



Fabien Reyal
Chef d'équipe
fabien.reyal@curie.fr

Fabien Reyal a suivi un programme double et a obtenu à la fois en tant que chirurgien et en tant que scientifique.

Après une formation en chirurgie gynécologique en tant que résident à Paris entre 1995 et 2002, il est devenu un chirurgien en chef en 2008 à l'Institut Curie (Paris) et est maintenant principalement impliquée dans le cancer du sein, la chirurgie plastique et reconstructive. Il a une grande expérience dans la microchirurgie pour la reconstruction du cancer du sein. Il a obtenu une maîtrise en génétique moléculaire des anomalies du développement et oncogénèse (Necker-Enfants Malades. Pr A Munich), un doctorat en cancer génétique moléculaire (Institut Curie, F Radvanyi), suivie d'un post-doctorat à l'Institut néerlandais du cancer (Pr M Van de Vijver). Il a obtenu l'habilitation à diriger des recherches (Université Paris 6). Il a dirigé la «tumeur résiduelle et la réponse aux traitements de laboratoire » au département de la recherche translationnelle à l'Institut Curie et son équipe est attaché à l'immunité et de l'unité du cancer (UMR932, S Amigorena).

La « tumeur résiduelle et la réponse aux traitements de laboratoire » a quatre objectifs principaux :

1) Identification des facteurs cliniques et pathologiques en corrélation avec le pronostic à long terme des patients atteints de cancer du sein positif TNBC et HER2 traités par chimiothérapie néoadjuvante.

Nous avons construit une base de données clinique, pathologique et radiologique rétrospective de patients atteints de cancer du sein traités par chimiothérapie néoadjuvante à l'Institut Curie depuis 2002. Dans le cancer du sein triple négatif (CSTN), nous avons mis en évidence une forte association entre l'implication des ganglions lymphatiques après chimiothérapie néoadjuvante (NAC) et un résultat de mauvais pronostic. Nous avons conclu que les essais cliniques devraient être mises en œuvre pour les patients à haut risque après NAC (pN +, Elston Ellis 3 e année et le statut ménopausique non) pour valider de nouvelles solutions thérapeutiques.

2) Identification de la classification axée sur l'expression génétique biologique solide réseau de cancer du sein positif TNBC et HER2 de définir de nouvelles interventions thérapeutiques.

Nous avons identifié un classement de six metagene robuste à travers 1125 profils TNBC

d'expression génique. Un metagène immunitaire est fortement corrélée au pronostic de ces patients. Ces résultats ouvrent des perspectives intéressantes pour le développement de nouvelles interventions thérapeutiques dans TNBC.

3) Identification de marqueurs dynamiques de résistance chez les patients atteints de cancer du sein positif TNBC et HER2 traités par chimiothérapie néoadjuvante.

Utilisation de RNAsequencing, Whole Exome Séquençage et RPPA nous étudions la biopsie de la tumeur primaire appariés pré-traitement et la tumeur résiduelle après traitement néoadjuvant pour identifier les modifications associées à la résistance à un traitement systémique.

4) Le criblage à haut-throughput du sein positif des lignées cellulaires de cancer TNBC et HER2.

Afin d'identifier des médicaments efficaces pour traiter les patients atteints de cancer, de grands programmes de dépistage ont été lancés avec réglage différent des médicaments et des lignées cellulaires de cancer (de CCLE et projets CGP). Nous développons en 2D et 3D (lévitation magnétique) des lignées cellulaires de programme de dépistage des drogues de cancer du sein avec la FDA a approuvé les bibliothèques de médicaments.