



MUSÉUM
NATIONAL D'HISTOIRE NATURELLE



Inserm
Institut national
de la santé et de la recherche médicale



École Pratique
des Hautes Études



Université
de Lille

COMMUNIQUÉ DE PRESSE NATIONAL | PARIS | 19 JANVIER 2015

Attention ! Sous embargo jusqu'au 19/01/2015, à 17H (heure française)

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 ex-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, sera 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. A 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

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

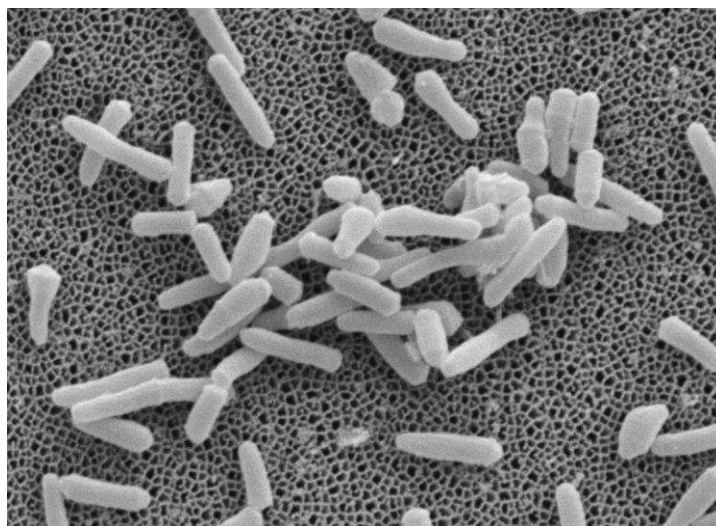
² Les analyses ont été faites sur la base d'une méthode moléculaire standardisée internationalement par l'équipe du Centre d'infection et d'immunité de Lille, en collaboration avec la société Genoscreen.

³ Cette collection a été constituée grâce à un consortium international dont fait partie le Center for Disease Control aux États-Unis.

d'expansion étant vraisemblablement liées à l'augmentation de la densité humaine et aux privations respectivement associées à ces épisodes. L'unique phase de décrue 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 ex-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.



Bacilles de la tuberculose en microscopie électronique à balayage

© Jean-Pierre Tissier (INRA, Villeneuve d'Ascq) et Franco Menozzi (Institut Pasteur de Lille)

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>



www.cnrs.fr



MUSÉUM
NATIONAL D'HISTOIRE NATURELLE



École Pratique
des Hautes Études

Institute
thématiques

Inserm

Institut national
de la santé et de la recherche médicale



Université
de Lille

Contact

Chercheur CNRS | Philip Supply | T 03 20 87 11 54 | philip.supply@ibl.cnrs.fr

Chercheur | Thierry Wirth | T 01 40 79 80 36 | wirth@mnhn.fr

Presse CNRS | Lucie Debroux | T 01 44 96 43 09 | lucie.debroux@cnrs-dir.fr