



Diabète-hypertension :

la génétique identifie les personnes à haut risque et ouvre la voie à une prévention personnalisée

L'hypertension artérielle et le diabète sont souvent associés, augmentant fortement le risque d'AVC et d'atteinte rénale grave. Des chercheurs de Surrey (Royaume Uni) et de Lille au sein de l'unité « Multi-omique et physiopathologie des maladies métaboliques (Inserm/CNRS/Université de Lille/CHU de Lille/Institut Pasteur Lille) », mettent en évidence cinq voies biologiques expliquant pourquoi le diabète de type 2 et l'hypertension coexistent si fréquemment. En combinant certaines signatures génétiques, ils identifient ainsi des personnes dont le risque de développer ces deux maladies est plus de deux fois supérieur aux autres, ouvrant la voie à une prévention plus précoce et plus personnalisée.

Le diabète de type 2 et l'hypertension artérielle comptent parmi les maladies chroniques les plus répandues dans le monde : des centaines de millions de personnes vivent avec ces deux affections simultanément. Jusqu'à présent, ce chevauchement était souvent attribué au surpoids et au mode de vie sédentaire, avec consommation excessive de sel et de sucres. Une étude génétique publiée le 9 février dans *Nature Communications* montre un terrain prédisposant complexe : plusieurs mécanismes biologiques distincts peuvent conduire à l'association diabète-hypertension, et leur identification améliore la capacité à repérer précocement les personnes les plus à risque.

Dans une analyse à grande échelle menée notamment par l'équipe du Pr Froguel et du Pr Inga Prokopenko du Centre National de Médecine de Précision de Diabète PreciDIAB, les scientifiques ont analysé 1 304 profils génétiques indépendants associant diabète de type 2 et hypertension artérielle, puis les ont regroupés en fonction de leurs effets mécanistiques sur un large éventail de

paramètres métaboliques et cardiovasculaires. Les chercheurs ont ainsi identifié cinq grands profils de risque génétique correspondant à des mécanismes biologiques différents. Certains sont liés au syndrome métabolique, à une production insuffisante d'insuline, à un excès de masse grasse ou à un dysfonctionnement des vaisseaux sanguins. L'étude montre également que ces profils impliquent des tissus et des voies biologiques dépassant le seul métabolisme, notamment ceux liés à la fonction thyroïdienne et au développement précoce, soulignant la diversité des origines biologiques du risque. Le professeur Philippe Froguel, auteur senior à l'Université de Lille et à l'Imperial College London, commente : « Ces résultats renforcent la nécessité de considérer que la comorbidité cardiométabolique n'a pas une cause unique. La génétique permet de mieux comprendre cette complexité et d'orienter une prévention et une prise en charge plus personnalisées, fondées sur les mécanismes biologiques en jeu. ».

L'équipe rappelle que la génétique ne constitue qu'une partie de l'équation : l'environnement, les comportements et les antécédents médicaux restent des facteurs essentiels, en plus des déterminants génétiques. Néanmoins, cette étude propose un cadre évolutif pour comprendre et potentiellement prédire la comorbidité cardiométabolique d'une manière plus étroitement alignée sur les mécanismes biologiques.

— En savoir plus :

➤ Partitioned polygenic scores show mechanistic heterogeneity in type 2 diabetes and hypertension comorbidity. V. Pascot et al. **Nature communications**

Contacts presse

Lisa Mochon
Responsable communication
PreciDIAB
03 74 00 80 51
lisa.mochon@univ-lille.fr

Philippe Froguel, Professeur
Responsable Scientifique et Technique de PreciDIAB
Unité 1283/8199 « Multi-omique et physiopathologie des maladies métaboliques »
(Inserm/CNRS/Université de Lille/CHU de Lille/Institut Pasteur Lille)
philippe.froguel@cnrs.fr