

L'ADN de la pulpe dentaire : un outil pour l'analyse en paléomicrobiologie

La première documentation microbiologique de peste ancienne vient d'être réalisée par application des techniques de biologie moléculaire à l'analyse de la pulpe dentaire [1]. Après la mise en évidence à Marseille d'un charnier rattaché par les documents historiques à la peste de 1722, les auteurs ont utilisés les restes pulvêrents de pulpe dentaire de dents incluses comme substrat d'amplification enzymatique pour deux cibles spécifiques de *Yersinia pestis*, l'agent de la peste. Un fragment du gène *pla* et un fragment du gène *rpoB* [2] ont été ainsi amplifiés, puis séquencés, confirmant l'identification de *Y. pestis* dans ces échantillons, et leur absence dans les échantillons anciens témoins négatifs. Ces travaux ont été reproduits sur des échantillons datés de 1590, provenant d'un deuxième charnier provençal. Ces résultats confirment donc l'étiologie de ces charniers qui n'était suspectée que sur des données anthropologiques et historiques, en quête de confirmation microbiologique. Il confirme par ailleurs que la peste bubonique était une entité morbide clairement identifiée par les médecins de la fin du XVI^e siècle.

Ces travaux ouvrent la voie à l'exploration méthodique des maladies septicémiques anciennes. En effet, le postulat de ce travail était qu'une maladie septicémique conduit à une localisation du micro-organisme dans la pulpe dentaire, et que la pulpe dentaire correspond à un matériel ancien particulièrement intéressant, particulièrement résistant, préservé du milieu extérieur tant du point de vue de la contamination par la flore tellurique que du point de vue du lavage, autorisant l'application de protocoles d'extraction sans décalcifi-

cation. Ces particularités de la pulpe dentaire sont des avantages lorsqu'on les compare au matériel osseux, actuellement le plus souvent utilisé dans les travaux de paléomicrobiologie. L'introduction systématique de témoins négatifs, la recherche d'inhibiteurs d'amplification, et le séquençage des produits d'amplification permet de confirmer la validité des résultats obtenus. Ces outils nouveaux pourront être appliqués à l'étude plus approfondie de la peste, en particulier de la Peste Noire, afin de répondre aux controverses quant à l'étiologie de cette épidémie médiévale. Des épisodes plus anciens pourraient être étudiés [3, 4]. L'étude d'autres maladies septicémiques épidémiques, en particulier du typhus épidémique, peut désormais être envisagée.

Ces travaux permettront de confirmer par la microbiologie des diagnostics seulement suspectés sur les données historiques et anthropologiques lors de l'analyse des charniers. Ces résultats devraient contribuer, dans le domaine des sciences de la vie, à l'analyse de l'évolution des microorganismes et au développement des épidémies. Ces points sont particulièrement importants dans la perspective actuelle d'analyse des bases de l'émergence et plus encore de la réémergence des maladies infectieuses. Dans le domaine des sciences humaines, confirmer microbiologiquement des diagnostics permettra de mieux tracer la mise en place des cadres nosologiques, y compris des maladies transmissibles à l'ère pré-microbienne.

Ces travaux s'inscrivent dans le champ d'une nouvelle discipline, la paléomicrobiologie, dont les débuts ont été marqués par les travaux sur la

tuberculose ancienne [5], la lèpre ancienne [6] et, plus récemment, la grippe espagnole [7].

M.D.

1. Drancourt M, Aboudharam G, Sigoli M, Dutour M, Raoult D. Detection of 400-year-old *Yersinia pestis* DNA in human dental pulp: an approach to the diagnosis of ancient septicemia. *Proc Natl Acad Sci USA* 1998; 95: 12637-40.
2. Mollet C, Drancourt M, Raoult D. *rpoB* sequence analysis as a novel basis for bacterial identification. *Mol Microbiol* 1997; 26: 1005-11.
3. Olson PE, Hames CS, Beneson AS, Genovese EN. The Thucydides syndrome: Ebola déjà vu? (or Ebola reemergent?). *Emerging Infect Dis* 1996; 2: 155-6.
4. Holden C. Ebola: ancient history of « new » disease? *Science* 1996; 272: 1591.
5. Baron H, Hummel S, Herrmann B. *Mycobacterium tuberculosis* complex DNA in ancient human bones. *J Archeol Sci* 1996; 23: 667-71.
6. Rafi A, Spigelman M, Standford J, Lemma E, Donoghue H, Zias J. *Mycobacterium leprae* DNA from ancient bone detected by PCR. *Lancet* 1994; 343: 1360.
7. Tautenberger JK, Reid AH, Krafft AE, Bijwaard KE, Fanning TG. Initial genetic characterization of the 1918 « Spanish » influenza virus. *Science* 1997; 275: 1793-6.

SOCIÉTÉ DE BIOLOGIE

Angioblastes, hémangioblastes

17 février 1999
16 heures

Institut des Cordeliers
Amphithéâtre Bilski-Pasquier
15-21, rue de l'École-de-Médecine
75006 Paris, France

Renseignements :

Secrétariat de la Société
de Biologie
Collège de France
3, rue d'Ulm,
75231 Paris Cedex 05, France
Tél./Fax : 01 44 27 13 40