



Florence Cavalli  
Cheffe d'équipe  
Florence.Cavalli@curie.fr  
Tél : +33 1 56 24 69 80

## Présentation de l'équipe

La régulation transcriptionnelle est un aspect important de la biologie des cancers. Elle est impliquée dans l'initiation, le développement, la maintenance, la réponse aux traitements et les récurrences des tumeurs. Les programmes de transcription, contrôlés par des régulateurs clés (« master regulators ») sont responsables du développement normal et de la diversité cellulaire, mais aussi de l'état cancéreux. Nous étudions la régulation de la transcription et les « master regulators » des cellules tumorales dans deux contextes majeurs : **l'hétérogénéité temporelle** dans le cadre de la récurrence, et **l'hétérogénéité intra-tumorale**. Ces types d'hétérogénéité, souvent à l'origine de la résistance aux traitements, ont des implications cliniques importantes. Quelques études ont montré que les tumeurs récidivantes résistantes aux traitements avaient un patrimoine génétique très différent de celui des tumeurs d'origine. De plus, les études sur l'hétérogénéité intra-tumorale ont mis en évidence une grande diversité génétique entre les échantillons provenant d'une même tumeur (hétérogénéité spatiale). Cependant, malgré l'identification d'événements génétiques et épigénétiques avec des spécificités spatiales et/ou temporelles, l'hétérogénéité des « master regulators » responsables du passage de l'ontogenèse à l'oncogenèse, reste peu connue. De plus, les voies biologiques spécifiques à l'origine de la résistance aux traitements restent peu connues. Il est donc essentiel d'améliorer notre compréhension des programmes de transcription spécifiques aux tumeurs, et particulièrement nos connaissances des « master regulators » qui les contrôlent.

Pour identifier les mécanismes de résistance aux traitements, nous nous concentrons sur les « master regulators » qui contrôlent la réponse transcriptionnelle. La meilleure compréhension des changements temporels des programmes de transcription est un outil puissant pour mieux comprendre l'évolution des tumeurs et leur résistance aux traitements. **Nous analysons et réalisons des analyses intégratives de données NGS, de données à l'échelle de la cellule unique et de données cliniques d'échantillons tumoraux pour approfondir nos connaissances sur l'hétérogénéité tumorale et la résistance aux traitements, notamment dans le cadre d'études de gliomes de haut-grades.**

## Recrutement d'un chercheur post-doctorant

» [Voir la fiche de poste](#)

### Publications clés

Année de publication : 2018

**Cavalli FMG\***, Hübner JM\*, Sharma T\*, Luu B, Sill M, Zapotocky M, Mack SC, Witt H, Lin T, Shih DJH, Ho B, Santi M, Emery L, Hukin J, Dunham C, McLendon RE, Lipp ES, Gururangan S, Grossbach A, French P, Kros JM, van Veelen MC, Rao AAN, Giannini C, Leary S, Jung S, Faria CC, Mora J, Schüller U, Alonso MM, Chan JA, Klekner A, Chambless LB, Hwang EI, Massimino M, Eberhart CG, Karajannis MA, Lu B, Liau LM, Zollo M, Ferrucci V, Carlotti C, Tirapelli DPC, Tabori U, Bouffet E, Ryzhova M, Ellison DW, Merchant TE, Gilbert MR, Armstrong TS, Korshunov A, Pfister SM, Taylor MD, Aldape K, Pajtler KW, Kool M, Ramaswamy V (2018).

*Heterogeneity within the PF-EPN-B ependymoma subgroup.*

**Acta Neuropathologica**, 136(2):227-237. [doi: 10.1007/s00401-018-1888-x](https://doi.org/10.1007/s00401-018-1888-x)

Année de publication : 2017

**Cavalli FMG\***, Remke M\*, Rampasek L, Peacock J, Shih DJH, Luu B, Garzia L, Torchia J, Nor C, Morrissy AS, Agnihotri S, Thompson YY, Kuzan-Fischer CM, Farooq H, Isaev K, Cho B-K, Kim S-K, Wang K-C, Lee JY, Grajkowska WA, Perek-Polnik M, Vasiljevic A, Faure-Conter C, Jouvét A, Giannini C, Nageswara Rao AA, Li KWK, Ng H-K, Eberhart CG, Pollack IF, Hamilton RL, Gillespie GY, Olson JM, Leary S, Weiss WA, Lach B, Chambless LB, Thompson RC, Cooper MK, Vibhakar R, Hauser P, van Veelen M-LC, Kros JM, French PJ, Shin Ra Y, Kumabe T, López-Aguilar E, Zitterbart K, Sterba J, Finocchiaro G, Massimino M, Van Meir EG, Osuka S, Shofuda T, Klekner A, Zollo M, Leonard JR, Rubin JB, Jabado N, Albrecht S, Mora J, Van Meter TE, Jung S, Moore AS, Hallahan AR, Chan JA, Tirapelli DPC, Carlotti CG, Fouladi M, Pimentel J, Faria CC, Saad, AG, Massimi L, Liau LM, Wheeler H, Nakamura H, Elbabaa SK, Perezpeña-Diazconti M, Ponce de León FC, Robinson S, Zapotocky M, Lassaletta A, Huang A, Hawkins CE, Tabori U, Bouffet E, Bartels U, Dirks P, Rutka JT, Bader GD, Reimand J, Goldenberg A, Ramaswamy V, Taylor MD (2017).

*Intertumoral heterogeneity within medulloblastoma subgroups*

**Cancer Cell**, 31(6): 737-754. [doi: 10.1016/j.ccell.2017.05.005](https://doi.org/10.1016/j.ccell.2017.05.005)

Morrissy AS\*, **Cavalli FMG\***, Remke M\*, Ramaswamy V, Shih DJH, Holgado BL, Farooq H, Donovan LK, Garzia L, Agnihotri S, Kiehna EN, Mercier E, Mayoh C, Papillon-Cavanagh S, Nikbakht H, Gayden T, Torchia J, Picard D, Merino DM, Vladioiu M, Luu B, Wu X, Daniels C, Horswell S,



## Bioinformatique et Génomique Intégrative des Cancers U900 - Cancer et génome : bioinformatique, biostatistiques et épidémiologie

Thompson YY, Hovestadt V, Northcott PA, Jones DTW, Peacock J, Wang X, Mack SC, Reimand J, Albrecht S, Fontebasso AM, Thiessen N, Li Y, Schein JE, Lee D, Carlsen R, Mayo M, Tse K, Tam A, Dhalla N, Ally A, Chuah E, Cheng Y, Plettner P, Li H, Corbett RD, Wong T, Long W, Loukides J, Buczkowicz P, Hawkins CE, Tabori U, Rood BR, Myseros JS, Packer RJ, Korshunov A, Lichter P, Kool M, Pfister SM, Schüller U, Dirks P, Huang A, Bouffet Eric, Rutka JT, Bader GD, Swanton C, Ma Y, Moore RA, Mungall AJ, Majewski J, Jones SJM, Das S, Malkin D, Jabado N, Marra MA, Taylor MD (2017).

*Spatial heterogeneity in medulloblastoma*

**Nature Genetics** 49(5): 780-788 [doi: 10.1038/ng.3838](https://doi.org/10.1038/ng.3838)

**\*co-premier author**

**Toutes les publications**

[Google scholar page.](#)