

Vector-parasite transmission complexes for onchocerciasis In West Africa

Laurent Toé(1), Jianming Tang(2), Christian Back(1), Charles R Katholi(3), Thomas R Unnasch(2)

(1) DNA Diagnostics Laboratory, Onchocerciasis Control Programme in West Africa, Bouake, Ivory Coast ;

(2) Division of Geographic Medicine ;

(3) Department of Biostatistics, Univ. of Alabama at Birmingham, USA.

The Lancet : vol 349, January 18, 1997

Présenté par :

Sœur Jacqueline Félicité Yéngué

Etudiante en 1ère année DEA de Sciences Biologiques Appliquées

Option : Entomologie - Parasitologie

Faculté des Sciences et Techniques de Bamako, Mali

Nouvelle adresse :

Soeur Jacqueline Félicité YENGUE

Soeur Servante de Marie

COLLEGE CHEVREUL

BP 4093 Douala Cameroun

Tél: (00237)337-46-26

Résumé :

« La transmission du complexe vecteur-parasite pour l'Onchocercose en Afrique de l'Ouest », étudiée par le groupe de chercheurs sus-cités, vise donc à tester l'hypothèse selon laquelle « deux souches parasitaires connues aussi bien en forêt qu'en savane, sont préférentiellement transmises par des souches vectorielles distinctes du complexe *Simulium damnosum sensu lato* ». L'étude de l'Onchocercose, vue à travers cet article ou d'autres articles parallèles, fait intervenir plusieurs domaines de la Biologie tels que : l'Entomologie, l'Epidémiologie, l'Ecologie et la Biologie Moléculaire. Car, en Afrique de l'Ouest où la mission de l'OCP (Onchocerciasis Control Programme) prendra fin en Décembre 2002, la préservation des acquis de ce programme de lutte nécessite une surveillance épidémiologique (vis à vis du parasite) et entomologique (par la destruction de tous les réservoirs possibles du vecteur) accrue ; soutenue par la Biologie Moléculaire pour une détection plus spécifique des espèces parasitaires et vectorielles. Toutefois, depuis quelques années, des chercheurs s'attèlent à promouvoir une nouvelle technique de détection beaucoup plus sensible par l'utilisation des microsattelites.

A la lumière de cet article, les résultats obtenus dans le cadre de l'analyse des mouches infectées par les formes immatures de *O. volvulus* montrent des différences quantitatives dans le développement du parasite, mais cependant n'indiquent pas une différence significative quant à la capacité des espèces jumelles du complexe S.d.s.l, à supporter le développement des souches parasitaires de forêt et de savane. La forme et le contenu de l'article cité ci-dessus n'ont pas posé un réel problème pour une éventuelle analyse. Ce qui nous pousse à dire que les données résultant de cette analyse et des études semblables, devraient aider à la future planification stratégique pour le contrôle de l'Onchocercose à l'intérieur et en dehors de la région couverte par l'OCP.

Onchocerca volvulus DNA probe Classification Correlate with Patterns of Blindness

P.A Zimmerman, K.Y. Dadzie , G. De Sole, J. Remme, E. Soumbeay Alley and T.R.Unnasch

Présenté par :

Moussa KALOGA

Etudiant en 1ère année DEA de Sciences Biologiques Appliquées

Option : Entomologie - Parasitologie

Faculté des Sciences et Techniques de Bamako, Mali

Résumé :

Dans cet article les auteurs ont utilisé les méthodes de biologie moléculaire pour tester l'hypothèse de l'association des souches de *O. volvulus* avec la pathologie oculaire.

La méthode utilisée est la PCR (Polymérase Chaîne Réaction). C'est une technique qui utilise certaines propriétés de l'ADN pour avoir plusieurs copies d'un gène considéré à partir d'une seule copie du gène (Amplification). Pour cela l'utilisation des sondes (Amorces) est primordiale puisqu'elle permet de déterminer la zone à amplifier. Le produit amplifié est ensuite visualisé à l'U.V sur un gel d'agarose. Cette technique a permis de classer les différentes souches de *O. volvulus* en rapport avec le profil de la maladie oculaire. De plus une souche intermédiaire pouvant transmettre la maladie oculaire fut découverte.

Les résultats de ce travail ont permis de tester l'hypothèse selon laquelle le profil de la cécité oculaire est en rapport avec la souche parasitaire.

Array of Hope

E.S. Lander

Whitehead, Cambridge, multitudes 02142, USA e-mail:
lander@genome.wi.mit.edu

Nature Genetics, Jan. 1999, vol.21, n.1s, pp.3-4

Présenté par :

Fanta Tounkara

Etudiante en 1ère année DEA de Sciences Biologiques Appliquées

Option : Entomologie - Parasitologie

Faculté des Sciences et Techniques de Bamako, Mali

Résumé :

Une étude a été menée sur les puces d'ADN par Eric Lander de l'institut de Whitehead pour la recherche biomédicale et le département de la biologie, multitudes instituts de technologie.

Le puce d'ADN fournit à des biologistes l'équivalent du tableau de Mendelew. La matière chimique étant composée d'environ de cent éléments,

les listes des pièces organiques sont énormes (des milliers pour des bactéries et des centaines de milliers pour les mammifères). L'approche traditionnelle de gène par gène ne suffira pas pour cerner de façon concrète le problème. Il sera donc nécessaires d'adopter des positions globales des processus biologiques: afficheurs simultanés de tous les composants.

Les puces d'ADN offrent une vue globale en fournissant une manière appropriée d'examiner la variation des ADN et ARN.

Le tableau périodique de la biologie ne sera pas bidimensionnel mais reflétera des similitudes à divers niveaux :

- ordre primaire d'ADN dans le codage et les régions de normalisation
- variation polymorphe chez une espèces ou un sous-groupe
- période et endroit d'expression de l'ARN pendant le développement, la réponse physiologique de la maladie
- localisation sous-cellulaire et interaction intermoléculaire des produits de protéine.

GENE EXPRESSION INFORMATICS --- IT'S ALL IN YOUR MINE

Douglas E. Bassett Jr, Michael B. Eisen and Mark S. Boguski

Présenté par :

Astan TRAORE

Etudiante en 1ère année DEA de Sciences Biologiques Appliquées

Option : Entomologie - Parasitologie

Faculté des Sciences et Techniques de Bamako, Mali

Résumé :

Les auteurs parlent de la biologie moléculaire appliquée à la génétique. Ils nous font part des difficultés qu'avaient les scientifiques pour mesurer simultanément le niveau d'expression de plusieurs gènes dans une même expérience.

Après la découverte de la génomique cela est devenu possible grâce à l'effort conjugué de beaucoup de chercheurs scientifiques à savoir les biologistes les chimistes les physiciens et les mathématiciens pour mettre en évidence la concentration du gène contenu dans l'ADN, l'ARN et les protéines en utilisant les nouvelles technologies : l'informatique et la biotechnologie.

Pour faire la PCR on faisait l'extraction de l'ADN ou d'ARN et on utilisait directement le produit extrait pour la PCR sans savoir si réellement ce qu'on cherche y est.

La vision des gènes ne pouvant pas se faire sans la PCR donc c'est un pas vers l'avant de savoir la quantité de matière première. Après la PCR on passe à l'analyse de l'image et des données.

Sachons aussi qu'il y a des banques de données disponibles pour l'entreposage des données (BLAST, GenBank, ...)

Ces nouvelles technologies sont un progrès en biologie car il y a quelques années on ne parlait pas de puce ni de microarrays.

L'auteur a touché les points cibles dont il est question : la manière de déterminer la concentration des transcriptases et les procédés pour l'analyse de ces données.

MOLECULAR EPIDEMIOLOGY OF *Mycobacterium tuberculosis* STRAINS ISOLED DURING A 3 – YEAR PERIOD (1993 to 1995) IN SEVILLE, SPAIN.

Hassan Safi, Javier, Azanar, José C. Palomares.

Departement of Microbiology, School of Medine, University of Seville, 41080, Seville, Spain.

Journal of Clinical Microbiology, October 1997, 2472-2476

Présenté par :

Bintou LY

Etudiante en lère année DEA de Sciences Biologiques Appliquées

Option : Entomologie - Parasitologie

Faculté des Sciences et Techniques de Bamako, Mali

Résumé :

Durant une période de 3 ans, 175 des 205 patients admis pour tuberculose ont été étudiés pour déterminer les profils génétiques des souches de *M. tuberculosis* qu'ils portaient. Cette étude génétique permettait d'identifier les possibles routes de transmission entre les souches de BK chez des groupes de sujets. Ces groupes étaient des enfants de moins de 14 ans, des sujets infectés par le VIH, les Sujets non infectés avec le VIH et les personnes âgées. Differentes techniques telle que le test de sensibilité des souches de BK aux antituberculeux (Isoniazid, ethambutol, Streptomycine, pyrazinamide et rifampicine), la radiométrie pour observer la multiplication des souches, la RFLP et le Southern Blot pour déterminer le nombre de copies du gène IS6110. Des groupes de *M. tuberculosis* qui avaient les mêmes les profils génétiques chez les enfants et les personnes avec le VIH.

Chez les sujets avec VIH, les profils génétiques B, E, F et N étaient trouvés dans les prisons, deux profils M et S ont été observé à la pédiatrie et enfin les profils génétiques H et O chez les utilisateurs de drogue par la voie intraveineuse.

En étudiant les liens génétiques des souches, le degré de polymorphisme était élevé et similaire aux souches des autres pays européens par rapport au profil du gène IS6110.

Il n'y avait pas de différence entre les souches retrouvées chez les sujets avec le VIH et celles retrouvées au niveau des autres groupes étudiés. L'analyse par la technique de la RFLP a montré que, les enfants de moins de 14 ans (64%, $p < 0,05$) et les personnes avec VIH (46,5%, $P < 0,05$) avaient le plus grand nombre de souches ayant les profils génétiques semblables, et donc suggestion d'une transmission récente du BK.

Cette étude a montré que les sujets infectés avec le VIH et les enfants de moins de 14 ans devaient être les cibles pour les programmes de prévention.

Molecular interactions on microarrays

Présenté par :

Ousseyni Harouna DIALLO

Etudiant en 1ère année DEA de Sciences Biologiques Appliquées

Option : Entomologie - Parasitologie

Faculté des Sciences et Techniques de Bamako, Mali

Résumé :

- Introduction :

La puce à ADN est une technique récente qui a été mise au point pour étudier les duplexes d'ADN. Elle utilise contrairement aux "dot blots" des supports en verre sur lesquels sont déposés les fragments d'ADN préalablement amplifiés par la technique de PCR.

- Fabrication des puces :

Elle comporte un avantage sur les autres techniques : elle utilise des supports en verre qui sont imperméables à la solution d'ADN.

- Effet du support sur le rendement des duplexes :

Le support doit avoir une taille optimale. L'injection de précurseurs de nucléotides à la surface du support augmente le rendement de l'hybridation.

- Effet de la composition des bases et des séquences :

Des études ont montré que des séquences de même composition mais d'ordre différent donnaient des rendements différents. D'autre part le rendement de l'hybridation augmente lorsque les concentrations de TMAAC augmentent.

- Formation de duplex et incorporation dans la cible :

La formation de duplex est un processus réversible. Elle dépend de la formation d'un complexe de nucléation à partir d'interactions entre quelques paires de bases complémentaires. Elle peut être bloquée lorsque les bases ne sont pas complémentaires ou lorsqu'une structure stable empêche l'appariement des bases.

- Minimisation des structures secondaires des cibles :

Elle consiste à fragmenter l'ARN jusqu'à des tailles proches de celles des oligonucléotides sur la puce.

- Extension par polymérases et ligases :

L'ADN polymérase et la ligase sont à la base de l'hybridation.

- Conclusion :

Les puces à ADN sont indispensables à la recherche sur le génome. On peut toujours améliorer le mécanisme par l'utilisation de meilleurs matériaux de substrat et par une connaissance encore plus grande des interactions des nucléotides.

Ce texte a montré toute l'utilité de la puce, les possibilités de rendement qu'elle offre mais aussi ses limites. On peut toujours expérimenter de nouvelles techniques enzymatiques mieux adaptés.