Ted Brettman Publishing Group presents

Los Angeles NewS

ACTUALITES SCIENTIFIQUES

Professeur Adriano PALRIMIE

Québec, 01/07/35 : Le Professeur Adriano PALRIMIE, chef du département de biologie moléculaire et de génie génétique au Massachusetts Intitute of Technology a accepté de répondre à quelques questions de notre correspondant. Nous reviendrons plus en avant dans notre édition du 10 janvier sur la communication du Pr PALMIRIE au congrès de Québec. En extrait, quelques moments forts de cette interview dont l'intégralité sera publiée dans un prochaine édition.

Q : Alors peut-on détecter toutes les mutations ?
R: (riant) Holà, holà, ne me faites pas dire ce que je n'ai pas dit. Je vous rappelle que le génome humain compte environ 100000 gênes répertoriés mais pas moins de 3 milliards de paires de base. Car, c'est bien connu maintenant, l'ADN est simplement constitué de 4 petits composants chimiques appelés nucléotides qui s'assemblent pour former le code génétique. Ces quatre nucléotides s'assemblent par paire sur les deux brins d'ADN de la cellule. Le génome complet a pu être cartographié en 2004 et c'est ainsi qu'on a pu mieux connaître et commencer à traiter les maladies génétiques.

Cependant pour certaines maladies, on peut assister à plus de 700 mutations différentes responsables de la même maladie. Ceci pour vous faire comprendre la difficulté de la tâche. Lorsque ce que vous appelez les mutations sont apparues, la recherche génétique a bien entendu essayé de comprendre ce qui se passait au niveau génomique. Mais des variations du génome existent bien entendu entre chaque individu (ce qui en fait sa spécificité d'ailleurs) et ce n'est pas parce que vous savez ce que code une zone de votre génome que vous savez exactement à quoi correspond une séquence donnée de bases.

Dans le cas des "mutations", il faut attendre un certain nombre de cas pour que l'on trouve des similitudes génomiques qui permettent d'orienter les recherches. Ainsi, dans le cas de la première mutation décrite : celle de la petite Claire Galterman en 2008 (que nous classerions maintenant Beta 006+), il a fallu attendre 2014 pour avoir un nombre suffisant de sujets et détecter la zone portée par le chromosome 17 qui semble impliquée dans cette "mutation". Mais même dans ce cas, des variations existent chez la centaine de sujets dont les prélèvements ont été utilisés. Ainsi dans le cas de Claire Galterman, on a pu noté la modification de la paire 15q2158 que l'on ne retrouve que chez 17% des personnes porteuses de cette amélioration génétique.

Pour l'ensemble des améliorations génétiques ou "mutations" nous avons du procéder par recoupement ce qui explique que nous ne savons pas encore grand chose même si la recherche progresse vite.

Q: Comment procédez vous pour identifier un Mutant ?
R : En fait, nous utilisons des sondes géniques. Il existe plusieurs sociétés qui ont mis sur le marché des tests dits de dépistage rapide. Il suffit de mettre en suspension l'ADN du sujet à tester (grâce à des procédés de croissance rapide et d'amplification du génome, nous obtenons en général suffisamment de matériel en 12 heures avec une simple prise de sang) et de le mettre en contact avec un révélateur. Ce dernier est en fait constitué de sondes génétiques des principales mutations. Puis par des techniques d'immunofluorescence, on sait si le sujet est potentiellement porteur d'une des mutations détectées. Il y a ensuite un test de confirmation un peu plus long nécessitant un laboratoire spécialisé et un séquenceur d'ADN rapide, ce qui prend quand même une semaine.

Comme vous l'avez compris, on ne détecte que ce que l'on connaît et les mutations inhabituelles ne sont pas repérées par le dépistage rapide.

Q: Quel est le coût de ces examens ?
R: un test de dépistage coûte environ 48 N$ dont 21 N$ de réactifs, le test de confirmation coûté quand à lui environ 450 N$. En 2034, environ 3 millions de tests de détection ont été effectués et 48.000 tests de confirmations pour un coût de 165,6 millions de N$. Ce n'est pas négligeable comme vous le voyez.

Q: Peut on envisager de dépister un mutant dont la mutation est exceptionnelle ?
R : à l'heure actuelle non, il y a trop de variations physiologiques de l'ADN pour envisager une telle performance. Tout au plus pouvons nous réussir à dépister de façon précoce les mutations que je qualifierai de classiques.

John Chamberlain

Brèves

Exterminateur

L'agence spatiale européenne a révélé la découverte faite il y a trois mois de l'existence d'une météore de 6 km de diamètre dont la trajectoire pourrait croiser celle de la terre. Ce météore baptisé KVT-34217 croisera la terre au cours de l'année 2068 selon les experts.
La NASA s'est pour l'instant refusé à tout commentaire. C'est grâce aux télécospe orbital Hubble 2 que cette découverte aurait été réalisée.

source : AP, Genève, 31/12/34