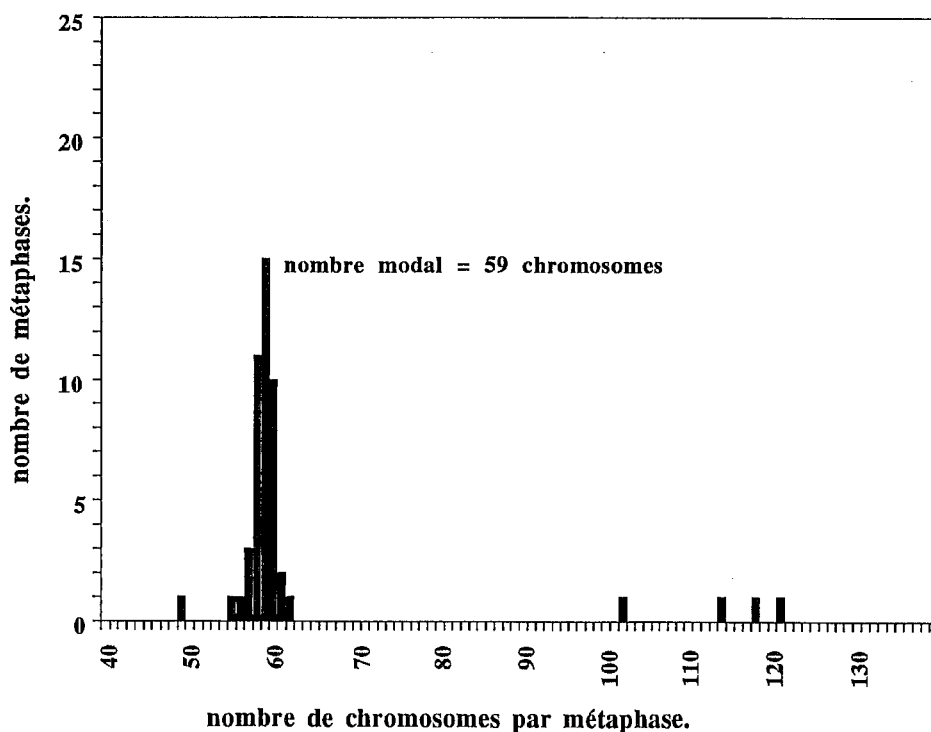
Détermination du nombre modal avant traitement (73 métaphases).



**Détermination du nombre modal
après traitement à la fotémustine (20 mg/kg x2)
(69 métaphases).**



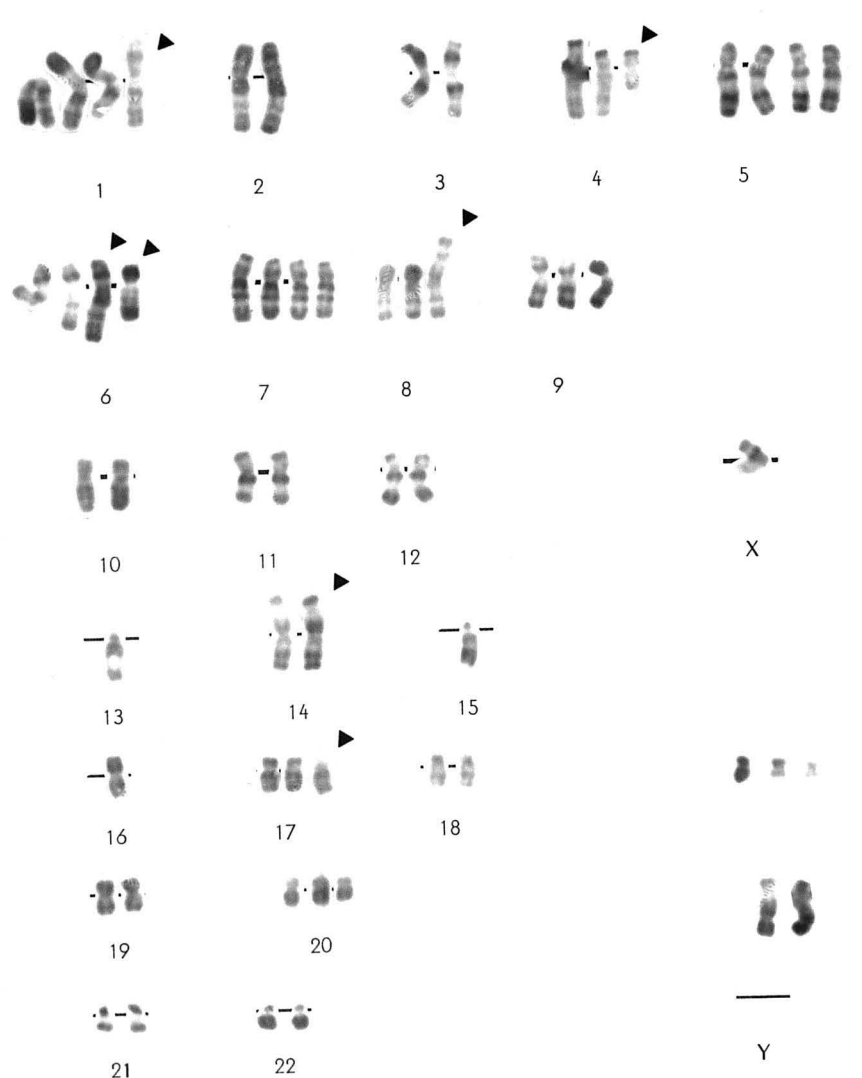
**Détermination du nombre modal après
traitement à la fotémustine (20 mg/kg x2)
et à la dacarbazine (20 mg/kg x4)
(49 métaphases).**



Les 3 histogrammes présentés n'appellent que peu de commentaires. En effet ils mettent en évidence une grande stabilité avec, dans les lots traités, une légère tendance à la polyploïdisation.

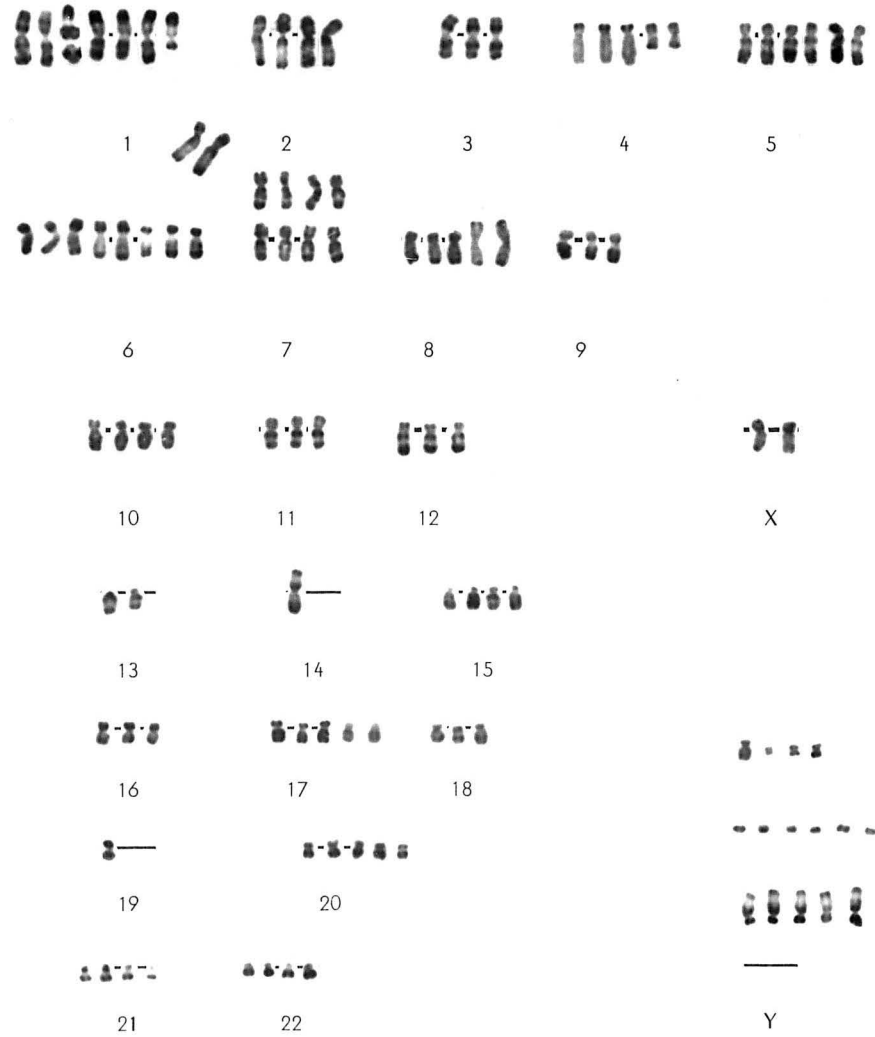
4.2. ETUDE COMPARATIVE DES ANOMALIES DE STRUCTURE

4.2.1. CARYOTYPE AVANT TRAITEMENT.



Le caryotype présenté est le suivant : 60, X, -Y, +del(1)(q42), +der(1)t(1;?)(p13;?), +4, i(4)p, +5, +5, +der(6)t(2;6)(q10;p10), +der(6), +7, +7, +8, i(8)q, +9, -13, -14, -14, +t(13;14)(p10;p10)x2, -15, -16, +17, del(17)p, +20, +5marqueurs {del : délétion; der : dérivé; i : isochromosome; t : translocation; p : bras court; q : bras long}

4.2.2. CHROMOSOMES METAPHASIQUES APRES
TRAITEMENT PAR LA FOTEMUSTINE.



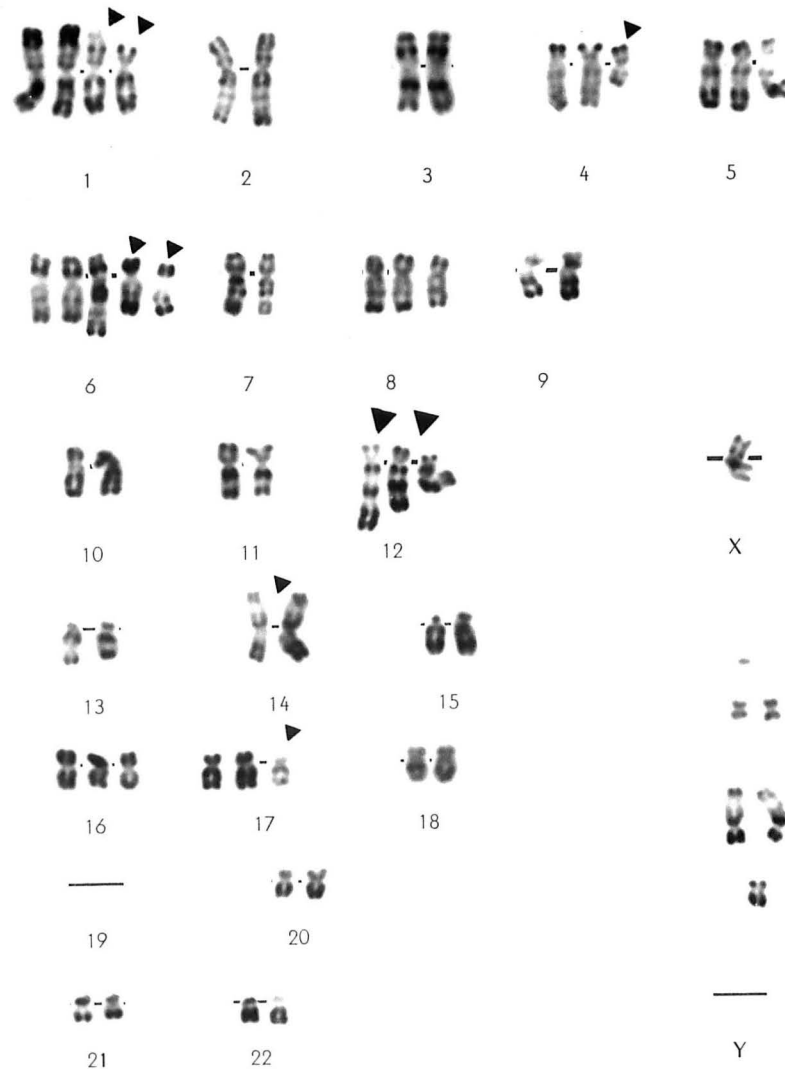
Ce caryotype correspond à un exemple de polyploïdisation rencontré dans l'analyse de ce lot (G). Les anomalies fondamentales du modèle expérimental avant traitement (lot A) se retrouvent conservées.

Cependant l'action particulière du cytostatique se trouve mise en évidence par la présence de nombreux fragments chromosomiques (double-minutes).



Exemple de double-minutes.

4.2.3. CARYOTYPE APRES TRAITEMENT PAR L'ASSOCIATION FOTEMUSTINE/DACARBAZINE



Comme pour le lot G traité à la fotémustine seule, on retrouve, cinq passages après l'association médicamenteuse, les principales anomalies rencontrées dans le caryotype initial avant tout traitement (délétions et translocations du chromosome 1, $i(4)p$, délétions du chromosome 6, $t(13;14)x2$, $del(13)q$, $del(17)p$, et quelques marqueurs). Cependant des évènements cytogénétiques particuliers à ce tissu tumoral et liés à l'association sont observés. On retrouve, ci et là, également des fragments chromosomiques sous la forme de double-minutes.

5. CONCLUSION.

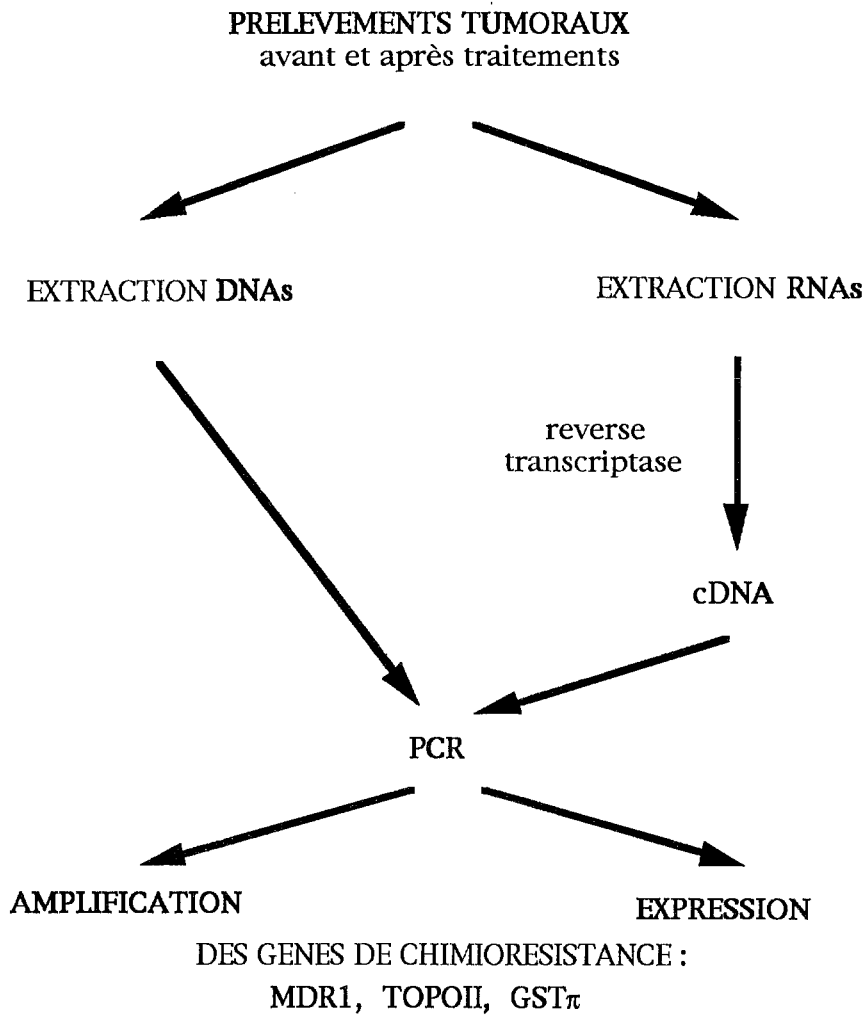
Après l'analyse de plus de 200 métaphases, nous pouvons constater que le caryotype du modèle expérimental présente bien quelques unes des anomalies rencontrées lors d'analyses cytogénétiques de mélanomes malins disséminés (translocations et délétions des chromosomes 1 et 6). La perte de l'Y est un évènement fréquent dans les tumeurs solides. Quoiqu'il en soit, l'analyse cytogénétique de ce modèle, montre un caryotype profondément remanié par une longue suite d'altérations génomiques. Celles-ci entraînent des activations de gènes promoteurs de la croissance tumorale et, après délétions ou mutations ponctuelles, des pertes de la fonction suppressive des "antioncogènes". Dans le cas du mélanome malin non traité, deux délétions de ce type sont présentes. Il s'agit de la délétion du bras court d'un chromosome 17, porteur du gène codant pour la P53 et de la délétion partielle du bras long d'un chromosome 13, porteur du gène codant pour le rétinoblastome. Ces deux altérations sont d'ailleurs considérées comme des évènements tardifs dans l'évolution tumorale.

Quel que soit le type de traitements utilisés (fotémustine seule ou en association), on observe une relative stabilité du nombre modal et une bonne conservation des principales anomalies caractérisant le modèle expérimental. Mais l'effet clastique* des médicaments se fait néanmoins sentir. Des cassures chromosomiques sont, en effet, visibles çà et là dans les métaphases, et la présence plus ou moins importante, de double-minutes marque bien le phénomène.

V- BIOLOGIE MOLECULAIRE

V- BIOLOGIE MOLECULAIRE.

Différents échantillons du mélanome malin humain ont été prélevés, avant ou après traitements chimiothérapeutiques, afin de permettre l'étude de quelques gènes de chimiorésistance : MDR1, TOPO II, GST π . Les méthodes de Biologie Moléculaire utilisées, présentées dans le Schéma 5.1., nous permettrons de mettre en évidence une éventuelle amplification et/ou expression génique.



SCHEMA 5.1: RECAPITULATIF DES DIFFERENTES ETAPES DE L'ETUDE EN BIOLOGIE MOLECULAIRE

1. MATERIEL.

Des échantillons, de la récurrence d'un mélanome malin humain, prélevés, avant et après les différents traitements, chez la souris nue (Tableau 5.1.), ont permis d'étudier les effets de la chimiothérapie sur l'amplification et/ou l'expression de trois gènes de chimiorésistance.

TABLEAU 5.1:
PRELEVEMENTS OBTENUS SUITE AUX DIFFÉRENTS TRAITEMENTS

N°	TRAITEMENTS	DNA	RNA
DETERMINATION DES DOSES MAXIMALES TOLEREES			
A	Solvant : eau pour préparations injectables à J6, J7, J8, J9	+	-
B	Dose unique de fotémustine : 50 mg/kg à J6	-	-
C	Doses fractionnées de fotémustine : 12,5 mg/kg/j à J6, J7, J8, J9	+	-
D	Dose unique de dacarbazine : 80 mg/kg à J6	+	-
E	Doses fractionnées de dacarbazine : 20 mg/kg/j à J6, J7, J8, J9	+	-
DETERMINATION DE LA DOSE DE FOTEMUSTINE			
F	Solvant: eau pour préparations injectables à J6, J14	+	+
G	fotémustine : 20 mg/kg à J6, J14	+	+
H	fotémustine : 35 mg/kg à J6	+	+
I	fotémustine : 35 mg/kg à J6 et 20 mg/kg à J14	+	+
ASSOCIATION FOTEMUSTINE/DACARBAZINE			
K	fotémustine: 20 mg/kg/j à J6, J10 dacarbazine: 20 mg/kg/j à J14, J15, J16, J17	+	+

J6 jusqu'à J17 : correspondent aux jours d'injection des différents traitements par rapport à J0 le jour de la greffe.

(+) : extraction du DNA ou du RNA possible.

(-) : impossibilité d'extraire le DNA ou le RNA par manque de matériel.

N.B. : Pour l'échantillon B (dose unique de fotémustine à 50 mg/kg), une toxicité retardée, entraînant une fonte importante du tissu tumoral, suivie par la mort de 8 animaux sur 9, ont été observées. Cette dose semble donc correspondre au seuil de toxicité de la fotémustine et par conséquent ni le DNA, ni le RNA n'ont pu être extraits car la masse tumorale, correspondant au seul survivant, était insuffisante.

Ce travail s'est limité à l'étude des trois gènes de chimiorésistance les plus couramment rencontrés : MDR1, GST π et TOPO II. Il est à rappeler que dans le cadre de la chimiorésistance acquise avec la dacarbazine et la fotémustine, utilisés pour traité le mélanome, seul GST π devrait être concerné. Les prélèvements obtenus ont été conservés dans l'azote liquide jusqu'à leur utilisation pour les extractions.

2. METHODES.

2.1. EXTRACTION DES ACIDES NUCLEIQUES.

2.1.1. EXTRACTION DES DNAs (3).

L'échantillon de tissu tumoral est d'abord mis en contact avec une solution contenant de la protéinase K et du SDS, puis incubé jusqu'à ce que la majorité des protéines cellulaires soient hydrolysées et dénaturées. Une déprotéinisation est obtenue grâce à des extractions successives par un mélange phénol/chloroforme/alcool isoamylique. Le culot de DNAs, précipité par de l'éthanol, est séché et resuspendu dans un tampon.

a- Lyse et digestion du tissu :

Le tissu tumoral, préalablement conservé en aliquots dans de l'azote liquide, est immédiatement plongé dans le tampon de digestion, à raison de 1,25 ml pour 100 mg de tissus, homogénéisé doucement et incubé pendant 12 à 18 heures, sous agitation continue, à 50°C, afin d'obtenir la lyse cellulaire et l'hydrolyse des protéines.

Le tampon de digestion est constitué de : EDTA 25 mM, pH 8; SDS 0,5%; NaCl 100 mM; Tris-HCl 10 mM, pH 8; protéinase K 0,1 mg/ml.

b- Extraction des acides nucléiques :

La solution, précédemment obtenue, est extraite par un volume égal du mélange phénol/chloroforme/alcool isoamylique (25:24:1), afin d'éliminer les protéines. La phase aqueuse est récupérée après une centrifugation de 10 minutes à 1.700 g à température ambiante dans un rotor à "nacelles mobiles".

c- Purification des DNAs :

Les DNAs de la phase aqueuse, sont précipités par 0,5 volume d'acétate d'ammonium 7,5 M et 2 volume d'éthanol absolu à -20°C et récupérés par une centrifugation à 4°C de 30 minutes à 10.000 g. La "pelote" de DNAs est rincée par de l'éthanol à 70%, centrifugée à 4°C pendant 15 minutes à 10.000 g, séchée et solubilisée dans un tampon TE pH 8 à 65°C pendant plusieurs heures. Les traces de RNAs sont éliminées par un traitement des échantillons à la RNase (SDS 0,1%; 1 µg/ml de RNase dépourvue de DNase; 1 heure à 37°C) suivie d'une extraction organique et d'une précipitation à l'éthanol, comme précédemment. Les préparations de DNAs sont aliquotées et conservées dans de l'éthanol à -20°C.

Le TE pH8 est constitué de : Tris-HCl 10 mM, pH 8; EDTA 1 mM, pH8.

d- Préparation des DNAs avant PCR :

Les DNAs sont précipités par 0,5 volume d'acétate d'ammonium 7,5 M et 2 volume d'éthanol absolu à -20°C, puis récupérés par une centrifugation à 4°C de 30 minutes à 10.000 g. La "pelote" de DNAs est rincée par de l'éthanol à 70% centrifugée à 4°C de 15 minutes à 10.000 g (ceci deux fois afin d'éliminer toutes traces de sels), séchée et solubilisée dans de l'eau stérile pour obtenir une concentration de 1 mg/ml.

2.1.2. EXTRACTION DES RNAs.

Tout travail avec des RNAs nécessite un matériel dépourvu de RNases. Donc, le matériel et les produits, pouvant le supporter, sont autoclavés à 120°C pendant 30 minutes, les solutions sont traitées par du DEPC (inhibiteur de RNases) à raison de 1 ml par litre, le port de gants est obligatoire, etc....

Ce protocole (22) est utilisé pour isoler les RNAs provenant de tissus ou de cultures cellulaires et correspond à 100 mg de tissus tumoral au départ.

a- lyse et digestion du tissu :

L'échantillon, préalablement conservé dans l'azote liquide, est broyé avec 1 ml de solution D, jusqu'à obtention d'un mélange visqueux.

La solution dénaturante (solution D) contient : thiocyanate de guanidium 4 M; citrate de sodium 25 mM, pH 7; sarcosyl 0,5%; 2-mercaptoéthanol 0,1 M. Afin de minimiser les manipulations du thiocyanate de guanidium, une solution mère est préparée en mélangeant et en dissolvant à 65°C : 250 g de thiocyanate de guanidium; 17,6 ml de citrate de sodium 0,75 M, pH 7; 26,4 ml de sarcosyl à 10%; 293 ml d'eau. Cette solution se conserve 3 mois à température ambiante. La solution D est obtenue en ajoutant 0,36 ml de 2-mercaptoéthanol à 50 ml de solution mère et se conserve 1 mois à température ambiante.

b- extraction des acides nucléiques :

A la préparation, obtenue précédemment, est ajouté, en mélangeant soigneusement par inversion entre chaque adjonction de réactifs : 0,1 ml d'acétate de sodium 0,2 M, pH 4; 1 ml de phénol; 0,2 ml du mélange chloroforme/alcool isoamylique (49:1). La suspension finale est mélangée vigoureusement pendant 10 secondes et refroidie dans la glace pendant 15 minutes. Après une centrifugation à 10.000 g pendant 20 minutes à 4°C, les RNAs sont présents dans la phase aqueuse, les DNAs et les protéines sont à l'interphase et dans la phase phénolique.

c- purification des RNAs :

La phase aqueuse est transférée dans un nouveau tube, mélangée avec 1 ml d'isopropanol et mise à -20°C pendant au moins 1 heure afin de précipiter les RNAs. Après une centrifugation à 10.000 g pendant 10 minutes à 4°C, la pelote de RNAs obtenue est dissoute dans 0,3 ml de la solution D et précipitée par 1 volume d'isopropanol à -20°C pendant 1 heure. Une autre centrifugation de 10 minutes à 4°C est effectuée, puis la pelote de RNAs est resuspendue dans de l'éthanol à 70%, sédimentée, séchée sous vide pendant 15 minutes et dissoute dans 50 µl de SDS 0.5% à 65°C pendant 10 minutes, dans de l'eau ou dans de l'EDTA 1mM, pH8, traité avec du DEPC. Les RNAs sont ensuite précipités par du sodium acétate 3M (pH 5,2) pour une concentration finale de 0,3 M et par 2,5 volumes d'éthanol absolu froid pendant 30 minutes dans la glace, centrifugés 15 minutes à 10.000 g à 4°C, lavés par de l'éthanol 70%, recentrifugés brièvement et enfin séchés à l'air, puis stockés à -80°C dans 3 volumes d'éthanol.

d- préparation des RNAs avant RT-PCR :

Pour pratiquer la technique de reverse transcriptase sur les RNAs et la PCR sur les cDNA ainsi obtenus, les RNAs devront être à nouveau précipités par la méthode décrite ci-dessus et dissouts dans de l'eau stérile sans DEPC car il inhiberait la PCR. Les RNAs sont aliquotés en fractions de 20 µl, à une concentration de 0,25 µg/µl, afin de minimiser les séries de congélations/décongélations des échantillons, qui seraient néfastes à leur intégrité.

2.1.3. TRANSFORMATION DES RNAs EN cDNA PAR LA TECHNIQUE DE LA REVERSE TRANSCRIPTASE (RT).

Cette technique (44), à partir des RNAs obtenus précédemment, permet d'obtenir les DNAs complémentaires ou cDNA correspondant, plus faciles à manipuler, moins fragiles, servant de matrice pour la technique de PCR, afin de mettre en évidence l'expression des gènes étudiés (21, 103).

a- Synthèse du premier brin :

Un aliquot de RNAs, correspondant à 5 µg, est chauffé dans de l'eau bouillante pendant 30 secondes afin de les dénaturer et de désorganiser leurs structures secondaires, puis refroidi dans la glace. Le volume est ajusté à 70 µl avec de l'eau stérile et ensuite sont ajoutés : 20 µl de tampon RT1; 2 µl d'inhibiteur de RNase à 36 U/µl; 1 µl d'oligo-dT à 5 µg/µl; 2,5 µl de dNTPs à 20 mM; 1 µl de DTT 1 M; 3 à 4 µl de reverse transcriptase à 33 U/µl ou RT. Le mélange est incubé à 42°C pendant 40 minutes, puis chauffé à 70°C pendant 10 minutes pour inactiver la réaction.

Le tampon RT1 est composé de : Tris 0,25 M, pH 8; MgCl₂ 30 mM;
KCl 0,25 M.

b-Synthèse du second brin :

Au mélange obtenu précédemment, est ajouté : 320 µl d'eau; 5 µl de DNA polymerase 1 à 5 U/µl; 2 µl de RNase H à 2 U/µl; 80 µl de tampon RT2 et mis à incuber à 15°C pendant 1 heure et à 22°C pendant 1 heure. Puis sont ajoutés 20 µl d'EDTA 0,5M, pH 8, suivie d'une extraction par du phénol, d'une précipitation par de l'éthanol et de l'adjonction de NaCl à 0,5 M, d'acrylamide linéaire à 20 µg/ml et 1 ml d'éthanol absolu, avant de les mettre 10 minutes à -80°C. Une centrifugation de 2 à 3 minutes est effectuée, avant de laver la pelote par de l'éthanol à 70% et de resuspendre les cDNA dans 45 µl de TE pH 8.

Un aliquot de 3 µl est utilisé pour faire une migration sur un gel à 1% d'agarose dans du TBE afin d'analyser la qualité des cDNA.

Le tampon RT2 est composé de: Tris 0,1 M, pH 7,5; MgCl₂ 25 mM;
KCl 0,5 M; BSA 0,25 mg/ml; DTT 50 mM.

2.2. CONTROLE DE QUALITE DES ACIDES NUCLEIQUES.

2.2.1. DNAs ET cDNA.

a- La spectrométrie UV :

Cette technique permet de doser les DNAs : une D.O. à 260 nm égale à 1, correspond à 50 µg de DNAs bicaténaires par ml, pour un trajet optique de 1 cm. Elle renseigne sur le degré de pureté des DNAs grâce à la comparaison des D.O. à 260 et 280 nm. En effet si ceux-ci sont exempts de protéines résiduelles, le rapport D.O.260/D.O.280 doit être voisin de 1,8.

b- L'électrophorèse :

Cette méthode (93) permet d'analyser tant des fragments de DNAs génomiques que des cDNA obtenus à partir des RNAs.

Des aliquots de 5 µl de DNAs, alourdis par 1µl de tampon de dépôt, sont préparés, de même que le gel d'agarose à 1%. Les échantillons sont déposés sur le gel simultanément avec les marqueurs de poids moléculaire, contenant le même tampon de dépôt, afin de déterminer la taille des DNAs analysés (Bst E^R d'APPLIGENE ou 1Kb ladder^R de GIBCO BRL) et sont mis à migrer dans du tampon TBE 1X, à 50 volts pendant 1 heure. Après la migration, le gel est coloré par du bromure d'éthidium à raison de 1 mg/ml pendant 1 minute, puis observé sur un transilluminateur UV (302 nm) et photographié par un film Polaroid^R Type 667.

Un DNA intact migre en une seule bande de haut poids moléculaire, alors qu'un DNA dégradé forme une trainée le long de son trajet de migration.

Le tampon de dépôt est composé de : glycérol 30%; bleu bromophénol 0,25%; xylène cyanol FF 0,25%. La solution stock TBE 10X (tampon de migration) est constituée de : 108 g de Tris base; 35 g d'acide borique; 20 ml d'EDTA 0,5 M, pH8; eau QSP 1 litre. Le gel d'agarose à 1% est préparé en mélangeant : 1 g d'agarose; 10 ml de TBE 10X; eau QSP 100 ml. Chauffer à 60°C, couler le gel et laisser solidifier pendant 30 minutes.

2.2.2. RNAs.

Pour toutes méthodes d'analyses et de quantifications des RNAs les mêmes précautions doivent être prises que lors de leur extraction.

a- La spectrométrie UV :

Cette méthode permet de doser les RNAs : une D.O. à 260 nm égale à 1, correspond à 40 µg de RNA par ml, pour un trajet optique de 1 cm. Elle renseigne sur le degré de pureté des RNAs grâce à la comparaison des D.O. à 260 et 280 nm. En effet si ceux-ci sont exempts de protéines résiduelles, le rapport D.O.260/D.O.280 est voisin de 2.

b- L'électrophorèse (5) :

Les échantillons sont incubés pendant 15 minutes à 65°C, puis refroidis dans la glace. Après une brève centrifugation pendant 5 secondes, sont ajoutés 2 µl de tampon de dépôt et 1 µl d'une solution de bromure d'éthidium à 1 mg/ml dilué dans de l'eau traité par du DEPC.

Le gel est soumis à une prémigration de 5 minutes à 5 volts par cm. Les échantillons sont déposés, et la migration du gel se fait dans du tampon de migration 1X à 3 ou 4 volts par cm. Une recirculation constante du tampon est effectuée grâce à une pompe. La fin de l'électrophorèse est obtenue lorsque le bleu de bromophénol atteint 8 cm de migration. Le gel est observé sur un transilluminateur UV (302nm) et photographié par un film Polaroid[®] Type 667.

La qualité de la préparation de RNAs totaux est vérifiée grâce à la présence de deux populations de RNAs ribosomiaux de 16 et 23 S (Boehringer Mannheim) dans un rapport RNAr 16S/RNAr 23S proche de 2.

Le tampon de migration 5X formaldéhyde est obtenu en dissolvant 20,6 g de MOPS dans 800 ml d'acétate de sodium 50 mM traité par du DEPC. Le pH est ajusté à 7,0 par du NaOH 2 N et 10 ml d'EDTA 0,5 M pH8 traité par du DEPC sont ajoutés. Le volume est ajusté à 1 litre avec de l'eau traitée par du DEPC. La solution est stérilisée en la filtrant sur un filtre Millipore 0,2 micron et elle se conserve à température ambiante à l'abri de la lumière. Le gel est préparé

en mélangeant : 1 g d'agarose; eau qsp 100 ml. Après avoir chauffé le mélange à 60°C, y ajouter 20 ml de tampon de migration 5X et 19 ml de formaldéhyde . Le gel est coulé sous une hotte, et laissé à solidifier pendant au moins 30 minutes. Les échantillons sont préparés en mélangeant dans un tube stérile : 4,5 µl de RNAs (> à 30 µg); 2 µl de tampon 5X; 3,5 µl de formaldéhyde; 10,0 µl de formamide; 2 µl de tampon de dépôt. Le tampon de dépôt est composé de : glycérol 50%; EDTA 1 mM, pH 8,0; bleu de bromophénol 0,25%; cyanol xylène FF 0,25, 2%.

2.3. TECHNIQUE DE PCR (Polymerase Chain Reaction).

2.3.1 PRINCIPE.

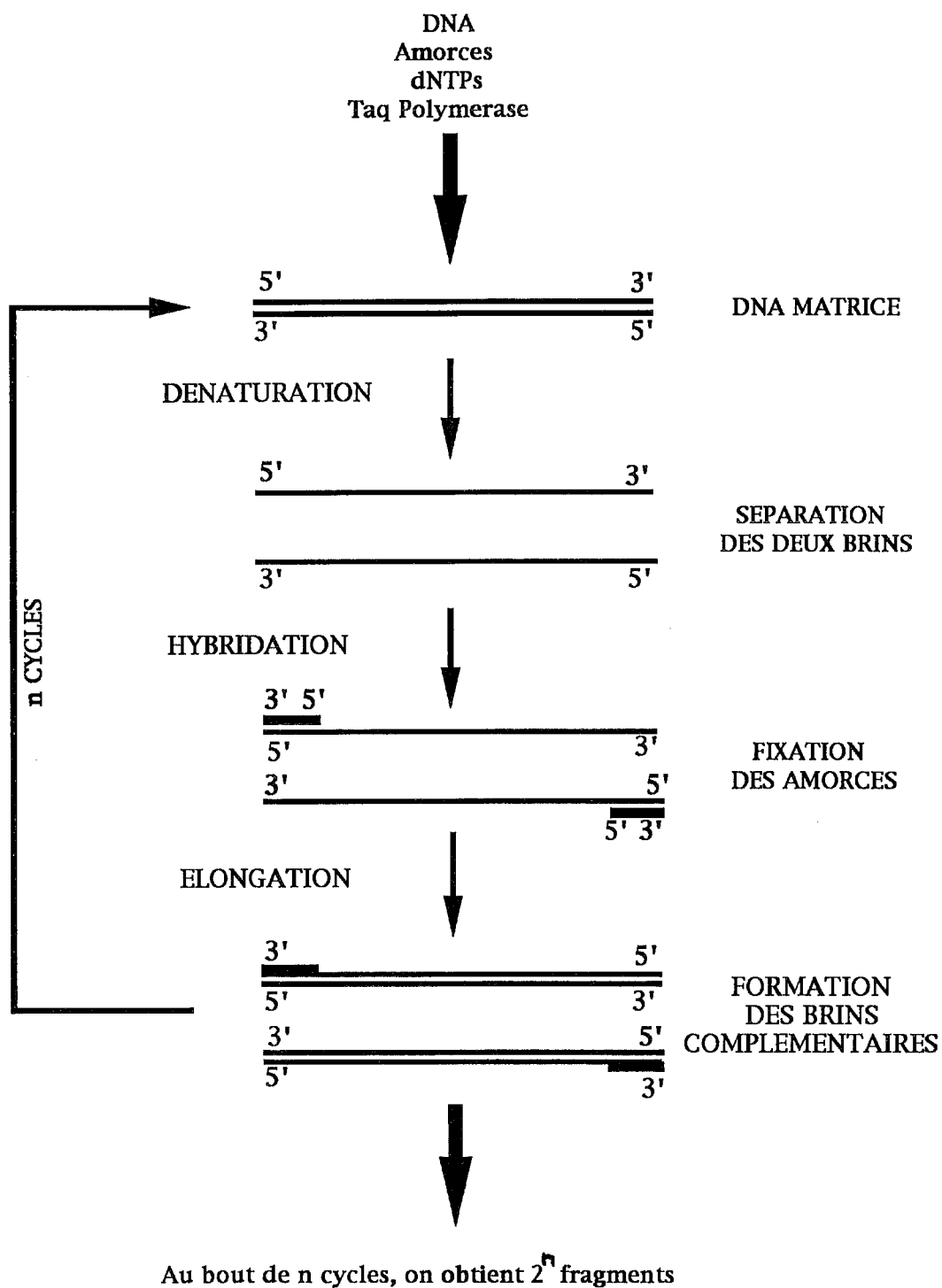
Cette technique permet de synthétiser un nouveau brin de DNA le long d'un autre brin (ou matrice), à partir d'une amorce oligonucléotidique , fixé sur une région complémentaire (Schéma 5.2). La réaction est effectuée plusieurs fois de suite, de manière à amplifier la quantité de matériel. La clé de cette technique est l'utilisation de la DNA polymérase, qui est thermostable et peut survivre à de nombreux cycles thermiques en ne perdant qu'une partie négligeable de son activité. L'utilisation de cette DNA polymérase de *Thermus aquaticus* ou Taq polymérase (90), et d'un incubateur thermique programmable, nous permet d'éviter les manipulations d'échantillons entre chaque cycles.

2.3.2. DNA MATRICE ET AMORCES.

Les échantillons de DNAs servant de matrice sont, d'une part, les DNAs extraits de nos divers échantillons tumoraux, avant et après traitements, d'autre part, les cDNA obtenus, par la reverse transcriptase, à partir des RNAs extraits de ces mêmes échantillons (Tableau 5.1.) (103).

Nous avons eu à définir la séquence de nos amorces. Pour cela nous avons obtenu, les séquences complètes correspondant à nos gènes, grâce à "l'EMBL data library" (11, 84). Les séquences de ces gènes sont présentées dans l'annexe. En partant de ces séquences connues tant pour le gène (séquence du DNA) que pour ses transcrits (séquence du RNA messenger),

nous avons déterminé les séquences à synthétiser qui constitueront nos amorces.



SCHEMA 5.2.: PRINCIPE DE LA PCR

Pour les gènes MDR1 (75, 77) et GST π (36, 72) cela a été relativement aisé car les séquences, tant des DNAs que des RNAs, sont parfaitement connues. Les séquences choisies sont présentées dans le Tableau 5.2. Les amorces ont été synthétisés par la firme EUROGENTEC.

Pour le gène TOPO II, nous n'avions que la séquence de DNAs et sa traduction en protéine (80). Grâce à l'utilisation d'un logiciel informatique (Gene Jockey^R), nous avons obtenu plusieurs séquences possibles des RNAs messagers (le code génétique étant dégénéré) et, en les comparant à la séquence génétique, nous avons pu déterminer nos amorces qui sont présentées dans le Tableau 5.2.

TABLEAU 5.2.
SEQUENCES UTILISEES COMME AMORCES ET FRAGMENTS OBTENUS
APRES PCR.

GENE	SEQUENCE DES PRIMERS	FRAGMENT APRES PCR SUR L'ADN en pb	FRAGMENT APRES PCR SUR L'ADN ^c en pb
MDR1	5'CTCATTCGAGTAGCGGCTCT3' 3'TTTGACTTGTATTTTCC5'	771	206
GST π	5'TGCCGCCCTACACCGTGGTC3' 3'TTCTTTCCCGAAGAACACG5'	1107	331
TOPOII	5'TCACCATGGAAGTGTACCA3' 3'CGTCTGTACAATAATACAT5'	989	989
β -GLOB	5'ACACAACGTGTTCCTACTAGC3' 'CAACTTCATCCACGTTACCC5'	110	110

pb : paires de bases

Nous avons également utilisé un contrôle interne (39, 77) correspondant au gène de la β -globine (β -GLOB) dont les amorces correspondantes sont représentés dans le Tableau 5.2.

2.3.3. LA REACTION DE PCR.

Nous avons choisi d'utiliser la méthode de double amplification par PCR (20, 35, 36, 63, 77, 103). Cette technique consiste à amplifier, le fragment correspondant au gène étudié, simultanément avec celui d'un gène servant de référence, la β -globine. L'amplification du gène de la β -globine nous permet de vérifier si les fragments, des gènes étudiés, ont bien été amplifiés, et d'autre part, d'effectuer une évaluation semi-quantitative des fragments géniques étudiés par rapport à celui de la β -globine, utilisée comme sonde interne.

La réaction contient : un mélange de 4 nucléotides (dATP, dTTP, dCTP, dGTP) en quantités égales (APPLIGENE); un mélange des deux couples d'amorces encadrant les régions de DNAs à amplifier (EUROGENTEC); la Taq Polymérase et son tampon (APPLIGENE).

Nous avons testé expérimentalement différentes conditions, afin de les optimiser, pour chaque gène : la durée de chaque étape (dénaturation, hybridation, élongation); le nombre de cycles maximum avant d'avoir des amplifications aspécifiques; les concentrations de Taq Polymérase, de dNTPs, d'amorces et de DNAs matrice optimum a employer (103); les températures d'hybridations.

Les températures moyennes d'hybridations peuvent être définies théoriquement d'après la formule suivante : $T_m = 4(GC) + 2(AT)^\circ C$. La température d'hybridation théorique pour un oligonucléotide, d'environ 20 pb, est normalement de : $T_{th} = T_m - 5^\circ C$.

Mais ces températures donnent une valeur approximative qu'il faut affiner en effectuant plusieurs PCR à des températures voisines afin d'obtenir les qualités et les quantités maximums des produits de PCR désirés.

GENES	T_m °C Température moyenne	T_{th} °C Température théorique	T_{ex} °C Température expérimentale
MDR1	54 °C	49 °C	50 °C
GSTII	64 °C	59 °C	55 °C
TOPOII	57 °C	52 °C	50 °C
β -GLOB	59 °C	54 °C	50 à 55 °C

Nous avons pu ainsi définir le protocole suivant : les différents réactifs sont mélangés dans les proportions décrites dans le tableau ci-dessous:

REACTIFS	CONDITIONS
DNA 0,5 µg	1 µl
Amorces du gène étudié à 20 mM	2 x 2,5 µl
Amorces de la β-globine à 20 mM	2 x 2,5 µl
Tampon 10X	2 µl
dNTPs 4 mM	2,5 µl
Eau	QSP 45 µl

L'échantillon est recouvert de 100 µl d'huile minérale afin d'éviter toute évaporation. Les préparations sont placées dans l'appareil à PCR et sont soumises à un cycle de 5 minutes à 95°C, correspondant à un cycle de dénaturation des doubles brins de DNAs. Puis sont ajoutées dans chaque échantillon :

Taq Polymerase 5U/µ 1	0,2 µl
Tampon 10X	3 µl
Eau	QSP 5 µl

Ensuite les cycles suivants sont effectués :

	GSTII et MDR1	TOPO II
1 CYCLE		
DENATURATION	95°C pendant 5 minutes	
30 CYCLES		
DENATURATION	95°C pendant 1 minute	
FIXATION DES PRIMERS	55°C pendant 1 minute	50°C pendant 1 minute
ELONGATION	72°C pendant 2 minutes	
1 CYCLE		
ELONGATION	72°C pendant 10 minutes	

Les produits de PCR obtenus à partir des DNAs pour les trois gènes étudiés et les produits de PCR obtenu à partir des RNAs pour l'étude de l'expression de la TOPO II, et dont la taille est voisine de 1000 pb, sont analysés par électrophorèse (93) sur un gel d'agarose "Sea Plaque[®]" (TEBU) à 1%. La migration s'effectue à 50 volts pendant 40 minutes dans du tampon TBE (pour le protocole se référer au chapitre V-2.2.1.b.). Ces conditions permettent de séparer des fragments de 100 à 3000 pb. Un marqueur de poids moléculaire, le 1 Kb Ladder[®] (GIBCO BRL) est déposé en parallèle afin de contrôler la taille des fragments obtenus (48).

Les produits de PCR obtenus à partir des RNAs, pour l'étude de l'expression des gènes MDR1 et GST π , dont les tailles sont de l'ordre de 200 et 330 pb, sont analysés par électrophorèse sur un gel d'acrylamide, respectivement à 12 % ou à 8 % (4, 93). La migration s'effectue à 100 volts pendant 4 heures dans du tampon TBE. Ces conditions permettent de séparer des fragments de 40 à 200 pb pour le gel à 12 % ou de 60 à 400 pb pour le gel à 8 % (48).

Les gels sont colorés par du bromure d'éthidium à raison de 1 mg/ml pendant 1 minutes pour les gels d'agarose et pendant 15 minutes pour les gels d'acrylamide. Ils sont rincés dans de l'eau et enfin ils sont observés grâce à un transilluminateur UV à 302 nm et photographiés avec film Polaroid[®] Type 667.

3. RESULTATS.

Le but de cette étude était la mise en évidence d'une éventuelle amplification et/ou expression de quelques gènes de chimiorésistance : MDR1, GST π , TOPO II; dans le cas d'un mélanome malin greffé sur souris athymiques et traité par l'association fotémustine-dacarbazine.

Dans un premier temps l'intégrité et la qualité des différents échantillons de DNAs, après leur extraction, ont été contrôlées par :

- la détermination de leurs D.O. à 260 nm, qui a permis de définir leurs concentrations;
- la détermination du rapport D.O. 260/D.O. 280, lesquels étant proche de 1,8, a montré leurs puretés;
- leurs migrations électrophorétiques, en une bande de haut poids moléculaire, garant de leurs intégrités.

La première méthode d'extraction des RNAs basée sur l'utilisation d'un gradient de chlorure de césium, ne nous a pas apporté de résultats satisfaisants. Ceci nous a conduit à recommencer les extractions par celles qui sont à l'origine de ce travail et basée sur une extraction par le thiocyanate de guanidium suivie d'une extraction au phénol/chloroforme.

L'intégrité et la qualité des différents échantillons de RNAs, après leur extraction, ont été également contrôlées par :

- la détermination de leurs D.O. à 260 nm, qui a permis de définir leurs concentrations;
- la détermination du rapport D.O. 260/D.O. 280, lesquels étant proche de 2, a montré leurs puretés;
- leurs migrations électrophorétiques, en présence deux populations majoritaires de 16S et 23S, démontre la qualité des produits obtenus.

N.B. : Les échantillons, leurs dénominations et les traitements correspondants sont présentés dans le tableau 5.1. page 55. L'ensemble des résultats obtenus est consigné dans le tableau 5.3. page 76.

3.1. ETUDE DE L'AMPLIFICATION DES GENES.

Les éventuelles amplifications des gènes de chimiorésistance ont été tout d'abord étudiées dans les différents prélèvements. Pour cela nous avons amplifié, à partir des DNAs et par PCR, simultanément les gènes concernés et notre gène de référence la β -globine. Pour chaque échantillon, 5 μ l de produit de PCR ont été déposés.

3.1.1. MDR1.

Les résultats obtenus sont les suivants :

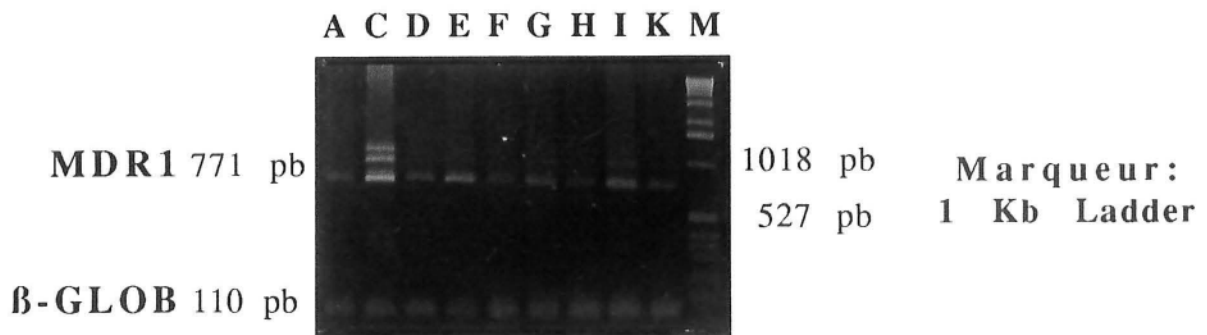


Figure 5.1. :

Amplification des gènes MDR1 et β -GLOB après PCR.

Ligne M : marqueur de poids moléculaire 0,5 μ g de 1kb ladder.

Lignes C, D, E, G, H, I, K : les échantillons de DNAs tumoraux après traitements.

Lignes A, F : les échantillons de DNAs avant traitement et servant de témoins.

Dans les lots où des doses fractionnées ont été administrées (C, E, I), une amplification du gène MDR1 peut être notée, par rapport aux témoins (A, F). De plus dans le cas de l'échantillon C deux bandes supplémentaires sont observées, pouvant provenir, éventuellement, de la liaison entre deux fragments de PCR. En ce qui concerne l'association médicamenteuse (K) aucune amplification n'est observée.

3.1.2. GST π .

Les résultats obtenus sont les suivants :

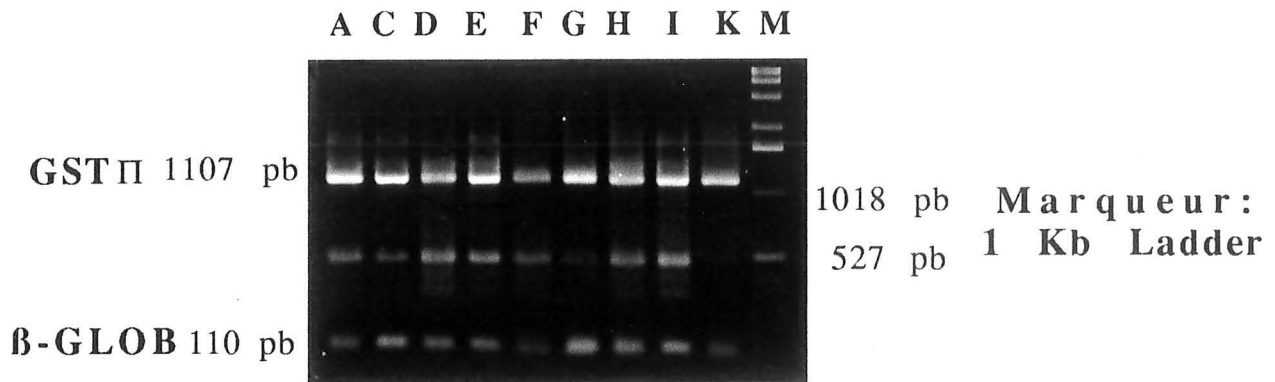


Figure 5.2. :

Amplification des gènes GST π et β -GLOB après PCR.

Ligne M : marqueur de poids moléculaire 0,5 μ g de 1kb ladder.

Lignes C, D, E, G, H, I, K : les échantillons de DNAs tumoraux après traitements.

Lignes A, F : les échantillons de DNAs avant traitement et servant de témoins.

Les résultats obtenus pour les échantillons traités (C, D, E, G, H, I, K) sont comparables à ceux obtenus pour les témoins (A, F). Aucune amplification caractéristique n'est observée. Pour l'ensemble des échantillons une seconde bande est observée, ayant une taille équivalente à la moitié de celle correspondant au gène GST π . Son origine nous est inconnue, nous pouvons seulement émettre l'hypothèse que cette bande correspondrait au même fragment de DNAs mais sous une forme simple brin?

3.1.3. TOPO II.

Les résultats obtenus sont les suivants :

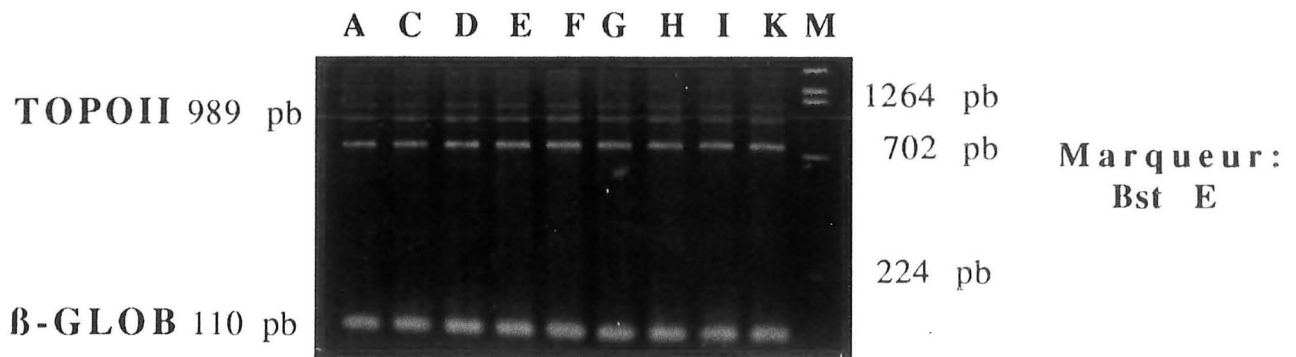


Figure 5.3. :

Amplification des gènes TOPO II et β-GLOB après PCR.

Ligne M : marqueur de poids moléculaire 0,5 µg de 1kb ladder.

Lignes C, D, E, G, H, I, K : les échantillons de DNAs tumoraux après traitements.

Lignes A, F : les échantillons de DNAs avant traitement et servant de témoins.

Aucune amplification spécifique n'est à noter par rapport aux témoins (A, F). Par contre pour tous les échantillons, témoins compris, trois bandes distinctes sont à observées, celle correspondant au gène de la TOPO II (989 kb) n'est pas la bande majoritaire. La raison de ce résultats nous est inconnue. Serait-t-on en présence d'une mutation au niveau de ce gène, produisant ainsi un fragment plus petit ?

3.2. ETUDE DE L'EXPRESSION DES GENES.

Dans un second temps, l'expression des gènes de chimiorésistance a été étudiée, dans les différents prélèvements. Pour cela nous avons amplifié, simultanément, à partir des DNAs complémentaire provenant des RNAs et par PCR, les gènes concernés et notre gène de référence, la β -globine. Les PCR, obtenues à partir des cDNAs, ont été analysées par électrophorèse.

3.2.1. MDR1.

Les résultats obtenus sont les suivants :

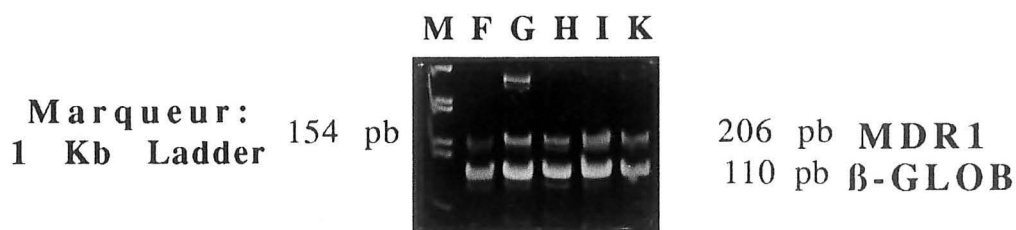


Figure 5.4. :

Expression des gènes MDR1 et β -GLOB après PCR.

Ligne M : marqueur de poids moléculaire à 0,5 μ g de 1Kb Ladder.

Lignes G, H, I, K : les échantillons de cDNA tumoraux après traitements.

Ligne F : l'échantillon de cDNA avant traitement et servant de témoin.

Dans tous les cas (G, H, I, K) une surexpression est observée par rapport au témoin (F). Ces surexpressions sont proportionnelles aux taux d'amplification observées précédemment. Dans le cas de l'association (K), une surexpression est observée, alors que nous n'avons pas d'amplification.

3.2.2. GST π .

Les résultats obtenus sont les suivants :

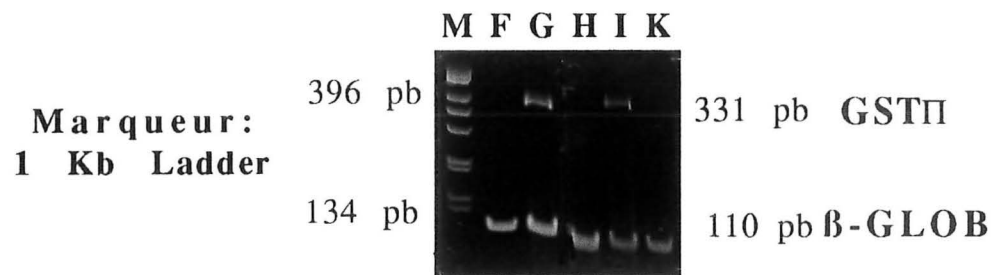


Figure 5.5.:

Expression des gènes GST π et β -GLOB après PCR.

Ligne M : marqueur de poids moléculaire à 0,5 μ g de 1Kb Ladder .

Lignes G, H, I, K : les échantillons de cDNA tumoraux après traitements.

Ligne F : l'échantillon de cDNA avant traitement et servant de témoin.

Dans le témoin (F), dans l'échantillon H, correspondant à une dose unique ainsi que dans l'association (K) aucune expression n'est observée. dans les échantillons G et I, correspondant à des doses fractionnées, une expression est observée. De plus, normalement dans le mélanome malin, GST π est indetectable au niveau de son expression, ceci est vérifié pour certains de ces résultats.

3.2.3. TOPO II.

Les résultats obtenus sont les suivants :

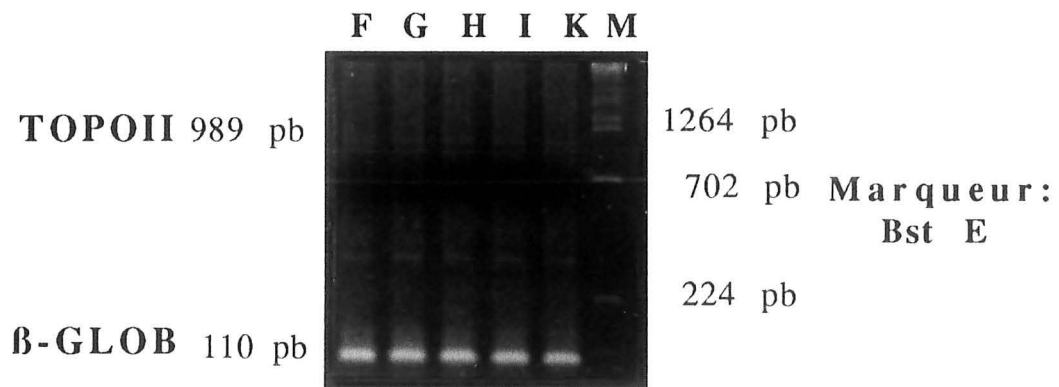


Figure 5.6. :

Expression des gènes TOPO II et β-GLOB après PCR.

Ligne M : marqueur de poids moléculaire à 0,5 µg de 1Kb Ladder .

Lignes G, H, I, K : les échantillons de cDNA tumoraux après traitements.

Ligne F : l'échantillon de cDNA avant traitement et servant de témoin.

Une absence totale d'expression est observée pour l'ensemble des échantillons, témoins y compris (échantillons non traités A et F).

TABLEAU 5.3. : RESULTATS OBTENUS AU NIVEAU DE L'AMPLIFICATION
ET/OU DE L'EXPRESSION DES GENES MDR1, GST π ET TOPOII.

N°	TRAITEMENTS	MDR1		GST π		TOPOII	
		A	E	A	E	A	E
A	Solvant : eau pour préparations injectables à J6, J7, J8, J9	+	///	+	///	+	///
C	Doses fractionnées de fotémustine : 12,5 mg/kg/j à J6, J7, J8, J9	+++	///	+	///	+	///
D	Dose unique de dacarbazine : 80 mg/kg à J6	+	///	+	///	+	///
E	Doses fractionnées de dacarbazine : 20 mg/kg/j à J6, J7, J8, J9	++	///	+	///	+	///
F	Solvant : eau pour préparations injectables à J6, J14	+	+	+	0	+	0
G	fotémustine : 20 mg/kg à J6, J14	+	++	+	+	+	0
H	fotémustine : 35 mg/kg à J6	+	+ ou ++	+	0	+	0
I	fotémustine : 35 mg/kg à J6 et 20 mg/kg à J14	++	+++	+	+	+	0
K	fotémustine : 20 mg/kg/j à J6, J10 dacarbazine : 20 mg/kg/j à J14, J15, J16, J17	+	+ ou ++	+	0	+	0

A : Amplification génique.

E : Expression génique.

/// : pas d'étude effectuée par manque de matériel.

0 : absence d'amplification ou d'expression.

+ : légère amplification ou expression.

++ : moyenne amplification ou expression.

+++ : forte amplification ou expression.

3.4. VERTUES ET LIMITES DE LA METHODE DE PCR.

La technique de PCR présente de nombreux avantages :

- c'est une méthode très sensible si les conditions d'amplification sont bien déterminées, les amorces choisies judicieusement et les manipulations effectuées avec le maximum de minutie;

- l'utilisation de standards internes, comme la β -globine, ne permet qu'une évaluation semi-quantitative des quantités de fragments obtenus;

- la détection des produits de PCR peut se faire, simplement, par l'intercalation du bromure d'éthidium, dans les acides nucléiques.

- elle permet la production de quantités considérables de matériel pouvant servir, par la suite, dans des méthodes de clonage, à la production de sondes...

- de par le choix judicieux des amorces, cette méthode démontre une certaine spécificité et additionnellement ceci peut être confirmé par un séquençage des fragments amplifiés;

- plusieurs amplifications simultanées peuvent être réalisées.

Mais certains inconvénients ne sont pas à négliger :

- les quantités de réactifs manipulés sont très petites, donc les risques d'erreur sont d'autant plus grands;

- c'est une méthode d'utilisation facile en tant que semi-quantitative, mais beaucoup plus difficile si l'on veut qu'elle soit quantitative;

- la reproductibilité est l'un des points faibles de la PCR, ceci est dû aux nombreux facteurs intervenant au cours de sa réalisation;

- certains fragments ne peuvent pas être amplifiés si leur séquence n'est pas connue;

- la mise au point des conditions optimales de la réaction représente un temps considérable;

- la qualité des DNAs matrices de départ influence sur la qualité, la spécificité, la précision et l'exactitude des fragments obtenus.

Cette méthode est donc à utiliser avec précautions, en gardant toujours à l'esprit ses limites, d'où l'idéal est de la contrôler et la compléter par d'autres techniques. Au niveau de MDR1, on peut étudier la protéine par les techniques de Western Blot et d'immunohistochimie (avec l'anticorps C219,

par exemple). Pour GST π , on peut doser l'enzyme dans la tumeur non traité et traité... Les résultats obtenus, pour ces 3 gènes, mériteraient d'être confirmés, par les techniques de Southern Blot et de Northern Blot, de manière à valider cette technique de PCR encore bien discutée (35, 83, 111).

4. DISCUSSION ET CONCLUSION.

Les prélèvements de mélanomes malins, correspondant aux différents lots de souris traités, et ayant reçu des doses fractionnées de cytostatiques (C, E, I) présentent, dans le cas de MDR1, une amplification génique et une surexpression de ce gène. Pour le gène GST π , aucune amplification n'est observée, et seuls les lots correspondant aux doses fractionnées (G, I) l'expriment. Enfin, le gène TOPO II, ne présente aucune amplification spécifique et une absence totale d'expression. Dans le cas de l'étude de l'amplification de la TOPO II plusieurs bandes ont été observées sur le gel de migration. Or la bande de 989 Kb, correspondant au fragment étudié de la TOPO II, n'est pas le fragment majoritairement observé. Ici nous pouvons nous poser la question de savoir si nous ne serions pas en présence d'une mutation génique? Pour pouvoir y répondre, le séquençage, des DNAs, des bandes supplémentaires obtenues serait nécessaire.

Dans la littérature, le gène MDR1 est présent à des taux faibles, voire indétectables, dans le mélanome malin (41). Des quantités augmentées de P-gp, dans une tumeur, résultent le plus souvent de l'augmentation du taux de transcrite génique, d'où le RNA correspondant est détecté en plus grande quantité (73). L'amplification et/ou la surexpression du gène MDR1 est corrélée au taux de résistance (41, 49, 65). En effet, une amplification et/ou une surexpression peut entraîner une augmentation de la quantité de P-gp produite, cette P-gp constitue une pompe transmembranaire capable d'expulser, hors de la cellule, des composés divers dont certains cytostatiques. Donc un plus grand nombre de "pompes" pourront expulser les cytoatitiques hors de la cellule et ainsi les empêcher d'agir. Les résultats obtenus, dans cette étude, montrent une amplification du gène MDR1 pour des lots traités par des doses fractionnées (C, E, F) et une surexpression pour l'ensemble des lots traités (lots G, H, I, K). D'après les observations faites en clinique humaine, un certain nombre de remarques ou d'hypothèses peuvent être

émises. L'amplification et la surexpression MDR1 pourrait signifier que les drogues dont le mécanisme de résistance passe par MDR (anthracyclines, alcaloïdes de la pervenche) ont peu de chance d'agir en première ligne de traitement, comme les associations éldésine-dacarbazine-cisplatine. Ceci encore moins après un traitement par l'association fotémustine-dacarbazine qui induit l'expression du gène. Si cette expression était très labile, par contre, la chimiorésistance observée après le traitement, diminuerait et permettrait aux traitements d'être à nouveau actifs. Or pour le lot K traité par l'association, le tissu qui a permis les extractions correspondait au cinquième passage après le double traitement, on peut donc raisonnablement penser que l'amplification et/ou l'expression du gène MDR1 ont pu être modifiées par le traitement néanmoins, ces effets n'ont été que transitoires. En effet, après cinq passages, l'amplification et l'expression sont pratiquement revenus à la normale.

En ce qui concerne la GST π , dans le mélanome malin non traité, son taux est bas (105, 76). Les mécanismes faisant intervenir ce gène, dans la chimiorésistance, sont responsable notamment de la résistance envers les nitrosourées et les alkylants (112). Dans ce cas, nos résultats concordent tout à fait avec ce que l'on obtient en clinique puisque pour les drogues actives, la dacarbazine et la fotémustine, leur chimiorésistance passe par GST π . Dans le modèle étudié, aucune amplification de ce gène n'est observée, et seules les doses fractionnées apportent une légère expression de GST π . Donc dans ce cas nous n'avons pas de chimiorésistance faisant intervenir ce gène. Mais en clinique, nous n'avons que 20 à 30% d'efficacité pour cette association médicamenteuse, comment expliquer les 70% d'échecs? Cette chimiorésistance observée en clinique passerait-elle par les isoformes de GST qui sont GST α et GST μ (dont la localisation chromosomique est en 1p31, chromosome atteint fréquemment dans les mélanome et notamment dans notre modèle), ou par l'alkylguanine-alkyltransférase.

Pour la TOPO II, deux hypothèses ont été émises en ce qui concerne la diminution de l'expression de ce gène au cours de la chimiorésistance : soit un ralentissement du cycle cellulaire et de la croissance à la suite des traitements entraîne une diminution voire une disparition de l'expression; soit la survenue d'une mutation au niveau du gène, entraîne l'impossibilité d'exprimer ce gène et de produire la protéine fonctionnelle (10). Nos

résultats montrent l'absence totale d'expression de cette enzyme, avant et après les divers traitements sur notre modèle. Ceci rejoint ce qui est observé en clinique, où les épipodophyllotoxines et les anthracyclines sont inactives dans le mélanomes. Il serait également intéressant de tester l'effet induit par des inhibiteurs de la TOPO I qui ont la propriété d'inhiber l'expression de la TOPO I et parallèlement de permettre celle de la TOPO II (45, 100).

Dans notre modèle, le tissu tumoral, avant traitement, exprime faiblement les gènes étudiés (cas A et F). Ce faible taux d'expression serait suffisant pour induire une éventuelle chimiorésistance intrinsèque à ces tumeurs. Ce travail montre que les traitements induisent l'apparition d'une chimiorésistance due à l'amplification et à la surexpression de MDR1. De plus la réitération des doses semble accentuer les modifications au niveau de l'amplification et/ou de l'expression lorsque celle-ci existe.

Il est à noter que, par manque de matériel, l'expression des trois gènes choisis n'a pu être étudiée dans les lots C, D et E. D'ou, nous ne pouvons pas nous prononcer en ce qui concerne le retentissement éventuel d'une dose unique de dacarbazine (80 mg/kg) et surtout fractionnée (20 mg/kg x4), sur l'expression génomique. De plus, alors que pour tous les lots analysés le tissu prélevé était toujours celui qui avait subi le traitement, il n'en a pas été de même au niveau de l'association (lot K). En effet, dans ce dernier lot, et comme pour l'étude cytogénétique, le tissu qui a permis les extractions correspondait au cinquième passage après le double traitement. On peut donc raisonnablement penser que l'amplification et/ou l'expression du gène MDR1 ont pu être modifiées par les traitements surtout fractionnés. Néanmoins, ces effets n'ont été que transitoires. Après cinq passages, l'amplification et l'expression sont pratiquement revenus à la normale. Une contribution de cellules non tumorales peut éventuellement exister, mais dans le cas de tumeur humaines obtenues après des greffes sur les souris athymiques, seul le tissu tumoral humain est prélevé. En effet, le tissu murin n'étant représenté, au niveau de la tumeur, que par les capillaires sanguins, il est aisément séparé du tissu humain. De plus l'étude les caryotypes ne démontrent aucune présence de tissu murin. C'est la raison pour laquelle, bien souvent, les résultats obtenus à partir des xenogreffes sont plus faciles à analyser.

En perspective, il serait intéressant de valider, les résultats obtenus par la technique de PCR, dans ce travail, par une autre méthode, notamment les techniques de Southern Blot et Northern Blot. Il est à noter que dans ces études, nous avons suivi trois des gènes impliqués dans la chimiorésistance sur le modèle choisi, une extension à l'étude des protéines, produites à partir des gènes étudiés, pourrait compléter ce travail.

CONCLUSIONS ET PERSPECTIVES

Bien que le mélanome malin ne représente que 1% de l'ensemble des tumeurs, il est, cependant, responsable de 65% des décès par cancers cutanés. En effet, sous sa forme récidivante, son pronostic est d'autant plus redoutable qu'il devient très vite chimiorésistant. C'est la raison pour laquelle les associations médicamenteuses ne sont utilisées que pour le traitement des métastases. A ce stade, la dacarbazine, souvent considérée comme la substance de référence et la fotémustine, nitrosourée de création plus récente, sont associées.

Pour évaluer les retentissements génétiques de cette association, la récurrence d'un mélanome malin achromique a été transplantée sur des souris athymiques. Ceci permet, en effet, d'étudier, *in vivo*, la chimiosensibilité du tissu tumoral humain, tout en conservant les principales caractéristiques phénotypiques et génotypiques du néoplasme qui lui a donné naissance.

L'association fotémustine-dacarbazine a mis en évidence une chimiosensibilité significative de la tumeur greffée mais voisine de celle observée avec la fotémustine seule. Ce modèle semble donc peu répondre à la dacarbazine utilisée en monothérapie. Bien que l'effet obtenu par la polychimiothérapie soit important (fonte d'environ 40% du tissu tumoral) il reste cependant transitoire. En effet, le tissu traité ayant été regreffé, une reprise de la croissance tumorale a, peu à peu, été observée. Les effets induits sur le génome par la chimiothérapie ont été alors étudiés à deux niveaux : l'analyse cytogénétique et l'étude de l'amplification et/ou l'expression de quelques gènes de chimiorésistance (MDR1, GST π , TOPO II).

Le caryotype du modèle expérimental est révélateur d'une longue suite d'altérations génomiques primaires et secondaires. La perte, souvent précoce, du chromosome Y sur toutes les métaphases a été notée. Des translocations et des délétions des chromosomes 1 et 6 considérées comme caractéristiques des mélanomes malins disséminés ont également été observées. Enfin, les délétions partielles du bras court d'un chromosome 17 et du bras long d'un chromosome 13 permettent d'envisager la perte de la fonction "suppressiv" de deux "antioncogènes" (gène codant pour la P53 et gène du rétinoblastome). Ces deux dernières altérations sont d'ailleurs presque toujours considérées comme des événements tardifs dans l'évolution tumorale. Quelque soit le type de traitements utilisés une apparente stabilité du nombre modal, une bonne conservation des principales anomalies et des marqueurs ont été notées. Cependant, l'effet "clastique" des médicaments

employés est souligné par la présence de cassures chromosomiques et de double-minutes dans les métaphases.

En ce qui concerne l'analyse des mécanismes moléculaires de la chimiorésistance, les résultats présentés sont déconcertants. Ils montrent, en effet, une amplification et/ou une surexpression transitoire de l'efflux des drogues (MDR1) surtout après l'utilisation de doses fractionnées. Or les données de la littérature laissaient pressentir plutôt une surexpression du gène de la glutathion-S-transférase après traitement. Les GSTs assurent une fonction de détoxification cellulaire. Un grand nombre de tumeurs humaines présentent une augmentation de l'activité GST π souvent associé au processus de transformation et considérée comme un marqueur de mauvais pronostic (cancer du sein). Par contre dans le mélanome malin non traité, le taux de la GST π est souvent bas. Quoiqu'il en soit, les interrelations complexes entre les mécanismes métaboliques et moléculaires de résistance aux drogues sont encore mal comprises. Cette étude ne représente donc que l'amorce d'un travail plus approfondi.

La création de modèles expérimentaux par la greffe de prélèvements tumoraux humains, de volumes souvent réduits, sur des souris athymiques permet de multiplier les investigations indispensables à la compréhension des modifications génétiques liées à la chimiothérapie. De tels modèles établis à partir d'un même type de tumeurs devraient faciliter des études comparatives reflétant mieux la pathologie humaine. Les résultats apportés par l'analyse cytogénétique conventionnelle pourraient être considérablement enrichis grâce aux techniques d'hybridation in situ en sondes froides (FISH) et d'hybridation génomique comparative (CGH). Enfin l'analyse des mécanismes moléculaires devrait être complétée par de l'immunohistochimie et par des dosages biochimiques. Tout ceci permettrait, peut-être, de vérifier un certain nombre d'hypothèses : ne suggère-t-on pas, en effet, que les conjugués glutathions formés sous l'action de la glutathion-S-transférase seraient le substrat de la P-glycoprotéine?

**REFERENCES
BIBLIOGRAPHIQUES**

- (1) AAMDAL S., GERARD B., BOHMAN T., D'INCALCI M. 1992. Sequential administration of dacarbazine and fotemustine in patients with disseminated malignant melanoma - an effective combination with unexpected toxicity. *Eur. J. Cancer*, 28:447-450.
- (2) ALBINO A. P., FOUNTAIN J. W. 1993. Molecular genetics of human malignant melanoma. *Cancer Treat. Res.*, 65:201-255.
- (3) AUSUBEL *et al.* 1991. "Current Protocols in Molecular Biology". Eds Frederick M., vol.1:unit 2.2.
- (4) AUSUBEL *et al.* 1991. "Current Protocols in Molecular Biology". Eds Frederick M., vol.1:unit 2.7.1.
- (5) AUSUBEL *et al.* 1991. "Current Protocols in Molecular Biology". Eds Frederick M., vol.1:unit 7.43.
- (6) BALABAN G. B., HERLYN M., CLARK W. H. JR, NOWELL P. C. 1986. Karyotypic evolution in human malignant melanoma. *Cancer Genet. Cytogenet.*, 19:113-122.
- (7) BECHER R., GIBAS Z., KARAKOURIS C., SANDBERG A. A. 1983. Nonrandom chromosome changes in malignant melanoma. *Cancer Res.*, 43:5010-5016.
- (8) BECK W.T. 1989. Unknotting the complexities of multidrug resistance : the involvement of DNA topoisomerase in drug action and resistance. *J. Natl Cancer Inst.*, 81:1683-1685.
- (9) BECK W.T. 1990. Strategies to circumvent multidrug resistance due to P-glycoprotein or to altered DNA topoisomerase II. *Bull. Cancer*, 77:1131-1141.
- (10) BENARD J., BOURHIS J., RIOU G. 1990. Clinical significance of multi drug resistance in human cancer. *Anticancer Research*, 10:1297-1302.
- (11) BENSON D., LIPMAN D. J., OSTELL J. 1993. GenBank. *Nucl. Acids Research*, 21:2963-2965.
- (12) BEPPINO C., GIOVANELLA B. C., FOGHT J. The nude mouse in cancer reasearch. *Advances in Cancer Reasearch*, 44:69-120.
- (12bis) BERGMAN W., GRUIS N., FRANTS R. 1993. Clinical and genetic patterns in dutch FAMM families. Symposium on the third International conference on melanoma. Venice, 31 mars-3avril.
- (13) BIEDLER J.L. 1992. Genetic aspects of multidrug resistance. *Cancer suppl.*, 70:1799-1809.
- (14) BIEDLER J.L., RIEHM H. 1970. Cellular resistance to actinomycin D in Chinese hamster cells *in vitro* : cross resistance radioautographic and cytogenetic studies. *Cancer Res.*, 30:1174-1184.

- (15) BLACK S.M., WOLF R. 1991. The role of glutathione-dependent enzymes in drug resistance. *Pharmacol. Ther.*, 51:139-154.
- (16) BOAZIZ C. 1992. Apport d'une nouvelle nitrosourée : la fotémustine. *Path. Biol.*, 40:964-968.
- (17) BRUNET A. 1992. Traitement du mélanome malin disséminé. *Path. Biol.*, 40: 960-963.
- (18) BURT R.K., GARFIELD D., JOHNSON K., THORGEIRSSON S. 1988. Transformation of rat liver epithelial cells with V-H-ras or V-H-raf causes expression of MDR1, glutathione-S-transferase-P and increased resistance to cytotoxic chemicals. *Carcinogenesis*, 9:2329-2332.
- (19) CALVO F., DE CREMOUX P. 1989. Gène de la résistance multidrogue MDR1. *Bull. Cancer*, 76:973-977.
- (20) CHAUDHARY P. M., RONINSON I. B. 1993. Induction of multidrug resistance in human cells by transient exposure to different chemotherapeutic drugs. *Journal of the National Cancer Institute*, 85:632-639.
- (21) CHEN D., MAGNUSON V. L., STEFFENSEN B., KLEBE R. J. 1993. Use of stock solutions to simplify mRNA quantitation by reverse transcription-PCR assays. *PCR Methods and applications*, 2:351:353.
- (22) CHOMCZYNSKI P., SACCHI N. 1987. Single-step method of RNA isolation by acid guanidium thiocyanate-phenol-chloroform extraction. *Anal. Biochem.*, 162:156-159.
- (23) CHUNG T., DRAKE F., COHN S., PER S., CROOKE S., MIRABELLI C. 1989. Characterisation and immunological identification of cDNA clones encoding two human DNA topoisomerase II isoenzymes. *Proc. Natl Acad. Sci.*, 86:9431-9435.
- (24) COATES A. S. 1992. Systemic chemotherapy for malignant melanoma. *World J. Surg.*, 16:277-281.
- (25) COCCONI G. *et al.* 1992. Treatment of metastatic malignant melanoma with dacarbazine plus tamoxifen. *The New Engl. J. of Med.*, 327:516:523.
- (26) COLES B., KETTERER B. 1990. The role of glutathione and Glutathione Transferases in chemical carcinogenesis. *Biochem. Mol. Biol.*, 25:47-70.
- (27) COSOLO W. C., CHRISTOPHIDIS N. 1989. An Example of the Role of the Animal Model in Investigating New Techniques. *Eur. J. Clin. Oncol*, 25:1511-1512.

- (28) COWAN K.H., BASTIT G., TULPUL A., SINHA B.K., MYERS C.E. 1986. Similar biochemical changes associated with multidrug resistance in human breast cancer cells and carcinogen-induced resistance to xenobiotics in rats. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **83**:9328-9332.
- (29) DELLA PORTA G. 1992. Cellular and molecular biology of melanoma. *Seminars in surgical Oncology*, **8**:353-357.
- (30) DE VITA V.T. 1989. Principles of chemotherapy. In : DE VITA V.T., HELLMAN S., ROSENBERG S.A. *Cancer : Principles and practice of oncology*, 3rd edition. Philadelphia: Lippincott, 276-300.
- (31) DRACOPOLI N.C., HARNETT P., BALE S. J., *et al.* 1989. Loss of alleles from the distal short arm of chromosome 1 occurs late in melanoma tumor progression. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **86**:4614:4618.
- (32) DUGUET M., LAVENOT C., HARPER F., MIRAMBEAU G., DERECONDO A.M. 1983. DNA Topo-isomerases from rat liver : physiological variations. *Nucleic Acids Res.*, **11**:1059-1075.
- (33) DU PONT G., SCHUCHTER L. M. 1992. Disseminated melanoma - Is there a new standard therapy ? *The New Engl. J. of Med.*, **327**:560-561.
- (34) FAIRMAN R., BRUTLAG D.L. 1988. Expression of the *Drosophila* type II topoisomerase is developmentally regulated. *Biochemistry*, **27**:560-565.
- (35) FERRE F. 1992. Quantitative or semi-quantitative PCR : reality versus myth. *PCR Methods and Applications*, **2**:1-9.
- (36) FLAHERTY L. E., ROBINSON W., REDMAN B. G., GONZALES R., MARTINO S., KRAUT M., VALDIVIESO M., RUDOLPH A. R. 1993. A phase II study of dacarbazine and cisplatin in combination with outpatients administered interleukine-2 in metastatic malignant melanoma. *Cancer*, **71**:3520-3525.
- (37) FLANAGAN S. P. 1966. "Nude" a new hair less gene with pleiotropic effects in the mouse. *Genet. Res.*, **8**:295-301.
- (38) FOJO A.T., UEDA K., SLAMON D.J., POPLACK D.G., GOTTESMAN M.M., PASTAN I. 1987. Expression of a multidrug-resistance gene in human tumors and tissues. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*, **84**:265-269.
- (39) FRYER A. A., ZHAO L., ALLDERSEA J., BOGGLD M. D., PERRETT W., CLAYTON R. N., JONES P. W., STRANGE R. C. 1993. The glutathione S-transferases : polymerase chain reaction studies on the frequency of the GSRM1 0 genotype in patients with pituitary adenomas. *Carcinogenesis*, **14**:563-566.
- (40) GIOVANELLA B. C., STEHLIN J.S., SHEPARD R.C., WILLIAMS L. J. 1983. Correlation Between Reponse to Chemotherapy of Human Tumors in Patients and in Nude Mice. *Cancer*, **52**:1146-1152.

- (41) GOLDSTEIN L.J., GALSKI H., WILLINGHAM M., LAI S.L., GAZDAR A., PIRKER R., GREEN A., CRIST W., BRODEUR G.M., LIEBER M., COSSMAN J., GOTTESMAN M.M., PASTAN I. 1989. Expression of a multidrug resistance gene in human cancers. *J. Natl Cancer Inst.*, **81**:116-124.
- (42) GOLDSTEIN L.J., PASTAN I., GOTTESMAN M.M. 1992. Multidrug resistance in human cancer. *Critical Reviews in Oncology/Hematology*, **12**:243-253.
- (43) GOTTESMAN M. M., PASTAN I. 1993. Biochemistry of multidrug resistance mediated by the multidrug transporter. *Annu. Rev. Biochem.*, **62**:385-427.
- (44) D'après GUBLER et HOFFMAN en 1983, avec des modifications de SEED B., ARUFFO A. 1987. Molecular cloning of the CD2 antigen. The T-cell erythrocyte receptor, by a rapid immunoselection procedure. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **84**:3365-3369.
- (45) GUPTA R.S., GUPTA R., ENG B. 1988. Camptothecin-resistant mutants of Chinese hamster ovary cells containing a resistant form of Topoisomerase II. *Cancer Res.*, **48**:6404-6410.
- (46) GUTMAN M., INBAR M., KLAUSNER J. M., CHAITCHIK S. 1993. Malignant melanoma in different ethnic groups in Israël. *Cancer*, **71**:2746-2750.
- (47) HANSSON M., KÄRRE K., KIESLING R., RODER J., ANDERSSON B., HÄYRY P. 1979. Natural NK-cell targets in the mouse thymus : characteristics of the sensitive cell population. *J. Immunol.*, **123**:765-771.
- (48) HARLEY J. L., DONELSON J. E. 1980. *Nature*, **286**:860.
- (49) HARRIS A.L., HOCHHAUSER D. 1992. Mechanisms of multidrug resistance in cancer treatment. *Acta Oncologica*, **31**:205-213.
- (50) HERBERMAN R. B. 1978. Natural cell-mediated cytotoxicity in nude mice. In : the nude mouse in experimental and clinical research. eds FOGH J., GIOVANELLA B. C. Academic Press. Inc. New-York, 135-141.
- (51) HERBERMAN R. B., NUNN M. E., LAVRIN D. H. 1975. Natural cytotoxicity reactivity of mouse lymphoid cells against syngeneic and allogeneic tumors. I. Distribution of reactivity and specificity. *Int. J. Cancer*, **16**:216-225.
- (52) HEURRE M., DUBOURDIEU D., RAVISSE P., Mc CARTHY S. W., FLOCH J. J., MICHEL G., MONCHY D., BAUDIN R., HERRMANN M., FALCOZ G., CROUZAT M., BACH F. 1993. Le mélanome malin cutané en Nouvelle-Calédonie 1973-1991. Etude de 97 observations. *Bull. Cancer*, **80**:235-247.
- (53) ISLAM M.Q., PLATZ A., SZPIRER C., LEVAN G., MANNERVIK B. 1989. Chromosomal localization of human glutathione genes of classes alpha, mu and pi. *Hum. Genet.*, **82**:338-342.

- (53bis) JACQUILLAT C., KHAYAT D., BANZET P., WEIL M., AVRIL M. F., FUMOLEAU P., NAMER M., BONNETERRE J., KERBRAT P., BONERANDI J. J. *et al.* 1990. Chemotherapy by fotemustine in cerebral metastases of disseminated malignant melanoma. *Cancer Chemother. Pharmacol.*, **25**:263-266.
- (54) JARANKA P., ZASTANWNY R., LING V. 1989. P-glycoprotein: multidrug-resistance and a superfamily of membrane associated transport proteins. *The FASEB J.*, **3**:2583-2592.
- (55) KANE S.E., PASTAN I., GOTTESMAN M.M. 1990. Genetic basis of multidrug resistance of tumor cells. *J. Bioenerg. Biomembr.*, **22**:593-618.
- (56) KEIHZOLZ U., SCHEIBENBOGEN C., TILGEN W., BERGMANN L., WEIDMANN E., SEITHER E., RICHTER M., BRADO B., MITROU P. S., HUNSTEIN W. 1993. Interferon- α and interleukine-2 in the treatment of metastatic melanoma. *Cancer*, **72**:607-614.
- (56bis) KHAYAT. 1993. Sequential chemoimmunotherapy with cisplatin, interleukine-2, and interferon- α 2a for metastatic melanoma. *J. Clin. Onc.*, **11**:2173-2180.
- (57) KOPROWSKI H., HERLYN M., BALABAN G., PARMITER A., ROSS A., NOWELL P. 1985. Expression of the receptor for epidermal growth factor correlates with increased dosage of chromosome 7 in malignant melanoma. *Somat. Cell Mol. Genet.*, **11**:297-302.
- (58) LAMMIE G.A., PETERS G. 1991. Chromosome 11q13: abnormalities in human cancer. *Cancer Cells*, **3**:413-420.
- (59) LEE S. M., MARGISON G. P., WOODCOCK A. A., THATCHER N. 1993. Sequential administration of varying doses of dacarbazine and fotemustine in advanced malignant melanoma. *Br. J. Cancer*, **67**:1356-1360.
- (60) LEWIS A.D., HAYES J.D., WOLF C.R. 1988. Glutathione and Glutathione-dependent enzymes in ovarian adenocarcinoma cell lines derived from a patient before and after the onset of drug resistance: intrinsic differences and cell cycle effects. *Carcinogenesis*, **9**:1283-1287.
- (61) LIMON J., DAL CIN P., SAIT S. N. J., *et al.* 1988. Chromosome changes in metastatic human melanoma. *Cancer Genet. cytogenet.*, **30**:201-211.
- (62) LIU L.F. 1990. Topoisomerase poisons in cell killing and drug resistance. In : MIHICH E. Drug resistance : mechanisms and reversal. Rome : John Libbey CIC:251-263.
- (63) LONN U., LONN S., NYLEN U., STENKVIST B. 1992. Appearance and detection of multiple copies of the MDR-1 gene in clinical samples of mammary carcinoma. *Int. J. Cancer*, **51**:682-686.

- (64) LOOR F., ROELANTS G. E. 1975. Immunofluorescence studies of a possible prethymic T-cell differentiation in congenitally athymic (nude) mice. *Ann. N.Y. Acad. Sci.* 254:226-230.
- (65) MARIE J.P. 1992. Les gènes de résistance à la chimiothérapie. *La Presse Médicale*, 22:1033-1037.
- (66) MARTY M., CRAUSTE-MANCIET S., FAURE P., MADELAINE I., SAULNIER J.L. 1992. Anticancereux: utilisation pratique. Dossier du centre national d'information sur le médicament hospitalier, hors série.
- (66bis) MASTRANGELO M. J., BELLET R. E., KANE M. J., BERD D. Chemotherapy of melanoma. *The Chemotherapy source book*. Ed. PERRY M. C. 886-907.
- (67) MATTERN J., BAK M., HAHN E.W., VOLM M. 1988. Human tumor xenografts as model for drug testing. *Cancer and Metastasis Reviews*, 7:263-284.
- (68) McCLAY E. F., ALBRIGHT K., JONES J. A., CHRISTEN R. D., HOWELL S. 1993. Tamoxifen modulation of cisplatin sensitivity in human malignant melanoma Cells, 53:1571-1576.
- (69) McCLAY E. F., MASTRANGELO M. J., BERD D., BELLET E. 1992. Effective combination chemo/hormonal therapy for malignant melanoma : exprience with three consecutive trials, 50:553-556.
- (70) MC GOWN A.T., FOX B.W. 1986. A proposed mechanism of resistance to cyclophosphamide and phosphoramidate mustard in a Yoshida cell line *in vitro*. *Cancer Chemother. Clin. Pharmacol.*, 17:223-226.
- (71) MERIMSKY O., INBAR M., CHAITCHIK S. 1992. Fotemustine and DTIC combination in patients with disseminated malignant melanoma, 15:84-86.
- (72) MORROW C.S., COWAN K.H., GOLDSMITH M.E. 1989. Structure of the human genomic Glutathione-S-Transferase π gene. *Gene*, 75:3-11.
- (73) MOUSSEAU M. 1992. Etude des mécanismes moléculaires de chimiorésistance intrinsèque des tumeurs cérébrales humaines. Thèse de doctorat soutenue à Grenoble I.
- (74) MOSCOW J.A., FAIRCHILD C.R., MADDEN M.J., RANSOM D.T., WIEAND H.S., O'BRIEN E.E., POPLACK D.G., COSSMAN J., MYERS C.E., COWAN K.H. 1989. Expression of anionic glutathione-S-transferase and P-glycoprotein genes in human tissues and tumors. *Cancer Res.*, 49:1422-1428.
- (75) MURPHY L. D., HERZOG C. E., RUDICK J. B., FOJO A. T., BATES S. E. 1990. Use of the polymerase chain reaction in the quantitation of MDR 1 gene expression. *Biochemistry*, 29:10351-10356.

- (76) NIETHAMMER D., DIDDENS H., GEKELER V., FRESE G., HANDGRETINGER R., HENZE G., SCHMIDT H., PROBST H. 1989. Resistance to Methotrexate and multidrug resistance in childhood malignancies. *Adv. Enzyme Regul.*, **29**:231-245.
- (77) NOONAN K. E., BECK C., HOLZMAYER T. A., CHIN J. E., WUNDER J. S., ANDRULIS I. L., GAZDAR A. F., WILLMAN C. L., GRIFFITH B., VON HOFF D. D., RONINSON I. B. 1990. Quantitative analysis of MDR 1 (multidrug resistance) gene expression in human tumors by polymerase chain reaction. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **87**:7160-7164.
- (78) OSTERLIND A., KJEMS E. 1993. Malignant melanoma of the skin. *APMIS*, **33**:149-155.
- (79) PANTELOURIS E. M. 1968. Absence of thymus in a mouse mutant. *Nature*, **217**:370-372.
- (80) PARK S. H., YOON J. H., KWON Y. D., PARK S. D. 1993. Nucleotide sequence analysis of the cDNA for rat DNA Topoisomerase II. *Biochem. and Biophysical Research Communications*, **193**:787:793.
- (81) PEARSON W. R., VORACHEK W. R., XU S., BERGER R. , HART I., VANNAIS D., PATTERSON D. 1993. Identification of class-mu glutathione transferase gene GSTM1-GSTM5 on human chromosome 1p13. *Am. j. Hum. Genet.*, **53**:220-233.
- (82) POUPON M. F. 1992. Comment les cancers échappent-ils à la chimiothérapie ? *Path. Biol.*, **40**:923-927.
- (83) POUPON M.F., ARVELO F., GOGUEL A. F., BOURGEOIS Y., JACROT M., HANANIA N., ARRIAGADA R., Le CHEVALIER T. 1993. Response of small-cell lung cancer xenografts to chemotherapy : multidrug resistance and direct clinical correlates. *Journal of the National Cancer Institute*, **85**:2023-2029.
- (84) RICE C. M., FUCHS R., HIGGINS D. G., STOEHR P. J., CAMERON G. N. 1993. The EMBL data library. *Nucl. Acids Research*, **21**:2967-2971.
- (85) ROBERT J. 1993. Clinical and therapeutic applications of our knowledge on drug resistance to anticancer compounds. Symposium XII, Thursday April 29th, **67**:274-276.
- (86) RONINSON I.B. 1990. Molecular genetics and diagnostics of multidrug resistance. In : MIHICH E. Drug resistance : mechanisms and reversal. Rome : John Libbey:145-158.
- (87) RONINSON I.B. 1992. The role of the MDR1 (P-glycoprotein) gene in multidrug resistance in vitro and in vivo. *Biochem. Pharmacol.*, **43**:95-102.

- (88) ROSS W.E., SULLIVAN D.M., CHOW K.C. 1989. Altered function of DNA Topoisomerase as a basis for antineoplastic drug action. In : DE VITA V.T., HELLMAN S., ROSENBERG S.A. Cancer : Principles and practice of oncology, 3rd edition. Philadelphia, lippincott:65-81.
- (89) RYAN L., KRAMAR A., BORDEN E. 1993. Pronostic factors in metastatic melanoma. *Cancer*, 71:2995-3005.
- (90) SAIKI R. K., GELFAND D. H., STOFFEL S., SCHARF S. J., HIGUCHI R., HORN G. T., MULLIS K. B., ERLICH H. A. 1989. Primer-directed enzymatic amplification of DAN with a thermostable DNA polymerase. *Science*, 239:487-491.
- (91) SAITO Y., NAKADA Y., HOTTA T., MIKAMI T., KURISU K., YAMADA K., KIYA K., KAWAMOTO K., UOZUMI T. 1991. Glutathione and cellular response of ACNU-resistant rat glioma sublines to drugs and radiation. *Int. J. Cancer*, 48:861-865.
- (92) SALMON S.E., GROGAN T.M., MILLER T.P., LEHNERT M., DALTON W.S. 1992. Clinical detection of multidrug resistance and reversal with chemosensitizing agents. In: TSURUO T., OGAWA M. Drug resistance as a biochemical target in cancer chemotherapy. San Diego: Academic Press, 257-269 (Bristol Myers Squibb Cancer Symposia)
- (93) Eds SAMBROOK, FRITSCH, MANIATIS, 1989. D'après la méthode de Edmonds *et al.* 1971, Aviv and Leder 1972. *Molecular Cloning*, vol.1, chap.6.9. et 6.36.
- (94) SANCHEZ J. A., ROBINSON W. A. 1993. Malignant melanoma. *Annu. Rev. Med.* 44:335-342.
- (95) SEHESTED J. 1974. A simple method for R banding of human chromosomes, showing a pH-dependent connection between R and G bands. *Humangenetik*, 21:55-58.
- (96) SHEA T.C., KELLEY S.L., HENNER W.D. 1988. Identification of an anionic form of Glutathione Transferase present in many human tumors and cell lines. *Cancer Res.*, 48:527-533.
- (97) SOZZI G., MIOZZO M., CALDERONE C. *et al.* 1990. Chromosome abnormalities and fragile sites in human melanoma. *Cancer Genet. Cytogenet.*, 44:61-67.
- (98) STEEL G.G., COURTENAY V.D., PECKHAM M. J. 1983. The response to chemotherapy of a variety of human tumour xenografts. *Br. J. Cancer*, 47:001-013.

- (99) SULLIVAN D.M., GLISSON B.B.S., HODGES P.K., SMALLWOOD-KENTRO S., ROSS W.E. 1986. Proliferation dependence of Topoisomerase II mediated drug action. *Biochemistry*, **25**:2248-2256.
- (100) SUZUKAKE K., PETRO B.J., VISTICA D.T. 1982. Reduction in glutathione content of L-PAM resistant L1210 cell confers drug sensitivity. *Biochem. Pharmacol.*, **31**:121-124.
- (101) TAN K.B., DORMAN T.E., FALLS K.M., CHUNG T.D.Y., MIRABELLI C.K., CROOKE S.T. MAO J. 1992. Topoisomerase II α and Topoisomerase II β genes : characterization and mapping to human chromosomes 17 and 3, respectively. *Cancer Res.*, **52**:231-234.
- (102) TAN K.B., MATTERN M.R., ENG W.K., MC CABE F.L., JOHNSON R.K. 1989. Nonproductive rearrangement of DNA topoisomerase I and II genes: correlation with resistance to topoisomerase inhibitors. *J. Natl Cancer Inst.*, **81**:1732-1735.
- (103) TAN S. S., WEIS J. H. 1992. Development of a sensitive reverse transcriptase PCR assay, RT-PCR, utilizing rapid cycle times. *PCR Methods and Applications*, **2**:137-143.
- (104) TEICHER B.A., HOLDEN S.A., KELLEY M.J., SHEA T.C., CUCCHI C.A., ROSOWSKY A., HENNER W.D., FREI E. 1987. Characterisation of a human squamous carcinoma cell line resistant to cis-diamminedichloroplatinum. *Cancer Res.*, **47**:388-393.
- (105) TEW K.D. 1990. The role of Glutathione S Transferase in anticancer drug resistance. In : MIHICH E. Drug resistance : mechanisms and reversal. Rome : John Libbey CIC, 109-119.
- (106) TOWNSEND A.J., COWAN K.H. 1989. Glutathione-S-Transferase and antineoplastic drug resistance. *Cancer Bull.*, **41**:31-37.
- (107) TRENT J. M., STANBRIDGE F. J., Mc BRIDE H. L., *et al.* 1990. Tumorigenicity in human melanoma cell lines controlled by introduction of human chromosome 6. *Science*, **247**:568-571.
- (108) TRENT J. M., THOMPSON F. H., MEYSKENS F. L. JR. 1989. Identification of a recurring translocation site involving chromosome 6 in human malignant melanoma. *Cancer Res.*, **49**:420-423.
- (108bis) TRENT J., MEYSKENS F. L., SALMON S. E. *et al.* 1980. Relation of cytogenetic abnormalities and clinical outcome in metastatic melanoma. *New Engl. J. Med.*, **322**:1508-1513.

- (109) TUBIANA M. 1989. Chimiorésistance des tumeurs. Facteurs liés à la cinétique tumorale et à l'apparition des cellules résistantes. *Bull. Cancer*, 76:959-965.
- (110) TSUTSUI K., SAKURAI H., SHOMMORI T., ODA T. 1986. Levels of Topoisomerase II and DNA polymerase are regulated independently in developing neuronal nuclei. *Bioch. Biophys. Res. Commun.*, 138:1116-1122.
- (111) TWENTYMAN P. R. 1992. MDR1 (P-glycoprotein) gene expression-implications for resistance modifier trials. *Journal of the National Cancer Institute*, 84:1458-1460.
- (112) VIOLET D. 1993. Glutathion S-transferase: gene structure and regulation of expression. *Crit. Rev. in Biochem. and Molecular Biology*, 28:173-207.
- (113) WANG J.C. 1985. DNA topoisomerases. *Ann. Rev. Biochem.*, 54:665-697.
- (114) WANG A.L., TEW K.D. 1985. Increased Glutathione-S-Transferase activity in a cell line with acquired resistance to nitrogen mustards. *Cancer Treat. Rep.*, 69: 677-682.
- (115) WEST I.C. 1990. What determine the substrate of the multidrug resistance pump, *TIBS*, 15:42-46.
- (116) WHELAN R.D., HOSKING L.K., TOWNSED A.J., COWAN K.H., HILL B.T. 1989. Differential increases in Glutathione-S-Transferase activities in a range of multidrug-resistant human tumor cell lines. *Cancer Communications*, 1:359-365.
- (117) WINOGRAD B., PECKHAM M., PINEDO H. M. 1989. Human tumor xenografts in anticancer drug development, *European School of Oncology Monograph. Journal of National Cancer Institute*, 81:166-167.
- (118) ZHANG H., D'ARPA P., LIU L.F. 1990. A model for tumor cell killing by topoisomerase poisons. *Cancer cells*, 2:23-27.

ANNEXES

LISTE DES ABREVIATIONS.

BSA :	bovine serum albumine
cDNA :	acide déoxyribonucléique complémentaire
DNA :	acide déoxyribonucléique
DEPC :	diéthyl pyrocarbamate
DMSO :	diméthyl sulfoxyde
DNase :	déoxyribonucléase
dNTP :	déoxynucléotide
D.O. :	densité optique
DTT :	dithiothréitol
EDTA :	acide tetracétique éthylène diamine
g :	gravity
kb :	kilobases
kDa :	kilo daltons
MOPS :	3-(N-morpholino)propane sulfonate
nm :	nanomètres
pb :	paire de bases
PCR :	polymerase chain reaction
PM :	poids moléculaire
QSP :	quantité suffisante pour
RNA :	acide ribonucléique
RNase :	ribonucléase
RT :	reverse transcriptase
S :	Svelberg
SDS :	sodium dodécyl sulfate
TBE :	Tris-Borate-EDTA
TE :	tris-EDTA
Tris :	(hydroxyméthyl)aminométhane
U :	unités
UV :	ultra-violets

DEFINITIONS.**LES GENES DE CHIMIORESISTANCE :**

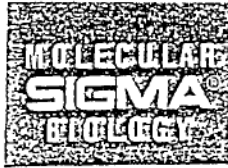
- MDR1 : Multidrug resistance ou résistance multidrogue.
- GST π : Glutathion-S-transférase π .
- TOPOII : Topoisomérase II.

QUANTIFICATION DES REPOSES AUX CHIMIOTHÉRAPIES :

- Réponses objectives : Réponses complètes + Réponses partielles;
- Rémissions complètes : Disparition de tous les signes de tumeur pendant un minimum de quatre semaines;
- Rémissions partielles : Diminution de plus de 50% des lésions tumorales (produit de deux diamètres de lésions mesurables), sans progression des autres lésions ni apparition de nouvelles lésions, pendant une durée de quatre semaines minimum;
- Stabilisations : Diminution de moins de 50% ou augmentation d'une ou plusieurs lésions mesurables;

DEFINITIONS:

- Randomisé : Sélection aléatoire des patients;
- Exérèse : Ablation d'une partie de l'organisme, d'un organe, d'une partie d'organe;
- Pléiotropique : Résistance multiple vis à vis de plusieurs drogues;
- Clastique : qui entraîne de nombreuses cassures;

MARQUEURS : Bst^{ER}

D-9793

Lot 23H6749

Lambda BstE II Digest

Store below 0° C

PRODUCT SUMMARY

Suitable for use as a molecular weight marker for agarose gel electrophoresis.

A_{260}/A_{280} Ratio: 1.9

Concentration: 400 $\mu\text{g}/\text{ml}$

COMMENTS

For laboratory use only.

Not for drug, household or other uses.

Ethidium bromide background can be reduced by destaining 30-45 minutes in 1X electrophoresis buffer.

Storage Buffer

10 mM Tris-HCl, pH 8.0

0.1 mM EDTA

SUITABILITY ASSAY

5 μl Lambda BstEII Digest

diluted to 0.05-0.1 $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ in water

2 μl gel loading solution (G-2526)

(0.05% w/v bromophenol blue,

40% w/v sucrose, 0.1 M EDTA pH 8.0)

The above solution was heated to 65° C for 5 minutes and quick cooled on ice. 0.25 μg and 0.5 μg were loaded on a 0.7% agarose (A-9539) submarine-type minigel. Agarose gel electrophoresis was performed in 1X TBE (0.89 M Tris borate, pH approx. 8.3, containing 2 mM EDTA). Lambda BstE II Digest was run with appropriate DNA fragment size standards at 50-80 volts until the tracking dye reached the bottom of the gel. After staining 15-20 minutes in 1 $\mu\text{g}/\text{ml}$ ethidium bromide 12 of 14 bands (702-8,454 bp) were clearly resolved and the pattern was consistent with the indicated fragment sizes.

Fragment Sizes: base pairs (bp)

8,454

7,242

6,369

5,686

4,822

4,324

3,675

2,323

1,929

1,371

1,264

702

224

117

Ref: Daniels, D.L., et al., Appendix II: Complete Annotated Lambda Sequence in Lambda-II, Cold Spring Harbor Laboratory, N.Y. (1983) eds. Hendrix, R.W., Roberts, J.W., Stahl, F.W. and Weisberg, R.A.

MARQUEURS : 1Kb Ladder[®]

GIBCO BRL

LIFE TECHNOLOGIES, INC.

Product: 1 Kb DNA Ladder

Cat. No.: 56155A/SB

Lot No.: CNJ104

Size: 250 µg/1000 µg, 1.00 µg/µl

This product is distributed for research use only. It has not been approved for diagnostic or drug purposes nor for administration to humans or animals.

Storage Conditions: -20°C

Patent: 449306

DESCRIPTION:

The 1 Kb DNA Ladder has been qualified as an ethidium bromide-stainable marker for gel electrophoresis. The fragments can also be radioactively labeled by one of the following methods: (i) Labeling the 5' ends with T4 polynucleotide kinase; (ii) Filling in the 3' recessed ends with *E. coli* DNA polymerase I or the large fragment of DNA Polymerase I; (iii) Partial exonucleolytic degradation and resynthesis with T4 DNA polymerase. The last method is most efficient. Separation of the labeled fragments from other radioactive material is recommended after the labeling reaction, using BRL's NACS[™] or 52 PREPAC[™] (Cat. No. 1525NP or 1526NP).

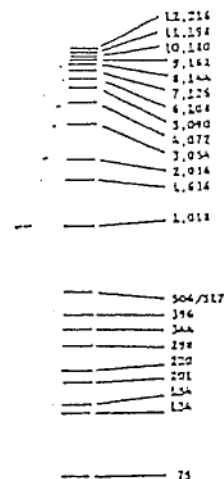
The following corresponding enzymes and nucleic acid labeling systems are available from BRL: T4 Polynucleotide Kinase (Cat. No. 5004SA/SB); 3' DNA Terminus Labeling System (Cat. No. 3060SA); DNA Polymerase I (Cat. No. 3005SA/SB); T4 DNA Polymerase Labeling System (Cat. No. 3140SA).

COMPONENTS:

56155A/SB

1 Kb DNA Ladder

Lot No. CNJ104

FRAGMENT SIZE
(base pairs)

STORAGE BUFFER:

10 mM Tris-HCl (pH 7.5)
50 mM NaCl
0.1 mM EDTA

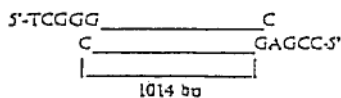
NOTES:

- During agarose gel electrophoresis (1.2% agarose) with tris-acetate (pH 7.6) as running buffer, bromophenol blue migrates together with the 506/517 bp double band.
- For best results combine 5 µg 1 Kb DNA ladder fragments with 2 µl of a solution containing 1% (w/v) SDS, 0.1% (w/v) bromophenol blue, 0.1 M EDTA, 50% (v/v) glycerol. Heat at 65°C for 5 min, and load the entire sample onto the gel. If the ionic strength of the sample is too low this can cause blurring of the bands.
- The 1636 bp band and all bands less than 1000 bp are generated from pBR322.
- Handle aseptically.

QUALITY CONTROL DATA:

- Upon electrophoresis of 5 µg 1 Kb DNA Ladder on a 1.2% agarose gel for 9.5 cm (bromophenol blue front) under BRL's standard conditions and after staining with ethidium bromide, all bands larger than 600 bp must be distinguishable.
- Upon labeling of the DNA with ³²P by any one of the three methods mentioned above and subsequent gel electrophoresis of the labeled DNA, the autoradiograph of the gel must show bands with a clear background.
- The A₂₆₀/A₂₈₀ ratio is routinely observed to be in the range of 1.3 - 2.0.

STRUCTURE OF FRAGMENT



References: Hartley, J. L. and Donelson, J. E. (1980) *Nature*, Vol. 285, 850.

The BRL Technical Services Department welcomes all questions concerning the use of this product. Please call the number for your area listed below.

Darmstadt, MO 63544-9940 U.S.A.
TELEPHONE: 314-235-4684

DK-4000 Roskilde Denmark
TELEPHONE: 45 44 73 62 11

T4 Eschwege Germany
TELEPHONE: 0574 710 40

4124 AG Straßburg France
TELEPHONE: 038 41 53 44

Frankfurt 2 & 2F Germany
TELEPHONE: 05100 151870

1420 Mellebeke Belgium
TELEPHONE: 031 22 22 42

16573 Cergy-Paris Cedex France
TELEPHONE: 01 24 54 54 40

Tuan Foa, New Territories Hong Kong
TELEPHONE: 02384187

Sydney Australia & New Zealand
TELEPHONE: 0100-637413

1019 East Rutherford
TELEPHONE: 0201 45 22 22

11111111111111111111
TELEPHONE: 010 222 2222

11111111111111111111
TELEPHONE: 022 02 7111

Osaka, Osaka 565 Japan
TELEPHONE: 06 565 2141

11011111111111111111
TELEPHONE: 02 22 24 53

TELEPHONE FAX SERVICE CENTER OF LIFE Technologies, Inc.
302571

Printed on Recycled Paper

SEQUENCE DU GENE MDR1 (EMBL data library).

ID HSMDR1 standard; RNA: PRI; 4646 BP.
DE Human P-glycoprotein (MDR1) mRNA, complete cds.

REF 1 : Chen C.J., Chin J.E., Ueda K., Clark D.P., Pastan I., Gottesman M.M., Roninson I.B. "Internal duplication and homology with bacterial transport proteins in the mdrl (P-glycoprotein) gene from multidrug-resistant human cells". Cell, 47:381-389 (1986).

REF 2 : Ueda K., Clark D.P., Chen C.J., Roninson I.B., Gottesman M.M., Pastan I. "The human multidrug resistance (mdrl) gene: cDNA cloning and transcription initiation". J. Biol. Chem. 262:505-508 (1987).

REF 3 : Kioka N., Tsubota J., Kakehi Y., Komano T., Gottesman M.M., Pastan I., Ueda K. "P-glycoprotein gene (MDR1) cDNA from human adrenal : Normal P-glycoprotein carries 185-Gly with an altered pattern of multidrug resistance". Biochem. Biophys. Res. Commun., 162:224-231 (1989).

289..4646 = "MDR1 mRNA"
425..4267 = "P-glycoprotein"
1075..1094 = amorce 1
1829..1846 = amorce 2

Sequence 4646 BP; 1371 A; 892 C; 1129 G; 1254 T; 0 other.

```

1      CCTACTCTAT TCAGATATTC TCCAGATTCC TAAAGATTAG AGATCATTTC
51     TCATTCTCCT AGGAGTACTC ACTTCAGGAA GCAACCAGAT AAAAGAGAGG
101    TGCAACGGAA GCCAGAACAT TCCTCCTGGA AATTC AACCT GTTTCGAGT
151    TTCTCGAGGA ATCAGCATTG AGTCAATCCG GGCCGGGAGC AGTCATCTGT
201    GGTGAGGCTG ATTGGCTGGG CAGGAACAGC GCCGGGGCGT GGGCTGAGCA
251    CAGCGCTTCG CTCTCTTTGC CACAGGAAGC CTGAGCTCAT TCCAGTAGCG
301    GCTCTTCCAA GCTCAAAGAA GCAGAGGCCG CTGTTGTTTT CGTTTAGGTC
351    TTTCCACTAA AGTCGGAGTA TCTTCTTCCA AGATTCACG TCTTGGTGGC
401    CGTTCCAAGG AGCGCGAGGT CGGGATGGAT CTTGAAGGGG ACCGCAATGG
451    AGGAGCAAAG AAGAAGAACT TTTTAAACT GAACAATAAA AGTGAAAAAG
501    ATAAGAAGGA AAAGAACCAC ACTGTCAGTG TATTTTCAAT CTTTCGCTAT
551    TCAAATTGGC TTGACAAGTT GTATATGGTG GTGGGAAGTT TGGCTGCCAT
601    CATCCATGGG GCTGGACTTC CTCTCATGAT GCTGGTGTTC GGAGAAATGA
651    CAGATATCTT TGCAAATGCA GGAATTTTAG AAGATCTGAT GTCAAACATC
701    ACTAATAGAA GTGATATCAA TGATACAGGG TTCTTCATGA ACCCGAGGA
751    AGACATGACC AGGTATGCCT ATTATTACAG TGGAAATGGT GCTGGGGTGC
801    TGGTTGCTGC TTACATTCAG GTTTCATTTT GGTGCCCTGGC AGCTGGAAGA
851    CAAATACACA AAATTAGAAA ACAGTTTTTT CATGCTATAA TGCGACAGGA
901    GATAGGCTGG TTTGATGTGC ACGATGTTGG GGAGCTTAAC ACCCGACTTA
951    CAGATGATGT CTCTAAGATT AATGAAGTTA TTGGTGACAA AATTGGAATG
1001   TTCTTTCAGT CAATGGCAAC ATTTTTCACT GGGTTTATAG TAGGATTTAC
1051   ACGTGGTGGG AAGCTAACCC TTGTGATTTT GGCCATCAGT CCTGTCTCTG
1101   GACTGTCAGC TGCTGTCTGG GCAAAGATAC TATCTTCATT TACTGATAAA
1151   GAACCTCTAG CGTATGCAAA AGCTGGAGCA GTAGCTGAAG AGGTCTTGGC
1201   AGCAATTAGA ACTGTGATG CATTGGGAGG ACAAAGAAA GAACTTGAAA
1251   GGTACAACAA AAATTTAGAA GAAGCTAAAA GAATGGGGAT AAAGAAAGCT
1301   ATTACAGCCA ATATTCTAT AGGTGCTGCT TTCTGCTGA TCTATGCATC
1351   TTATGCTCTG GCCTTCTGGT ATGGGACCAC CTTGGTCTC TCAGGGGAAT
1401   ATTCTATTGG ACAAGTACTC ACTGTATTCT TTTCTGTATT AATGGGGCT
1451   TTTAGTGTG GACAGGCATC TCCAAGCATT GAAGCATTG CAAATGCAAG
1501   AGGAGCAGCT TATGAAATCT TCAAGATAAT TGATAATAAG CCAAGTATTG
1551   ACAGCTATTC GAAGAGTGGG CACAAACCAG ATAATATTA GGGAAATTTG
1601   GAATTCAGAA ATGTTCACTT CAGTTACCCA TCTCGAAAAG AAGTTAAGAT
1651   CTTGAAGGGC CTGAACCTGA AGGTGCAGAG TGGGCAGACG GTGGCCCTGG
1701   TTGGAACACG TGGCTGTGGG AAGAGCACAA CAGTCCAGCT GATGCAGAGG
1751   CTCTATGACC CCACAGAGGG GATGGTCACT GTTGATGGAC AGGATATTAG
1801   GACCATPAAT GTAAGGTTTC TACGGGAAAT CATTGGTGTG GTGAGTCAGG
1851   AACCTGTATT GTTTGCCACC ACGATAGCTG AAAACATTCC CTATGGCCGT
1901   GAAATGTCA CCATGGATGA GATTGAGAAA GCTGTCAAGG AAGCCAAATG
1951   CTATGACTTT ATCATGAAAC TGCCTATAA ATTTGACACC CTGGTTGGAG
2001   AGAGAGGGGC CCAGTTGAGT GGTGGGCAGA AGCAGAGGAT CGCCATTGCA
2051   CGTGCCCTGG TTCGCAACCC CAAGATCCTC CTGCTGGATG AGGCCACGTC
2101   AGCCTTGAC ACAGAAAGCG AAGCAGTGGT TCAGGTGGCT CTGGATAAGG
2151   CCAGAAAAGG TCGGACCACC ATTGTGATAG CTCATCGTTT GTCTACAGTT

```

2201 CGTAATGCTG ACGTCATCGC TGGITTCGAT GATGGAGTCA TTGTGGAGAA
 2251 AGGAAATCAT GATGAACTCA TGAAAGAGAA AGGCATTAC TTCAAACTTG
 2301 TCACAATGCA GACAGCAGGA AATGAAGTTG AATTAGAAAA TGCAGCTGAT
 2351 GAATCCAAA GTGAAATTGA TGCCTGGAA ATGTCTTCAA ATGATCAAG
 2401 ATCCAGTCTA ATAAGAAAA GATCAACTCG TAGGAGTGTC CGTGGATCAC
 2451 AAGCCCAAGA CAGAAAGCTT AGTACCAAAG AGGCTCTGGA TGAAAGTATA
 2501 CCTCCAGTTT CCTTTTGGAG GATTATGAAG CTAAATTTAA CTGAATGGCC
 2551 TTATTTGTGT GTTGGTGTAT TTTGTGCCAT TATAAATGGA GGCCTGCAAC
 2601 CAGCATTGTC AATAATATTT TCAAAGATTA TAGGGGTTTT TACAAGAATT
 2651 GATGATCCTG AAACAAAACG ACAGAATAGT AACTTGTTTT CACTATGTGT
 2701 TCTAGCCCTT GGAATTATTT CTTTTATTAC ATTTTTCCTT CAGGGTTTCA
 2751 CATTGGCAA AGCTGGAGAG ATCCTCACCA AGCGGCTCCG ATACATGGTT
 2801 TTCCGATCCA TGCTCAGACA GGATGTGAGT TGGTTTGATG ACCCTAAAAA
 2851 CACCACTGGA GCATTGACTA CCAGGCTCGC CAATGATGCT GCTCAAGTTA
 2901 AAGGGGCTAT AGGTTCCAGG CTGTCTGTAA TTACCCAGAA TATAGCAAA
 2951 CTTGGGACAG GAATAATTAT ATCCTTCATC TATGGTTGGC AACTAACACT
 3001 GTTACTCTTA GCAATTGTAC CCATCATGTC AATAGCAGGA GTTGTGAAA
 3051 TGAAATGTT GTCTGGACAA GCACTGAAAG ATAAGAAAGA ACTAGAAGGT
 3101 GCTGGGAAGA TCCTACTGA AGCAATAGAA AACTTCCGAA CCGTTGTTTC
 3151 TTTGACTCAG GAGCAGAAGT TTGAACATAT GTATGCTCAG AGTTTGCAGG
 3201 TACCATACAG AAACCTTTTG AGGAAAAGCAC ACATCTTTGG AATTACATTT
 3251 TCCTTCACCC AGGCAATGAT GTATTTTTC TATGCTGGAT GTTCCGGTT
 3301 TGGAGCCTAC TTGGTGGCAC ATAAACTCAT GAGCTTTGAG GATGTTCTGT
 3351 TAGTATTTTC AGCTGTTGTC TTTGGTGCCA TGGCCGTGGG GCAAGTCAGT
 3401 TCATTTGCTC CTGACTATGC CAAAGCCAAA ATATCAGCAG CCCACATCAT
 3451 CATGATCATT GAAAAACCC CTTTGATTGA CAGCTACAGC ACGGAAGGCC
 3501 TAATGCCGAA CACATTGGAA GGAATGTCA CATTGGTGA AGTTGTATTTC
 3551 AACTATCCCA CCCGACCGGA CATCCCAGTG CTTCAGGGC TGAGCCTGGA
 3601 GGTGAAGAG GGCAGACGC TGGCTCTGGT GGGCAGCAGT GGCTGTGGGA
 3651 AGAGCACAGT GGTCCAGCTC CTGGAGCGGT TCTACGACCC CTTGGCAGGG
 3701 AAAGTGCTGC TTGATGGCAA AGAAATAAAG CGACTGAATG TTCAGTGGCT
 3751 CCGAGCACAC CTGGGCATCG TGTCCCAGGA GCCCATCTG TTTGACTGCA
 3801 GCATTGCTGA GAACATTGCC TATGGAGACA ACAGCCGGGT GGTGTACAG
 3851 GAAGAGATCG TGAGGGCAGC AAAGGAGGCC AACATACATG CCTTCATCGA
 3901 GTCACTGCCT AATAAATATA GCACTAAAGT AGGAGACAAA GGAACTCAGC
 3951 TCTCTGGTGG CCAGAAACAA CGCATTGCCA TAGCTCGTGC CCTTGTTAGA
 4001 CAGCCTCATA TTTTGCTTTT GGATGAAGCC ACGTCAGCTC TGGATACAGA
 4051 AAGTGAAAAG GTTGTCCAAG AAGCCCTGGA CAAAGCCAGA GAAGGCCGCA
 4101 CCTGCATTGT GATTGCTCAC CGCCTGTCCA CCTCCAGAA TGCAGACTTA
 4151 ATAGTGGTGT TTCAGAAATGG CAGAGTCAAG GAGCATGGCA CGCATCAGCA
 4201 GCTGCTGGCA CAGAAAGGCA TCTATTTTTC AATGGTCAAT GTCCAGGCTG
 4251 GAACAAAGCG CCAGTGAAGT CTGACTGTAT GAGATGTTAA ATACTTTTTTA
 4301 ATATTTGTTT AGATATGACA TTTATTCAA GTTAAAAGCA AACACTTACA
 4351 GAATTATGAA GAGGTATCTG TTTAACATTT CCTCAGTCAA GTTCAGAGTC
 4401 TTCAGAGACT TCGTAATTAA AGGAACAGAG TGAGAGACAT CATCAAGTGG
 4451 AGAGAAATCA TAGTTTAAAC TGCATTATAA ATTTTATAAC AGAATTAAG
 4501 TAGATTTTAA AAGATAAAAT GTGTAATTTT GTTTATATTT TCCATTGG
 4551 ACTGTAAGT ACTGCCTTGC TAAAAGATTA TAGAAGTAGC AAAAAGTATT
 4601 GAAATGTTG CATAAAGTGT CTATAATAAA ACTAAACTTT CATGTG



SEQUENCE DU GENE GST π (EMBL data library).

ID HSGSTPIG standard; DNA; PRI; 4261 B.
DE Human glutathione S-transferase pi gene

REF 1 : Morrow C.S., Medicine Branch, National Cancer Institute, National Institutes of Health, Building 10, RM6N119, 9000 Rockville Pike, Bethesda, MD 20892, USA.

REF 2 : Morrow C.S., Cowan K.H., Goldsmith M.E. "Structure of the human genomic glutathione S-transferase-pi gene". Gene 75:3-11(1989).

"chromosome 11q13"

mRNA : 1225..1254, 1543..1578, 1873..1979, 2094..2181, 2547..2650, 3513..3620, 3798..4061.

TATA-signal : 1194..1198

exons : 1225..1254;1543..1578; 1873..1979; 2094..2181; 2547..2650; 3513..3620; 3798..4061

introns: 1255..1542; 1579..1872; 1980..2093; 2182..2546; 2651..3512; 3621..3797

polyA-signal : 4041..4046

amorce 1 : 1543..1562.

amorce 2 : 2691..2710.

Sequence 4261 BP; 924 A; 1229 C; 1298 G; 810 T; 0 other.

```

1      AAC AAGAGAT CAATATCTAG AATAAATGGA GATCTGCAAA TCAACAGAAA
51     GTAGGCAGCA AAGCCAAAGA AAATAGCCTA AGGCACAGCC ACTAAAAGGA
101    ACGTGATCAT GTCCTTTGCA GGGACATGGG TGGAGCTGGA AGCCGTTAGC
151    CTCAGCAAAC TCACACAGGA ACAGAAAACC AGCGAGACCG CATGGTCTCA
201    CTTATAAGTG GGAGCTGAAC AATGAGAACA CATGGTCACA TGGCGCGGAT
251    CAACACACAC TGGTGCCTGT TGAGCGGGGT GCTGGGGAGG GAGAGTACCA
301    GGAAGAATAG CTAAGGGATA CTGGGCTTAA TACCTGGGTG ATGGGATGAT
351    CTGTACAGCA AACCATCATG GCGCACACAC CTATGTAACA AACCTGCACA
401    TCCTGCACAT GTACCCCAAG ACTTCAAATA AAAGTTGGAC GGCACGGCGT
451    GGTGGCTCAC GCCTGTAATC CCAGCACTTT GGAAGCCGA GGCCTGCAGA
501    TCACCTAAGG TCAGGAGTTC GAGACCAGCC CGGCCAACAT GGTGAAACCC
551    CGTCTCTACT AAAAATACAA AAATCAGCCA GATGTGGCAC GCACCTATAA
601    TTCCACCTAC TCGGGAGGCT GAAGCAGAAT TGCTTGAACC CGACAGGCGG
651    AGGTTGCACT GAGCCGCCGA GATCGCGCCA CTGCACTCCA GCCTGGGCCA
701    CAGCGTGAGA CTACGTCATA AAATAAAATA AAATAACACA AAATAAAATA
751    AAATAAAATA AAATAAAATA AAATAATAAA ATAAAATAAA ATAAAATAAA
801    ATAAAATAAA ATAAGCAAT TTCCTTTTCT CTAAGCGGCC AGTCTTCGCC
851    TCCCCTGCCC TGTGAAGCGG GTGTGCAAGC TCCGGGATCG CAGCGGTCTT
901    AGGGAATTC CCCCCCGCAT GTCCCCGGCG GCCAGTTCGC TGCCGCACT
951    TCGCTGCGGT CCTCTTCTG CTGTCTGTTT ACTCCCTAGG CCCCCTGGG
1001   GACCTGGGAA AGAGGGAAAG GCTTCCCCGG CCAGCTGCGC GGCACCTCCG
1051   GGGACTCCAG GCGGCCCTC TCGGGCCGAC GCCCGGGGTG CAGCGGCCCG
1101   CGGGGCTGGG GCGGCGGGA GTCCCGGGA CCTCCAGAA GAGCGCCCGG
1151   CGCCGTGACT CAGCACTGGG GCGGAGCGGG GCGGGACCAC CCTTATAAGG
1201   CTCGGAGGCC GCGAGGCCTT CGCTGAGATT TCGCCCGCCG AGTCTTCGCC
1251   ACCAGTGAGT ACGCGCGGCC CGCTCCCCGG GGATGGGGCT CAGAGCTCCC
1301   AGCATGGGGC CAACCCGAG CATCAGGCC GGGCTCCCGG CAGGCTCCT
1351   CGCCACCTC GAGACCCGGG ACGGGGGCCT AGGGGACCA GGACGTCCCC
1401   AGTGCCGTTA GCGGCTTCA GGGGGCCCGG AGCGCCTCGG GGAGGGATGG
1451   GACCCCGGGG GCGGGGAGG GGGGCAGGCT GCGCTCACC CGCCTTGGCA
1501   TCCTCCCCCG GGCTCCAGCA AACTTTTCTT TGTTCGCTGC AGTCCGCCCC
1551   TACACCGTGG TCTATTTCCT AGTTCGAGGT AGGAGCATGT GTCTGGCAGG
1601   GAAGGGAGGC AGGGGCTGGG GCTGCAGCCC ACAGCCCTCC GCCCACCCGG
1651   AGAGATCCGA ACCCCCTTAT CCCTCCGTCG TGTGGCTTTT ACCCCGGGCC
1701   TCCTTCTGT TCCCCGCTC TCCCGCCATG CCTGTCCCC GCCCAGTGT
1751   TGTGTGAAT CTTCGGAGGA ACCTGTTTAC CTGTTCCCTC CCTGCACTCC
1801   TGACCCCTCC CCGGTTGCT GCGAGGCGGA GTCGGCCCGG TCCCCACATC
1851   TCGTACTTCT CCTCCCCGC AGGCCGTGC GCGGCCCTGC GCATGCTGCT
1901   GGCAGATCAG GGCCAGAGCT GGAAGGAGGA GGTGGTGACC GTGGAGACGT
1951   GGCAAGAGGG CTCACATAA GCCTCCTGCG TAAGTGACCA TGCCCGGGCA
2001   AGGGGAGGGG GTGCTGGGCC TTAGGGGCT GTGACTAGGA TCGGGGGACG
2051   CCCAAGCTCA GTGCCCTCC CTGAGCCATG CCTCCCCCAA CAGCTATACG
2101   GGCAGCTCCC CAAGTCCAG GACGGAGACC TCACCCTGTA CCAGTCCAAT
2151   ACCATCCTGC GTCACCTGGG CCGCACCTT GGTGAGTCT GAACCTCCAA
2201   GTCCAGGGCA GGCATGGGCA AGCCTCTGCC CCCGGAGCCC TTTTGTTTAA
2251   ATCAGCTGCC CCGCAGCCCT CTGGAGTGA GAAACTGAG ACCCACTGAG

```

2301 GTTACGTAGT TTGCCAAGG TCAAGCCTGG GTGCCTGCAA TCCTTGCCCT
 2351 GTGCCAGGCT GCCTCCCAGG TGTCAGGTGA GCTCTGAGCA CCTGCTGTGT
 2401 GGCAGTCTCT CATCCTTCCA CGCACATCCT CTTCCCCTCC TCCCAGGCTG
 2451 GGGCTCACAG ACAGCCCCCT GGTTGGCCCA TCCCCAGTGA CTGTGTGTG
 2501 ATCAGGGGCC CAGTCACGGC GCCTGCTCCC CTCCACCCAA CCCAGGGCT
 2551 CTATGGGAAG GACCAGCAGG AGGCAGCCCT GGTGGACATG GTGAATGACG
 2601 GCGTGGAGGA CCTCCGCTGC AAATACATCT CCCTCATCTA CACCAACTAT
 2651 GTGAGCATCT GCACCAGGGT TGGGCACTGG GGGCTGAACA AAGAAAGGGG
 2701 CTTCTTGTGC CCTCACCCCC CTTACCCCTC AGGTGGCTTG GGCTGACCCC
 2751 TTCTTGGGTC AGGGTGCAGG GGCTGGGTCA GCTCTGGGCC AGGGGCCAG
 2801 GGGCCTGGGA CAAGACACAA CCTGCACCCT TATTGCCTGG GACATCAACC
 2851 AGCCAAGTAA CGGGTCATGG GGGCGAGTGC AAGGACAGAG ACCTCCAGCA
 2901 ACTGGTGGTT TCTGATCTCC TGGGGTGGCG AGGGCTTCTT GGAGTAGCCA
 2951 GAGGTGGAGG AGGATTTGTC GCCAGTTTCT GGATGGAGGT GCTGGCACTT
 3001 TTAGCTGAGG AAAATATGCA GACACAGAGC ACATTTGGGG ACCTGGGACC
 3051 AGTTCAGCAG AGGCAGCGTG TGTGCGCGTG CGTGTGCGTG TGTGTGCGTG
 3101 TGTGTGTGTA CGCTTGCATT TGTGTCGGGT GGGTAAGGAG ATAGAGATGG
 3151 GCGGGCAGTA GGGCCAGGTC CCGAAGGCC TGAACCCACT GGTTTGGAGT
 3201 CTCCTAAGGG CAATGGGGGC CATTGAGAAG TCTGAACAGG GCTGTGTCTG
 3251 AATGTGAGGT CTAGAAGGAT CCTCCAGAGA AGCCAGCTCT AAAGCTTTTG
 3301 CAATCATCTG GTGAGAGAAC CCAGCAAGGA TGGACAGGCA GAATGGAATA
 3351 GAGATGAGTT GGCAGCTGAA GTGGACAGGA TTGGTACTA GCCTGGTTGT
 3401 GGGGAGCAAG CAGAGGAGAA TCTGGGACTC TGGTGTCTGG CCTGGGGCAG
 3451 ACGGGGGTGT CTCAGGGGCT GGGAGGGATG AGAGTAGGAT GATACATGGT
 3501 GGTGTCTGGC AGGAGGCGGG CAAGGATGAC TATGTGAAGG CACTGCCCCG
 3551 GCAACTGAAG CCTTTGAGA CCCTGCTGTC CCAGAACCAG GGAGGCAAGA
 3601 CCTTCATTGT GGGAGACCAG GTGAGCATCT GGCCCCATGC TGTTCCTTCC
 3651 TCGCCACCCT CTGCTTCCAG ATGGACACAG GTGTGAGCCA TTTGTTTAGC
 3701 AAAGCAGAGC AGACCTAGGG GATGGGCTTA GGCCCTCTGC CCCCAATTCC
 3751 TCCAGCCTGC TCCCGCTGGC TGAGTCCCTA GCCCCCTGC CCTGCAGATC
 3801 TCCTTCGCTG ACTACAACCT GCTGGACTTG CTGCTGATCC ATGAGGTCCT
 3851 AGCCCTGGC TGCTGGATG CGTTCGCCCT GCTCTCAGCA TATGTGGGGC
 3901 GCCTCAGTGC CCGGCCAAG CTCAAGGCC TCCCTGGCTC CCCTGAGTAC
 3951 GTGAACCTCC CCATCAATGG CAACGGGAAA CAGTGAGGGT TGGGGGACT
 4001 CTGAGCGGGA GGCAGAGTTT GCCTTCCTTT CTCCAGGACC AATAAAATTT
 4051 CTAAGAGAGC TACTATGAGC ACTGTGTTTC CTGGGACGGG GCTTAGGGGT
 4101 TCTCAGCCTC GAGGTCGGTG GGAGGGCAGA GCAGAGGACT AGAAAACAGC
 4151 TCTCCAGCA CAGTCAGTGG CTTCTGGAG CCCTCAGCCT GGCTGTGTTT
 4201 ACTGAACCTC ACAACTAGA AGAGGAAGAA AAAAAAGAG AGAGAGAAAC
 4251 AAAGAGAAAT A

SEQUENCE DU GENE TOPO II (EMBL data library).

ID HSTOPII standard; RNA; PRI; 4792 BP.
DE Human DNA topoisomerase II (top2) mRNA, complete cds.

REF 1 : Tsai-Pflugfelder, M., Liu, L.-F.F., Liu, A.A., Tewey, K.M., Whang-Peng, J., Knutsen, T., Huebner, K., Croce, C.M. and Wang, J.C. Cloning and sequencing of cDNA encoding human DNA topoisomerase II and localization of the gene to chromosome region 17q21-22. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 85:7177-7181 (1988)

chromosome 17q21-22.
amorce 1 : 22..41.
amorce 2 : 1001..1020.

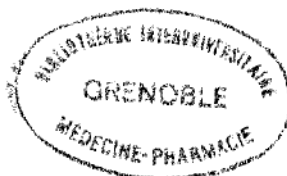
SEQUENCE 1682 a 857 c 1038 g 1215 t

```

1      GGACCACCCA GTACCGATCC CTTACGACC GTCACCATGG AAGTGTCCACC
51     AATTGCAGCCT GTAATGAAA ATATGCAAGT CAACAAAATA AAGAAAAATG
101    AAGATGCTAA GAAAAGACTG TCTGTTGAAA GAATCTATCA AAAGAAAACA
151    CAATTGGAAC ATATTTTGCT CCGCCAGAC ACCTACATTG GTTCTGTGGA
201    ATTAGTGACC CAGCAAATGT GGGTTACGA TGAAGATGTT GGCATTAACT
251    ATAGGGAAGT CACTTTTGT CTTGGTTTGT ACAAATCTT TGATGAGATT
301    CTAGTTAATG CTGCGGACAA CAAACAAAGG GACCCAAAAA TGTCTTGAT
351    TAGAGTCACA ATTGATCCGG AAAACAATTT AATTAGTATA TGGATAAATG
401    GAAAAGGTAT TCCTGTTGTT GAACACAAAG TTGAAAAGAT GTATGTCCCA
451    GCTCTCATAT TTGGACAGCT CCTAACTTCT AGTAACTATG ATGATGATGA
501    AAAGAAAGTG ACAGGTGGTC GAAATGGCTA TGGAGCCAAA TTGTGTAACA
551    TATTCAGTAC CAAATTTACT GTGAAACAG CCAGTAGAGA ATACAAGAAA
601    ATGTTCAAAC AGACATGGAT GGATAATATG GGAAGAGCTG GTGAGATGGA
651    ACTCAAGCCC TTCAATGGAG AAGATTATAC ATGTATCACC TTTCAGCCTG
701    ATTTGCTAA GTTTAAATG CAAAGCCTGG ACAAAGATAT TGTCTGACTA
751    ATGGTCAGAA GAGCATATGA TATTGCTGGA TCCACCAAAG ATGTCAAAGT
801    CTTTCTTAAT GGAATAAAC TGCCAGTAAA AGGATTTCGT AGTTATGTGG
851    ACATGTATTT GAAGGACAAG TTGGATGAAA CTGGTAACTC CTTGAAAGTA
901    ATACATGAAC AAGTAAACCA CAGGTGGGAA GTGTGTTTAA CTATGAGTGA
951    AAAAGGCTTT CAGCAAATTA GCTTTGTCAA CAGCATTGCT ACATCCAAGG
1001   GTGGCAGACA TGTGATTAT GTAGCTGATC AGATTGTGAC TAAACTTGTT
1051   GATGTTGTA AGAAGAAGAA CAAGGGTGGT GTTGCAGTAA AAGCACATCA
1101   GGTGAAAAAT CACATGTGGA TTTTGTAAA TGCCCTTAAT GAAAACCCAA
1151   CCTTTGACTC TCAGACAAA GAAAACATGA CTTTACAACC CAAGAGCTTT
1201   GGATCAACAT GCCAATTGAG TGAAAAATTT ATCAAAGCTG CCATTGGCTG
1251   TGGTATTGTA GAAAGCATA TAACTGGGT GAAGTTTAA GCCCAAGTCC
1301   AGTTAAACAA GAAGTGTTC GCTGTAAAC ATAATAGAAT CAAGGGAATT
1351   CCCAACTCG ATGATGCCAA TGATGCAGGG GGCCGAAACT CCACTGAGTG
1401   TACGCTTATC CTGACTGAGG GAGATTCAGC CAAAACCTTG GCTGTTTTCAG
1451   GCCTTGGTGT GGTGGGAGA GACAATATG GGGTTTTCCC TCTTAGAGGA
1501   AAAAFACTCA ATGTTGAGA AGCTTCTCAT AAGCAGATCA TGGAAAATGC
1551   TGAGATTAA CAAATATCA AGATTGTGGG TCTTCAGTAC AAGAAAAACT
1601   ATGAAGATGA AGATTCATT AAGACGCTC GTTATGGGAA GATAATGATT
1651   ATGACAGATC AGGACCAAGA TGGTCCCAC ATCAAAGGCT TGCTGATTAA
1701   TTTTATCCAT CACAACGTC CCTCTCTCT CCGACATCGT TTTCTGGAGG
1751   AATTTATCAC TCCATTGTA AAGGTATCTA AAAACAAGCA AGAAATGGCA
1801   TTTTACAGCC TTCTGAATT TGAAGAGTGG AAGAGTTCTA CTCCAAATCA
1851   TAAAAAATGG AAAGTCAAAT ATTACAAAGG TTTGGGCACC AGCACATCAA
1901   AGGAAGCTAA AGAATACTTT GCAGATATGA AAAGACATCG TATCCAGTTC
1951   AAATATTCTG GTCCTGAAGA TGATGCTGCT ATCAGCCTGG CCTTTAGCAA
2001   AAAACAGATA GATGATCGAA AGGAATGGTT AACTAATTTT ATGGAGGATA
2051   GAAGACAACG AAAGTTACTT GGGTTCCTG AGGATTACTT GTATGGACAA
2101   ACTACCACAT ATCTGACATA TAATGACTTC ATCAACAAGG AACTTATCTT
2151   GTTCTCAAAT TCTGATAACG AGAGATCTAT CCCTTCTATG GCGGATGGTT
2201   TGAACCAGG TCAGAGAAAG GTTTTGTTTA CTTGCTTCAA ACGGAATGAC
2251   AAGCGAGAAG TAAAGTTGCG CCAATTAGCT GGATCAGTGG CTGAAATGTC
2301   TTCTTATCAT CATGGTGAGA TGTCATAAT GATGACCATT ATCAATTTGG
2351   CTCAGAAATTT TGTGGGTAGC AATAATCTAA ACCTCTTGCA GCCAATGGT
2401   CAGTTTGGTA CCAGGCTACA TGGTGGCAAG GATTCTGCTA GTCCACGATA
2451   CATCTTTACA ATGCTCAGCT CTTGGCTCG ATGTTATTTT CCACCAAAAG
2501   ATGATCACAC GTTGAAGTTT TTATATGATG ACAACCAGCG TGTGAGCCTT
2551   GAATGGTACA TTCTATTAT TCCATGGTG CTGATAAATG GTGCTGAAGG
2601   AATCGGTACT GGGTGGTCTT GCAAATCCC CAACTTTGAT GTGCTGAAA

```

2651 TTGTAATAA CATCAGGCGT TTGATGGATG GAGAAGAACC TTTGCCAATG
 2701 CTCCAAGTT ACAAGAACTT CAAGGGTACT ATTGAAGAAC TGGCTCCAAA
 2751 TCAATATGTG ATTAGTGGTG AAGTAGCTAT TCTTAATCT ACAACCATTG
 2801 AAATCTCAGA GCTTCCCGTC AGAACATGGA CCCAGACATA CAAAGAACAA
 2851 GTTCTAGAAC CCATGTTGAA TGGCACCAG AAGACACCTC CTCTCATAAC
 2901 AGACTATAGG GAATACCATA CAGATACCAC TGTGAAATTT GTTGTGAAGA
 2951 TGACTGAAGA AAAACTGGCA GAGGCAGAGA GAGTTGGACT ACACAAAGTC
 3001 TTCAAACCTCC AAACCTAGTCT CACATGCAAC TCTATGGTGC TTTTTGACCA
 3051 CGTAGGCTGT TTAAGAAAT ATGACACGGT GTTGGATATT CTAAGAGACT
 3101 TTTTTGAACT CAGACTTAAA TATTATGGAT TAAGAAAAGA ATGGCTCCTA
 3151 GGAATGCTTG GTGCTGAATC TGCTAAACTG AATAATCAGG CTCGCTTTAT
 3201 CTTAGAGAAA ATAGATGGCA AAATAATCAT TGAAAATAAG CCTAAGAAAG
 3251 AATTAATTAA AGTTCIGATT CAGAGGGGAT ATGATTCCGA TCCTGTGAAG
 3301 GCCTGGAAAG AAGCCCAGCA AAAGGTCCA GATGAAGAAG AAAATGAAGA
 3351 GAGTGACAAC GAAAAGGAAA CTGAAAAGAG TGACTCCGTA ACAGATTCTG
 3401 GACCAACCTT CAACTATCTT CTTGATATGC CCCTTTGGTA TTTAACCAAG
 3451 GAAAAGAAAG ATGAACTCTG CAGGCTAAGA AATGAAAAG AACAAAGACT
 3501 GGACACATTA AAAAGAAAAGA GTCCATCAGA TTTGTGAAA GAAGACTTGG
 3551 CTACATTTAT TGAAGAATTG GAGGCTGTTG AAGCCAAGGA AAAACAAGAT
 3601 GAACAAGTCG GACTTCTCGG GAAAGGGGGG AAGGCCAAGG GGAAAAAAC
 3651 ACAAATGGCT GAAGTTTGC CTTCTCCCGG TGGTCAAAGA GTCATTCCAC
 3701 GAATAACCAT AAGAAATGAAA GCAGAGGCAG AAAAGAAAA TAAAAAGAAA
 3751 ATTAAGAATG AAAAATACTGA AGGAAGCCCT CAAGAAGATG GTGTGGAACT
 3801 AGAAGGCCCTA AAACAAGAT TAGAAAAGAA ACAGAAAAGA GAACCAGGTA
 3851 CAAAGACAAA GAAACAACT ACATTGGCAT TTAAGCCAAT CAAAAAGGA
 3901 AAGAAGAGAA ATCCCTGGCC TGATTCAGAA TCAGATAGGA GCAGTGACGA
 3951 AAGTAATTTT GATGTCCCTC CACGAGAAAC AGAGCCACGG AGAGCAGCAA
 4001 CAAAAACAAA ATTCACAATG GATTGGATT CAGATGAAGA TTTCTCAGAT
 4051 TTTGATGAAA AAACCTGATGA TGAAGATTTT GTCCCATCAG ATGCTAGTCC
 4101 ACCTAAGACC AAAACTTCCC CAAAACCTAG TAACAAAGAA CTGAAACCAC
 4151 AGAAAAGTGT CGTGTGACAC CTTGAAGCTG ATGATGTTAA GGGCAGTGT
 4201 CCACTGTCTT CAAGCCCTCC TGCTACACAT TTCCAGATG AAACCTGAAAT
 4251 TACAAACCCA GTTCTTAAA AGAATGTGAC AGTGAAGAAG ACAGCAGCAA
 4301 AAAGTCAGTC TTCCACCTCC ACTACCGGTG CCAAAAAAAG GGCTGCCCA
 4351 AAAGGAACTA AAAGGGATCC AGCTTTGAAT TCTGGTGTCT CTCAAAAGCC
 4401 TGATCCTGCC AAAACCAAGA ATCGCCGCAA AAGGAAGCCA TCCACTTCTG
 4451 ATGATTCTGA CTCTAATTTT GAGAAAATTG TTTGAAAGC AGTCACAAGC
 4501 AAGAAATCCA AGGGGGAGAG TGATGACTTC CATATGGACT TTGACTCAGC
 4551 TGTGGCTCCT CGGGCAAAAT CTGTACGGGC AAAGAAACCT ATAAAGTACC
 4601 TGGAAGAGTC AGATGAAGAT GATCTGTTT AAAATGTGAG GCATTATTT
 4651 TAAGTAATTA TCTTACCAAG CCCAAGACTG GTTTTAAAGT TACCTGAAGC
 4701 TCTTAACCTC CTCCCCTCG AATTTAGTTT GGGGAAGGTG TTTTGTAGC
 4751 AAGACATCAA AGTGAAGTAA AGCCCAAGTG TTCTTTAGCT TT



A U T O R I S A T I O N D ' I M P R E S S I O N

De la Thèse dont l'intitulé est : Etude génétique de la
chimiosensibilité d'un mélanome
malin métastatique greffé sur
souris athymiques

CANDIDAT : M^{lle} VERGNAUD SABRINA

VU

GRENOBLE, le 7 février 1994

Le Président du Jury



VU

GRENOBLE, le 7 février 1994

p/Le Président de l'Université
Joseph FOURIER GRENOBLE I
Sciences. Technologie. Médecine

Le Directeur de l'UFR de Pharmacie



J. ROCHAT

RESUME :
ETUDE GENETIQUE DE LA CHIMIOSENSIBILITE
D'UN MELANOME MALIN METASTATIQUE
GREFFE SUR SOURIS ATHYMIQUES.

Pour évaluer les retentissements génétiques de l'association fotémustine (Muphoran) - dacarbazine (Déticène) utilisée en clinique, la récurrence ganglionnaire, d'un mélanome achromique a été transplantée, par voie sous cutanée, sur des souris athymiques âgées de six semaines. Le premier objectif de cette étude a été la recherche de doses uniques ou fractionnées tolérées par l'animal par voie intra-péritonéale. Dans un second temps, la chimiosensibilité de l'association (fotémustine 20 mg/kg x 2; 6 et 10 jours après la greffe - dacarbazine 20 mg/kg x 4; 14, 15, 16 et 17 jours après la greffe) a été étudiée. Au sacrifice des animaux (25 jours après la greffe) une inhibition tumorale significative (témoins poids moyen tumoral : 13,07 ± 1 g - association 8 ± 1 g - 0,001 < P < 0,01) voisine de celle obtenue avec la fotémustine seule (8,41 ± 1 g - 0,001 < P < 0,01). Ce modèle expérimental semble donc peu répondre à la dacarbazine. L'analyse cytogénétique du mélanome non traité (nombre modal : 61 chromosomes, anomalies du 1, 4, du 6 dont t(2;6), t(13;14), del(17)p + marqueurs) du mélanome traité à la fotémustine seule (nombre modal : 59 chromosomes - apparition de double-minutes - tendance à la polyploïdisation) et du mélanome traité par l'association (nombre modal : 59 chromosomes - quelques double-minutes - perte de l'i(8)q mais apparition de plusieurs der(12)) montre une apparente stabilité. Les expériences de biologie moléculaire effectuées sur les différents prélèvements ont montré que la fotémustine, utilisée seule (doses uniques et surtout fractionnées), pourrait favoriser, d'une façon transitoire l'amplification et/ou la surexpression du gène de chimiorésistance pléiotropique MDR1 alors que le gène de la glutathion-S- transférase π ne semble pas impliqué et le gène de la topoisomérase II absent ce qui laisse supposer que des traitements comportant le VP16 seraient un échec.

Les résultats rapportés dans ce travail confirme l'intérêt des greffes sur souris athymiques. Celles-ci donnent, en effet, la possibilité de mener à bien des études complémentaires, multiples, indispensables à la compréhension des modifications génétiques liées à la chimiothérapie.

Mots clefs : mélanome malin; souris athymiques; chimiothérapies; cytogénétique; chimiorésistance.