

## Espoir dans la lutte contre la malaria

Communiqué de presse - mardi 24 juillet 2007

**La malaria, aussi connue sous le nom de paludisme, est la plus fréquente des infections parasitaires. Elle concerne plus de cent pays de la zone tropicale – et principalement d’Afrique – soit environ 40% de la population mondiale. La mortalité qui lui est imputée est actuellement supérieure à un million de victimes par an. La mise au point de vaccins efficaces constitue dès lors un défi de santé publique majeur auquel le Département de biochimie de l’Université de Lausanne vient d’apporter une contribution prometteuse.**

Inoculé par la piqûre d’un anophèle femelle infecté, le parasite responsable de la malaria chez l’Homme (*Plasmodium falciparum*) se développe ensuite de manière extrêmement rapide, notamment dans le sang. Stopper cette multiplication constitue donc l’objectif numéro un des immunologistes qui ont identifié, il y a 20 ou 30 ans déjà, les premières protéines dont les anticorps spécifiques sont capables d’agir dans ce sens. Malheureusement, à l’heure actuelle, il y n’a pas encore de vaccin agissant à ce stade du cycle parasitaire. De plus, la recherche a manqué jusque-là de méthodes rapides d’identification de nouvelles cibles thérapeutiques pour lutter contre la malaria.

La publication des travaux d’une équipe du Département de biochimie de l’Université de Lausanne vient combler cette lacune; en combinant les progrès les plus récents de la bioinformatique et de la synthèse peptidique, le prof. Giampietro Corradin a identifié de nouvelles protéines prometteuses. Il s’est pour cela intéressé à des fragments particuliers de protéines (communément appelés peptides) qui pourraient être des cibles d’anticorps protecteurs. Ces peptides bénéficient d’une structure particulière en forme d’hélices entremêlées et présentent l’intérêt de rester stables une fois isolés. Son groupe de recherche a ensuite synthétisé chimiquement une centaine de ces peptides, dont une dizaine s’avèrent être la cible d’anticorps capables d’inhiber la croissance in vitro du parasite.

Les avantages principaux de cette démarche sont la rapidité d’identification de segments de protéines intéressants et l’accessibilité de leur production chimique, avec comme conséquence majeure de pouvoir les tester rapidement en phase clinique, et ce à moindre coût.

Les résultats publiés ce jour dans PLoS ONE, avec la participation du Dr Viviane Villard, post-doctorante au Département de biochimie, résultent d’une collaboration originale associant les compétences du prof. Giampietro Corradin en immunologie moléculaire à celles du Dr Andrey Kajava, de l’Université de Montpellier, en bioinformatique. L’Institut Tropical Suisse de Bâle, l’Institut Pasteur de Paris et deux partenaires du Burkina Faso et de la Colombie ont été associés à ce projet pour certains aspects spécifiques relatifs à la malaria. L’approche scientifique développée devrait à l’avenir permettre de gagner beaucoup de temps dans la mise au point de vaccins, basée encore aujourd’hui sur des méthodes de screening relativement empiriques et ce, que ce soit pour la malaria ou pour d’autres maladies infectieuses.

**Pour en savoir plus:**

Prof. Giampietro Corradin, Département de biochimie, Université de Lausanne  
Tél. + 41 (0)21 692 57 31 / 57 47 / 57 48, Giampietro.Corradin@unil.ch  
www.unil.ch/ib