

Cancer : une approche basée sur l'IA pour le développement de nouveaux médicaments

Un groupe de recherche international coordonné à l'Université de Lucerne a mis au point une nouvelle méthode de localisation et de traitement de différents types de cancer. Celle-ci combine l'utilisation de l'intelligence artificielle et de l'intelligence humaine.

Les médicaments théranostiques représentent une nouvelle approche dans le traitement du cancer. Ils permettent à la fois la localisation des tumeurs, l'établissement de pronostics sur l'évolution de la maladie, ainsi que le traitement et la surveillance du succès de la thérapie. Des exemples de tels médicaments sont ce que l'on appelle des radiotraceurs, comme l'iode radioactif pour le cancer de la thyroïde, le DOTATATE pour les tumeurs neuroendocrines et les ligands PSMA pour le cancer de la prostate. Ces radiotraceurs sont généralement administrés par voie intraveineuse et sont ensuite absorbés de manière ciblée par les cellules tumorales. Ils se désintègrent ensuite et émettent un rayonnement qui permet de visualiser spécifiquement les tumeurs et de les traiter.

Le « génome théranostique »

Le domaine des théranostiques se développe actuellement à grande vitesse ; cependant, il existe encore des lacunes importantes dans les connaissances sur les radiotraceurs disponibles ayant un potentiel théranostique ainsi que sur les cellules cancéreuses qui peuvent être particulièrement bien ciblées par ces traceurs. L'étude « The Theranostic Genome », dont les résultats ont été récemment présentés dans la revue spécialisée « Nature Communications » et sélectionnés comme « Editors' Highlight », comble désormais ces lacunes. Pour la première fois, la partie du patrimoine génétique humain qui peut être ciblée par des médicaments théranostiques et qui offre un potentiel élevé pour le développement de nouveaux médicaments anticancéreux est décrite. Le professeur Martin A. Walter explique : « Le génome théranostique représente une section spécifique du génome humain qui est cruciale à la fois pour le diagnostic du cancer et pour le traitement ». Le Dr. Walter, qui a dirigé le groupe de recherche, est professeur titulaire de sciences médicales à l'université de Lucerne et spécialiste en médecine nucléaire à la clinique Hirslanden St. Anna de Lucerne. Le génome théranostique comprend au total 257 gènes, ce qui représente 0,4 % du génome humain. Il contient 13 « familles de gènes » pertinentes qui jouent un rôle particulier dans le développement de différents types de tumeurs.

Combinaison de l'intelligence humaine et de l'intelligence artificielle

L'objectif de l'étude était d'identifier des agents théranostiques potentiels pour le traitement des tumeurs grâce à une analyse approfondie des informations du patrimoine génétique humain. Pour ce faire, le groupe de recherche a développé une nouvelle méthode qui

utilise l'intelligence artificielle (IA) pour comparer différentes bases de données de recherche, dont PubMed, Gene Expression Omnibus, DisGeNET, The Cancer Genome Atlas, et la base de données Molecular Imaging and Contrast Agent du NIH. Au total, les données de quelque 17 000 tissus humains ont été analysées pour déterminer leur affinité pour les médicaments théranostiques. Le Dr. Pablo Jané des Hôpitaux universitaires de Genève déclare à ce sujet : « L'utilisation ciblée de l'intelligence artificielle nous a permis d'extraire de grandes quantités de données de recherche et de les comparer entre elles. L'intelligence humaine est ensuite intervenue dans l'interprétation et l'obtention de connaissances à partir des données extraites ». La clinique Hirslanden St. Anna, qui entretient un partenariat de longue date avec l'Université de Lucerne, a joué un rôle important dans la réalisation des travaux de recherche. Ce partenariat vise notamment à créer des conditions optimales pour l'enseignement ainsi qu'à développer et à mettre en œuvre de nouveaux projets de recherche porteurs et pertinents pour la clinique. Dans le cas de l'étude sur le « Theranostic Genome », la clinique a notamment mis à disposition l'infrastructure nécessaire à sa réalisation.

De multiples perspectives pour le traitement du cancer

Dans le cadre de l'étude, il s'est avéré que le génome théranostique était significatif pour un grand nombre de cancers. En se basant sur ces informations, il est possible d'envisager à l'avenir des traitements anticancéreux intelligents, adaptables et spécialement approprié au génome unique de chaque patiente et patient. Xiaoying Xu, PhD, chercheuse principale à l'Université de Lucerne, déclare : « La description du génome théranostique permet de relever les défis existants dans le traitement du cancer en identifiant plus précisément des sous-populations de cancer qui peuvent à leur tour être traitées avec des médicaments théranostiques sur mesure ». Comme exemple d'une telle approche, la publication du groupe de recherche démontre comment différents stades du cancer de la prostate peuvent être particulièrement bien ciblés par différents radiotraceurs.

De manière générale, le groupe de recherche espère que le génome théranostique accélérera le développement de théranostics ciblés en réduisant les cycles et les coûts de développement, en diminuant les taux d'abandon dans le développement de médicaments et en facilitant la réutilisation de radiotraceurs existants pour des applications thérapeutiques. Outre le traitement du cancer, d'autres domaines d'application possibles se dessinent en outre, comme le traitement de maladies inflammatoires systémiques telles que la polyarthrite rhumatoïde.

Xiaoying Xu, Pablo Jané, Vincent Taelman, Eduardo Jané, Rebecca A. Dumont, Yonathan Garama, Francisco Kim, María del Val Gomez, Karim Gariani, Martin A. Walter

The Theranostic Genome

Nature Communications, 30 décembre 2024

[Télécharger le document en accès libre](#)

Renseignements :

Martin A. Walter, Directeur du groupe de recherche / Professeur titulaire de sciences médicales à l'Université de Lucerne et spécialiste en médecine nucléaire à la clinique Hirslanden St. Anna, Lucerne ; martin.walter@unilu.ch