

Guillaume Laval, Chargé de recherche, Institut Pasteur

Titre de l'intervention : Variabilité génétique des populations humaines, adaptation et santé

Résumé : Nous sommes les descendants d'individus qui ont survécu aux pressions de sélection exercées par les pathogènes au cours de notre histoire et ces pressions ont été, et sont encore, extrêmement fortes. Par exemple, les grandes épidémies de peste noire décimèrent plus de 30% de la population européenne. Aujourd'hui, les formes sévères de malaria font ~3 millions de morts par an. L'environnement pathogénique a donc laissé une forte empreinte sur la variabilité génétique humaine actuelle, en sélectionnant, par exemple, les individus porteurs de mutations de « résistance » aux maladies infectieuses. En retour, à l'ère de la génomique (étude des génomes dans leur globalité à l'aide de millions de marqueurs génétiques), nous pouvons utiliser ces empreintes laissées dans les génomes afin de détecter l'intensité de la sélection naturelle et ainsi quantifier l'importance relative des différents gènes dans notre adaptation aux pathogènes. Nous pouvons également identifier les mutations responsables d'une meilleure survie en milieu pathogénique. Par exemple, en termes de santé publique, il est important de comprendre comment une adaptation locale (sélection naturelle) peut influencer les fréquences de ces mutations de « résistance » (ex. mutations dans les gènes CR1 et G6PD entraînant diverses résistances à la malaria en Afrique et Asie).