

UNE BANQUE EN LIBRE ACCÈS POUR COMPRENDRE LE DIABÈTE

Publié le 28 octobre 2021



par Daily Science

Des scientifiques du monde entier se sont associés pour créer TIGER, une vaste base de données rassemblant des informations génomiques sur les îlots pancréatiques qui jouent un rôle essentiel dans le diabète. Miriam Cnop, Directrice du « [ULB Center for Diabetes Research](#) » est la coordinatrice de ce projet qui met en lumière les mécanismes moléculaires à l'origine du diabète. Cette nouvelle ressource est une première étape pouvant conduire au développement de nouveaux médicaments.

Identifier les régions génomiques responsables

Le diabète touche plus de 463 millions de personnes dans le monde. Il s'agit d'un trouble métabolique complexe qui est fortement lié à l'obésité, à l'âge et à la sédentarité. En outre, le fait d'avoir des antécédents familiaux de diabète augmente considérablement le risque, ce qui met en

évidence le rôle essentiel des facteurs génétiques.

De gros efforts ont été réalisés ces dernières décennies pour découvrir les causes génétiques de cette maladie. Le défi consiste à identifier les régions génomiques associées au diabète. En analysant jusqu'à un million de cas de diabète de type 2 et de témoins, plusieurs centaines de variantes génomiques ont été identifiées, mais pour la grande majorité, on ne sait pas comment ces variantes d'ADN augmentent le risque de diabète.

Les îlots pancréatiques dans le viseur

Pour améliorer cela, des scientifiques ont créé [TIGER \(Translational human pancreatic Islet Genotype tissue-Expression Resource\)](#), fruit du [consortium Horizon 2020 T2DSystems](#), financé par la Commission européenne, et coordonnée par Pre Miriam Cnop. Les scientifiques du consortium se sont associés pour rassembler les données génomiques des îlots pancréatiques. Ceux-ci sont, en effet, les cellules les plus pertinentes en ce qui concerne le diabète.

Les scientifiques viennent de publier les [résultats de leurs travaux](#). TIGER rassemble des données génomiques et d'expression génique de plus de 500 échantillons d'îlots humains. De quoi mettre en lumière les mécanismes moléculaires à l'origine du développement du diabète et catalyser la recherche de cibles thérapeutiques pour différents types de diabète.

La plus grande banque de données, en libre accès

« Cette étude n'a été possible que grâce à une collaboration internationale, qui a permis d'avoir accès à des îlots pancréatiques et à une expertise en matière de recherche clinique, de génomique, de bio-informatique, de biologie cellulaire et moléculaire et de statistiques », explique Pre Miriam Cnop.

TIGER est l'une des plus grandes, sinon la plus grande, ressources d'îlots pancréatiques à ce jour, dans laquelle 32 nouveaux gènes cibles ont été identifiés comme pouvant contribuer au risque de diabète de type 2. Il s'agit de la première étape vers la compréhension de la manière dont chacune de ces variantes génétiques augmente le risque de diabète de type 2, afin de conduire potentiellement au développement de nouveaux médicaments.

« Ce fut un défi fascinant de rassembler toutes ces données, de les harmoniser et de tirer parti de la grande puissance statistique que peut offrir un échantillon de cette taille », déclare Anthony Piron, chercheur au sein du « Machine learning group » de l'ULB. « Cela ne fut possible qu'en utilisant les ressources du [Barcelona Supercomputing Center](#). »

Il est important de noter que les chercheurs ont mis ces données à la disposition du public et qu'elles sont facilement accessibles à la communauté des chercheurs sur le diabète par le biais du [portail web TIGER](#), ce qui facilite l'accès aux résultats de ces recherches et leur interprétation. Et ce, sans avoir besoin d'une expertise informatique ou bio-informatique.