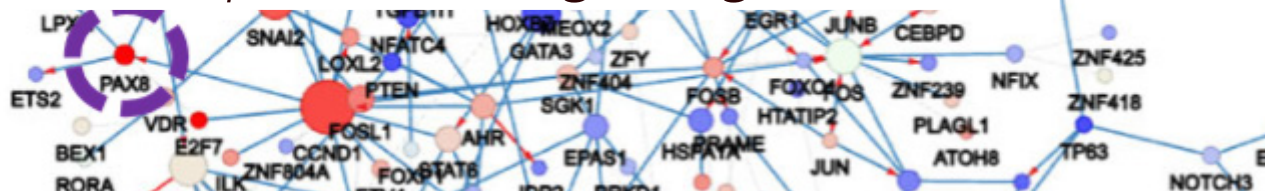




# Intelligence artificielle et cancer du cerveau

## Une nouvelle cartographie devrait révolutionner le diagnostic et la prise en charge du glioblastome



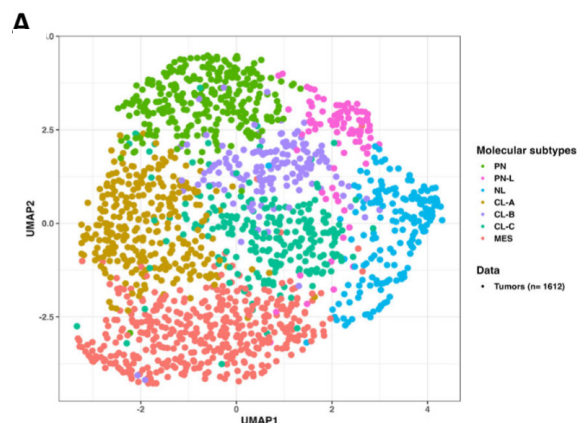
Alors que le glioblastome est une tumeur cérébrale très agressive qui laisse aujourd'hui peu d'espoir de guérison, des chercheurs du laboratoire CANTHER (CNRS / Inserm/ Université de Lille / CHU de Lille / Institut Pasteur de Lille) et du Laboratoire de Bioimagerie et Pathologies (CNRS / Université de Strasbourg) sont parvenus à identifier différentes formes de cette tumeur et à les cartographier précisément en analysant l'activité des facteurs de régulation génétique. Ces nouvelles données ouvrent la voie à une meilleure prise en charge de ce cancer et au développement de nouveaux traitements plus ciblés.

Le glioblastome est la tumeur du cerveau la plus fréquente mais également la plus agressive. Chaque année, environ 3500 nouveaux cas sont diagnostiqués en France. Aujourd'hui malgré de nombreuses avancées scientifiques, cette tumeur demeure incurable en raison d'une forte hétérogénéité moléculaire et cellulaire, qui complique l'emploi de schémas thérapeutiques standards. « Le problème est que chaque tumeur est particulière : les gènes exprimés sont nombreux et différents, forment un réseau complexe d'interactions. Nos travaux révèlent une hiérarchie contrôlée par des « master régulateurs » – molécules clés hyperconnectées – qui maintiennent activement la tumeur » explique Mohamed Elati, chef de l'équipe « Systèmes digitaux & Cancer Computational » du laboratoire CANTHER à Lille. Cherchant à catégoriser les tumeurs afin d'affiner les traitements, les scientifiques étaient pour le moment parvenus à identifier 4 sous-groupes tumoraux en fonction des profils transcriptionnels (expression des gènes) des patients. Mais certains groupes restaient encore très hétérogènes. Dans cette nouvelle étude, les chercheurs se sont focalisés sur l'activité de molécules régulatrices, les facteurs de transcription, qui interagissent avec nos gènes, activant ou inhibant leur expression. Sur les 2375 facteurs de transcription et cofacteurs présents chez l'homme, 539 sont actifs dans les mécanismes tumoraux du glioblastome. Grâce à l'IA et au machine learning en particulier, les chercheurs ont pu unifier les données de 16 études internationales menées sur plusieurs années (soit environ 1600 patients). Cette approche a permis d'établir la plus grande cartographie à ce jour de l'activité transcriptionnelle du glioblastome, et d'identifier cette fois pas moins de 7

sous-types de tumeurs, chacun associé à des mécanismes biologiques spécifiques et à un pronostic différent (voir figure).

Cet outil bioinformatique, mis à la disposition de la communauté scientifique et baptisé GBM-cRegMap, a pour finalité de déterminer précisément, à partir de données moléculaires individuelles, les caractéristiques de la tumeur au moment de sa détection mais également après traitement au moment de la récurrence. Des données précieuses pour mieux comprendre les mécanismes du glioblastome et de son évolution, mais également pour le développement de thérapies plus personnalisées.

Cette carte laisse également apparaître que les modèles précliniques actuels (modèles cellulaires simulant la tumeur et permettant de tester de nouvelles thérapies) ne répondraient pas, en réalité, à tous les types de tumeurs identifiés, soulignant la nécessité de développer de nouvelles lignées cellulaires.



Cartographie de l'activité des facteurs de transcription des 1600 cas recensés. Chaque couleur est associée à un type de tumeur précis aux mécanismes spécifiques.

### En savoir plus :

- A coregulatory influence map of glioblastoma heterogeneity and plasticity. C. Bernhard et al. NPJ | Precision oncology. Nature cross-journal Collection « Applications of Artificial Intelligence in Cancer ».
- L'outil est disponible en ligne : <https://gbm.cregmap.com>

### Contacts presse

Elodie Legrand  
Chargée des relations presse  
Université de Lille  
06 71 75 45 27  
[relationspresse@univ-lille](mailto:relationspresse@univ-lille)

Mohamed Elati, Professeur  
Responsable de l'équipe DISCO (Systèmes digitaux & Cancer Computational)  
Laboratoire CANTHER - UMR9020 CNRS/U1277  
Inserm/Université de Lille/CHU de Lille  
[mohamed.elati@univ-lille.fr](mailto:mohamed.elati@univ-lille.fr)

