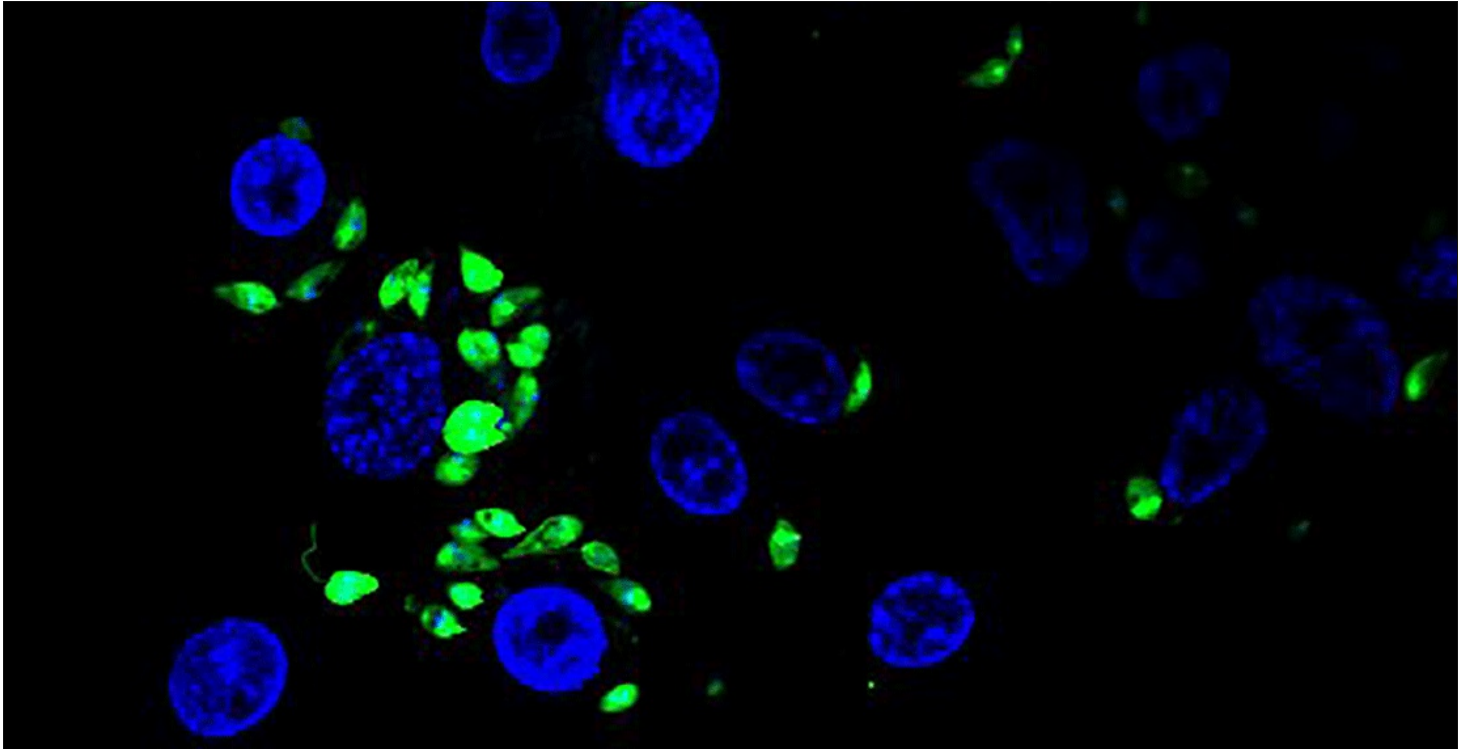


Une unique mégabase de données Anversoise permet de décrypter les mystères d' une maladie tropicale négligée

Série d'études donne une image plus claire sur le parasite qui cause la maladie tropicale négligée Leishmaniose

23-11-17



Dit is de omschrijving

La leishmaniose est une maladie parasitaire qui touche 2 millions de personnes dans une centaine de pays et tue plus de 50.000 individus. La maladie sévit également dans le Sud de l'Europe, chez l'homme et le chien et elle se propage à cause des changements climatiques et des modifications environnementales.

Le parasite *Leishmania* est un microbe unicellulaire très malin qui s'adapte très bien à l'homme et aux rares médicaments utilisés pour le traitement. Les mécanismes permettant à la résistance de s'installer restent mystérieux. Grâce à des échantillons cliniques du Sous-Continent Indien, l'Institut de Médecine Tropicale (IMT) élève un pan de cette énigme. En 5 ans, les experts de l'IMT et de l'Institut Sanger en Grande-Bretagne ont accumulé une base de données unique avec les résultats d'analyse génomique de parasites provenant entre autres de l'Inde et du Népal.

Ces données ont permis au professeur de l'IMT, Jean-Claude Dujardin et à son équipe de faire une série de découvertes. Tout d'abord, les chercheurs ont découvert l'histoire évolutive du parasite dans le Sous-Continent Indien depuis 1850, obtenant des résultats qui correspondaient parfaitement avec les sources historiques rapportées par les médecins anglais à propos des premières épidémies.

Enfin, les scientifiques ont montré comment le parasite pouvait se mettre en sommeil et par là-même devenir invisibles pour le système immunitaire et les médicaments.

Dans une étude suivante, les experts anversoises ont découvert que les *Leishmania* jonglaient avec leurs chromosomes pour s'adapter à l'environnement, alors que chez l'homme ces variations du nombre de chromosomes sont pathologiques (par exemple la trisomie 21).

Dans le quatrième épisode de cette saga, des chercheurs de l'Institut Pasteur de Paris et du Centre de Régulation Génomique (CRG) de Barcelone se sont joints à la quête. En collaboration avec l'IMT, ils ont poursuivi l'exploration de la base de données de l'institut anversoise. Ainsi, ils ont découvert qu'au sein d'une population de *Leishmania*, les cellules n'étaient pas génétiquement identiques et qu'elles formaient une sorte de mosaïque de cellules, chacune d'entre elles ayant des capacités d'adaptation différentes. Ce type de variations génomiques se retrouve beaucoup dans certaines formes de cancer. Ces nouveaux résultats paraissent ce mois dans la revue *Nature Ecology & Evolution*.

Le Professeur Jean Claude Dujardin, chef du département de Sciences Biomédicales de l'IMT: "En dévoilant progressivement différents mystères de la biologie unique de *Leishmania*, nous nous approchons sans cesse de nouvelles solutions pour le contrôle de cette maladie tropicale négligée, à laquelle trop peu d'attention et de moyens sont attribués."

"Un aspect fantastique du concept de 'Open Science' est que les données d'analyse génomiques sont publiques et peuvent mener à de nouvelles collaborations comme celle-ci, entre l'IMT, l'Institut Pasteur et le CRG. Cette nouvelle étude démontre l'immense trésor dont nous disposons, une unique collection d'échantillons de patients et les données génomiques associées."

Lien

- [Haplotype selection as an adaptive mechanism in the protozoan pathogen *Leishmania donovani*](#), Nature Ecology & Evolution