

Adaptation humaine au paludisme : une étude inter-populationnelle et multidisciplinaire

Partenariat Nord : UMR MERIT (A Sabbagh, A Garcia, D Courtin, L Gineau, J Milet, J Clain) ; INSERM UMR_S1134, Paris (P Buffet, B Henry) ; CNRGH (A Boland, JF Deleuze)

Partenariat Sud : CERPAGE Cotonou, Bénin

Financement : IMEA, National Geographic Society, Labex GR-Ex, IRD, Institut Universitaire de France

Calendrier : 2019-2021

Ce projet vise à clarifier le rôle des facteurs humains (biologiques et socioculturels), parasitaires et environnementaux à l'origine de la moindre sensibilité des Peuls à l'infection palustre, et à mieux comprendre l'impact du mode de vie actuel et passé des populations humaines sur l'adaptation génétique au paludisme. Il repose essentiellement sur le programme multidisciplinaire BAOBAB (*Biocultural AdaptatiOn to malaria in Atacora, north Benin*) qui a consisté à comparer la réponse à l'infection palustre de 200 Peuls à celle de 500 individus appartenant à 3 groupes socio-culturels distincts vivant en sympatrie dans 4 villages ruraux du nord Bénin, en combinant suivi longitudinal (juin-décembre 2015) et passages transversaux (8 passages entre juin 2015 et février 2019). Ces groupes incluent les Bariba dont le mode de vie présent et passé contraste fortement avec celui des Peuls, et 2 groupes présentant des similarités avec les Peuls au niveau de leur mode de vie passé (Otamari) ou présent (Gando). Les données collectées sur le terrain ont permis de définir des phénotypes cliniques, parasitologiques, immunologiques et spléno-érythrocytaires. De nombreuses données environnementales et comportementales ont été recueillies par questionnaires. Le génotypage de la cohorte sur puce haute densité (Illumina Omni5; 4,3 millions de SNPs) est en cours au Centre national de recherche en génomique humaine (CNRGH). Ces données permettront de réaliser une étude d'association génome entier (GWAS) sur l'ensemble des phénotypes collectés et d'identifier les déterminants génétiques de la plus grande résistance des Peuls au paludisme, dont l'existence est suspectée sur la base de nos résultats préliminaires. Une approche évolutive intégrant l'évidence de sélection naturelle dans les signaux d'association génétique sera utilisée pour augmenter la puissance statistique d'identification des variants causaux.