Analyse génomique de la résistance aux médicaments de Plasmodium falciparum

Publié le 19.02.10 | Par Gilles Camus

Cette brève présente une large étude génomique réalisée en 2010 sur la résistance aux traitements actuels de l'agent responsable du paludisme.

Le paludisme ou malaria est dû à des parasites protozoaires du genre *Plasmodium*. S'il en existe de nombreuses espèces, seul un petit nombre d'entre elles provoque le paludisme chez l'Homme (diagnostic microscopique du paludisme). La forme la plus redoutable de la maladie est provoquée par *Plasmodium falciparum*. Elle est caractérisée, entre autre, par une fièvre tierce, les pics de fièvre alternant avec des périodes de retour à une température corporelle normale suivant un cycle qui dure trois jours (voir le cycle du parasite).

Aucun vaccin n'étant encore disponible pour le moment, la lutte contre cette maladie passe, aujourd'hui encore, par l'éradication de son vecteur, les moustiques du genre *Anopheles*, et par divers médicaments antipaludéens dont les célèbres quinine et chloroquine. Malheureusement, l'usage de ces médicaments a entraîné l'apparition de souches résistantes vis-à-vis de la plupart des molécules disponibles. Pour tenter de mieux comprendre quels sont les mécanismes à la base de la grande adaptabilité de ce parasite, une étude d'association pangénomique (GWAS, *Genome-Wide Association Study*) vient d'être réalisée et publiée pour *Plasmodium falciparum*.

La technique GWAS consiste à chercher dans tout le génome des associations entre un caractère particulier (ici la résistance aux médicaments) et certains gènes. Basiquement, cela revient à chercher des points statistiquement communs dans le génome de la population présentant le caractère étudié **[1]**. Cette technique a pour avantage qu'elle peut déboucher sur des associations imprévues (puisqu'on analyse le génome sans a priori, et non un ou plusieurs gène(s) soupçonné(s) d'être impliqué(s)), mais elle est lourde à mettre en œuvre.

Dans l'étude publiée en 2010 dans la revue *Nature Genetics,* 189 souches de *Plasmodium* provenant d'Asie, d'Afrique et d'Amérique ont été analysées. Cette étude a permis d'identifier des loci statistiquement associés avec la résistance aux médicaments. Cette découverte ouvre un champ d'étude important dont le but est bien entendu de parvenir à comprendre les mécanismes d'acquisition de la résistance aux médicaments pour mieux lutter contre.

Source : Mu, J., Myers, R., Jiang, H. *et al.* *Plasmodium falciparum* genome-wide scans for positive selection, recombination hot spots and resistance to antimalarial drugs. *Nat Genet* **42**, 268–271 (2010). https://doi.org/10.1038/ng.528

CRÉDITS

AUTEUR(S)/AUTRICE(S) ET MISE EN LIGNE

Gilles Camus

Professeur agrégé de SVT. Il a été le responsable éditorial du site Planet-Vie de 2004 à 2016.

LICENCE DU TEXTE DE L'ARTICLE

VOIR MENTIONS LÉGALES

NOTES

1 Le détail du principe des études d'association pangénomique est présenté dans l'article *L'approche par étude de cohorte dans l'identification des gènes responsables de maladies humaines*