



Paris, le 13 juin 2008

## Communiqué de presse

### Lancement du projet européen de recherche TB-VIR Vers une meilleure compréhension de la tuberculose

Le projet **TB-VIR** (« Etude de la diversité génétique de *Mycobacterium tuberculosis* W-Beijing : virulence comparée et réponses immunitaires chez les patients ») a été officiellement lancé début mai à Shanghai (Chine). **TB-VIR** est un projet de recherche collaborative coordonné par le Dr Olivier Neyrolles, responsable d'une nouvelle équipe de l'Institut de pharmacologie et de biologie structurale (IPBS - Unité mixte CNRS/Université Paul Sabatier, Toulouse), dans le Département « Mécanismes Moléculaires des Infections Mycobactériennes » dirigé par le Dr Mamadou Daffé. Il est financé à hauteur de trois millions d'euros sur trois ans par la Commission Européenne dans le cadre du 7<sup>e</sup> PCRDT (Priorité Santé). Ce consortium regroupe d'éminents spécialistes de la tuberculose travaillant dans des institutions de renommée mondiale, pour moitié en Asie (Chine, Corée), et pour moitié en Europe (France, Allemagne et Espagne). En France, le consortium de **TB-VIR** comprend le CNRS, l'Institut Pasteur (Unité de Génétique Mycobactérienne dirigée par le Pr Brigitte Gicquel), Inserm-Transfert (Dr Jérôme Weinbach) et la PME de biotechnologie IntegraGen S.A. (Dr Emmanuel Martin).

**TB-VIR** a pour objectif de mieux comprendre les corrélations existant entre la diversité génétique d'une lignée particulièrement virulente de la tuberculose, *M. tuberculosis* W-Beijing, et les défenses immunitaires variables chez les personnes infectées par cette dernière. La lignée de type W-Beijing est présente en Europe comme en Asie, et prédominante à travers le monde parmi les souches de tuberculose, probablement en raison d'avantages génétiques et de facteurs propres de virulence et de modulation de la réponse immunitaire de l'hôte. Ainsi des études montrent que cette souche est responsable de 80 à 90% des cas de tuberculose en Chine où l'incidence de la maladie atteint en moyenne 74 cas pour 100 000 habitants, et environ 27 cas pour 100 000 dans la région de Shanghai. De surcroît, la lignée W-Beijing est associée à de nombreux cas de résistance aux traitements antibiotiques. Autant de facteurs qui justifient cet effort concerté et international visant à mieux cerner cette famille de la bactérie *Mycobacterium tuberculosis*.

Grâce aux connaissances générées par cette coopération en réseau, les membres du consortium **TB-VIR** espèrent fournir de nouveaux éléments de compréhension du succès épidémiologique de cette lignée particulière de la tuberculose. Ces résultats devraient permettre le développement de nouvelles stratégies de contrôle et d'outils de diagnostic et de pronostic mieux adaptés et plus rapides pour le bénéfice ultime du patient. De plus, les informations collectées seront intégrées dans une base de données d'accès libre pour la communauté scientifique internationale. Cette base donnera accès en particulier aux données concernant l'expression ou la régulation différentielle de gènes en réponse aux différents isolats cliniques de *Mycobacterium*

*tuberculosis* et des gènes de la bactérie nécessaires au parasitisme des macrophages chez les individus infectés.

La clef du succès de ce programme - réunissant des partenaires académiques parfois opérant à l'autre bout du monde, mais aussi des PME européennes - reposera également sur un management professionnel du consortium. Celui-ci a été confié à l'Unité des projets internationaux de recherche sur les maladies infectieuses d'Inserm-Transfert, dirigée par le Dr Jérôme Weinbach et expérimentée pour de tels projets internationaux.

**L'épidémie mondiale de tuberculose fait plus de 1,5 millions de victimes chaque année et s'amplifie dans certaines parties du monde, en particulier dans les pays en développement. Plus d'un tiers des habitants de la planète sont porteurs d'une infection latente à *Mycobacterium tuberculosis*. Les facteurs environnementaux, mais aussi la virulence et la charge de la souche bactérienne présente et les facteurs génétiques des individus porteurs conduisent 10 à 15% d'entre eux à développer la maladie. La tuberculose fait partie des cibles majeures identifiées parmi les Objectifs du Millénaire pour le Développement (OMD) des Nations-Unies, qui visent à réduire, voire stopper l'incidence de grandes maladies d'ici 2015. Il est possible de mettre fin à cette épidémie.**

*Le consortium TB-VIR est coordonné par le CNRS (Centre national de la recherche scientifique) et comprend l'Institut Pasteur, Inserm-Transfert et la PME de biotechnologie IntegraGen S.A. (France), l'Université de Saragosse (Espagne), l'Institut Max Planck de Biologie des Infections et la PME GATC Biotech (Allemagne), le Centre de Contrôle des Maladies de la municipalité de Shanghai, l'Université de Fudan et l'hôpital de Ruijin (Shanghai, Chine), et l'Institut Pasteur de Corée (Séoul).*

Contacts :

Olivier Neyrolles, Coordinateur scientifique, CNRS. [olivier.neyrolles@ipbs.fr](mailto:olivier.neyrolles@ipbs.fr)

Jerome Weinbach, Manager général, Inserm-Transfert. [jerome.weinbach@inserm-transfert.fr](mailto:jerome.weinbach@inserm-transfert.fr)

Carine Desaulty, Chargée de communication du CNRS en Midi-Pyrénées. [carine.desaulty@dr14.cnrs.fr](mailto:carine.desaulty@dr14.cnrs.fr)

Site Internet : [www.TB-VIR.org](http://www.TB-VIR.org)