



Tuberculose : les origines de souches multi-résistantes aux antibiotiques dévoilées

Une étude s'est intéressée à l'histoire évolutive de la mycobactérie responsable de la tuberculose et plus particulièrement à la lignée Beijing associée à la propagation des formes résistantes aux antibiotiques de la maladie en Eurasie. Tout en confirmant l'origine asiatique de cette lignée, les résultats indiquent que la population bactérienne a connu d'importantes variations coïncidant avec des événements clés de l'histoire humaine. Ils démontrent également que deux souches multi-résistantes ont démarré leur expansion lors de l'effondrement du système de santé publique en URSS et mettent donc en exergue la nécessité de maintenir les efforts de lutte contre la tuberculose. Enfin, ces travaux ont permis l'identification de nouvelles cibles potentielles pour le traitement et le diagnostic de la maladie.

L'étude qui a été menée par des chercheurs du Centre d'infection et d'immunité de Lille (CNRS/Institut Pasteur de Lille/Inserm/Université de Lille) et de l'Institut de systématique, évolution, biodiversité (CNRS/Muséum national d'Histoire naturelle/UPMC/EPHE), en collaboration avec un large consortium international¹, a été publiée le 19 janvier dans la revue *Nature Genetics*.

La tuberculose reste un problème de santé majeur. Cette maladie est responsable de près d'un million et demi de morts par an et des souches de l'agent infectieux de plus en plus résistantes aux antibiotiques apparaissent. La lignée de souches dite Beijing est en particulier massivement associée à la propagation de la tuberculose multi- et ultra-résistante en Eurasie.

En étudiant les empreintes génétiques² de près de 5 000 souches de cette lignée, issues de 99 pays (soit la plus grande collection analysée à ce jour³), puis en analysant plus en détail une centaine de génomes bactériens, les auteurs de cette étude ont pu identifier son foyer originel et retracer les étapes principales de son expansion.

Les résultats des analyses génétiques indiquent que la lignée Beijing a émergé il y a près de 7 000 ans dans une région comprise entre le nord-est de la Chine, la Corée et le Japon et qu'elle s'est propagée dans le reste du monde par vagues successives, associées à des mouvements historiques de populations humaines vers l'est et l'ouest.

À l'époque contemporaine, la population bactérienne a d'abord vu ses effectifs s'accroître lors de la révolution industrielle et de la première guerre mondiale, ces phases d'expansion étant vraisemblablement liées à l'augmentation de la densité humaine et aux privations respectivement associées à ces épisodes.

L'unique phase de décline observée ensuite concorde avec l'utilisation

généralisée des antibiotiques dans les années 60. Ce déclin s'est interrompu à la fin des années 80, en lien avec l'épidémie de sida et avec l'apparition de la multi-résistance aux antibiotiques.

L'étude a également montré que deux souches plus particulièrement associées à cette multi-résistance ont commencé à se propager de façon épidémique en Asie centrale ainsi qu'en Europe de l'Est à une époque récente coïncidant avec l'effondrement du système de santé publique en URSS.

Ces résultats soulignent l'importance de maintenir le système de lutte contre la

maladie au plus haut niveau d'efficacité et de développer de nouveaux moyens diagnostiques et de traitement plus efficaces.

Dans cette perspective, les chercheurs ont identifié une série de mutations et de gènes possiblement associés à la propagation épidémique et à la résistance aux antibiotiques.

Ces gènes constituent des cibles potentielles de traitement et de développement de nouveaux moyens de diagnostic plus rapides de la multi-résistance aux antibiotiques basés sur le séquençage génomique.

¹ Consortium également mené par le Research Center Borstel (Allemagne).

² Les analyses ont été faites sur la base d'une méthode moléculaire standardisée internationalement par l'équipe du Centre

d'infection et d'immunité de Lille, en collaboration avec la société Genoscreen.
³ Cette collection a été constituée grâce à un consortium international dont fait partie le Center for Disease Control aux États-Unis.

Bibliographie

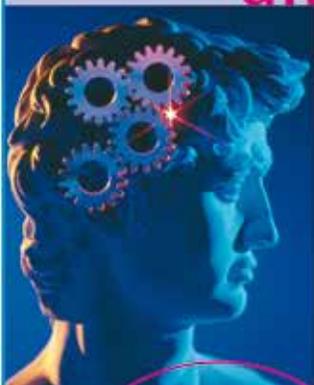
Evolutionary history and global spread of the Mycobacterium tuberculosis Beijing lineage, M. Merker et al., *Nature Genetics*, 19 janvier 2015 - <http://nature.com/articles/doi:10.1038/ng.3195>

Contact

Chercheur CNRS
Philip Supply - philip.supply@ibl.cnrs.fr
Chercheur
Thierry Wirth - wirth@mnhn.fr
Presse CNRS
Lucie Debroux - lucie.debroux@cnrs-dir.fr

La Qualité

une tradition



Ceci est vrai pour toute la gamme de matériel de laboratoire GFL, développée et fabriquée depuis plus de 45 ans exclusivement sur notre site en Allemagne. Nos gammes reflètent notre sens aigu de la pratique quotidienne jusque dans le détail, des améliorations techniques permanentes ainsi que notre exigence en matière de choix des matériaux, de fonctionnalité et de design irréprochable. La certification DIN EN ISO 9001:2008 assure la qualité constante de tout le matériel de laboratoire GFL.

Les utilisateurs en laboratoires de recherche, de routine et de contrôle bénéficient de la diversité, de la précision et de la longévité de tous les produits GFL. Un réseau mondial de partenaires commerciaux et SAV assure notre présence aux côtés des clients. Nos équipements sont en service dans plus de 150 pays du monde.

- Congélateurs
- Bains-marie
- Bains-marie à agitation
- Appareils à eau distillée
- Incubateurs
- Secoueurs



ACHEMA 2015
15-19 juin 2015
Francfort / Main, Allemagne
Hall 4.1 / Stand D 50



GFL Gesellschaft für Labortechnik mbH · Schulze-Delitzsch-Strasse 4 · 30938 Burgwedel / Allemagne
Téléphone +49 (0)5139 / 99 58 - 0 · Téléfax +49 (0)5139 / 99 58 21 · E-Mail: info@GFL.de · www.GFL.de