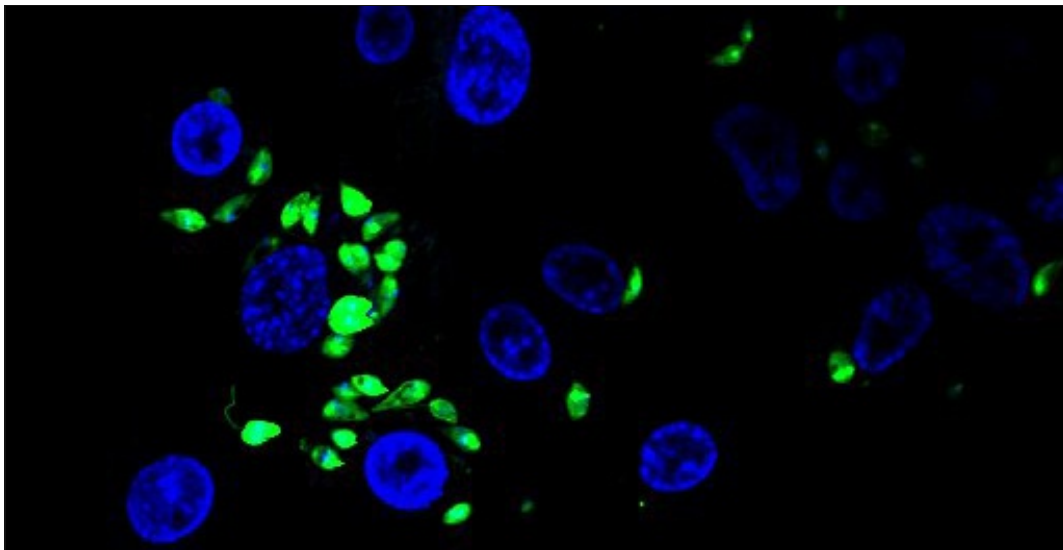




Des scientifiques découvrent des parasites cachés chez des patients avec la leishmaniose

Des scientifiques ont développé une nouvelle méthode permettant de séquencer le génome des parasites causant la leishmaniose directement dans des échantillons cliniques

17-12-19



Dit is de omschrijving

Des scientifiques de l'Institut de Médecine Tropicale d'Anvers (IMT) ont dirigé une étude dans laquelle ils ont développé une nouvelle méthode permettant de séquencer le génome des parasites causant la leishmaniose directement dans des échantillons cliniques et ce, sans devoir isoler et cultiver les parasites. Ils ont découvert que les parasites n'étaient pas les mêmes chez les patients qu'en culture, avec pour conséquence qu'un grand nombre d'informations restent cachées chez le patient si l'on étudie uniquement les parasites cultivés. Cette recherche a été entreprise avec la collaboration de chercheurs du Sanger Institute en Grande Bretagne et du BP Koirala Institute of Health Sciences au Nepal (BPKIHS). Ces découvertes ont été publiées dans le journal PLOS-NTD. La leishmaniose viscérale, aussi connue sous le nom de kala-azar, est une maladie parasitaire qui affecte 100,000 personnes chaque année et tue 1 victime sur 10.

Depuis une décennie, des chercheurs belges, britanniques, indiens et népalais ont uni leurs

efforts pour séquencer le génome de centaines de parasites *Leishmania*. Ces études sont essentielles pour soutenir les programmes visant actuellement à éliminer la maladie. Le Prof Jean-Claude Dujardin, responsable du département de Sciences Biomédicales à l'IMT, déclare: "Cette collaboration scientifique autour de la génomique de *Leishmania* a fourni aux managers du programme d'élimination de précieuses informations à propos des épidémies du passé, des indications sur la migration des parasites d'un pays à l'autre; elle a permis de découvrir de nouveaux variants des parasites ainsi que d'élucider certains mécanismes de résistance aux médicaments."

Jusqu'à présent, toutes les études génomiques ont été effectuées sur des parasites isolés des patients et cultivés en laboratoire. Dans leur article, les scientifiques décrivent une méthode de pêche de l'ADN leur permettant d'éliminer la plus grande partie de l'ADN présent dans les échantillons cliniques et d'enrichir les préparations en ADN de *Leishmania* avant le séquençage. La Dr Malgorzata Domagalska de l'IMT, responsable de l'étude et première auteur de l'article explique: "Sur la base de précédentes études expérimentales, nous soupçonnions que les cultures de parasites nous cachaient certaines informations et il était temps de développer une méthode permettant de séquencer le génome de *Leishmania* directement dans des échantillons cliniques, sans devoir cultiver les parasites. Cependant, ceci représentait un défi majeur car un échantillon de patient atteint de Kala-Azar peut contenir 99.99% d'ADN humain et seulement 0.01% d'ADN de *Leishmania*. Trouver et séquencer l'ADN de *Leishmania* équivaut à chercher une aiguille dans une botte de foin." Le Dr Hideo Imamura, bio-informaticien à l'IMT, illustre ces propos: "Cette étude a généré des Gigabytes de données qui ont dû être filtrées, contrôlées, corrigées et analysées. Ainsi, ce projet a représenté un énorme défi bio-informatique. C'était comme séparer tous les ingrédients d'un sushi, prélever à la main tous les petits morceaux de saumon et ré-assembler le poisson en entier. A la fin, nos méthodes ont permis de ré-assembler un génome de *Leishmania* de grande qualité pour la plupart des échantillons."

Au-delà de ces développements technologiques, les auteurs de l'article ont fait une importante découverte. Chez plusieurs patients, ils avaient collecté de l'ADN directement à partir des échantillons cliniques et à partir des parasites isolés des mêmes patients et cultivés. Les scientifiques ont été abasourdis de constater que pour chaque comparaison, les parasites étaient différents chez le patient et chez l'isolat dérivé de celui-ci. La Dr Domagalska explique: "Ceci est vraisemblablement dû à la présence de différents types de parasites chez un même patient ainsi qu'à une sélection Darwinienne. Certains parasites sont 'heureux' dans l'environnement humain, d'autres dans le milieu de culture." Domagalska conclut: "La prochaine étape dans la conquête du génome de parasites, pas seulement *Leishmania*, devra être faite directement dans des échantillons cliniques, car de nombreuses caractéristiques des pathogènes peuvent rester cachées chez les patients. Cette approche nous guidera mieux dans la recherche de nouveaux médicaments et de vaccins, dont nous manquons cruellement pour lutter contre ces maladies négligées".

La leishmaniose viscérale est une maladie tropicale qui sévit essentiellement dans le sous-continent indien, l'Afrique de l'Est, l'Amérique du Sud et le Sud de l'Europe. Elle est causée par *Leishmania*, un parasite unicellulaire qui est transmis à l'homme et aux animaux par de petits insectes, les phlébotomes. Il n'y a pas de vaccin contre cette maladie et en absence de traitement, les patients, généralement les plus pauvres des plus pauvres, meurent.

Lien vers l'article: Domagalska MA, Imamura H, Sanders M, Van den Broeck F, Bhattarai NR, Vanaerschot M, Maes I, D'Haenens E, Rai K, Rijal S, Berriman M, Cotton JA and Dujardin JC. (2019) Genomes of *Leishmania* parasites directly sequenced from patients with visceral leishmaniasis in the Indian subcontinent. PLoS Negl Trop Dis 13(12): e0007900.
<https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007900>

Plus d'informations sur le kala-azar:

