

**Aux représentantes  
et représentants des médias**

## COMMUNIQUÉ DE PRESSE

**ATTENTION EMBARGO : Ne pas publier avant le 10 juin 2021 à 11:00 heure suisse (10 AM BST)**

### Une génétique prédictive grâce à l'intelligence artificielle

**Neuchâtel, le 10 juin 2021. Prédire grâce à l'intelligence artificielle les réarrangements chromosomiques pouvant survenir spontanément lors de la reproduction d'un organisme ! C'est la prouesse réalisée par une équipe de l'Université de Neuchâtel qui a « entraîné » un programme informatique à prédire l'emplacement de modifications de l'ADN dans la progéniture d'un champignon pathogène. Ses résultats sont publiés dans la revue *Nature Communications*.**

C'est une première du genre ! Appliquer en génétique le *machine learning*, consistant à « entraîner » un logiciel à livrer des résultats pour lesquels il n'est pas spécifiquement programmé à l'origine. Cette méthode d'intelligence artificielle a été utilisée pour prédire l'emplacement des modifications du code génétique dans la progéniture d'un champignon pathogène.

L'équipe de Daniel Croll, professeur du Laboratoire de génétique évolutive de l'Université de Neuchâtel, l'a d'abord testée sur *Zymoseptoria tritici*, le champignon vecteur de la septoriose du blé, un fléau qui rien qu'en Europe est responsable de 5 à 10% de pertes annuelles dans les récoltes.

Or ces pertes résultent de la résistance du pathogène à différents pesticides, résistance dont l'émergence est liée entre autres à des réarrangements chromosomiques chez le champignon. D'où l'intérêt du post-doctorant Thomas Badet et de ses collègues de tester une approche de génétique prédictive sur ce champignon pathogène.

Pour ce faire, les biologistes de l'Université de Neuchâtel ont soumis à un programme informatique une trentaine de caractéristiques chromosomiques recueillies sur plusieurs individus du champignon. Ces caractéristiques sont susceptibles d'être à l'origine de réarrangements chromosomiques qui surviendraient dans les générations futures. Après le processus d'apprentissage, le programme était capable, en voyant un génome donné, de prédire où se trouveraient avec précision des réarrangements dans l'ADN des générations successives du champignon.

Daniel Croll et ses collègues ont produit des lignées de champignons pour comparer les résultats. Succès total ! «Après analyse de l'ADN des progénitures du champignon, nous avons réussi à prédire les 99% de certains types de changements spontanés survenus», se réjouit Daniel Croll.

Dans la lancée, les biologistes ont testé la méthode sur *Arabidopsis thaliana*, connue pour être une plante cobaye de laboratoire. Mais avec un objectif plus fondamental : demander à la machine de prédire, après avoir compilé huit génomes 'parfaits' de la plante, où des réarrangements pourraient apparaître chez une arabette prise au hasard. Et les résultats sont excellents. «Le modèle informatique a pu prédire plus de 74% des réarrangements chromosomiques», poursuit Daniel Croll.

La méthode de prédiction pourrait bien ne pas se limiter à la biologie végétale et s'appliquer dans le futur en médecine humaine. Daniel Croll ne s'en cache pas : «les changements spontanés de l'ADN survenant lors de la multiplication des cellules sont souvent à l'origine de maladies héréditaires et de cancers. Pouvoir les prédire serait d'une grande aide pour la médecine.»

Reste que la méthode de l'Université de Neuchâtel dépend d'une condition impérative : il faut entièrement connaître, dans le moindre détail, le génome de l'organisme que l'on étudie pour une prédiction fiable. C'est effectivement le cas du champignon pathogène et d'*Arabidopsis*. Mais pas encore pour l'être humain, bien qu'une très grande partie de son ADN a déjà été décodée.

**Référence scientifique :**

Badet T, Fouché S, Hartmann FE, Zala M, Croll D. 2021. *Machine-learning predicts genomic determinants of meiosis-driven structural variation in a eukaryotic pathogen*. Nature Communications.

**Contacts :**

Prof. Daniel Croll, Laboratoire de génétique évolutive

Tél. +41 32 718 23 30 ; [daniel.croll@unine.ch](mailto:daniel.croll@unine.ch)

@danielcroll

[www.pathogen-genomics.org](http://www.pathogen-genomics.org)

Dr Thomas Badet, Laboratoire de génétique évolutive

Tél. +41 32 718 23 48 ; [thomas.badet@unine.ch](mailto:thomas.badet@unine.ch)