

## Nouvel outil pour booster l'efficacité des médicaments

Communiqué de presse – 14 mai 2008

**Des chercheurs de l'UNIL/CHUV inventent un algorithme très puissant révélant les relations cachées entre la grande majorité de nos gènes et plus de 5'000 substances chimiques, un mariage qui ouvre de nouvelles perspectives pour l'utilisation et la création de médicaments.**

Autant le dire d'emblée, aucun outil informatique récemment développé pour analyser les données biologiques et médicales n'a la force de frappe du *Ping-Pong Algorithm* mis au point au Département de génétique médicale de l'UNIL par les professeurs Sven Bergmann et Jacques Beckmann, avec le jeune «post doc» Zoltan Kutalik.

Leur découverte publiée dans le prestigieux journal «Nature Biotechnology» permet de relier et d'analyser une quantité phénoménale de données disparates pour faire émerger de ce brassage des découvertes inédites dans les domaines médicaux et biologiques les plus divers. Avec cet outil, ils ont réalisé un premier rapprochement entre deux gigantesques bases ou banques de données dans le domaine du cancer. La première base rassemble 60 profils décrivant les taux d'expression de la grande majorité des gènes codés par notre génome, soit 22'283 cibles géniques. Ces 60 profils correspondent à 60 lignées cellulaires utilisées dans la recherche sur le cancer. La seconde banque réunit 60 fois 5'143 données qui correspondent à autant de substances chimiques et médicaments existants dans le domaine du cancer. Cette base répertorie la réponse ou sensibilité de chacune de ces 60 lignées cellulaires à ces multiples produits. Les deux bases ont été déposées dans le domaine public par le National Cancer Institute.

L'algorithme *Ping-Pong* peut réaliser autant d'allers et retours imaginables entre ces deux bases de données afin d'en extraire des combinaisons inconnues entre certains groupes de gènes au sein de notre génome et certains groupes de substances chimiques.

Cette intégration de deux bases a donc généré à son tour une nouvelle banque de données très utile pour la recherche sur le cancer. En effet, il devient possible de découvrir de nouveaux potentiels thérapeutiques, d'envisager par exemple une utilisation différente pour un médicament traitant un certain cancer et donc de l'employer sur d'autres cellules cancéreuses. Cette meilleure connaissance des relations entre gènes et substances peut également permettre de créer de nouveaux médicaments mieux ciblés.

Mais comment être certain que ce nouvel outil produit bel et bien des données valables? Les chercheurs ont comparé ces relations inédites entre groupes ou modules de gènes et groupes de substances à des données pharmacologiques existantes dans une base appelée *DrugBank*. Cette comparaison a permis de montrer la supériorité de l'algorithme *Ping-Pong* sur d'autres technologies antérieures pour l'extraction et l'analyse de banques de données complexes. Il importe de souligner que cet algorithme est générique et peut donc s'appliquer à toutes sortes de bases de données, scientifiques, médicales ou autres...

**Pour en savoir plus:**

Département de génétique médicale

Prof. Sven Bergmann, 021 692 54 52

Prof. Jacques Beckmann, 021 314 37 75

Article «A modular approach for integrative analysis of large-scale gene-expression and drug-response data» - Nat Biotechnol. 2008 May;26(5):531-9 - pdf sur demande