

SUCCESS STORY

HYPERGENES/ European Network for Genetic-Epidemiological Studies: Building a Method to Dissect Complex Genetic Traits, Using Essential Hypertension as a Disease Model

Domaine de recherche: FP7 - Coopération/SANTÉ - Etudes épidémiologiques moléculaires

Nombre de partenaires: 19 dont l'Université de Lausanne (UNIL)

Dates de début - fin: 01.01.2008 - 31.12.2011

Durée: 48 mois

Financement: 10'213'420 € / Part UNIL: 1'929'000 €

Type de contrat: Projet intégré à large échelle (IP)



CARLO RIVOLTA



© Gina Sanders - Fotolia.com

« Le projet **HYPERGENES** a considérablement élargi nos horizons. »

LES MYSTÈRES DE LA GÉNÉTIQUE

Maître-assistant au Département de génétique médicale de l'UNIL, Carlo Rivolta a obtenu un subside FP7 dans le domaine de la santé pour son projet *HYPERGENES* axé sur la définition d'un modèle génétique de maladies complexes comme l'hypertension.

Comment en êtes-vous venu à vous intéresser à la génétique ?

Frappé par ma ressemblance avec mon grand-père, je me suis passionné très jeune pour les problèmes de génétique. Plus tard, j'ai obtenu mon diplôme en génétique moléculaire à l'Université de Pavie et j'ai poursuivi ma formation par un doctorat en génomique microbienne à l'UNIL. Je me suis perfectionné en bioinformatique à l'EPFL et en génétique humaine à l'Université de Harvard. Depuis 2005, je suis de retour à Lausanne où je poursuis mes travaux en génétique médicale, en collaboration avec mon ancien groupe aux États-Unis et des unités cliniques du CHUV.

Comment a fonctionné le projet HYPERGENES ?

HYPERGENES a comporté plusieurs phases d'études. Nous avons tout d'abord établi la carte génétique d'un groupe de 4000 personnes, dont une partie souffrait d'hypertension et l'autre non. En comparant les deux groupes, nous avons pu identifier quelques régions du génome associées à l'hypertension. Lors d'une phase ultérieure, nous avons étudié une cohorte de 8000 patients. Ceci a généré un gigantesque volume d'informations génétiques à traiter,

dérivées à la base de plus de 4 milliards de marqueurs d'ADN, grâce auxquels nous espérons obtenir des informations supplémentaires sur le rôle de certains gènes par rapport à la maladie.

Et quelles seraient les applications possibles de cette recherche ?

Les applications pour le futur font rêver: en fonction des éléments génétiques propres à chaque patient, déterminés par une simple prise de sang, le malade pourrait recevoir un médicament ciblant directement son défaut spécifique. Il faudra, cependant, patienter avant de voir un médecin généraliste disposer d'outils pour soigner chaque patient en fonction de son patrimoine génétique.



Hébergé par



Financé par



A PROPOS DU PROJET

Carlo Rivolta et quelques-uns de ses collaborateurs ont participé au projet *HYPERGENES* aux côtés d'une quinzaine de partenaires européens. Le subside alloué par l'Union européenne (domaine SANTÉ du 7^e Programme-cadre) se montait à plus de 10 millions d'euros et l'UNIL en a obtenu près de deux. Globalement, *HYPERGENES* visait à construire une méthodologie d'épidémiologie génétique des maladies chroniques complexes en utilisant l'hypertension comme modèle.

Le projet a été coordonné par le professeur Daniele Cusi et son équipe à l'Université de Milan. Les Lausannois et les Milanais ont fonctionné comme des groupes jumeaux afin d'améliorer la fidélité des résultats expérimentaux. Pouvoir comparer des analyses menées sur deux sites différents s'est révélé scientifiquement très riche.

www.euresearch.ch
www.unil.ch/euresearch