

Audrey Grant, titulaire d'un doctorat, a présenté une approche très optimiste et tournée vers l'avenir pour étudier les fondements génétiques de la sensibilité chimique multiple (SCM), en soulignant comment l'épidémiologie génétique moderne peut mettre au jour les mécanismes biologiques sous-jacents à cette affection. Si l'évolution historique de la prévalence de la SCM au cours des deux dernières décennies suggère une composante environnementale importante, la répartition de cette affection selon les variables démographiques indique clairement une prédisposition génétique sous-jacente. Cela laisse entrevoir des interactions gènes-environnement complexes.

Pour illustrer le fonctionnement de l'architecture génétique dans des pathologies complexes, la Dre Grant a mis de l'avant des connaissances issues du domaine bien étudié de la génomique de la douleur chronique, qui constituent une preuve de principe solide pour la recherche sur la SCM. Dans le domaine de la douleur chronique, des études génétiques ont permis de cartographier avec succès une combinaison de mutations rares pouvant avoir des effets graves sur le phénotype, en fonction des facteurs environnementaux. Par exemple, le gène TRPV1 code pour un récepteur qui réagit directement aux composés organiques volatils. Comme ces déclencheurs chimiques sont identiques à ceux qui déclenchent la SCM, le gène TRPV1 apparaît comme un excellent gène candidat, biologiquement plausible, pour l'intolérance chimique.

Plutôt que de s'appuyer uniquement sur les méthodes traditionnelles de recherche de gènes candidats, le laboratoire de la Dre Grant est à l'avant-garde d'une approche impartiale et exhaustive d'association pangénomique. Son équipe du Statistical Pain Genomics Laboratory utilise d'énormes réserves de données génomiques, telles que celles de la UK Biobank, pour mettre au jour des schémas communs de gènes associés à la SCM. En utilisant de telles méthodes, les chercheurs peuvent améliorer leur puissance statistique pour détecter des variants de la SCM à faible fréquence. L'hypothèse générale de la Dre Grant est que la SCM repose sur une double architecture comprenant à la fois des composantes mendéliennes simples et un réseau polygénique complexe de nombreux traits agissant conjointement.

La présentation s'est conclue par un appel passionnant au recrutement de participants potentiels afin de constituer une cohorte canadienne solide. Bénéficiant d'un financement assuré, l'étude vise à recruter 500 nouveaux participants adultes de tous genres et origines ethniques par l'intermédiaire de réseaux cliniques spécialisés et de l'Association pour la santé environnementale du Québec. Afin de garantir une accessibilité maximale, l'équipe utilise le système de prélèvement de salive par courrier Oragene, considéré comme la référence en la matière. Cette trousse stable, utilisable à température ambiante, permet aux participants de fournir facilement des échantillons d'ADN depuis leur domicile, sans visite clinique ni prise de sang. Ces nouveaux cas seront comparés à des témoins sains appariés selon l'âge, le sexe et la localisation, issus de bases de données canadiennes.

Ces données canadiennes seront intégrées dans une méta-analyse multi-ascendance révolutionnaire menée en collaboration avec une cohorte indépendante du Japon. Cette collaboration mondiale vise à mettre en évidence des signaux génétiques convergents et

universels au sein de populations diverses, accélérant ainsi considérablement la découverte de nouvelles influences génétiques de la SCM. À terme, cette initiative de cartographie génétique constitue une avancée décisive pour la communauté des patients. La découverte du profil génétique de la SCM permettra de légitimer de manière décisive le diagnostic au sein de la communauté médicale, de rationaliser les parcours de soins cliniques, d'orienter les politiques de santé publique et de mettre en lumière des cibles biologiques claires pour le développement de futurs traitements thérapeutiques.