



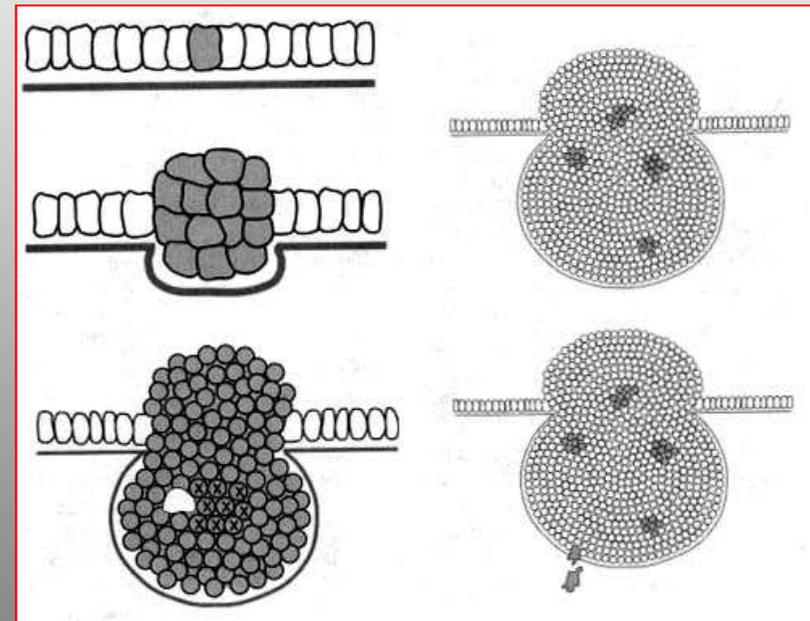
NEOPLASIE

- Le neoplasie consistono nella proliferazione di una o più cellule che sfuggono ai normali controlli.
- Processo (fisiologico nelle cellule senescenti) attraverso il quale le cellule deviano dal normale programma di divisione cellulare e differenziazione con perdita del controllo dei segnali cellulari



GENESI DELLE NEOPLASIE

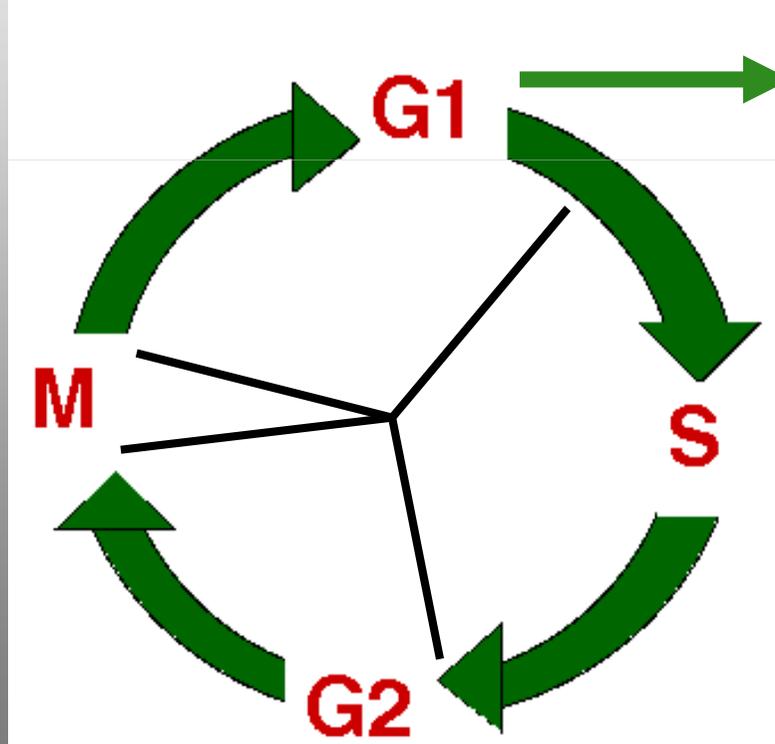
- **Oncogenesi** = processo tramite il quale inizia il tumore
- **Tumori benigni** = la cellula tumorale permane all'interno della massa e non invade i tessuti circostanti (mantenimento delle proprietà di adesione cellulare)
- **Tumori maligni** = le cellule tumorali invadono e colonizzano i tessuti circostanti
- **Metastasi** = diffusione delle cellule tumorali in altri organi o tessuti diversi da quello di origine (per contiguità, per via linfatica, per via ematica, per via liquorale)



Il ciclo cellulare

Gap 1; attività metabolica e crescita cellulare

Mitosi

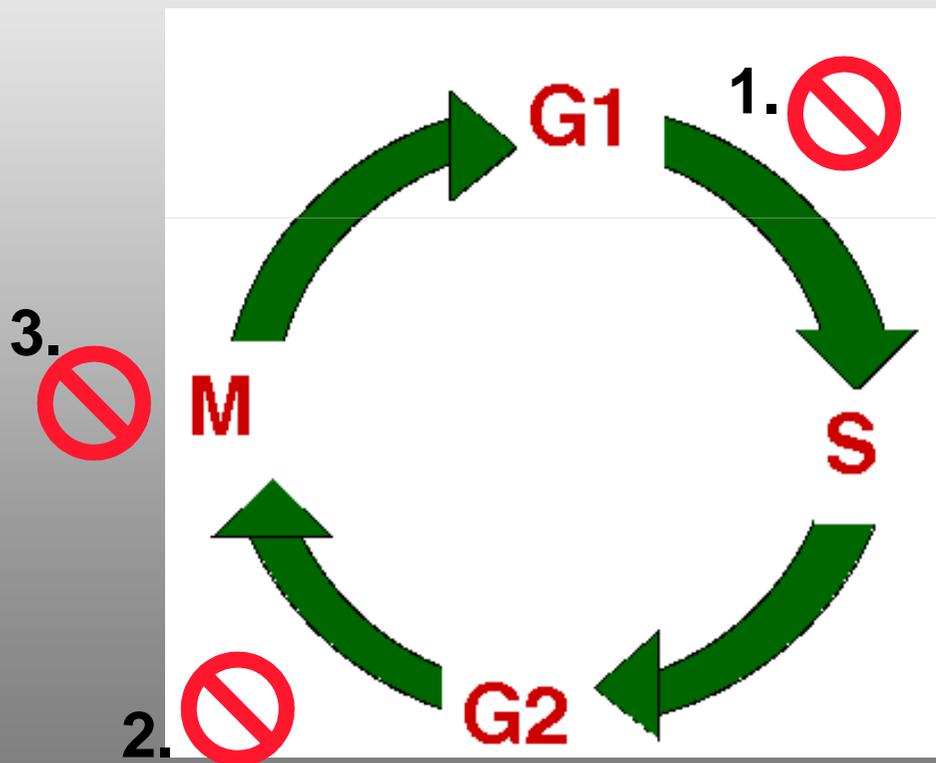


G0 (fase di riposo)

replicazione del
DNA

Gap 2; attività metabolica e crescita cellulare

I tre checkpoints del ciclo



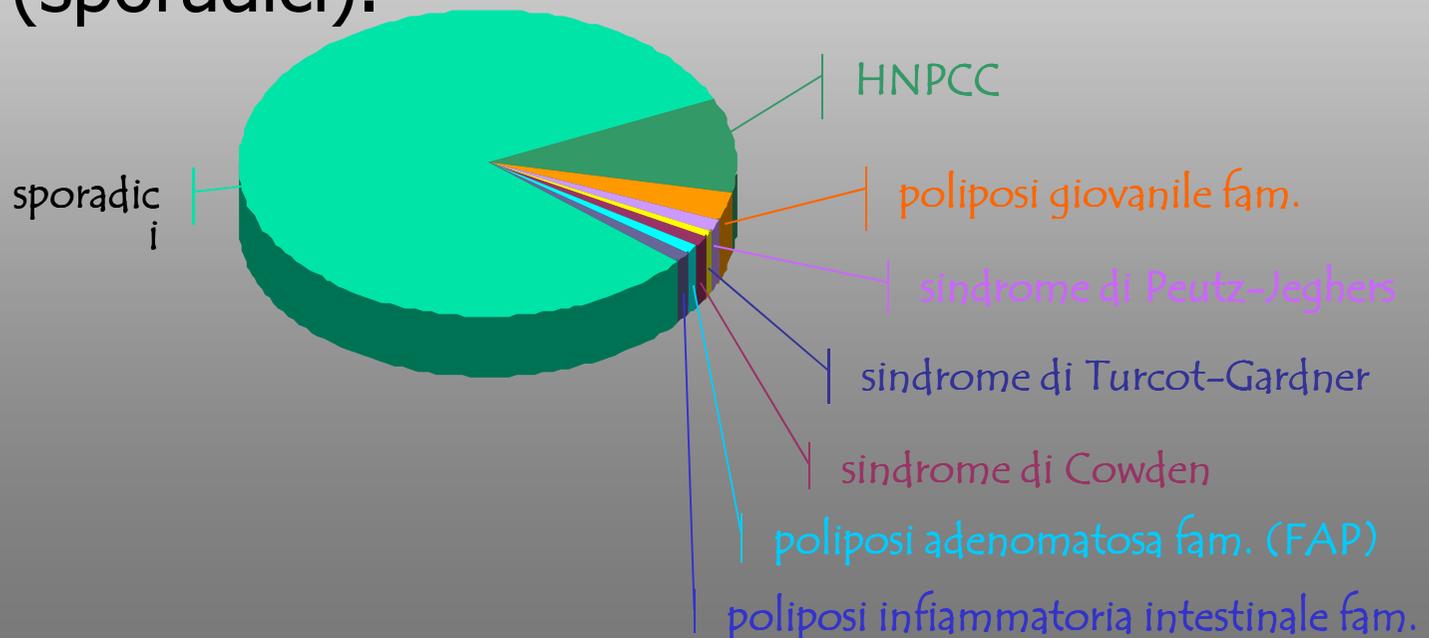
1. G1/S
Forma cellulare corretta
DNA danneggiato
2. G2/M
Replicazione DNA completa
Danni DNA riparati
3. M
Formazione dei fusi mitotici

GENESI DELLE NEOPLASIE



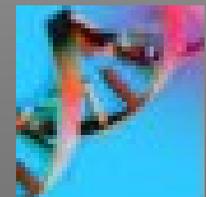
■ TUTTI I TUMORI HANNO UNA ORIGINE GENETICA. INFATTI INSORGONO PER MODIFICAZIONI NEL PATRIMONIO GENETICO E, IN PARTICOLARE, PER MUTAZIONI A CARICO DEI GENI CHE REGOLANO LA PROLIFERAZIONE CELLULARE

- -Mutazioni germinali: tumori ereditari
- -Mutazioni somatiche: tumori confinati al singolo individuo (sporadici).

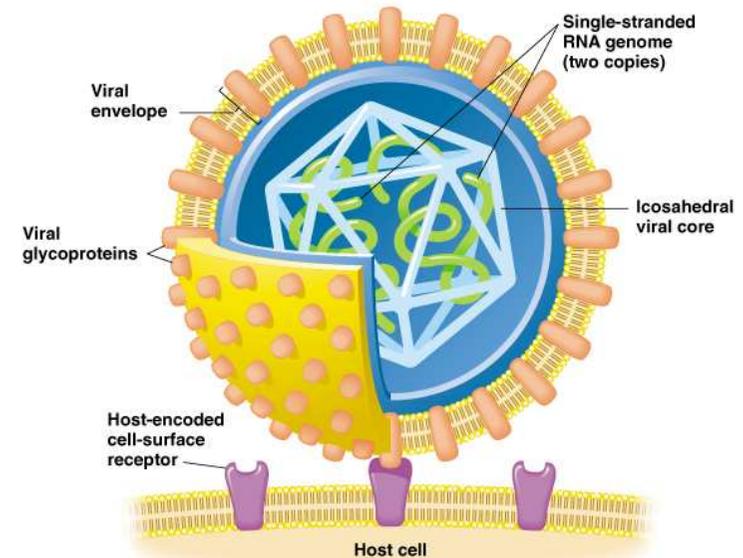


FATTORI GENETICI COME CAUSA DI NEOPLASIE

- ONCOGENI geni la cui azione promuove positivamente la proliferazione cellulare. Un singolo allele mutante può influenzare il fenotipo dell'intera cellula (mutazioni dominanti);
- ONCOSOPPRESSORI i prodotti di tali geni inibiscono la proliferazione cellulare. Per cambiare il comportamento di una cellula devono essere inattivati entrambi gli alleli (mutazioni recessive).
- GENI MUTATORI (REPAIR) responsabili del mantenimento dell'integrità del genoma durante la replicazione cellulare. La perdita di funzione di entrambi gli alleli espone la cellula a commettere errori (mutazioni recessive);
- RIARRANGIAMENTI CROMOSOMICI
- "RISK INCREASERS"
geni di suscettibilità rispondenti al modello poligenico
- FATTORI EPIGENETICI



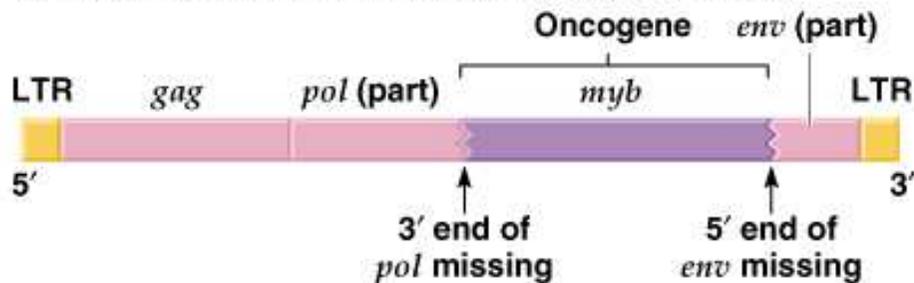
■ ONCOGENI



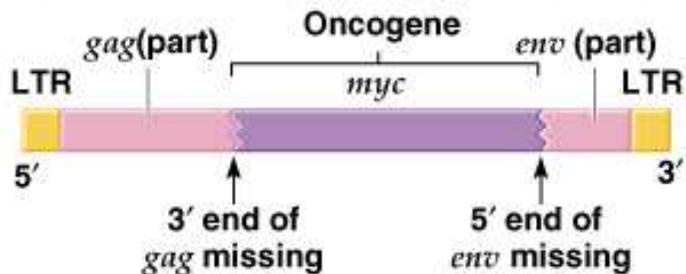
- I virus possono causare cancro
- I geni virali cancro-correlati sono oncogeni
- Sono coinvolti nella regolazione della divisione cellulare tramite la attivazione del sistema tirosina-kinasi
- Noti circa 20 (patogenetici nell'uomo)
- Oggetti di mutazioni (gain of function)

■ Struttura di alcuni oncogeni virali

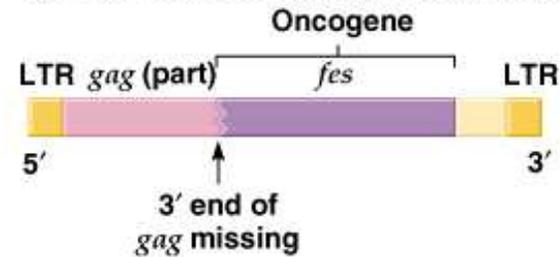
a) Avian myeloblastosis virus (AMV) genomic RNA



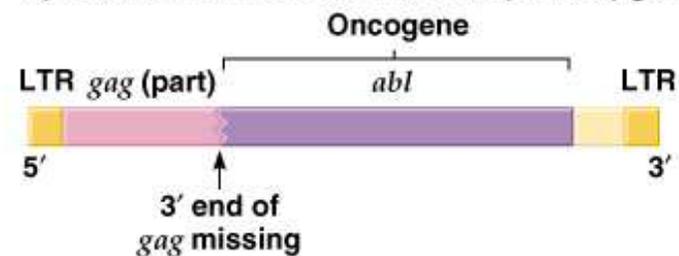
b) Avian defective leukemia virus (DLV) genomic RNA



c) Feline sarcoma virus (FeSV) genomic RNA



d) Abelson murine leukemia virus (AbMLV) genomic RNA



■ **ONCOGENI** mutati in patologie umane

Oncogene	Tumour	Cause	Gene Product
ERBB	Breast	Amplification	Growth Factor Rc
RAF	Stomach	Rearrangement	Cytoplasmic Ser/Thr Kinase
RAS	Various	Point Mutation	GDP/GTP Binding
MYC	Lymphoma	Amp/Transloc	Transcription Factor
BCL2	Lymphoma	Translocation	Anti-apoptotic
HST	Stomach	Rearrangement	Growth Factor
RET	Thyroid	Rearrangement	Growth Factor Rc

- Focus on RAS
 - HARAS: Bladder cancer
 - KIRAS: Lung and colon cancer
 - NRAS: Leukaemias

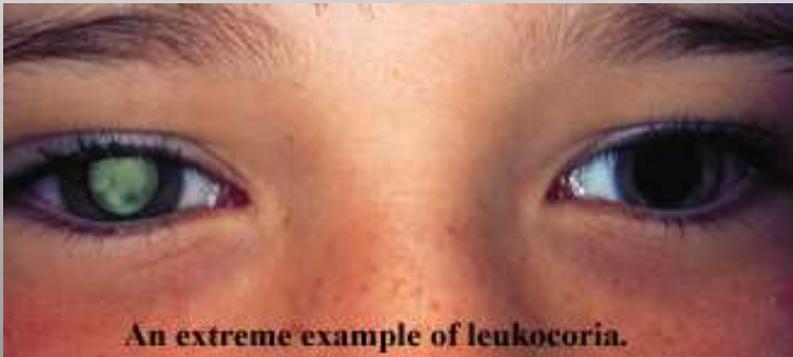
■ ONCOSOPPRESSORI

Hanno come ruolo naturale quello di
“cellular brake”

- Inducono carcinogenesi se mutazioni causano la loro inattivazione (loss of function)

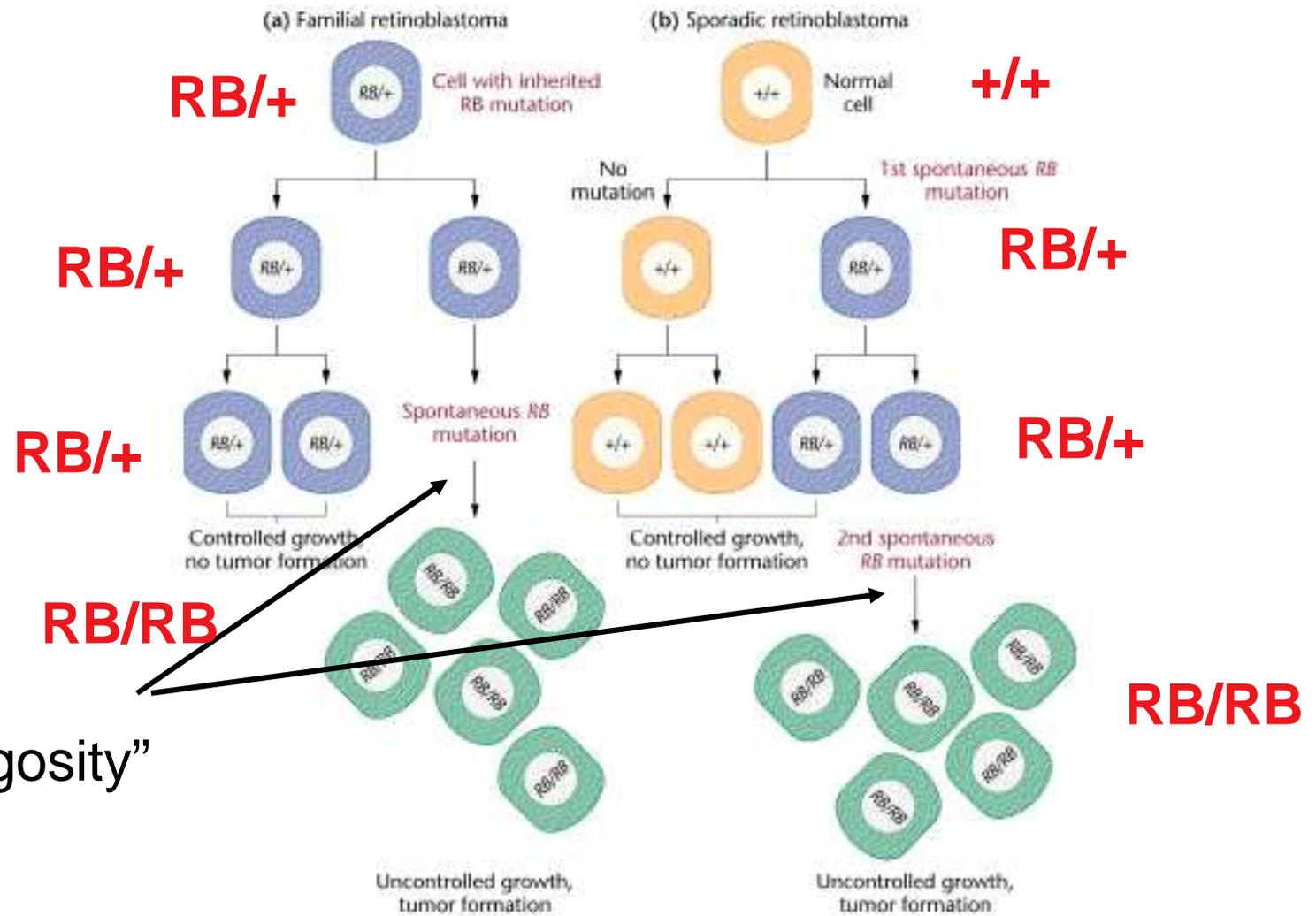
Suppressor	Tumour	Gene Product
RB1	Retinoblastoma	Cell cycle regulator
P53	Sarcoma/ breast cancer	Transcription factor
APC	Colorectal cancer	Regulation of β -catenin microtubule binding
MSH2	Colorectal cancer	DNA mismatch repair
NF1	Neurofibromas	RAS regulation
PTCH	Basal skin cell cancer	Hedgehog R _c
BRCA1	Breast cancer	DNA repair

L' oncosoppressore pRB: Retinoblastoma



- Diagnosi di “occhio di gatto” per la presenza del tipico riflesso (leukocoria) della retina.
- E' il più comune tumore nei bambini (1/20,000)
- Sopravvivenza elevata (> 90%) con diagnosi precoce e trattamento (radioterapia).
- Rischi elevati di sviluppare altri tumori

Retinoblastoma: familiare vs sporadico



“Loss of Heterozygosity”

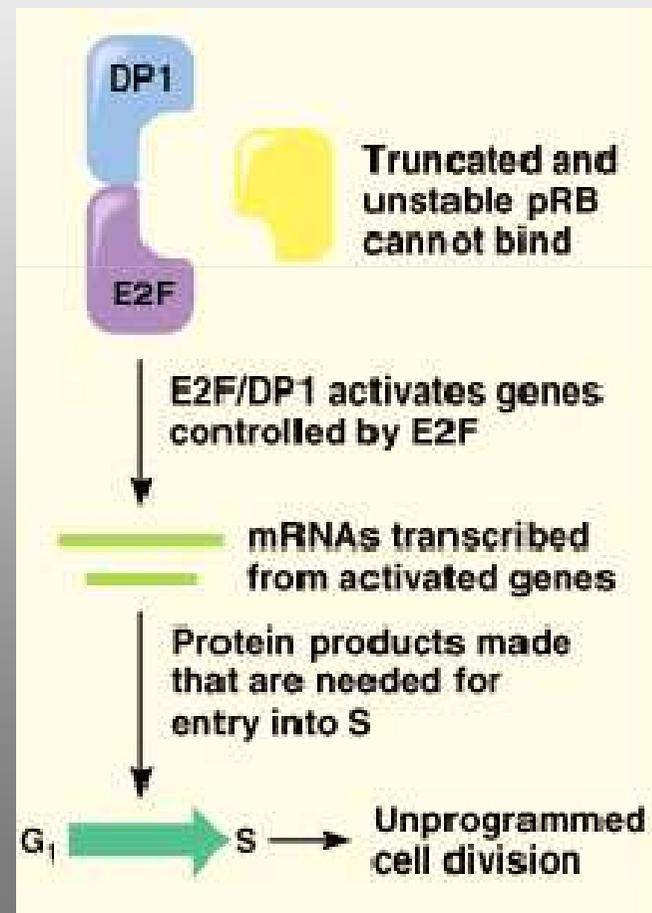
Comune

Raro

Retinoblastoma : eziologia e patogenesi

- Rb è un oncosoppressore che normalmente sopprime la crescita cellulare incontrollata
- Regola la crescita di neuroblasti nelle retina durante lo sviluppo dell'occhio
- La inattivazione di entrambe le copie di pRb rimuove il "freno " (brake) cellulare, determinando la trasformazione neoplastica
- E' un gene "housekeeping" quindi attivo in tutte le cellule
- Mappa sul cromosoma 13
- Le mutazioni a carico di pRb sono puntiformi, piccoli e grandi riarrangiamenti (delezioni)
- Nel retinoblastoma ereditario la seconda mutazione (somatica) è spesso identica a quella germinale (un possibile meccanismo alla base di questo fenomeno è la gene conversion).

Retinoblastoma e ciclo cellulare: pRb controlla la fase di transizione da G1 a G0 (G1>S)

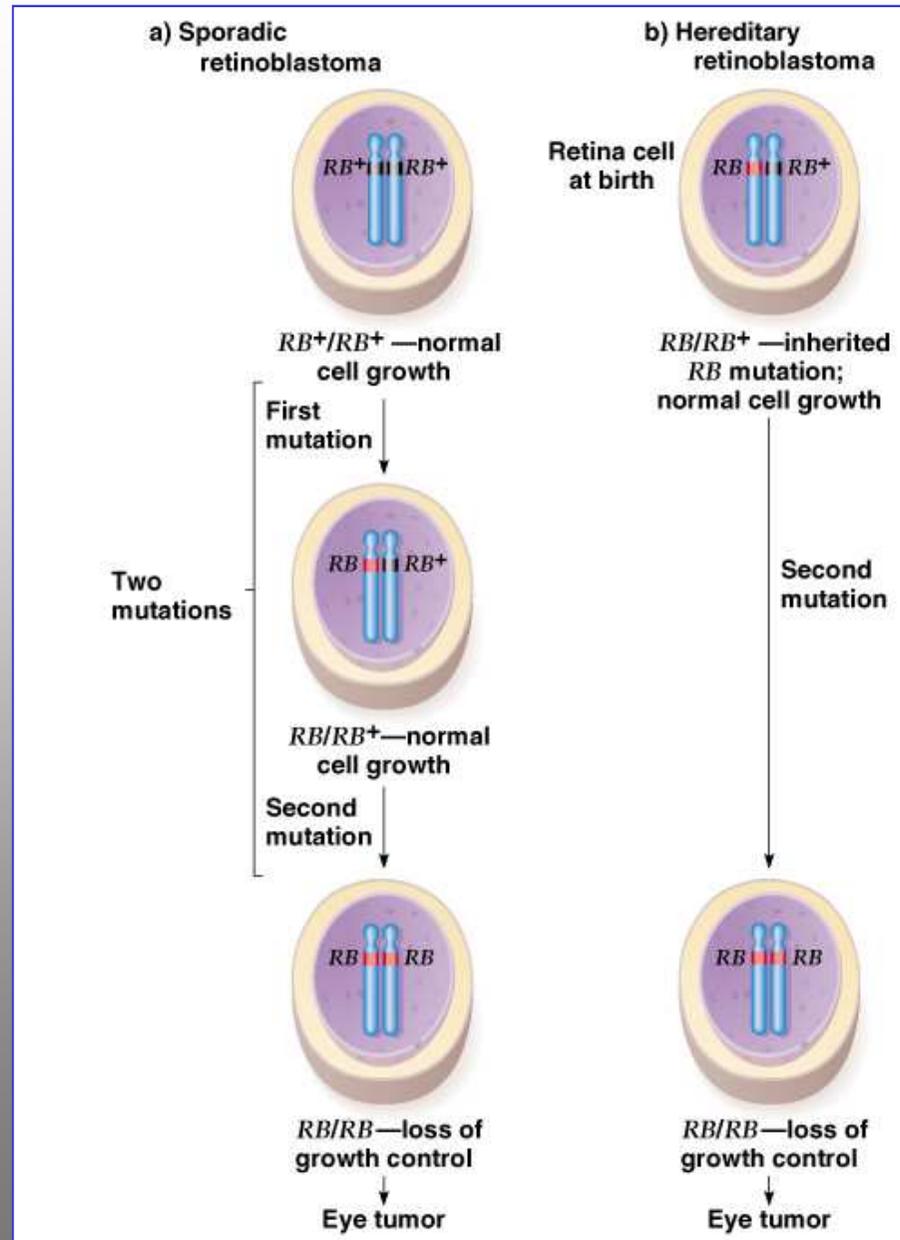


Retinoblastoma : ereditarietà

- **Il retinoblastoma mostra forme sia sporadiche (60%) che ereditarie (40%)**
- **La forma sporadica è monolaterale, sono assenti altre neoplasie associate, la storia familiare è negativa. L'esordio è più tardivo**
- **La forma ereditaria è spesso bilaterale, si associa ad altre forme neoplastiche, l'albero genealogico evidenzia un pattern di trasmissione di tipo dominante. L'esordio è precoce**

MODELLO DI KNUDSON PER LA IPOTESI TWO-HITS

- **Due mutazioni** sono necessarie per lo sviluppo del RB
- **Forma ereditarie: 1 allele normale ed 1 mutato (Rb+ / Rb-)**
- **Il genotipo deve essere omozigote recessivo, tuttavia il pattern di trasmissione è dominante (effetto del modello two hits)**

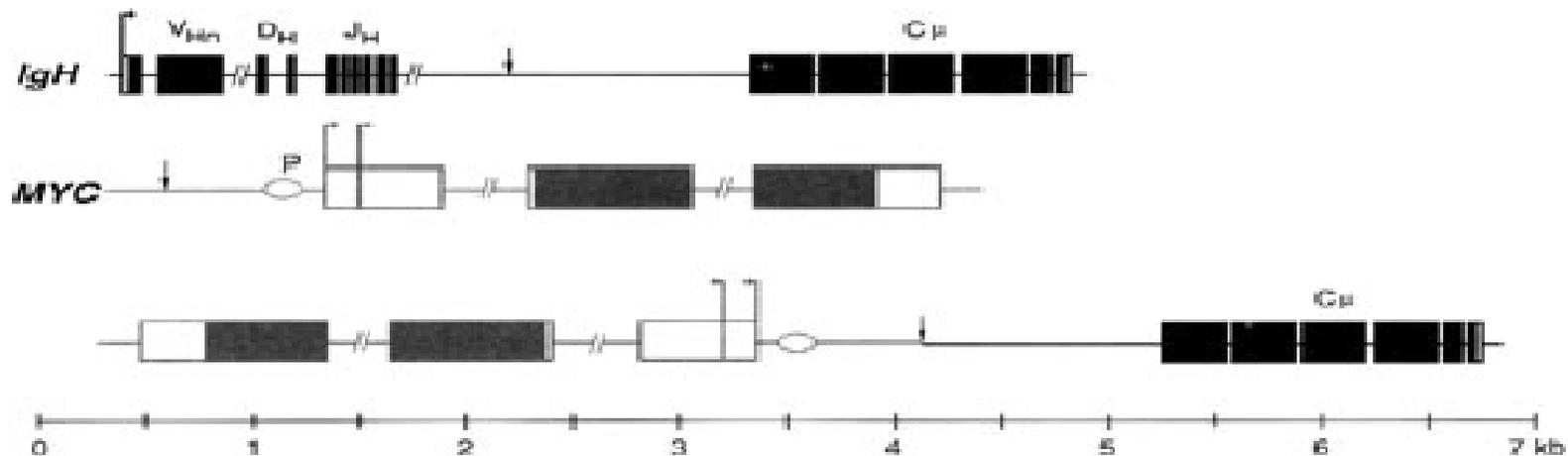


■ RIARRANGIAMENTI CROMOSOMICI

- Posizionano un oncogene vicino ad un promotore forte
- Geni di fusione con proteine chimeriche
- Attivazione di geni silenti

■ RIARRANGIAMENTI CROMOSOMICI

- Linfoma di Burkitt t (8;14) (q24;q32)
- Posizione il gene MYC vicino ai geni IgH

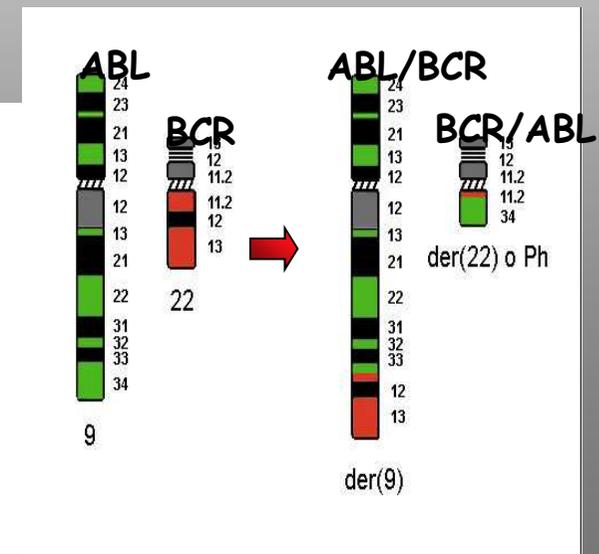
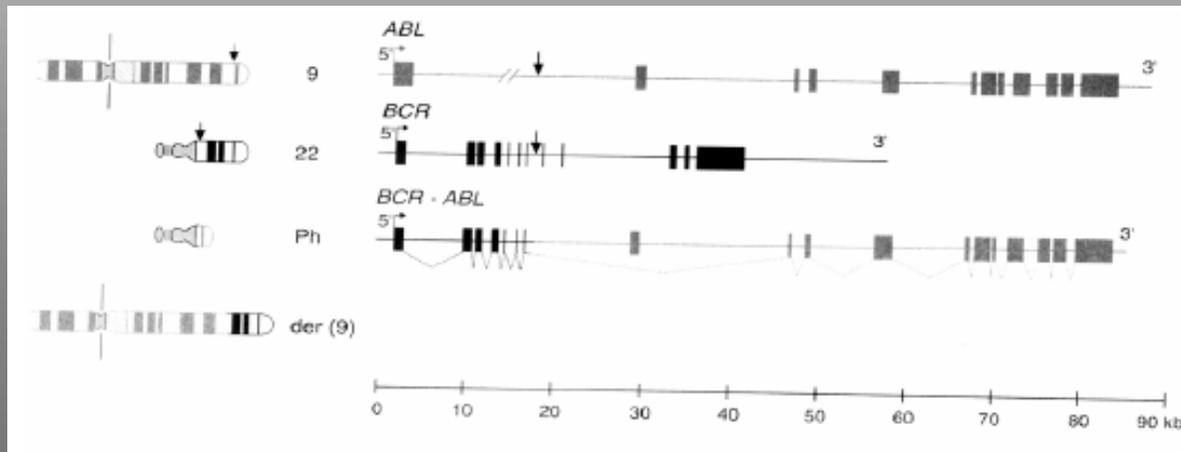
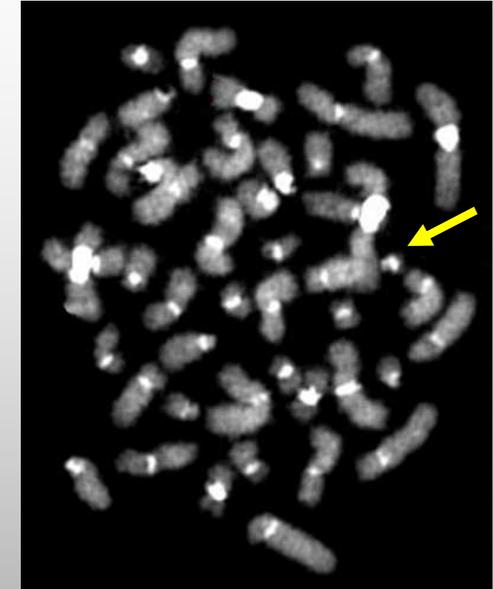


■ RIARRANGIAMENTI CROMOSOMICI

Leucemia mieloide cronica

t (9;2) (q34;q11) cromosoma Philadelphia

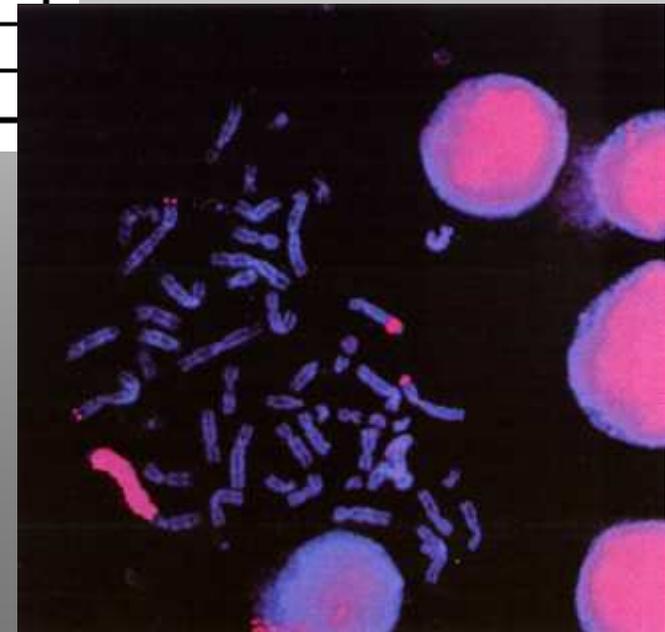
- Presente nel 90% dei casi
- Gene di fusione e proteina chimerica ABL-BCR: conseguente incremento della attività kinasica di ABL



- **ERRORI DI REPLICAZIONE**
- **AMPLIFICAZIONE GENICA**
- **OVERESPRESSIONE DI ONCOGENI**

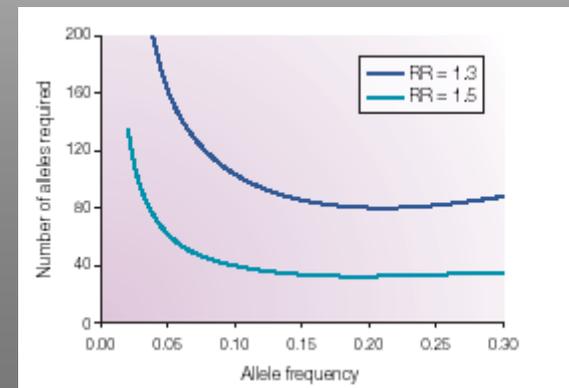
Oncogene	Tumour	Amplification
MYC	Promyelocytic leukemia	20x
MYC	Small-cell lung carcinoma	5→30x
MYCN	Neuroblastoma	>100x
MYB	Acute myeloid leukemia	10x
MYB	Colon carcinoma	10x
EGFR	Epidermal carcinoma	30x
KRAS	Lung cancer	10x

- **Homogeneously stained regions (HSR)**
 - **NMYC**



■ RISK INCREASERS

- Effetto indiretto
- Interazione fra fattori ereditari e ambiente
- Modello poligenico di suscettibilità ai tumori (major genes)
- Alterazione del bilanciamento fra DNA sintesi e apoptosi



■ CAUSE NON GENICHE

- Effetto indiretto
- Fattori epigenetici (metilazione)
 - Tumore di Wilms: perdita di imprinting con overespressione di più di 20 geni
- -Gene silencing (incrementa con l'età)

TUMORI EREDITARI



TUMOR TYPE	GENE	CHROMOSOME	PROTEIN DOMAIN	PROTEIN FUNCTION
Retinoblastoma	RB1	13q14.1	Nucleus	Transcription factor Cell Cycle regulator
Wilms Tumor	WT1	11p13	Nucleus	Transcription factor
Familial Adenomatosis Polyposis of colon-rectum	APC	5q21	Cytoplasm	Bind microtubules signal translator
Li Fraumeni syndrome	TP53	17p13	Nucleus	Transcription factor Activator of Apoptosis Cell Cycle regulator
Neurofibromatosis	NF1	17p11.2	Cytoplasm	Like GTP Proteins
Multiple Endocrine Neoplasia	RET	10q11.2	Cell Wall	Tyrosin-kinase activity Neural Crest Regulator
Hereditary non polyposis cancer	hMSH2 hMLH1 hPMS1 hPMS2	2p21-22 3p21-23 2q31-33 7p22	Nucleus	Protein Repair of DNA damage
Familial Melanoma	CDKM2H	9p21	Cytoplasm	Cell Cycle Inhibitor
Hereditary Breast Cancer	BRCA1 BRCA2	17q21 13q12-13	nucleus nucleus	Cell cycle control Transcription control DNA repair control

CANCRO MAMMARIO: GENERALITÀ



- Il **cancro mammario** rappresenta la principale causa di morte per tumore tra le donne occidentali
- È il tumore femminile più comune (1:3 diagnosticati).
- Incidenza: - 1:50 donne entro i 50 anni;
- 1:10 donne entro gli 80 anni.
- Il tumore si sviluppa per la combinazione di fattori ambientali e genetici.
- **Circa il 10% dei casi riconosce un modello autosomico mendeliano**



FATTORI DI RISCHIO



- Menarca precoce (<12 aa).
- Menopausa tardiva (>55 aa).
- Prima gravidanza a termine dopo i 30 aa e nulliparità.
- Iperplasia atipica della mammella.
- Obesità
- Alcool
- Esposizione a carcinogeni.
- **Storia familiare positiva per cancro mammario.**

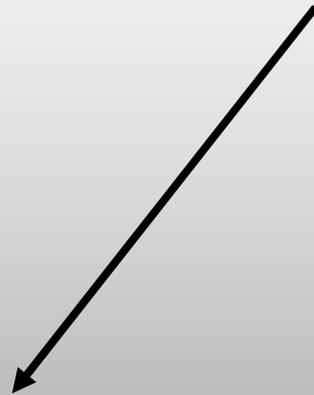
CANCRO MAMMARIO



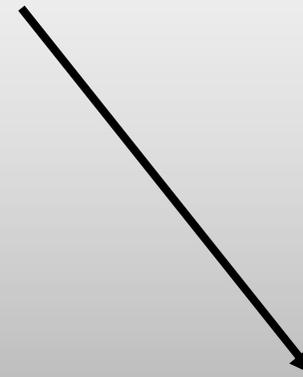
- Forma sporadica: 80-90% dei casi
- Forma ereditaria: 6-19% dei casi



CANCRO MAMMARIO



**AUTOSOMICO
RECESSIVO**

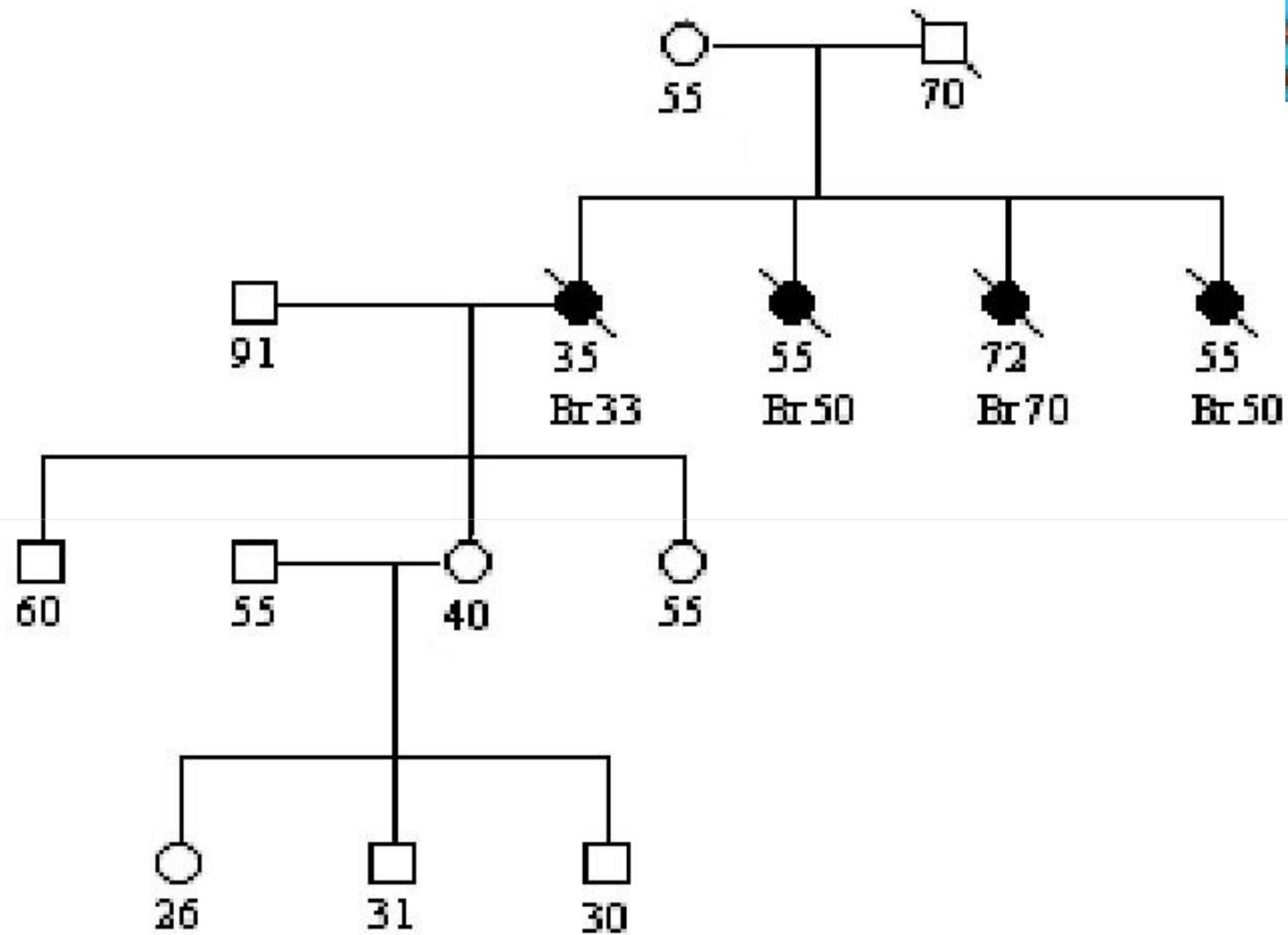


**AUTOSOMICO
DOMINANTE**

CANCRO MAMMARIO RECESSIVO



- Frequenza: 1:150 donne
- Esordio >50 anni
- Numerosi casi familiari
- Nessuna mutazione nei geni BCRA1 e BCRA2
- I geni coinvolti sono sconosciuti

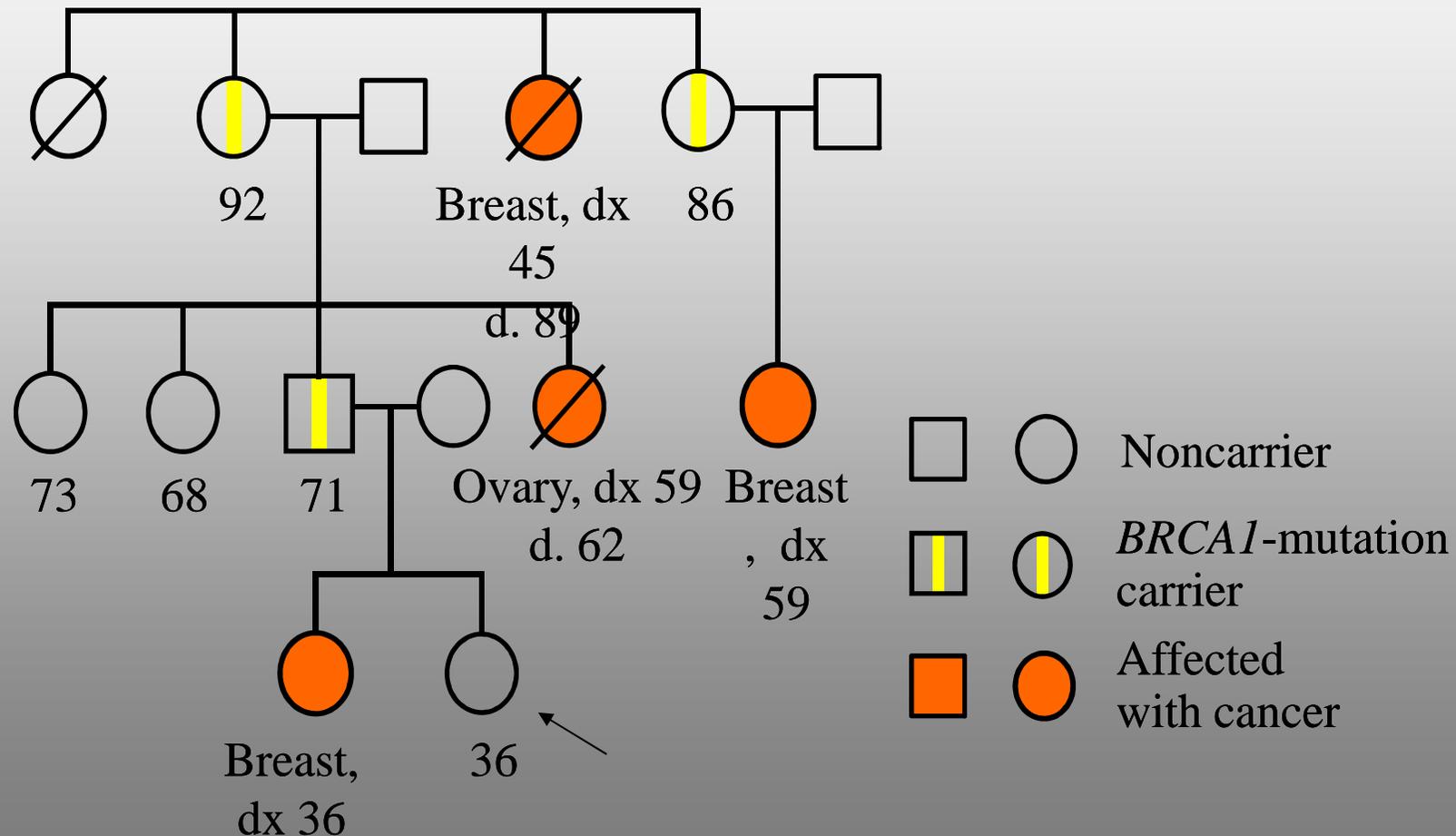


CANCRO MAMMARIO DOMINANTE



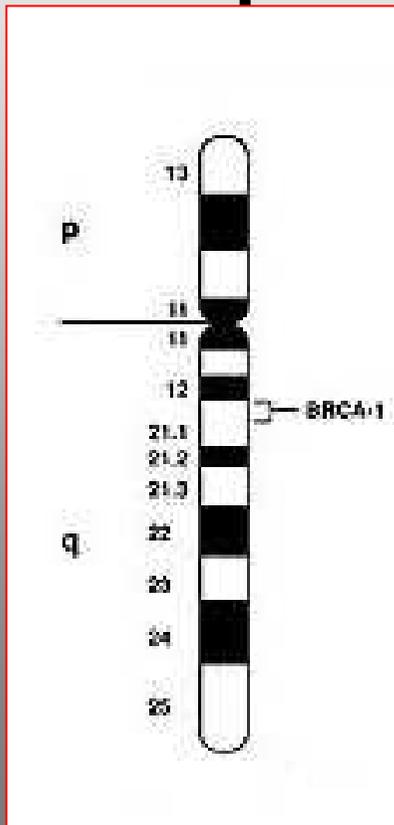
- Forma più comune.
- Frequenza: 6-19%.
- Spesso familiare
- Esordio precoce
- Tumore spesso bilaterale
- Associazione con altri tipi di neoplasie: ovariche, epatiche, pancreatiche, cancro del colon.
- **Mutazioni nei geni BRCA1 e BRCA2.**
- **Trasmissione mendeliana al 50% della prole.**
- Penetranza: 35-95%.

BRCA1-Linked Hereditary Breast and Ovarian Cancer

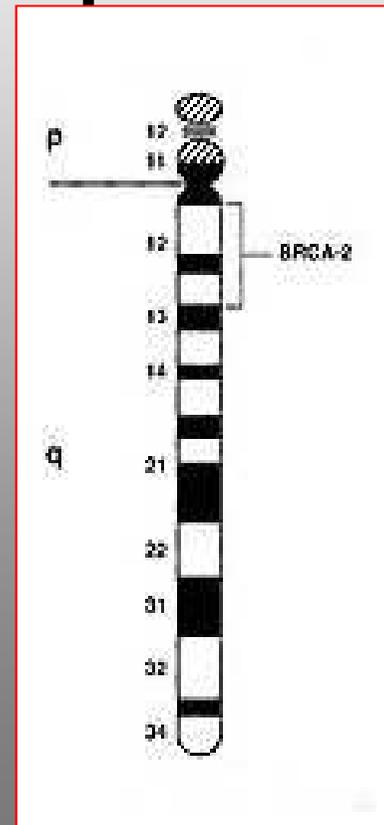


BRCA1 E BRCA2

BRCA1 : **17q12**



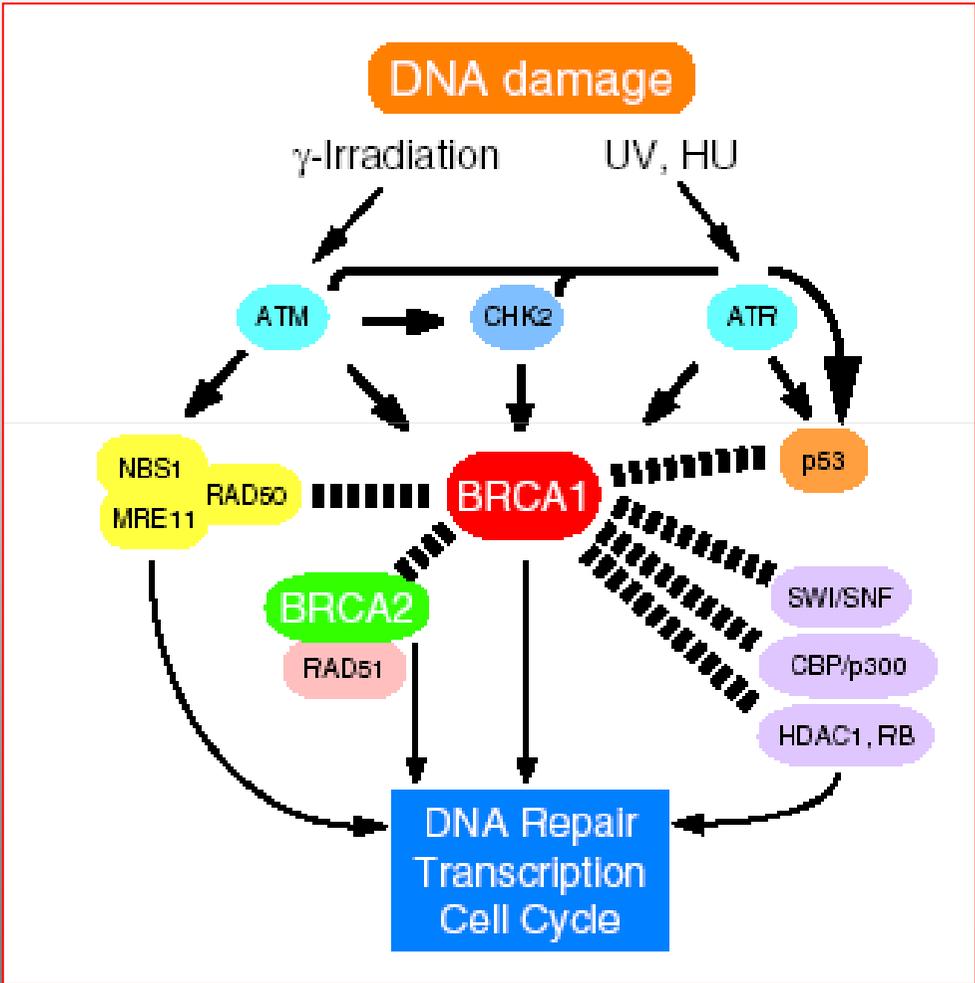
BRCA2 : **13q12**



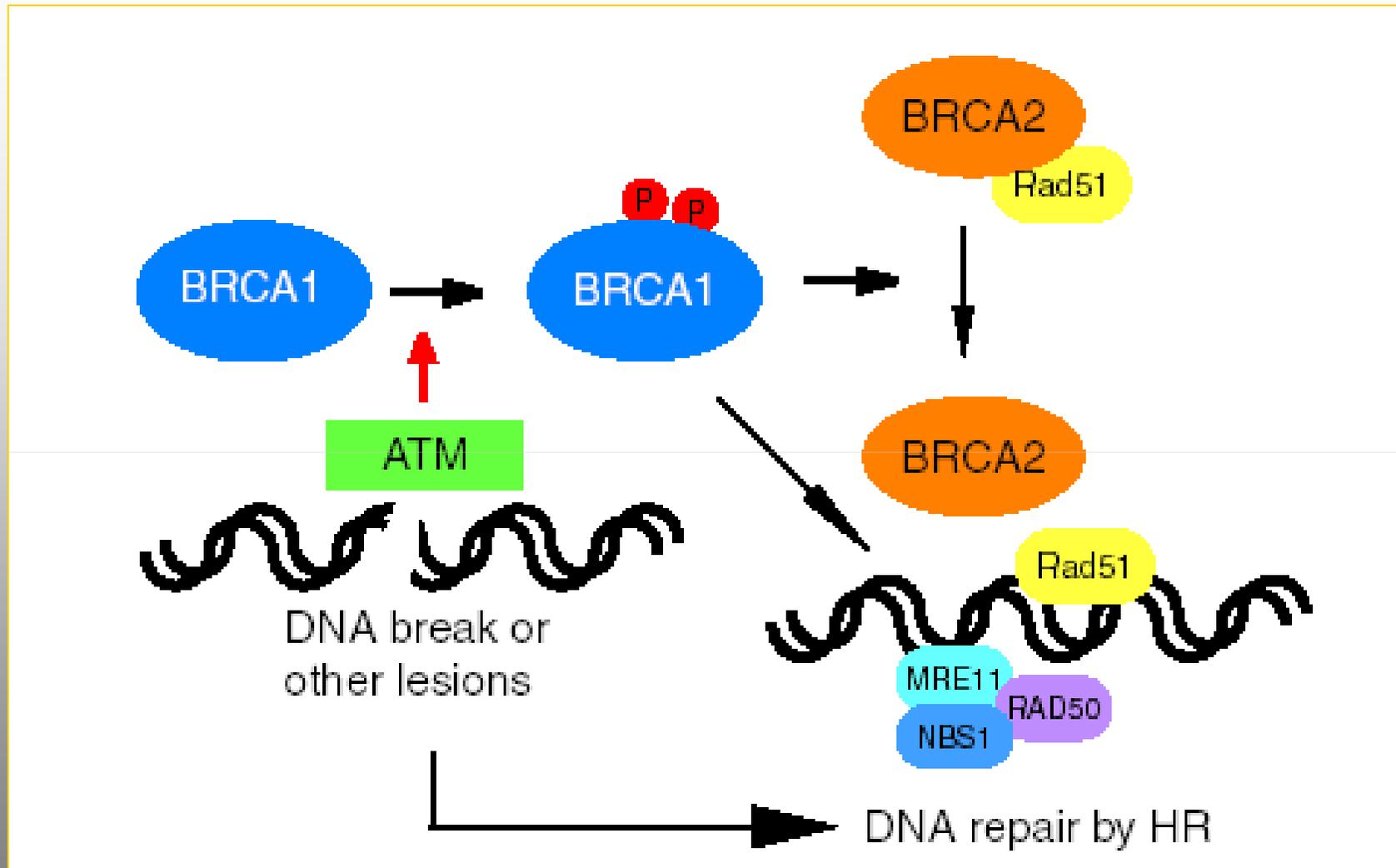
BRCA1 E BRCA2

- **Geni molto grandi**
- **BRCA1: 170 Kb (24 esoni, splicing alternativi)**
- **BRCA2: 170 Kb (27 esoni)**
- **Diagnosi molecolare complessa**
- **Mutazioni puntiformi, **delezioni****
- **Funzioni delle proteine BRCA:**
 - **riparazione** del DNA
 - regolazione del **ciclo cellulare**
 - regolazione della **trascrizione**

FUNZIONI DI BRCA1 E BRCA2

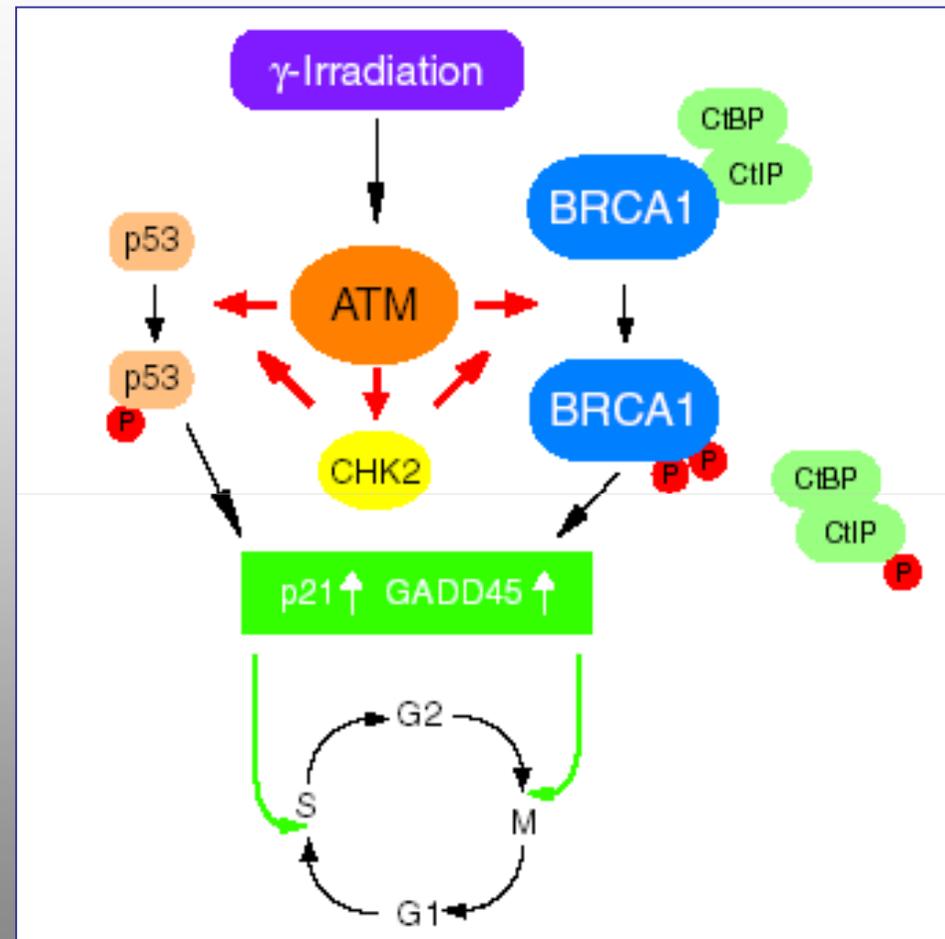
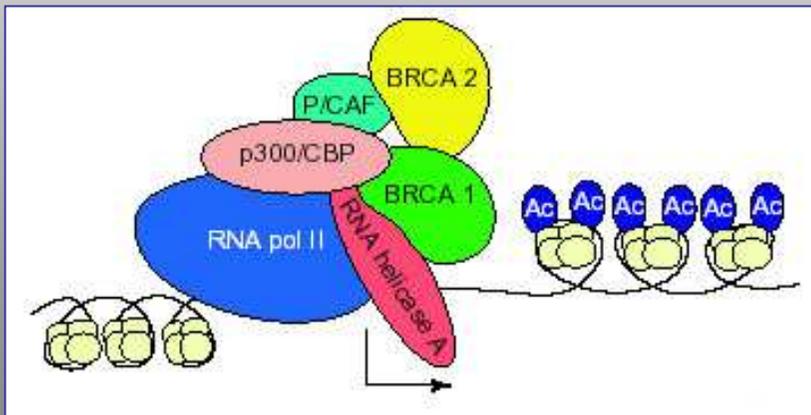


FUNZIONI DI BRCA1 E BRCA2



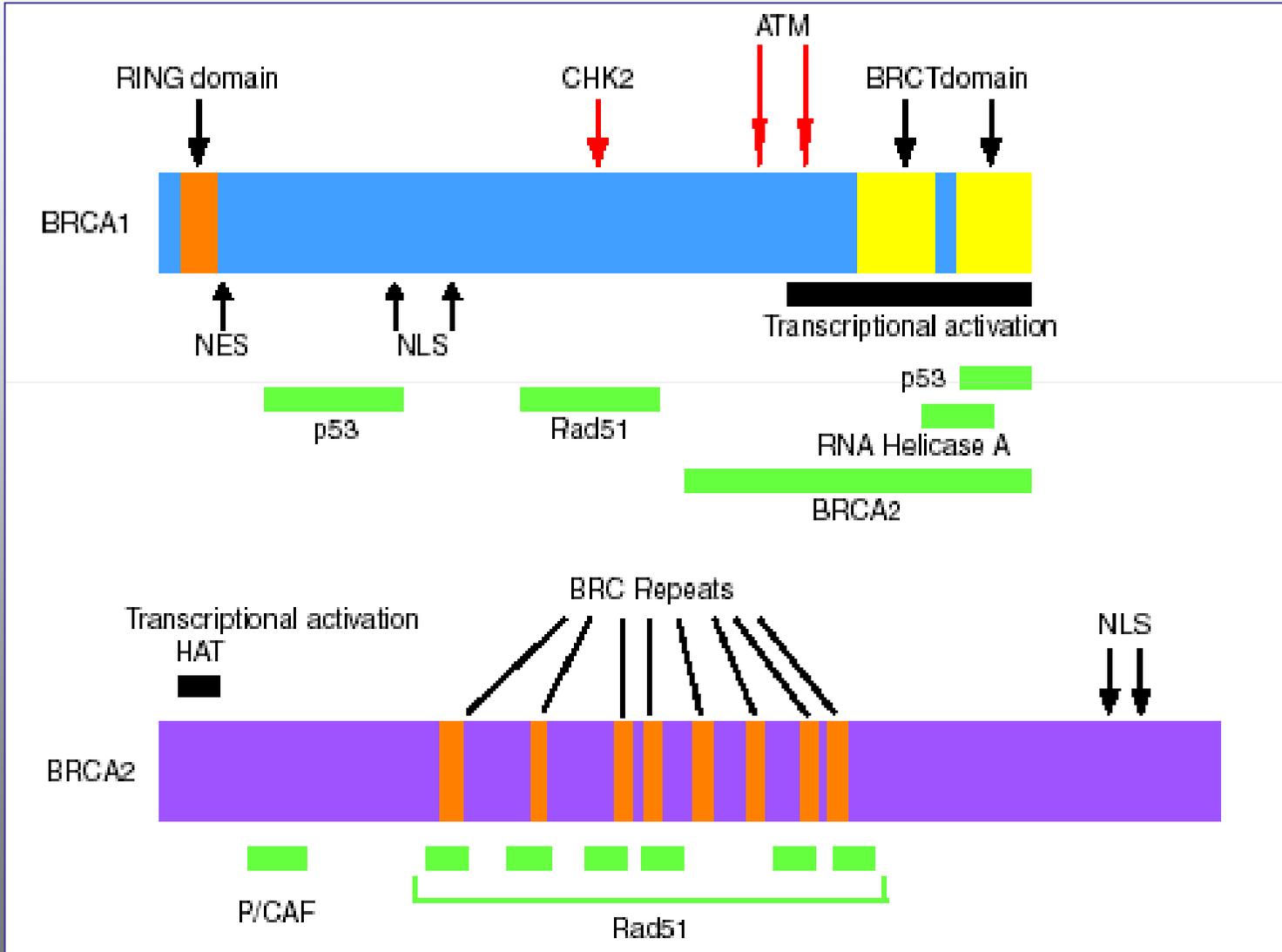
Controllo della riparazione del DNA

FUNZIONI DI BRCA1 E BRCA2

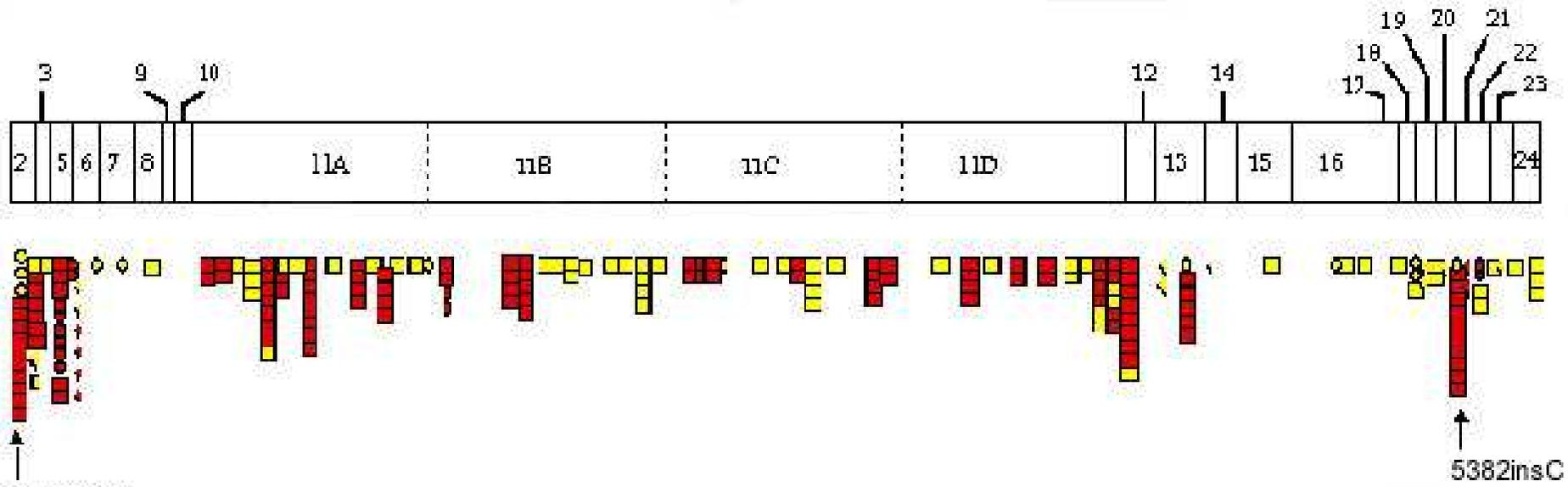
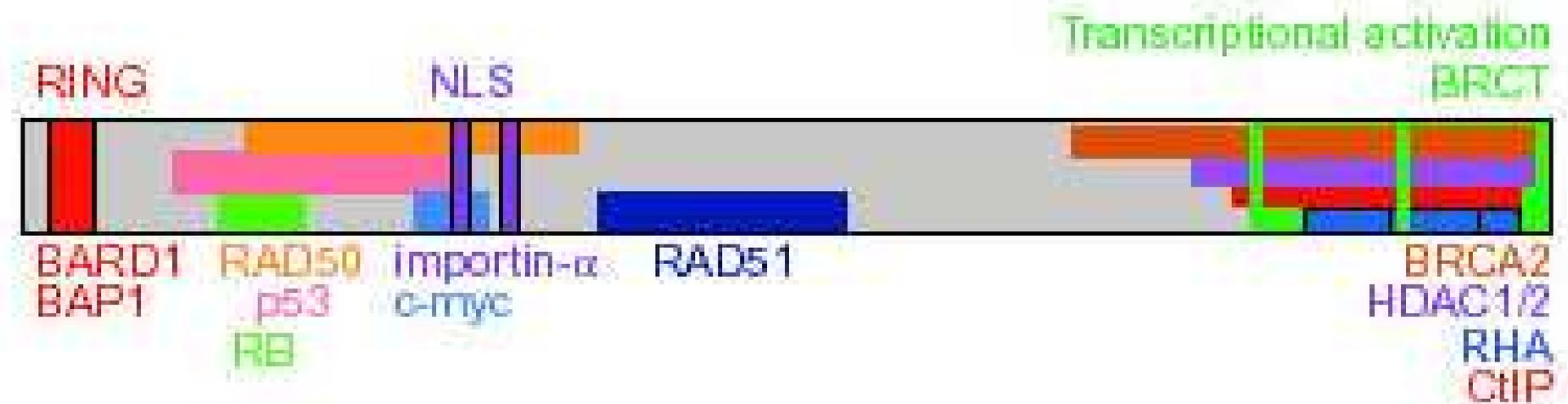


Regolazione della trascrizione e del ciclo cellulare

STRUTTURA DI BRCA1 E BRCA2



BRCA1

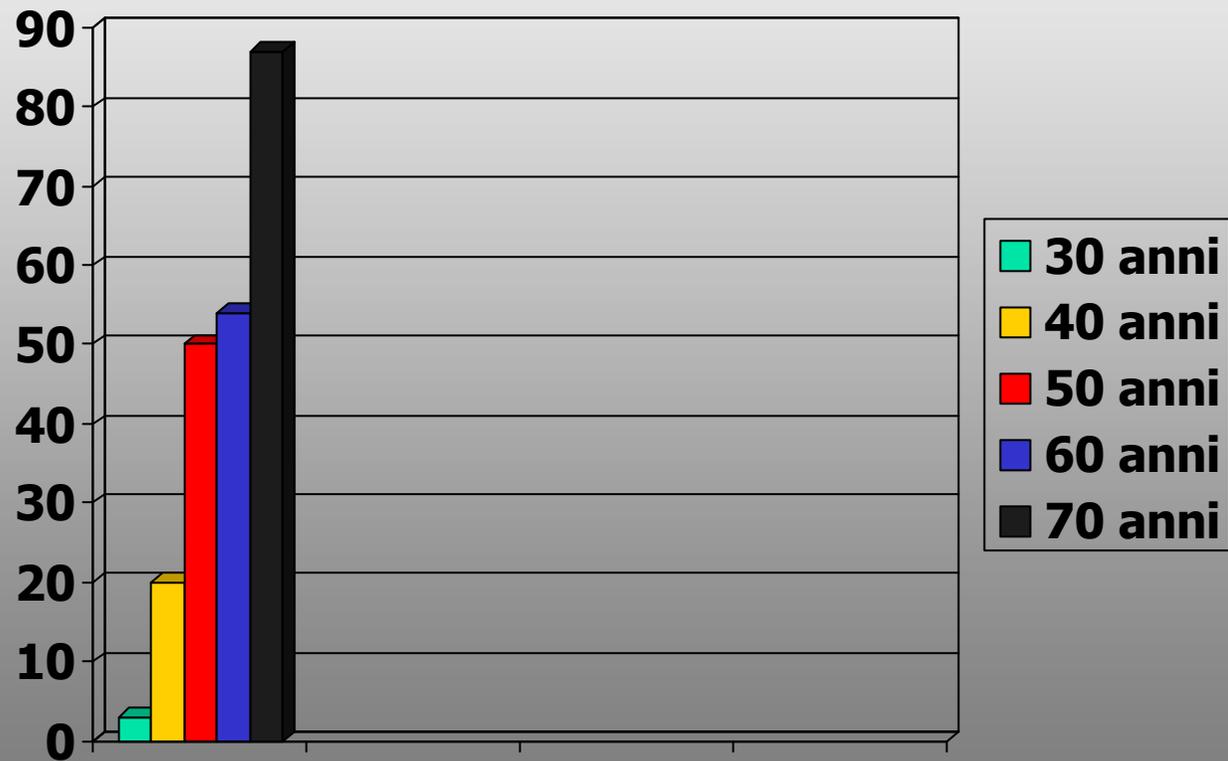


- Mutazioni ricorrenti
- Mutazioni individuali riportate solo una volta
- Mutazioni frameshift e nonsense
- Mutazioni missenso
- ⤴ Alterazioni del sito di splicing

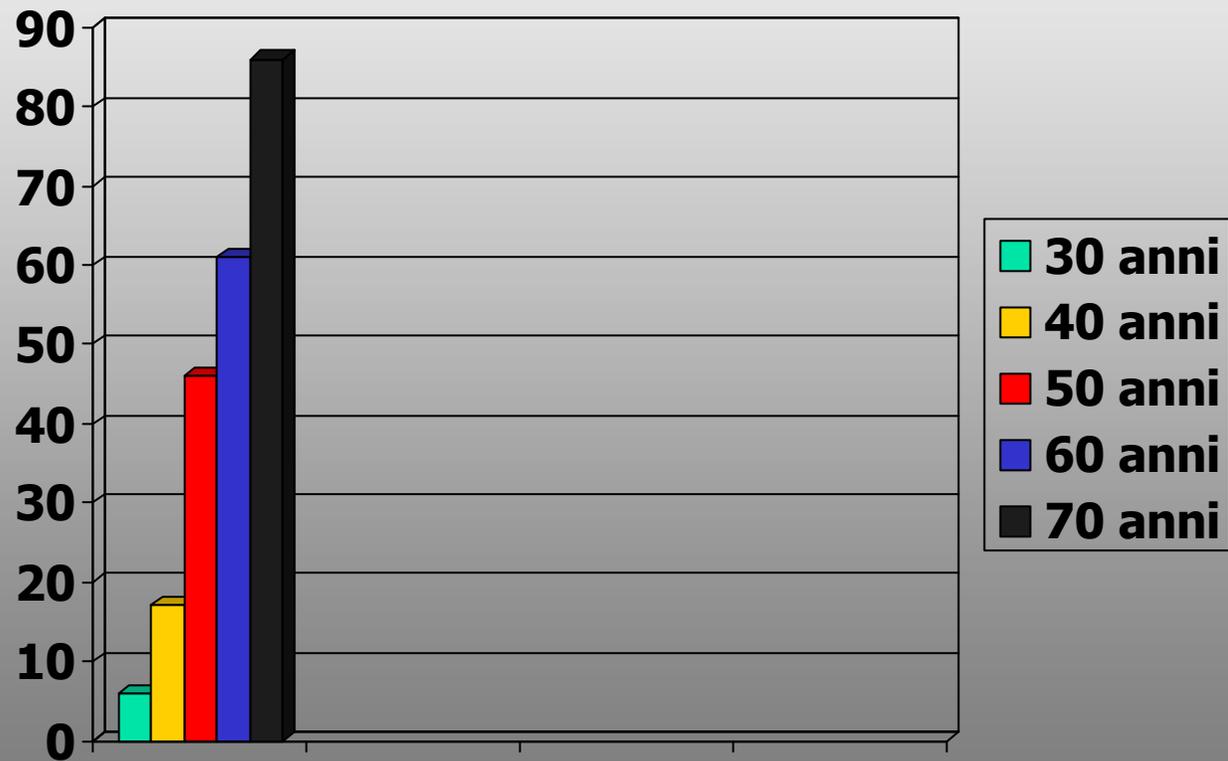
BRCA1 E BRCA2

- **BRCA1:** Cancro ovarico (40-60%)
Cancro del colon
- **BRCA2:** Cancro mammario maschile (11%)
Cancro ovarico
Cancro del colon
Cancro del pancreas
Carcinoma prostatico

RISCHIO DI CANCRO MAMMARIO IN PORTATORI DI MUTAZIONI DI BRCA1



RISCHIO DI CANCRO MAMMARIO IN PORTATORI DI MUTAZIONI DI BRCA2



CANCRO MAMMARIO: ALTRI GENI COINVOLTI

Gene	Cromosoma	%
P53	17p11	1
ATM	11q22	3-8
NF1	17q11	
ERB-B/neu	17q23	
hMSH2	2p16	

Patologie neoplastiche: problematiche diagnostiche e di consulenza

- ❖ problematiche dei test predittivi
- ❖ sensibilità dei test genetici
- ❖ rischi di ricorrenza
- ❖ linee guida

Malattie neoplastiche ereditarie: problematiche



E' impossibile individuare su base clinica le persone destinate ad ammalare, quando si trovano ancora in fase presintomatica

Le persone interessate alla consulenza non sono di solito "pazienti", ma soggetti sani, che vogliono avere informazioni sulla probabilità di sviluppare la malattia, per sé e per i propri figli →

test presintomatico!

penetranza

espressione variabile

**disponibilità di
terapie o trattamenti
preventivi**

**difficoltà
diagnostiche**

aspetti psicologici

**eterogeneità
genetica**

aspetti familiari

aspetti sociali

Neoplasie: nuove frontiere

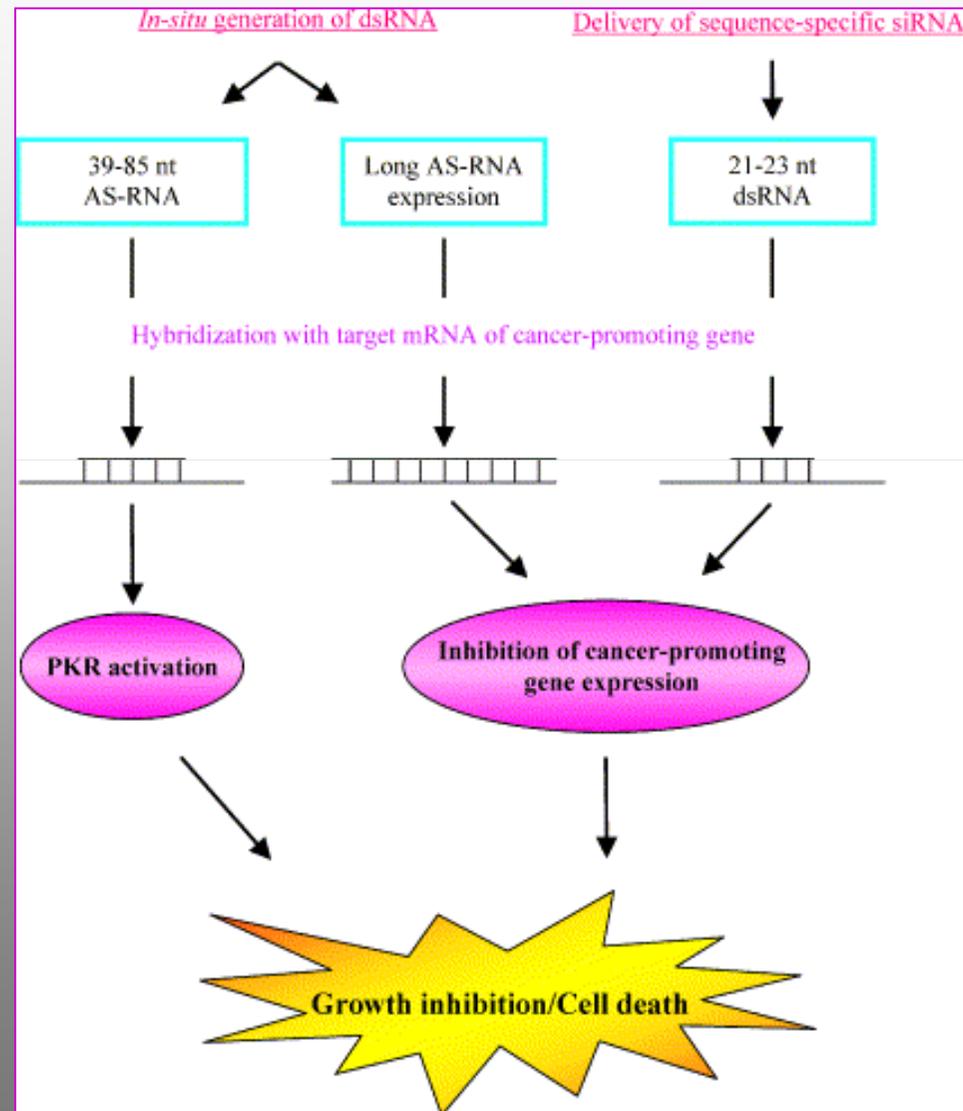
- Diagnostiche
- Prognostiche
- Terapeutiche

Terapia

- **Possibilità di modulare in vivo la espressione di geni correlati a neoplasie con oligonucleotidi antisenso**

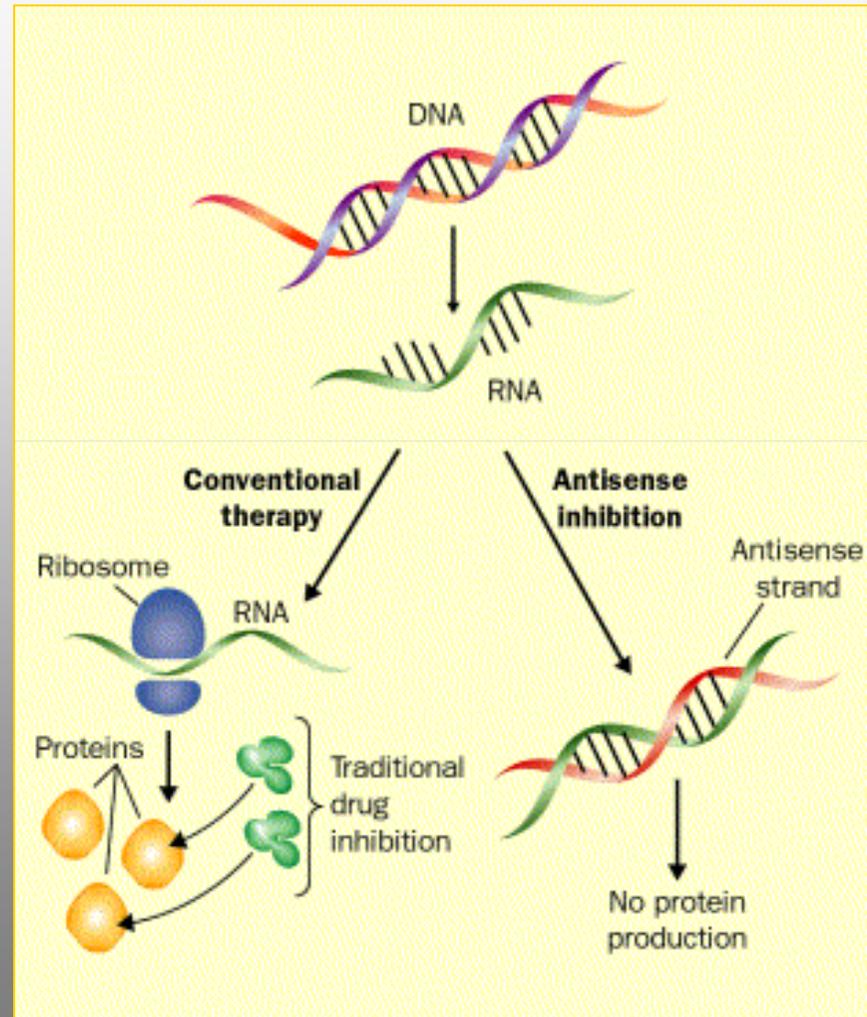
■ Cancro e antisenso

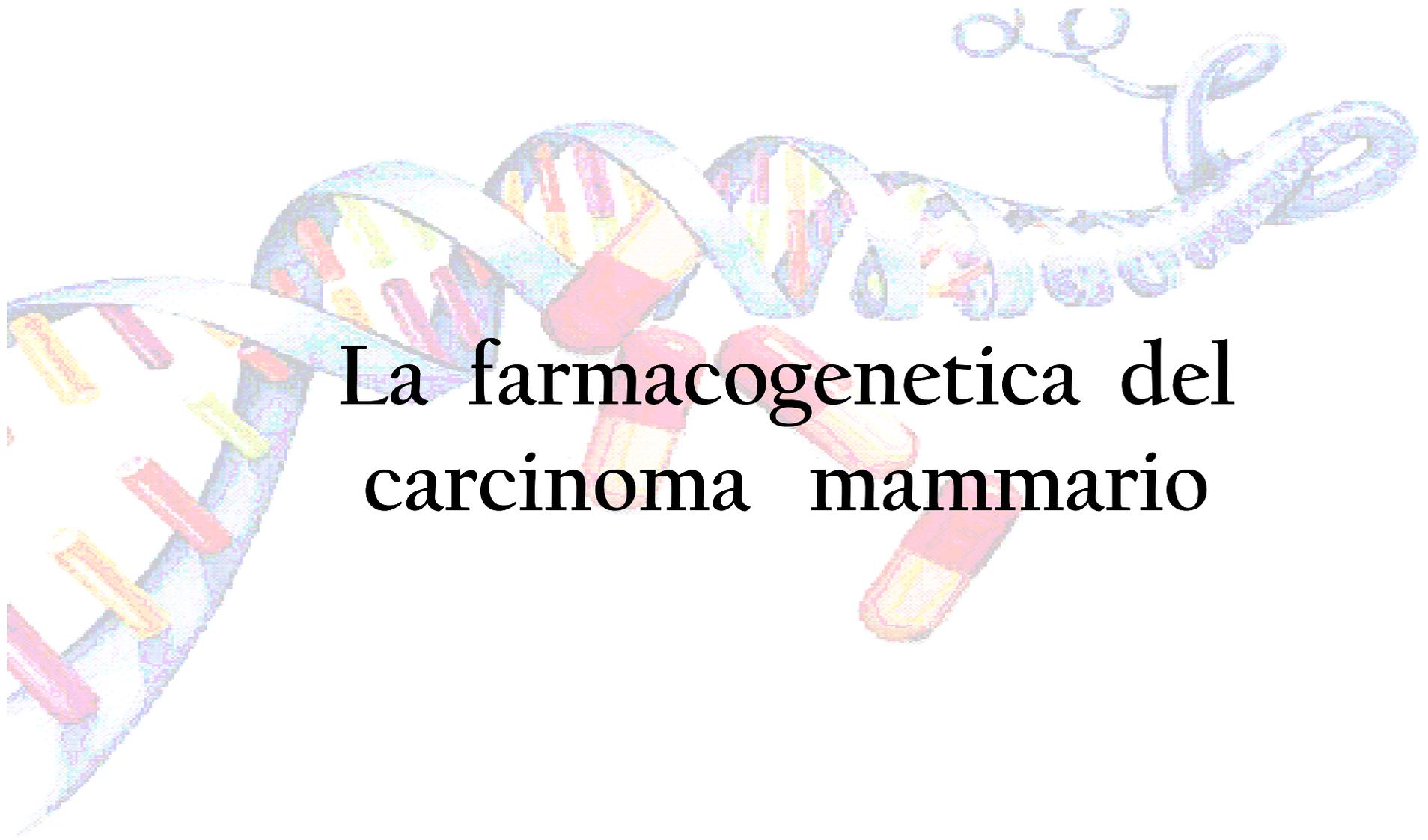
**Oligonucleotidi antisenso
disegnati ad hoc
per target a RNA
consentono di
inibire la
espressione di
un gene
anomalo (ad es.
sovraespresso)**



■ Cancro e antisenso

Approccio terapeutico innovativo e molto promettente per la terapia tumorale, utilizzato in via sperimentale ed in modo tumore-specifico in alcune forme tumorali



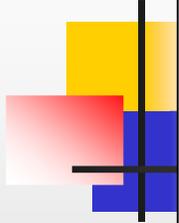


La farmacogenetica del carcinoma mammario

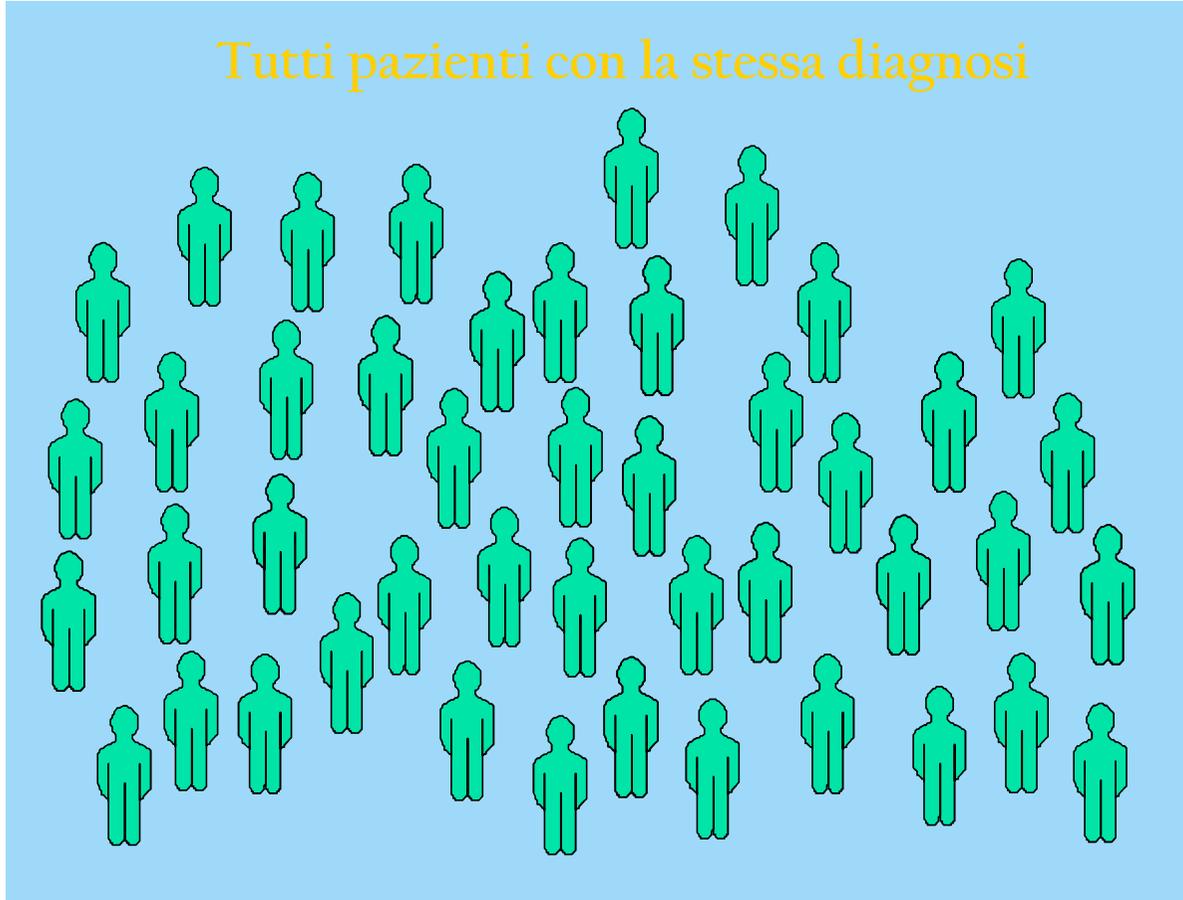
Reazione avversa ai farmaci



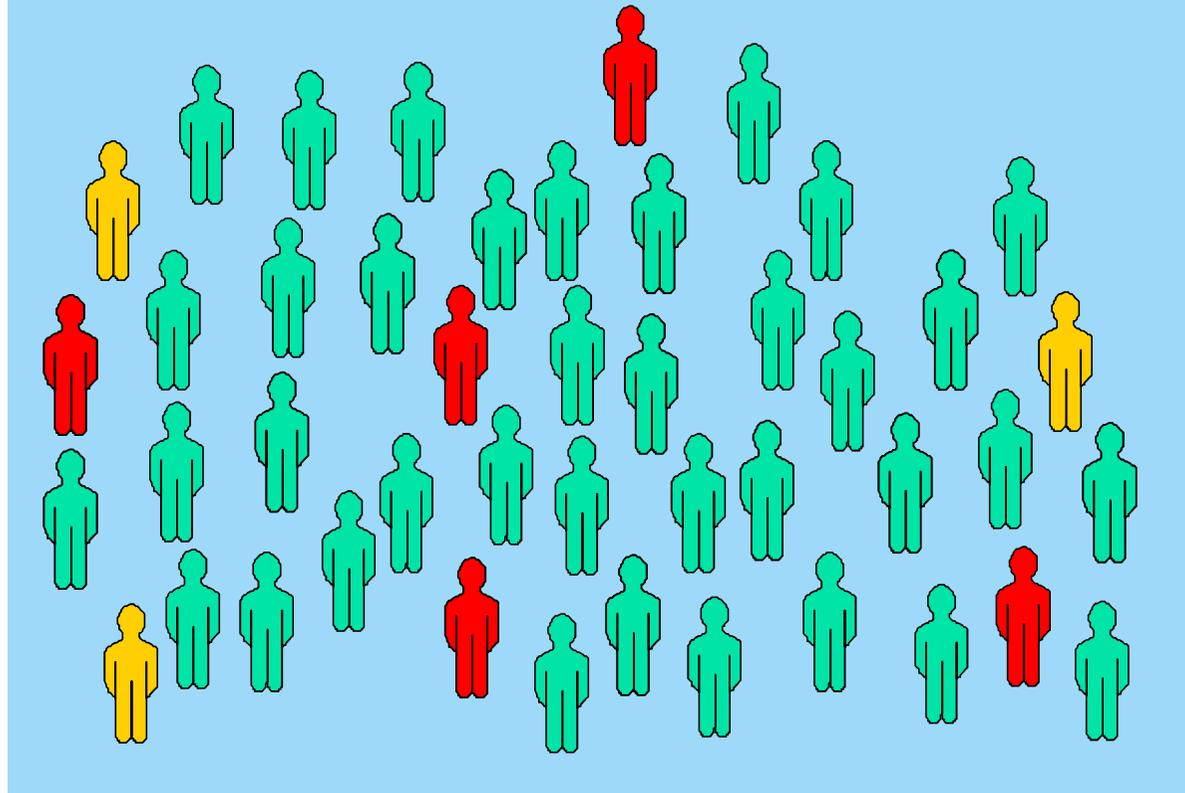
- Segnalata in 2.2 milioni di ricoveri ospedalieri
- Una delle maggiori cause di morte (100,000 morti)
- Nessun mezzo semplice per determinare chi avrà reazioni avverse
- Sistema attuale “una misura per tutti”



Tutti pazienti con la stessa diagnosi



Tutti pazienti con la stessa diagnosi



Grigio: Responder normali.

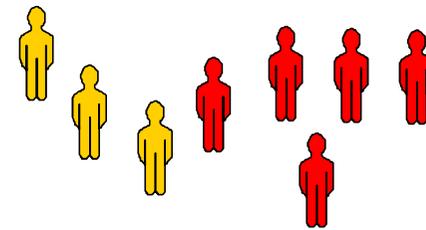
Rosso: Responder con tossicità. Blue: Non-responder.

Tutti pazienti con la stessa diagnosi



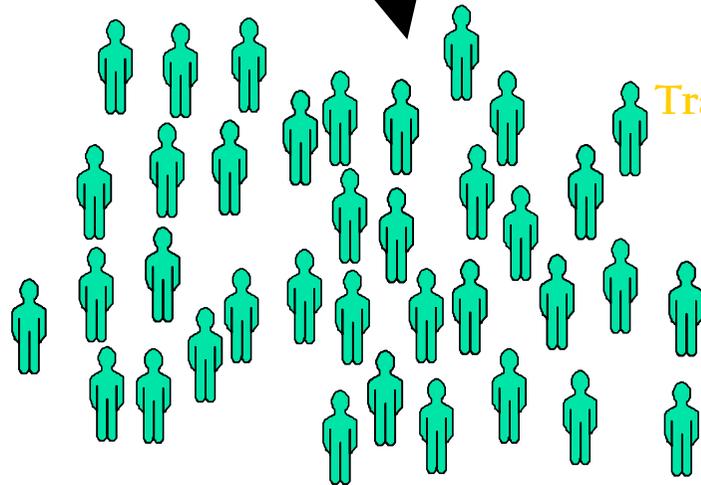
Trattati con farmaci alternativi

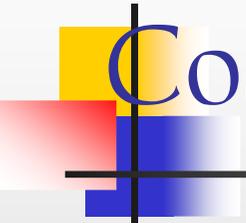
Non-responders
e responders con tossicità



Trattati con farmaci convenzionali

Responders e pazienti
non predisposti a tossicità

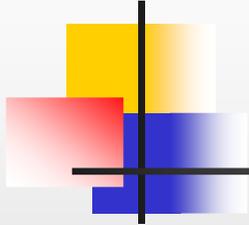




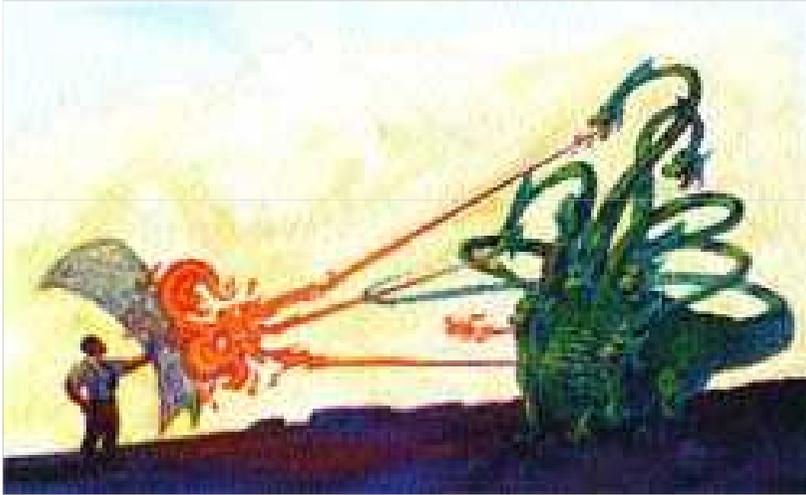
Cos'è la medicina personalizzata?

La gestione della patologia o della predisposizione, utilizzando analisi molecolari per raggiungere il miglior esito clinico per l'individuo – migliorare la qualità di vita e di salute, ridurre il costo per la sanità pubblica

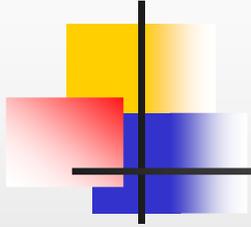
Perchè una medicina personalizzata?



- Individui diversi nella loro risposta ai farmaci
- Età, sesso, massa/peso corporeo
- Stato fisico/malattia
- Uso di altri farmaci / interazioni
- Fattori ambientali
- Genetica



Perchè abbiamo bisogno della medicina personalizzata?



- Per sviluppare nuovi farmaci
- Per migliorare la qualità di vita e di salute dell'individuo
- Per ridurre il costo a carico della sanità pubblica

Farmacogenetica

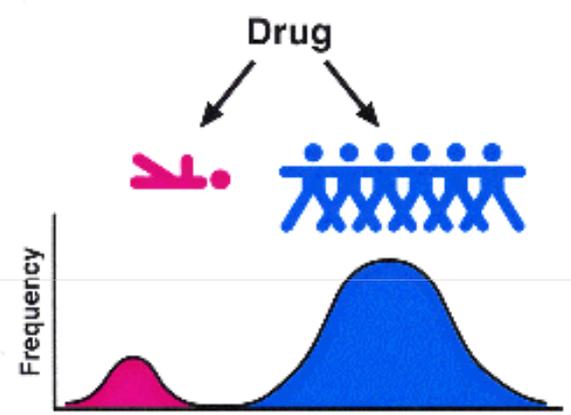
studia l'associazione tra varianti genetiche di determinati geni e la risposta a trattamenti farmacologici

Farmacogenomica

studia gli effetti di un determinato farmaco in base al genotipo dell'individuo

Pharmacogenetic Discovery

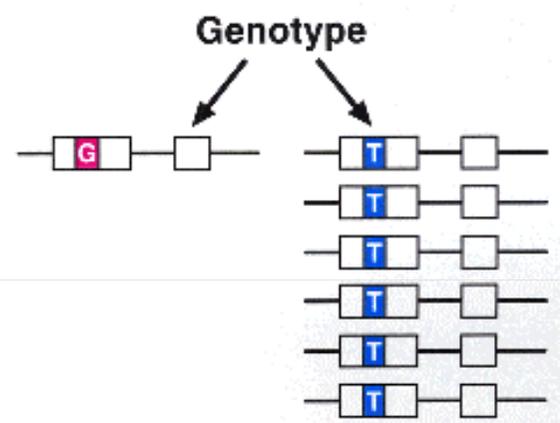
Pre-Genomics



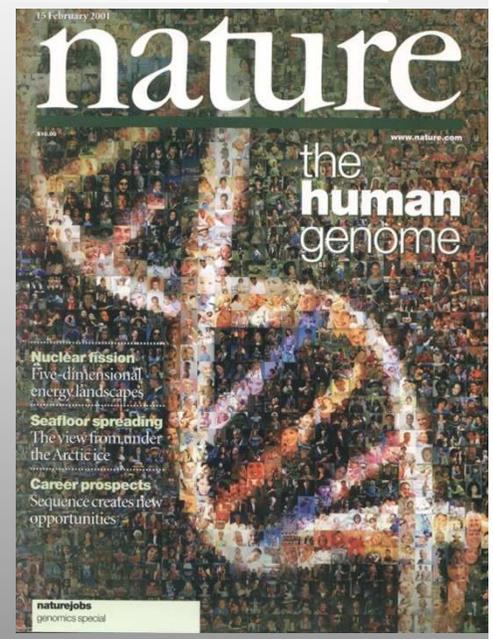
Genotype

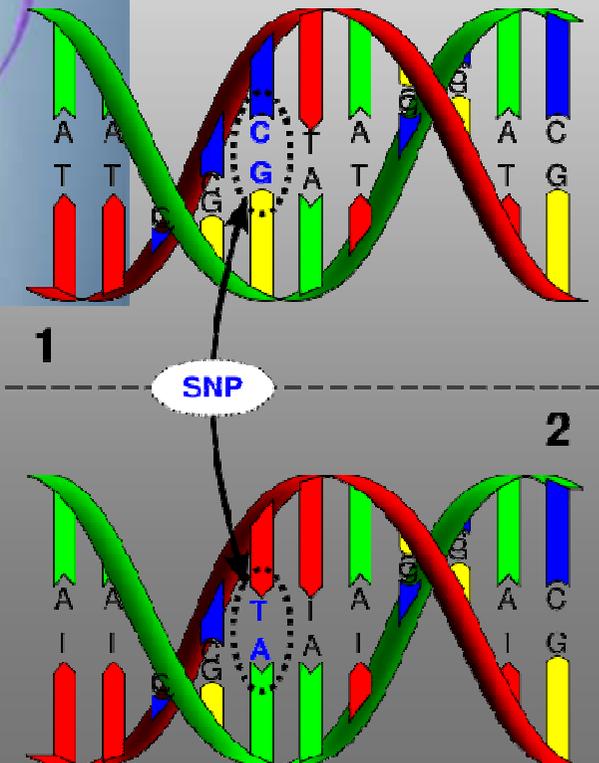
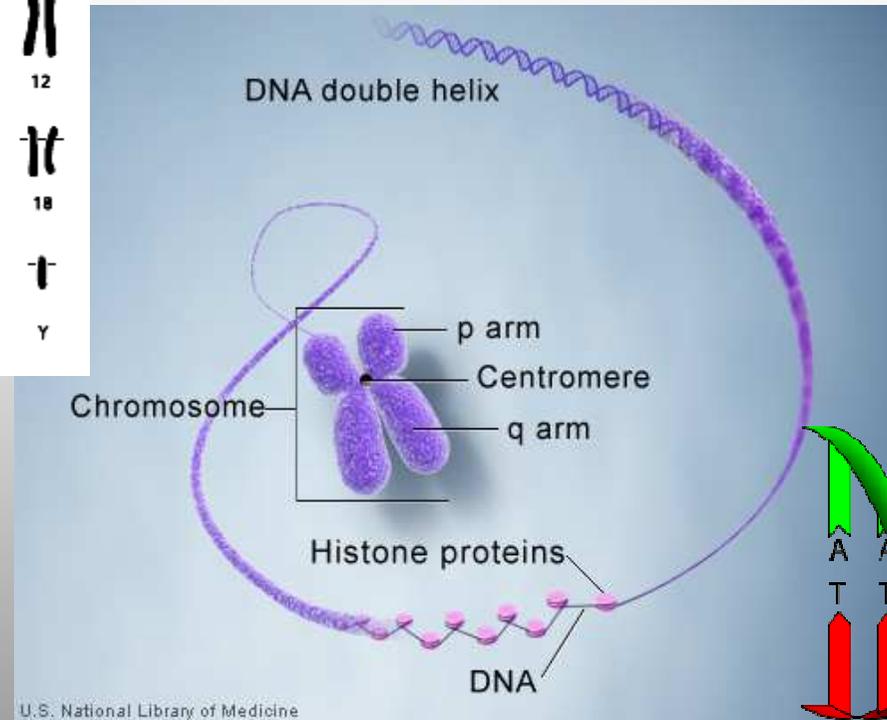
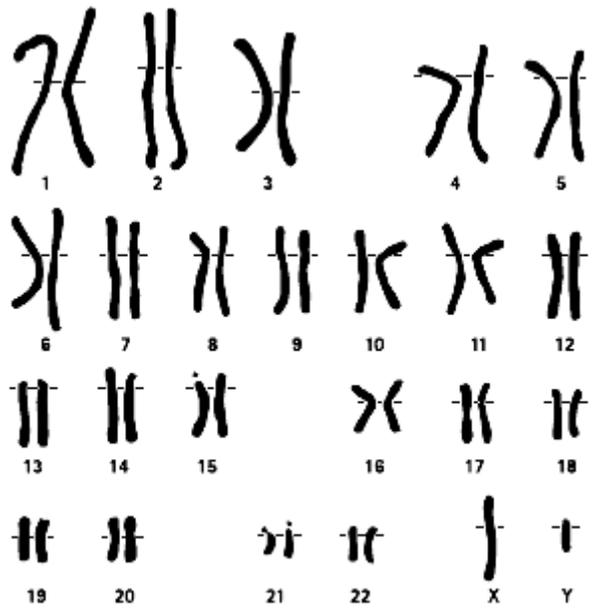
Compare genetic polymorphisms
in *phenotypic* groups

Post-Genomics



Compare phenotypes
in *genotypic* groups



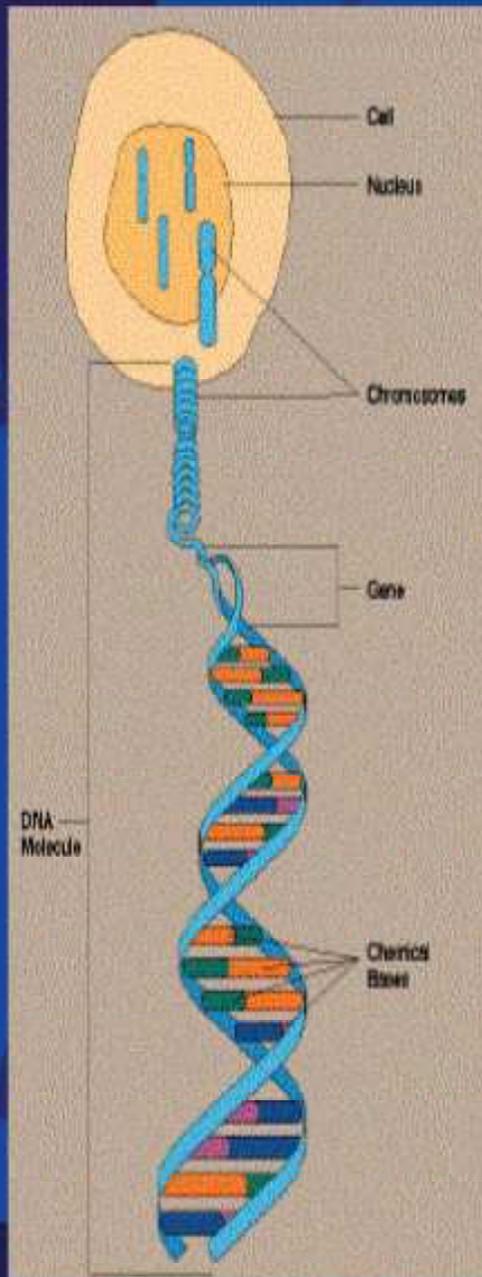


SNP: single nucleotide polymorphism

Genoma umano : 3×10^6 SNPs

60.000 in coding regions

Che cosa comporta un SNP



La produzione di una proteina diversa
dalla proteina *wild type*



- Meno efficacia nel trattamento farmacologico
- Tossicità maggiore

Farmacogenetica

“ La Farmacogenetica studia l’associazione tra varianti genetiche di determinati geni e la risposta a trattamenti farmacologici”



Si basa sull’identificazione di polimorfismi **SNP** (Single Nucleotide Polymorphism) a carico di geni coinvolti nella risposta farmacologica

COSA È UN SNP

Soggetti diversi possono avere un nucleotide diverso nella stessa posizione di un gene

...GGTAACTG...
...GGCAACTG...

MAPPA DEI SNPs

Posizione dei SNPs nel DNA umano

COME PREVEDERE LA RISPOSTA AI FARMACI CON LA MAPPA DEI SNPs

	Profilo genotipico dei SNPs
Pazienti per i quali il farmaco è efficace	[Diagram showing a specific SNP profile]
Pazienti per i quali il farmaco non è efficace	[Diagram showing a different SNP profile]
Predittivo di efficacia	[Diagram showing a specific SNP profile]
Predittivo di non efficacia	[Diagram showing a different SNP profile]

Confrontando la frequenza di tali polimorfismi presenti in pazienti con diversa risposta ad un trattamento è possibile identificare SNP associati ad una specifica risposta ad un determinato farmaco

...GGTAACTG...

...GGCAACTG...



Come si determina un SNP



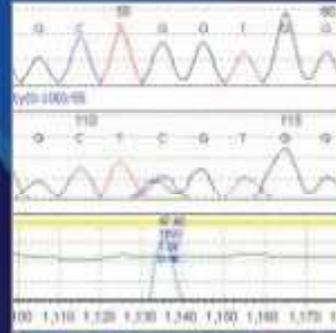
Prelievo



Estrazione
DNA



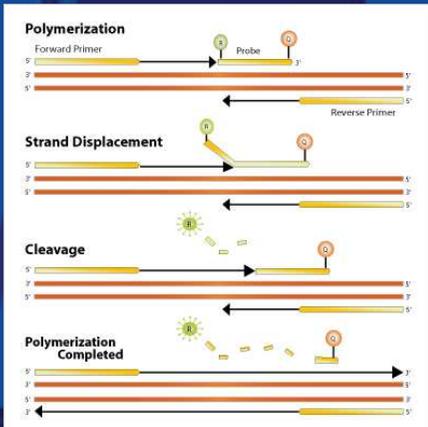
PCR
(amplificazione a
catena della
polimerasi)



Sequenziamento
diretto
dei prodotti
amplificati
mediante PCR

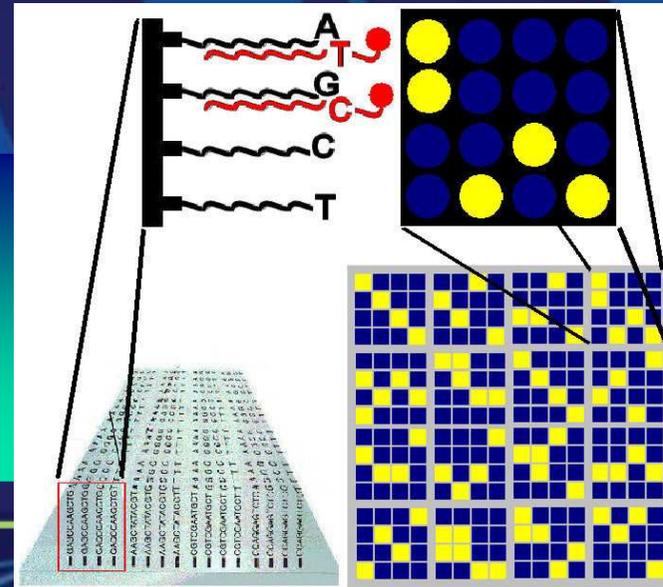
...GGTAACTG...
...GGCAACTG...

Alternativamente...



Real time

Microarray



Polimorfismi genetici a carico di geni

metabolismo
dei farmaci

trasporto dei
farmaci

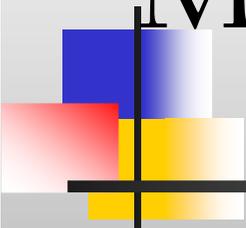
bersagli molecolari
dei farmaci



Come si ottiene una medicina personalizzata?



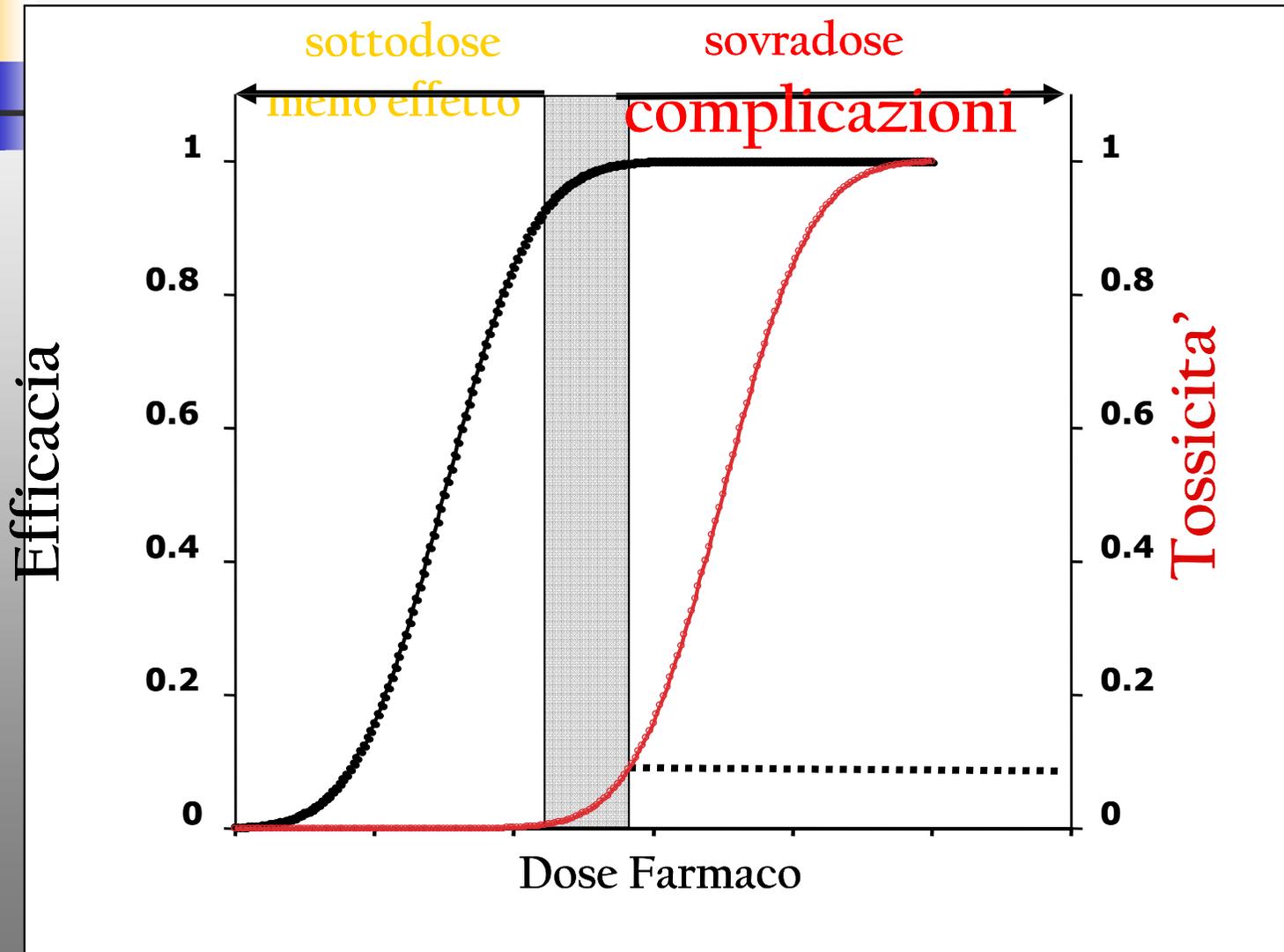
- Selezionando e dosando i farmaci in modo più mirato in base alle informazioni genetiche per ridurre gli effetti collaterali ed aumentarne l'efficacia
- Aumentando la conoscenza del ruolo della genetica individuale e delle caratteristiche biologiche della patologia nella risposta al trattamento
- Sviluppando farmaci più mirati ed individualizzati



Medicina personalizzata

per il carcinoma mammario

Range terapeutico



Come si ottiene una medicina personalizzata?

Approccio attuale

- Patologia individuale (TRASCRIPTOMICA)
- Caratteristiche fisiologiche individuali (storia allergica)
- Scelta medicamento
- Definizione dose (età; peso corporeo, superficie; condizioni speciali (disordini epatici, renali))

FARMACOGENETICA

Diagnose Brustkrebs

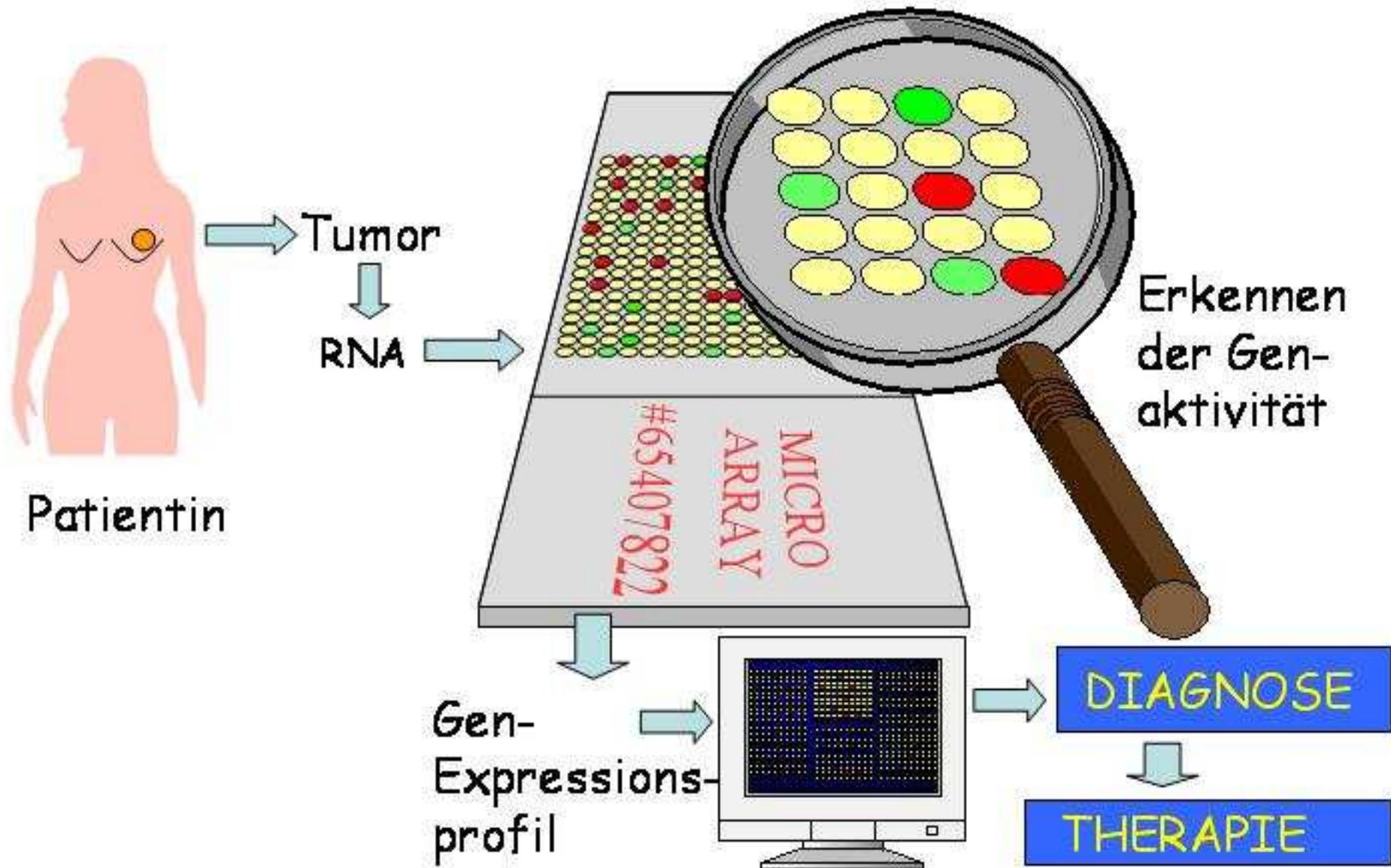


Table 1. Genes/variants putatively involved in breast cancer pharmacogenetics.

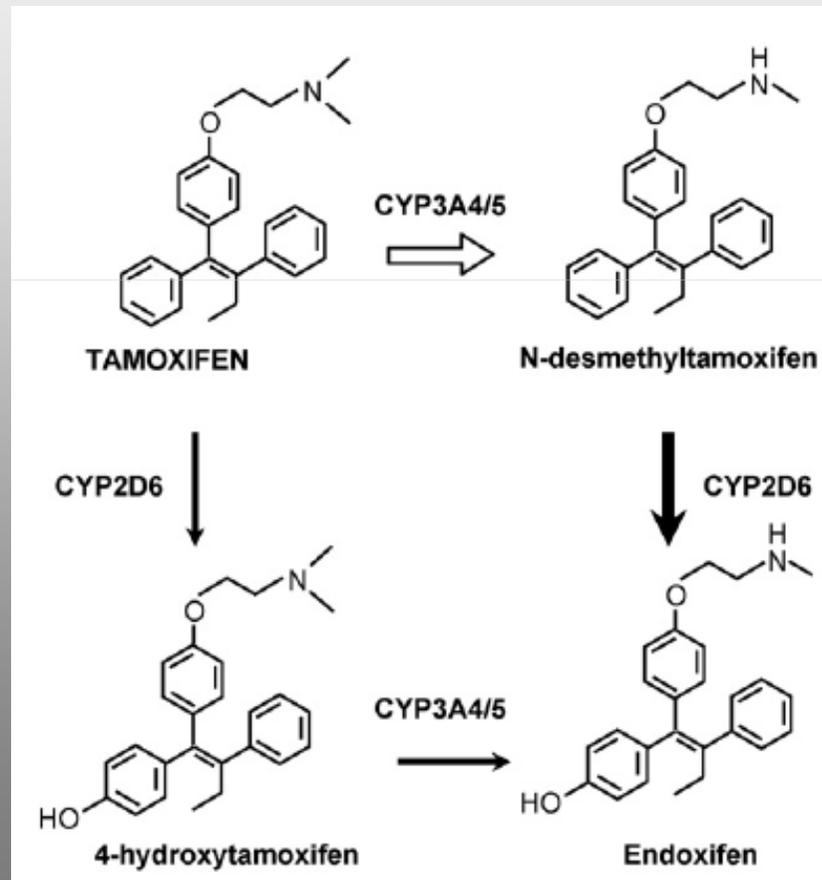
Gene	Synonyms	Drug	Function	Variant	Association
<i>ABCB1</i>	MDR1; P-glycoprotein	D, P	Drug efflux	3435C>T (I1145I); 1236C>T (G412G); 2677G>A/T (A893S/T)	Conflicting data on role in clearance, outcome and toxicity from taxane therapy
<i>CCND1</i>	Cyclin D1	T	Mitotic checkpoint	Amplification	Increased recurrence; decreased survival from tamoxifen treatment
<i>CYP17A1</i>	CYP17	T	Estrogen metabolism	-34T>C (5' UTR)	Increased tamoxifen-induced hepatic steatosis
<i>CYP19A1</i>	Aromatase; CYP19	A	Drug target	1531C>T (3' UTR)	Age-related osteoporosis
<i>CYP1B1</i>		D, P	Metabolism/ effector	*3 [‡] : 4326C>G (L432V)	Decreased survival from paclitaxel therapy
<i>CYP2C8</i>		P	Metabolism	*3 [‡] : 416G>A (R139K) and 1196A>G (K399R)	Reduced paclitaxel metabolite formation
<i>CYP2D6</i>		T	Metabolism	*4 [‡] : 1846G>A	Altered tamoxifen metabolism; risk of recurrence
<i>CYP3A4</i>		D, P, T	Metabolism	*1B [‡] : -392A>G	Increased transcription
<i>CYP3A5</i>		D, T	Metabolism	*3C [‡] : 6986A>G	Absence of protein
<i>ESR1</i>	Estrogen receptor	T	Drug target	Loss of exon 5 splice variant (ER d5)	Higher expression in recurrent tumours
<i>SULT1A1</i>		T	Metabolism	*2: 638G>A (R213H)	Increased protein degradation; decreased 4-OH T sulfation; decreased survival and increased recurrence from tamoxifen therapy
<i>TP53</i>	p53	T	Cell death	215C>G (P72R)	Reduced response to tamoxifen in estrogen receptor-positive patients
<i>UGT2B15</i>		T	Metabolism	*2: 253G>T (D85Y)	Reduced survival from tamoxifen therapy in <i>SULT1A1</i> *2 patients

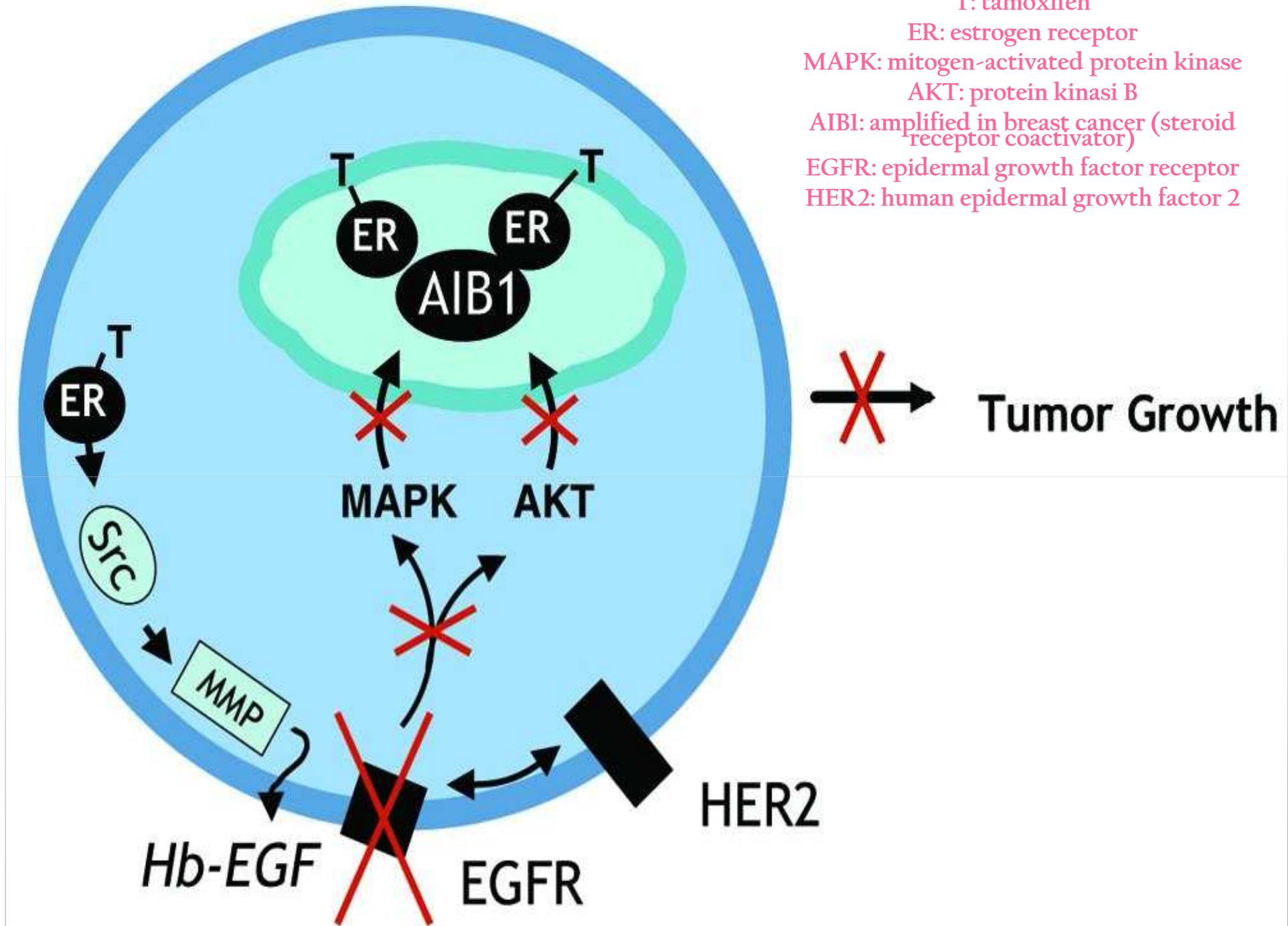
[‡]Naming from the human cytochrome P450 (CYP) Nomenclature Committee [103].

A: Aromatase inhibitors; D: Docetaxel; P: Paclitaxel; T: Tamoxifen; UTR: Untranslated region.

TAMOXIFEN

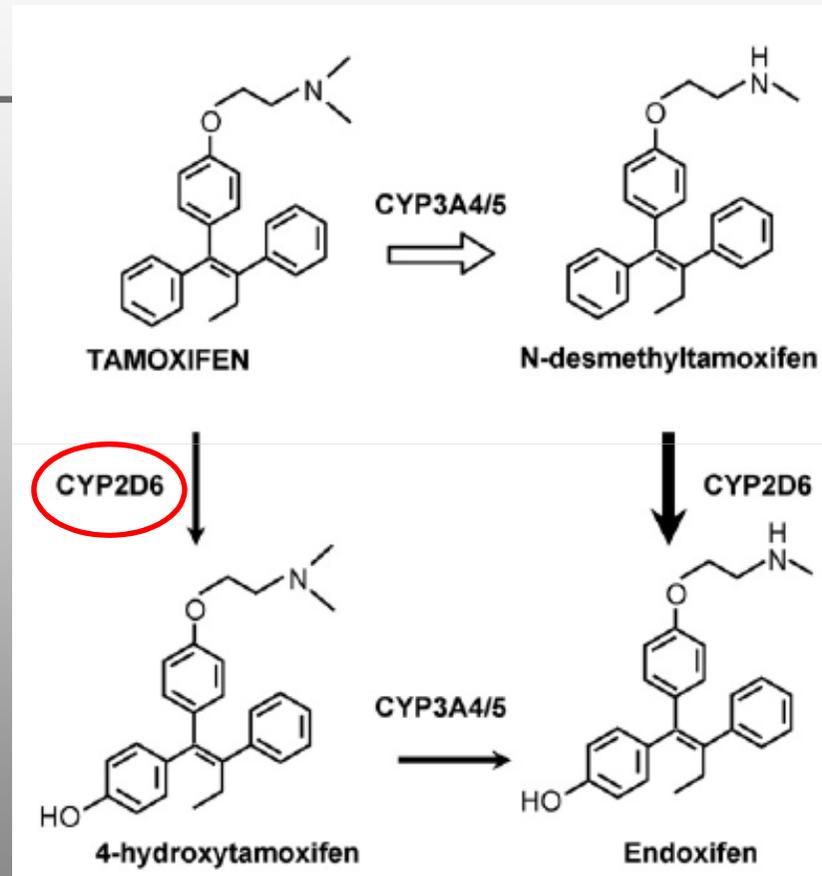
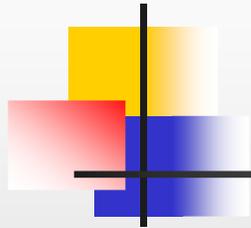
(SERM = modulatore selettivo del recettore degli estrogeni)





T: tamoxifen
 ER: estrogen receptor
 MAPK: mitogen-activated protein kinase
 AKT: protein kinasi B
 AIB1: amplified in breast cancer (steroid receptor coactivator)
 EGFR: epidermal growth factor receptor
 HER2: human epidermal growth factor 2

TAMOXIFEN

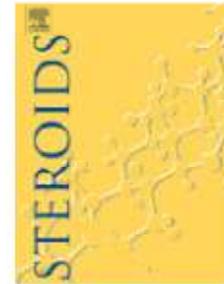




available at www.sciencedirect.com



journal homepage: www.elsevier.com/locate/steroids



Review

New insights into the metabolism of tamoxifen and its role in the treatment and prevention of breast cancer

V. Craig Jordan

Journal Of Pharmaceutical Sciences
(2007) 96 (9): 2224 – 2231

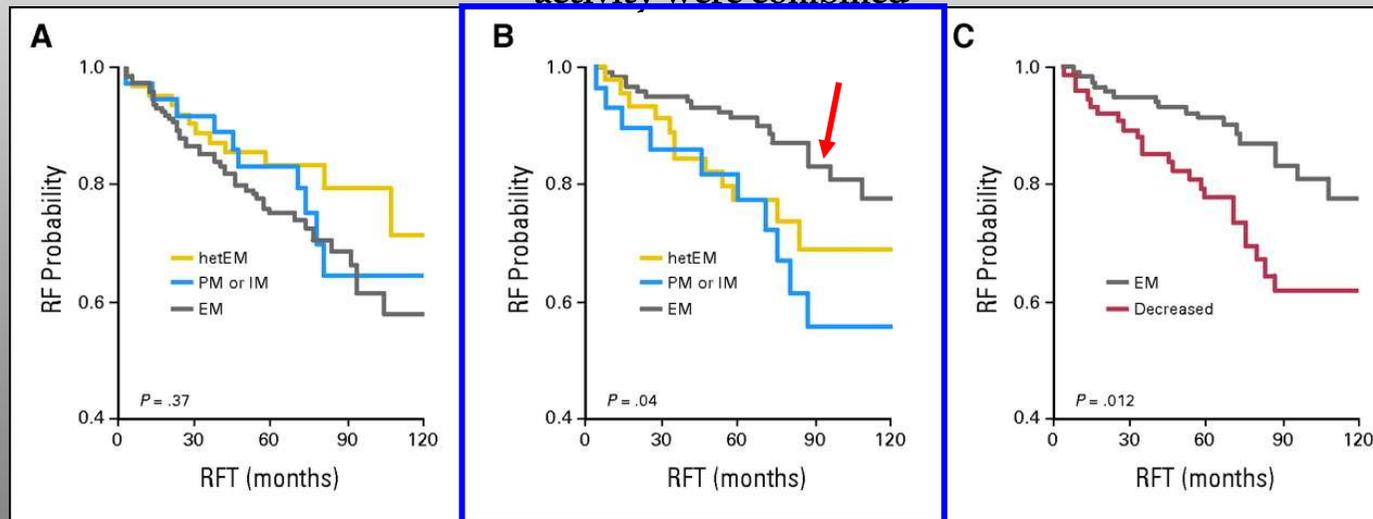
CYP2D6 polymorphisms and the impact on tamoxifen therapy

JN. Beverage, TM. Sissung, AM. Sion, R. Danesi, WD. Figg

Breast Cancer Treatment Outcome With Adjuvant Tamoxifen Relative to Patient CYP2D6 and CYP2C19 Genotypes

Werner Schroth, Lydia Antoniadou, Peter Fritz, Matthias Schwab, Thomas Muerdter, Ulrich M. Zanger, Wolfgang Simon, Michel Eichelbaum, and Hilrud Brauch

Fig 1. Kaplan-Meier probabilities of relapse-free time (RFT) for CYP2D6-metabolizer phenotypes predicted from genotypes: (A) patients not treated with tamoxifen (noTAM); (B) patients treated with adjuvant tamoxifen monotherapy (mTAM); (C) carriers of one or two impaired CYP2D6 alleles predictive for decreased enzyme activity were combined



Caucasici

EM : metabolizzatore estensivo (*1, *2A)

IM : metabolizzatore intermedio (*10; *41)

PM : metabolizzatore basso (*4; *5)

} 71%
26%

CYP2D6 EM beneficio nel ridurre la ricorrenza del tumore alla mammella

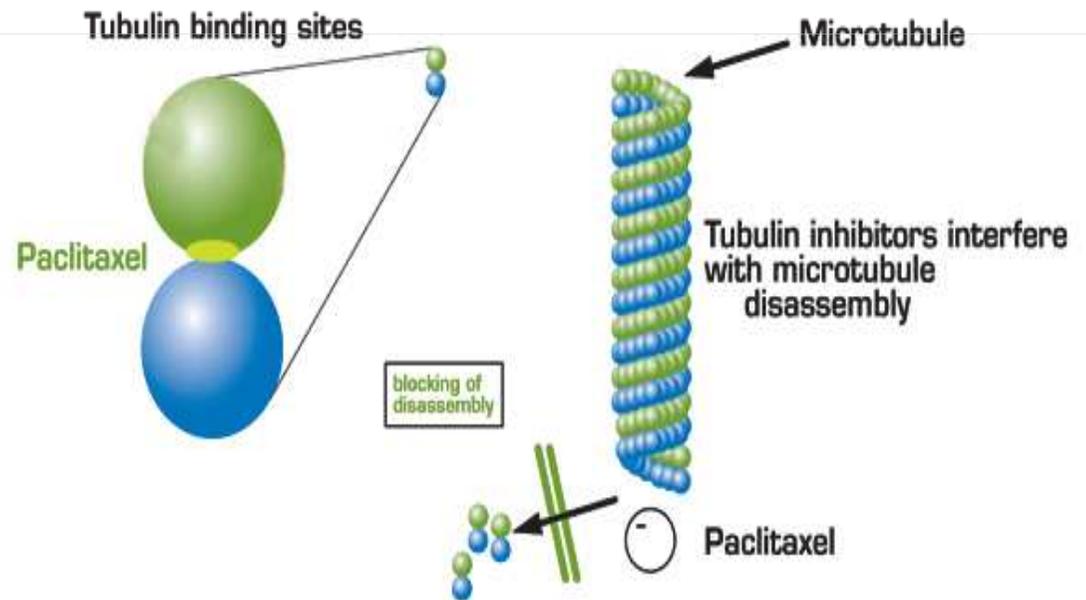
Common chemotherapy agents administered to women with breast cancer

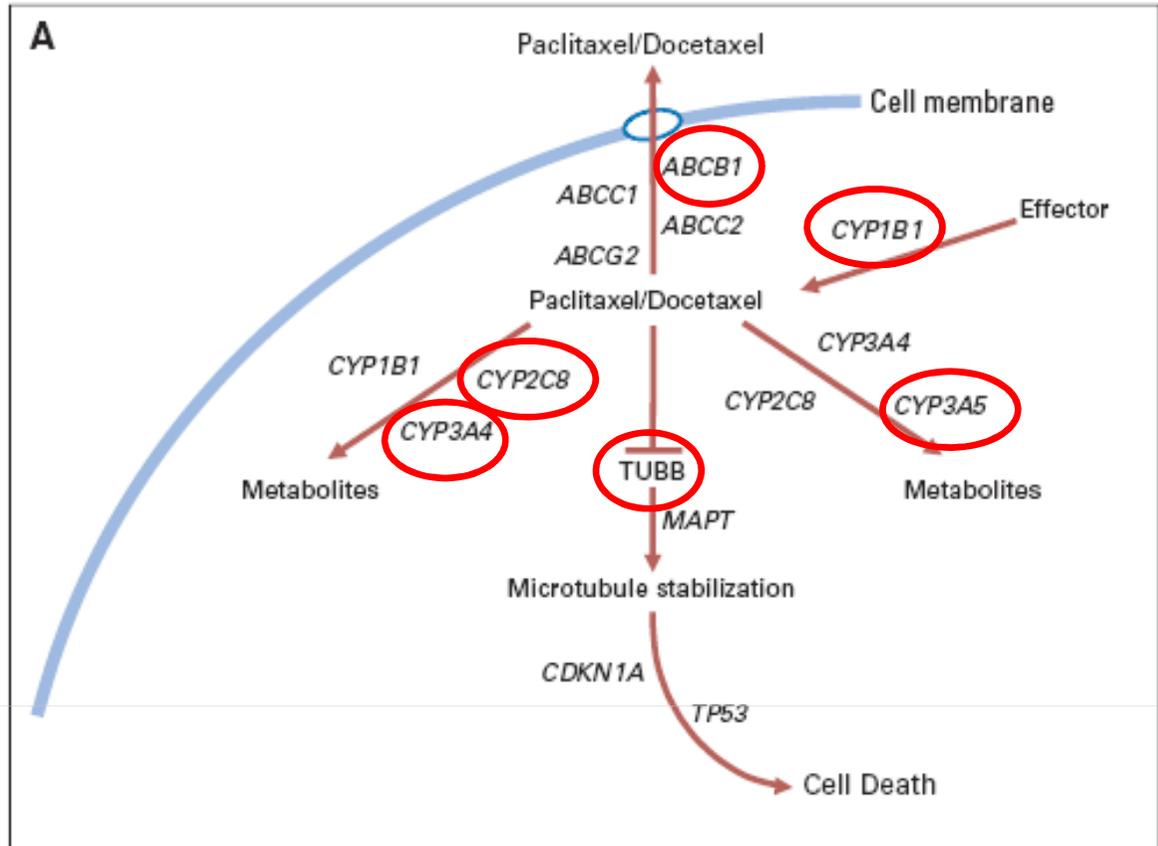
<i>Regimen</i>	<i>Mechanism of action</i>	<i>Common toxicities</i>
Cyclophosphamide	Alkylating agent. Requires metabolic activation by cytochrome P450 enzymes to 4-hydroxy-cyclophosphamide to exert antitumor activity	Myelosuppression, mainly leukopenia, nausea and vomiting, skin and nail hyperpigmentation, gonadal dysfunction. High dose: hemorrhagic cystitis, secondary leukemia
Doxorubicin, epirubicin	Anthracyclines. Form complexes with DNA by intercalation between base pairs, leading to formation of free radicals and inhibition of DNA topoisomerase II catalytic activity. Activates protein kinase C-mediated signal transduction pathways	Myelosuppression, mainly leukopenia, acute and delayed nausea and vomiting, mucositis, and skin and nail hyperpigmentation. Acute and chronic cardiac toxicity associated with higher cumulative doses or with other predisposing cardiac factors.
Paclitaxel, docetaxel	Promotes microtubule assembly and stabilizes tubulin formation to induce mitotic block. Possible proapoptotic and antiangiogenic activity	Myelosuppression, mainly leukopenia, myalgias and arthralgias, sensory peripheral neuropathy, and sporadic anaphylactoid reactions (greatly reduced by the administration of corticosteroids). Edema and nail changes may be seen with higher cumulative doses of docetaxel
5-Fluorouracil, capecitabine	Analogue of naturally occurring pyrimidine uracil. Inhibit thymidylate synthase (TS), which has a significant role in catalyzing deoxyuridylylate (dUMP) to thymidilate (dTMP)	Myelosuppression, nausea and vomiting, diarrhea, and hand foot syndrome. Rare ocular and neurological toxicity

TAXANI



*Taxus
brevifolia*
Paclitaxel

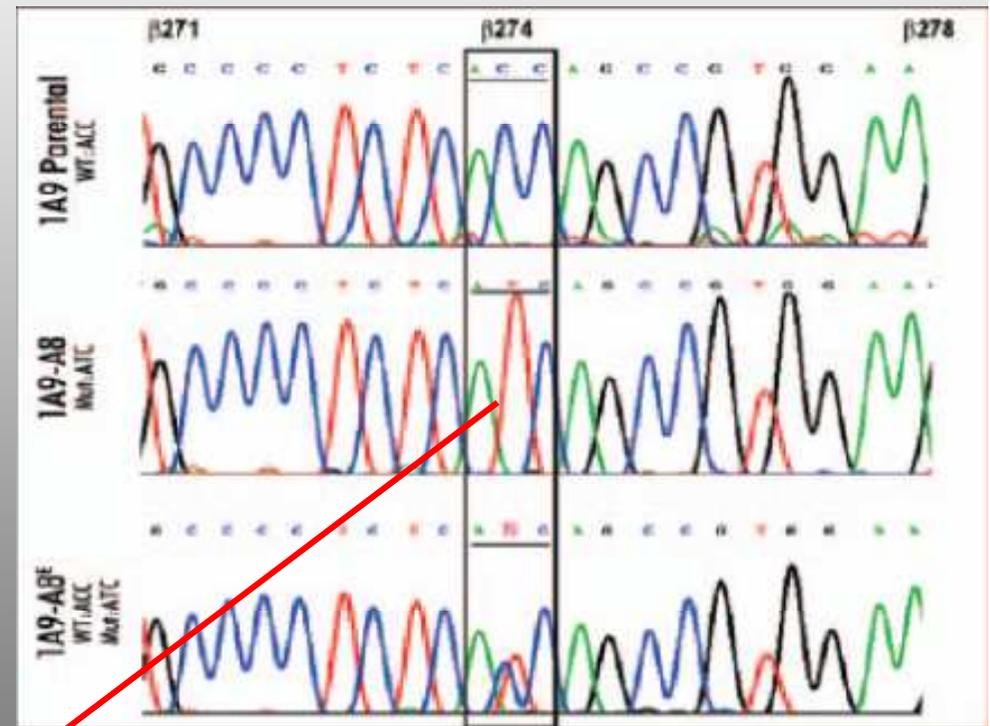
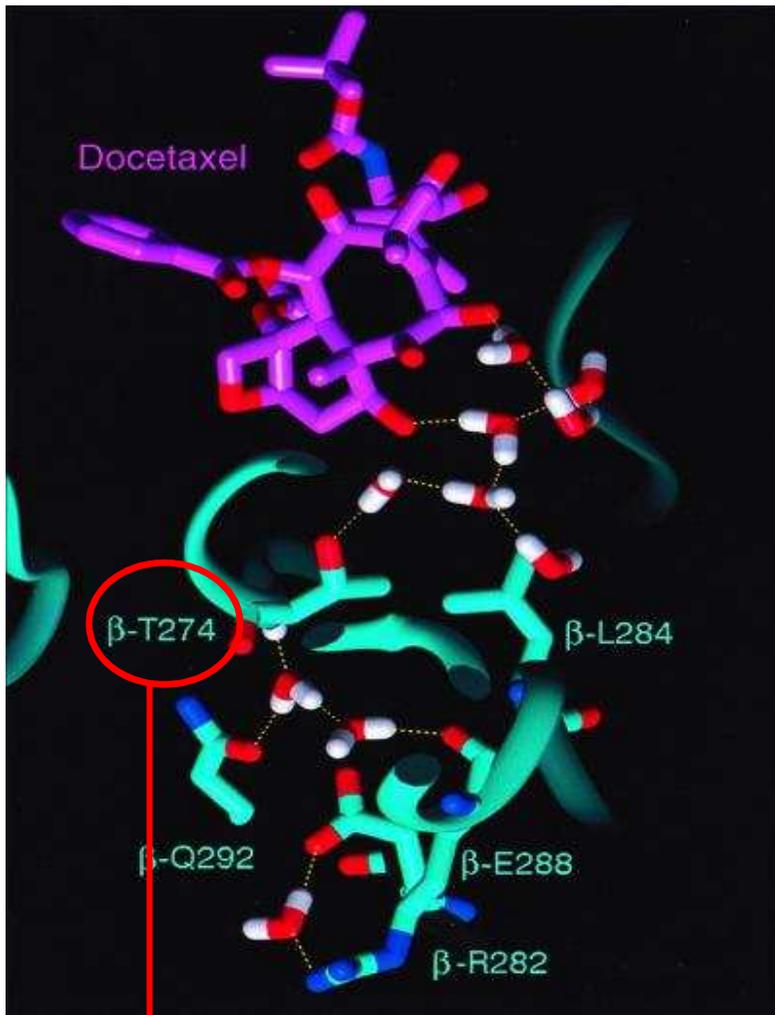




Taxani	TUBB	Bersaglio	Resistenza a terapia
	ABCB1/MDR1	Transporto	Resistenza a terapia / Aumento risposta Effetti collaterali
	CYP2C8	DME	Ridotto metabolismo
	CYP3A4	DME	?
	CYP3A5	DME	?
	CYP1B1		Aumento sopravvivenza

Nicoletti MI et al. Clin Cancer Res
(2001)

TUBB
Beta C>T 274



Sito di legame
paclitaxel

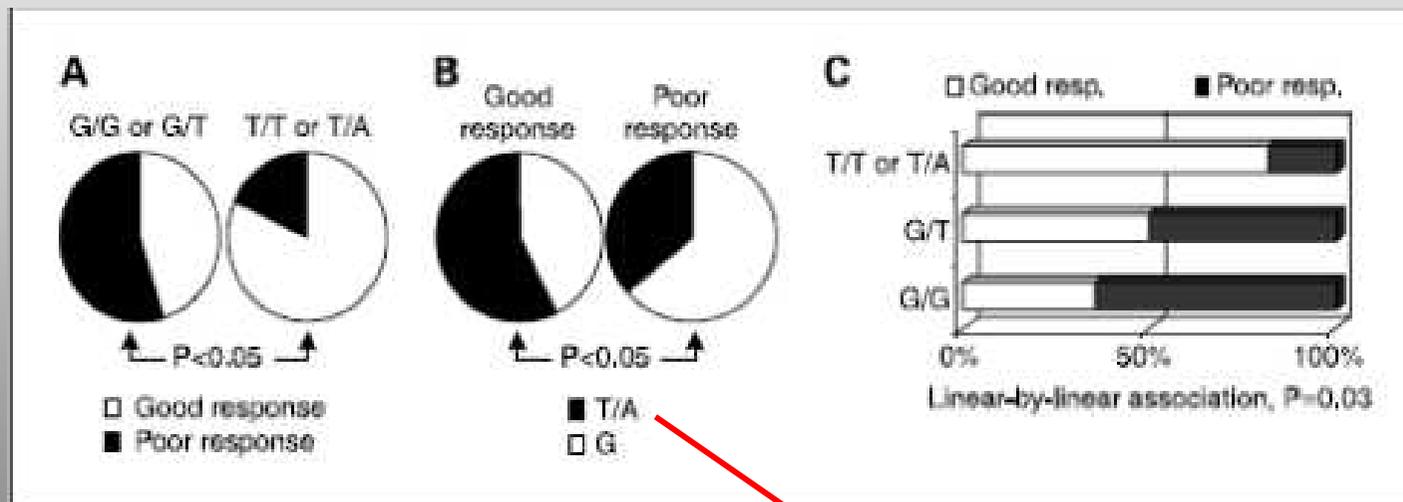
Resistenza a
terapia

mdr-1 Single Nucleotide Polymorphisms in Ovarian Cancer Tissue:
G2677T/A Correlates with Response to Paclitaxel Chemotherapy

Henrik Gréen,¹ Peter Söderkvist,² Per Rosenberg,³ György Horvath,⁴ and Curt Peterson¹

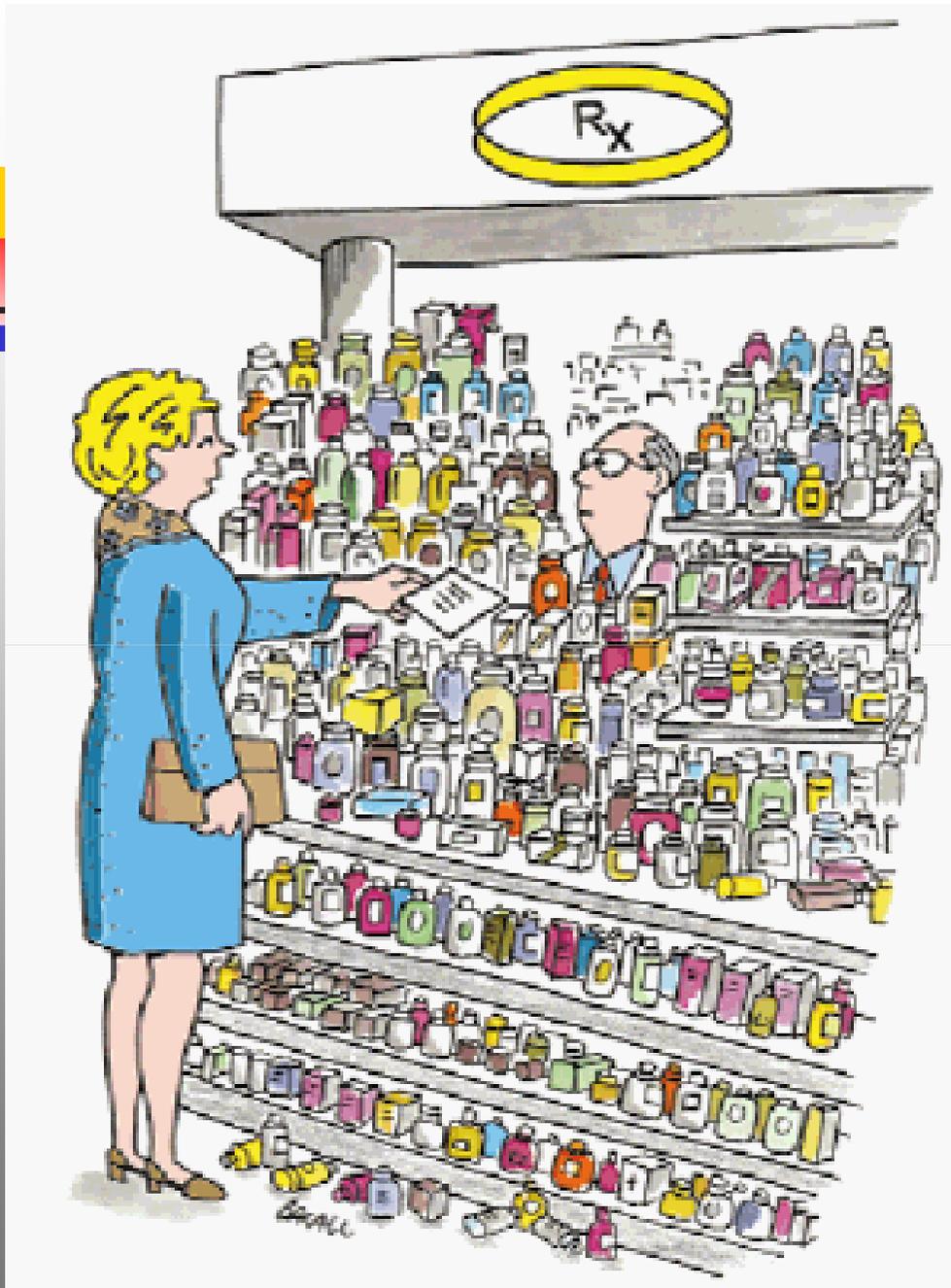
Clin Cancer Res 2006;12(3) February 1, 2006

ABCBI
G2677T/A



Caucasici
GG 27%
GT 39%
TT 26%

Miglior risposta al trattamento



"Here's my
sequence..."

New Yorker

■ Conclusioni

- Le patologie tumorali rappresentano un campo di straordinaria importanza in **genetica medica** per le varie e diverse implicazioni che esse presentano:
 - Caratteristiche **patogenetiche**
 - Interazioni con **step biologici** molto rilevanti nell'economia della cellula
 - Percorsi **diagnostici complessi**
 - **Modelli ereditari**
 - Figure di **rischio**
 - Test genetici **predittivi**
 - **Terapie** innovative