

# Les Jeunes Talents du SIRIC

**Jean-Baptiste Alberge** « J'apprécie l'aspect collaboratif, mais j'aime aussi apporter une expertise et un aspect technique sur des sujets très pointus »  
Doctorant

**La génomique du myélome multiple. C'est la thématique de recherche qu'a choisie Jean-Baptiste Alberge, doctorant en bio-informatique au sein du programme PISTER.**



J'ai commencé mes études supérieures par une classe préparatoire en mathématiques, un domaine assez éloigné de la recherche biomédicale. J'ai ensuite intégré l'Ecole Centrale de Nantes, où j'ai eu l'opportunité de faire mon alternance chez Sanofi pendant 3 ans. Cette immersion dans le milieu professionnel m'a permis de découvrir la biologie et notamment le séquençage de l'ADN, ce qui m'a plu et motivé pour me spécialiser en bio-informatique. Le milieu de la recherche et le contact avec les chercheurs sont également des éléments que j'ai beaucoup appréciés. Après l'obtention de mon diplôme d'ingénieur en 2017, j'ai alors décidé de faire une thèse dans l'équipe de Stéphane Minvielle très impliquée dans le SIRIC ILIAD. Mes travaux se concentrent sur la génomique du myélome multiple et son évolution au cours de la maladie, et plus particulièrement sur l'hétérogénéité tumorale.

## Mieux comprendre la tumeur pour mieux la combattre

Mes recherches consistent à utiliser l'outil informatique pour comprendre l'hétérogénéité génomique d'une tumeur et décrire la résistance aux traitements de certaines sous-populations de cellules tumorales. En pratique, nous séquençons l'ARN (pour mesurer le niveau d'expression des gènes) d'une seule et unique cellule. C'est ce qu'on appelle le « [single-cell sequencing](#) ». Cela permet de déterminer les différences d'expression des gènes d'une cellule à l'autre au sein de la tumeur et de classer ces cellules dans des sous-populations selon leurs ressemblances et leurs différences. En collaboration avec l'équipe 10 du CRCINA et l'équipe canadienne de Nizar Jacques Bahlis, nous comparons l'hétérogénéité tumorale avant et après traitement anti-cancéreux, comme le venetoclax par exemple. Ainsi, nous déterminons si les cellules résistantes ont un profil génétique particulier. L'objectif est de réaliser une base de données des sous-populations qui sont résistantes ou sensibles au traitement, pour à terme prédire la réponse de la tumeur au traitement.

## Le SIRIC ILIAD : le trait d'union entre le soin et la recherche

Ce qui m'a motivé à faire cette thèse, c'est l'interdisciplinarité. J'apprécie l'aspect collaboratif, notamment avec les médecins, mais j'aime aussi apporter une expertise et un aspect technique sur des sujets très pointus. Le SIRIC ILIAD, permet d'unir les équipes de recherche autour d'objectifs communs centrés sur les malades.

### Dates importantes :

- **Décembre 2017** : Intégration dans le programme PISTER du SIRIC ILIAD
- **2017** : Diplôme d'ingénieur, Digital sciences for Life Sciences and Healthcare
- **2014-2017** : Apprenti en recherche et développement, Sanofi

### Projet de thèse :

- **Domaine d'étude** : Biologie médecine santé
- **Sujet** : Etudes des mécanismes de l'initiation et de la progression du myélome multiple par transcriptomique en cellule-unique et cartographie de l'hydroxyméthylome.
- **Directeurs** : Stéphane Minvielle ([Laboratoire CRCINA](#)) & Aurélien Sérandour ([Ecole Centrale de Nantes](#))
- **Communications** : Alberge, J. B., Sinha, S., Maity, R., Jaffer, A., Donovan, J., Kong, M., ... & Bahlis, N. (2019). IGLL5-BCL2L1 Rearrangement with Loss of BCL2 Dependency As Mechanism of Venetoclax Resistance in Multiple Myeloma (MM).