

Sur les traces génétiques du diabète de type 2

Publié le vendredi 4 mai 2007

Voir en ligne : <https://www.france-science.org/Sur-les-traces-genetiques-du.html>

La plupart des maladies génétiques sont extrêmement complexes et, hormis la mucoviscidose pour laquelle un seul gène est mis en cause, elles impliquent des nombreux gènes. Chacun de ces gènes modifiés joue un rôle faible dans le développement de la maladie mais la combinaison d'évènements génétiques potentialise le risque d'être touché par la maladie. En ce qui concerne le diabète de type 2, trois consortiums de recherche (deux américains, un anglais) viennent d'identifier de nouveaux variants de gènes qui permettent de mieux comprendre cette maladie qui affecte 170 millions de personnes à travers le monde.

Les groupes de recherche dirigés par David Altshuler du Broad Institute de Cambridge (Massachusetts), Michael Boehnke de l'Université du Michigan et Mark McCarthy de l'Université d'Oxford en Angleterre ont étudié le patrimoine génétique d'environ 32.000 personnes. Ils ont ainsi confirmé l'implication de six régions génétiques déjà identifiées auparavant par d'autres groupes de recherche et identifié trois nouvelles régions génétiques qui augmentent le risque de 2 à 20%. L'une de ces trois nouvelles régions a également été identifiée par deCODE genetics. Basée à Reykjavik en Islande, cette société vient de publier une étude dans Nature Genetics qui montre l'importance du gène CDKAL1 dans le développement du diabète de type 2. deCODE n'a toutefois pas mis en évidence les deux autres nouvelles régions, mais Kari Stefansson, directeur de deCODE admet que la faiblesse de leur échantillon (1.399 diabétiques et 5 275 personnes contrôle) peut expliquer ce fait. Altshuler précise que certains résultats nécessitent d'être approfondis car ils remettent en cause les données actuelles. En effet, alors que plusieurs des variants identifiés induisent une faible production d'insuline par les cellules bêta du pancréas, les niveaux sanguins d'insuline de certains diabétiques apparaissent curieusement normaux ou même élevés.

Les trois consortiums ont mis en commun leurs analyses au sein d'une association appelée "genome-wide association" dans le but de pouvoir disposer d'un plus grand nombre de données et donc d'avoir davantage de certitudes statistiques. Ces études ont nécessité l'analyse de plus de 10 millions de SNP (Single Nucleotide Polymorphism), déjà catalogués dans le projet HapMap des NIH. Les scientifiques sont conscients que la route est encore longue avant que ces données soient utilisables pour le traitement des patients, mais ils estiment qu'on commence à mieux cerner la génétique des maladies communes telles que le diabète, le cancer ou les maladies cardiovasculaires.

Source :

- "Genome-Wide Association Analysis Identifies Loci for Type 2 Diabetes and Triglyceride Levels." Saxena R, Science. 2007 Apr 26 (sous presse)
- "A Genome-Wide Association Study of Type 2 Diabetes in Finns Detects Multiple Susceptibility Variants." Scott LJ, Science. 2007 Apr 26 (sous presse)
- "Replication of Genome-Wide Association Signals in U.K. Samples Reveals Risk Loci for Type 2 Diabetes." Zeggini E Science. 2007 Apr 26 (sous presse)
- "A variant in CDKAL1 influences insulin response and risk of type 2 diabetes." Steinthorsdottir V, Nat Genet. 2007 Apr 26 (sous presse)
- <http://sciencenow.sciencemag.org/cgi/content/full/2007/426/1>

- http://www.nytimes.com/2007/04/26/health/26cnd-diabetes.html?_r=1&oref=slogin&ref=health&pagewanted=print

Pour en savoir plus, contacts :

http://en.wikipedia.org/wiki/Single_nucleotide_polymorphism

Code brève

ADIT : 42610

Rédacteur :

Brice Obadia deputy-sdv.mst@ambafrance-us.org - Hedi Haddada attache-sdv.mst@ambafrance-us.org -
Sophia Gray assistant-sdv.mst@ambafrance-us.org