

# Un catalogue de génomes ouvre la voie à un traitement personnalisé du cancer

Le projet international *Pan-Cancer Analysis of Whole Genomes* (analyse « pan-cancer » de génomes complets), qui coordonne les recherches de 37 pays, a permis de réaliser l'analyse de génomes entiers du cancer la plus exhaustive à ce jour. Des experts japonais participent à ce projet, essentiel à l'établissement des bases de la génomique du cancer.

Le cancer est une pathologie qui résulte d'une accumulation de mutations et d'anomalies des génomes, ces données génomiques de l'ADN qui déterminent le « schéma » de notre organisme. Pour mettre au point des thérapies et des médicaments sur mesure, il est essentiel de comprendre comment un génome sain mute pour devenir cancéreux.

Le projet international *Pan-Cancer Analysis of Whole Genomes* (PCAWG), auquel participent 37 pays, a analysé les données génomiques de 2 834 échantillons provenant de 38 types de cancer. Selon les résultats publiés en février de cette année, la recherche a identifié plus de 46 millions de variations de génome ainsi que leurs caractéristiques. Il s'agit d'une avancée sans

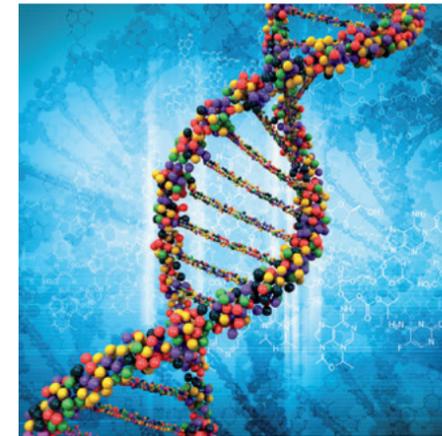
précédent qui pourrait constituer la base de traitements efficaces pour les patients atteints de cancer.

Plus de 1 300 chercheurs et ingénieurs spécialistes du cancer ont collaboré au projet. Le chef d'équipe du centre de sciences médicales intégratives de Riken, NAKAGAWA Hidewaki, figure parmi les participants japonais, aux côtés du Dr IMOTO Seiya, professeur

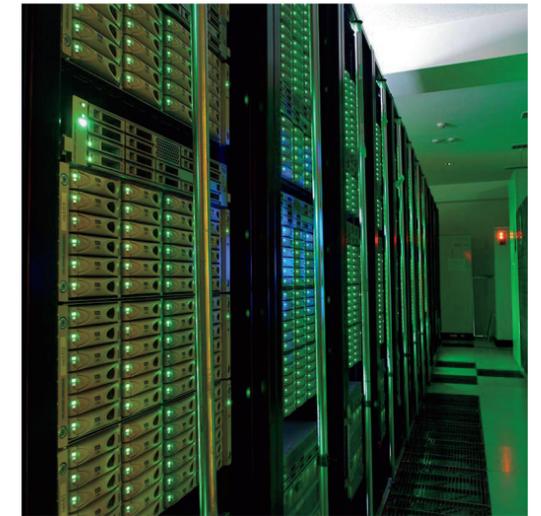
Selon M. Nakagawa, la régulation des réunions des membres du PCAWG ont permis de constituer un précieux réseau. (Boston, 2016)



M. Nakagawa : « Nous devons réfléchir à la manière dont ce projet peut s'appliquer au traitement du cancer. »



Chez les patients atteints du même type de cancer, l'efficacité des médicaments et leurs effets secondaires peuvent varier en fonction de légères différences dans la séquence de base du génome.



Dans le domaine des sciences de la vie, le SHIROKANE a une puissance de calcul supérieure à celle de tout autre supercalculateur au Japon. Sa dernière version, le Shirokane 5, a réduit de manière considérable le temps nécessaire à l'analyse des données d'un génome entier, passant de plus de 10 heures à seulement 1 heure 45.

à l'Institut des sciences médicales de l'université de Tokyo. Riken a par ailleurs fourni des données prélevées sur 270 patients souffrant d'un cancer du foie, ce qui représentait 10 % de l'ensemble des données.

Les caractéristiques individuelles des données de mutations identifiées par ordinateur ont été mises en lumière par seize groupes de travail. M. Nakagawa a codirigé l'équipe travaillant sur la réponse immunitaire au cancer et les mitochondries. Dans ce contexte, il a encadré de jeunes chercheurs du monde entier tout en apportant sa contribution aux analyses réalisées dans d'autres groupes.

« Ce projet est sans précédent en ce qu'il a permis d'établir des parallèles entre différents types de cancers grâce à un réseau d'envergure mondiale », explique M. Nakagawa, avant d'ajouter : « Nous avons réussi à identifier par déduction les processus à l'origine des mutations dans différents types de cancer, ainsi que leurs similitudes, alors que jusqu'à présent, notre compréhension de ce phénomène était limitée. J'espère que cette recherche conduira à la mise au point de médicaments et de traitements nouveaux, adaptés à chaque patient. »

Pour constituer la base de données, il a fallu analyser une quantité colossale de données, mission qui se serait

révélée impossible sans les progrès technologiques et la coopération internationale. Dix supercalculateurs à travers le monde, dont le SHIROKANE de l'université de Tokyo, ont permis de réaliser cette analyse d'une envergure inédite.

Le Dr Imoto évoque le projet en ces termes : « C'est la première fois qu'une telle quantité de données génomiques a été mise en commun à l'échelle internationale. Lorsque deux groupes travaillent sur les mêmes données, celles-ci doivent être analysées avec les mêmes méthodes, c'est-à-dire avec des logiciels identiques. Au Japon, nous avons apporté un soin extrême à la configuration du système, que nous avons ensuite partagé avec nos collaborateurs du monde entier. Cette contribution a été déterminante. »

Dans l'absolu, un cancer est une variation génomique parmi d'autres. Un même médicament peut avoir des actions différentes sur deux patients atteints du même type de cancer si leurs mutations présentent des caractéristiques distinctes. La constitution d'un « catalogue des cancers » va permettre de cibler les mutations associées au cancer d'un patient donné. Nous sommes à l'aube d'une ère où il sera possible d'adapter les traitements au génome de chaque individu. ✨



Le Dr Imoto, de l'université de Tokyo. « Les progrès technologiques spectaculaires de notre époque ont permis d'aboutir à l'analyse de génomes entiers », déclare-t-il.