

Le Prix Leenaards balise le futur de la médecine personnalisée

La fondation a accordé son soutien à trois équipes qui se partagent

1,5 million de francs. Cinq boursiers ont aussi été distingués.

STÉPHANE GACHET

À LAUSANNE

La fleur de la recherche médicale de l'Arc lémanique a reçu sa dose d'engrais printanier. Cette année, la Fondation Leenaards a distribué ses bienfaits à trois équipes, qui se partageront 1,5 million de francs. Trois projets, dont le point commun est de mettre la transdisciplinarité et la génétique au service de la médecine personnalisée, dans des domaines aussi divers que l'hépatite C, l'angiogenèse tumorale (vaisseaux sanguins impliqués dans la croissance des métastases) ou le lymphome. Autre dénominateur commun, toutes les équipes participent au rayonnement lémanique en associant des spécialistes de Lausanne et de Genève. Des collaborations inter-campus par ailleurs toutes établies pour l'occasion.

Autre point à l'ordre du jour de la célébration tenue hier à Lausanne, cinq bourses ont été décernées à des chercheurs du CHUV, visant à renforcer la relève académique en médecine clinique. Un volet garni cette année de 1,6 million de francs, qui seront répartis selon les besoins des lauréats, à raison d'une moyenne de 800.000 à 900.000 francs par année, les bourses s'étirant sur des durées

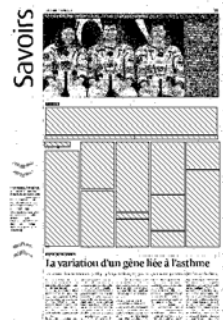
de deux à cinq ans. «L'objectif est de favoriser l'accès à la carrière académique et de soutenir la création de postes de médecins cadres», détaille Philippe Steiner, directeur de la fondation depuis 2003. Car, aussi dynamique que soit l'Arc lémanique, retenir les talents ne va pas de soi. «Nous voulons faire revenir les scientifiques de grandes valeurs», entonne le professeur Bernard Chapuis, président de la commission scientifique de la fondation. «Les sirènes des grands pôles mondiaux, dont Singapour, chantent jusqu'ici», enchaîne Philippe Steiner.

La lutte contre l'hépatite C passe par le génotypage

Revenons aux équipes de chercheurs primés, qui ont joué, hier, le jeu du pitch express. Le docteur Pierre-Yves Bochud, médecin associé au Service des maladies infectieuses du CHUV, également lauréat d'une bourse, a ouvert les feux avec l'hépatite C. Près de 3% de la population mondiale est touchée, soit 170 millions d'individus, dont quelque 70.000 en Suisse. L'infection présente une variabilité individuelle qualifiée de «remarquable», allant de l'élimination spontanée à l'atteinte chronique, dérivant à terme en cancer ou cirrhose. Aucun vaccin n'existe pour l'heure, et l'effet des

traitements antiviraux se montre inconstante. Les facteurs génétiques sont présumés coupables de la volatilité de l'interaction entre hôte et virus et, partant, des réponses immunitaires à l'infection. L'objectif est de mettre au jour ces déterminants pour aboutir à une médecine prédictive et des thérapies ciblées. Un défi pour les docteurs Pierre-Yves Bochud, Patrick Descombes (Centre médical de l'Université de Genève) et Sven Bergmann (Université de Lausanne et Institut suisse de bioinformatique), qui oeuvreront en collaboration avec la Cohorte suisse «Hépatite C». Le soutien de la fondation donne le coup d'envoi à une vaste campagne de génotypage: 1200 patients, 370.000 marqueurs génétiques pour un total de 500 millions de génotypes passé aux cribles des Microarrays (puces à ADN).

L'imagerie démêlera le nœud des vaisseaux tumoraux



Autre atteinte, autre péril. Le cancer touche 40% de la population suisse. La maladie est diagnostiquée chez plus de 34.000 personnes chaque année, dont seule une moitié en réchappe. L'un des nœuds du mal se trouve dans l'angiogenèse tumorale, autrement dit la création de vaisseaux sanguins accompagnant les besoins en nutriments des métastases. L'écheveau a trouvé ses nouveaux démêleurs, les docteurs John Prior (Service de médecine nucléaire) et Yann Seimbille (Unité cyclotron de l'Hôpital universitaire de Genève) et les professeurs Olivier Michielin (Institut suisse de bioinformatique) et Curzio Rüegg (Division d'oncologie expérimentale du CHUV). L'objectif étant de servir les thérapies personnalisées s'attaquant directement à l'angiogenèse tumorale, dont les premières tentatives ouvrent une voie prometteuses pour des traitements mieux tolérés que les chimiothérapies. A terme, le procédé d'identification visuelle

devrait également permettre de réduire drastiquement le temps de mise au point des médicaments. Le projet repose sur deux piliers principaux. La bioinformatique servira l'optimisation de molécules traceuses, via la modélisation moléculaire. La tomographie, technique d'imagerie de médecine nucléaire, permettra de tracer de façon non invasive lesdites molécules, marquées radioactivement.

Un registre romand contre les cancers les plus agressifs

Oncologie toujours. Les docteurs Bertrand Huard (HUG), Jean-François Lambert (CHUV), Nathalie Garin (EPFL) et Pierre Farmer (ISREC et Institut suisse de bioinformatique) s'attaquent à l'une des formes de cancers les plus agressives. Direction les lymphomes, simplement dit «les cancers s'attaquant aux cellules et aux organes dont dépendent les réactions de défense du corps humain». Un type de cancer dont l'incidence

est par ailleurs en constante augmentation (+73% depuis 1973). Dans le cas le plus répandu, le lymphome B, les réponses aux traitements actuels, mêlant l'immunothérapie à la chimiothérapie, demeurent hétérogènes: 40% y succombent toujours. L'espoir repose sur l'identification des gènes responsables de la résistance du lymphome. L'objectif est, là aussi, de participer à l'avancée d'une médecine personnalisée. Et là aussi, la transdisciplinarité est au cœur de la recherche, s'agissant de quantifier de manière automatique le dosage d'«APRIL», une molécule identifiée comme indicateur fiable de l'agressivité des lymphomes. A plus large échelle, l'objectif est d'établir un registre romand de profils génétiques permettant de saisir le rôle de ladite molécule. Un outil de diagnostic précoce est peut-être au bout du projet.

[s.gachet@agefi.com]