



Un autre projet mis de l'avant par **GenomeCanada**

Génomique comparative et fonctionnelle du pathogène humain *Cryptococcus Neoformans*

État	Terminé
Concours	Concours II
Secteur	Santé
Centre de génomique	Génomique Colombie-Britannique
Directeur de projet	James Kronstad

Description du projet

Deux espèces peut-être distinctes du genre *Cryptococcus*, *C. neoformans* et *C. bacillisporus* (maintenant appelé *C. gattii*), sont d'importants agents pathogènes fongiques chez les humains. Ces champignons sont devenus des menaces graves de la santé humaine au cours des dernières années parce qu'ils peuvent causer des infections virtuellement mortelles chez les personnes dont le système immunitaire est compromis et parce que ces infections fongiques sont difficiles à traiter entièrement avec les médicaments actuels.

Pour trouver de nouvelles méthodes thérapeutiques, il faut le plus rapidement possible comprendre en profondeur l'espèce *Cryptococcus*, agent pathogène chez les humains. Si l'on comprend pourquoi ces champignons peuvent rendre malade, on pourra également mettre au point de meilleures stratégies générales de lutte contre des maladies graves causées par d'autres champignons.

La séquence produite par notre projet – WM276 – fournit une ressource indispensable aux chercheurs qui s'efforcent de lutter contre les maladies fongiques. Nous pensons que cette séquence fournira d'importantes nouvelles connaissances comparatives et améliorera grandement la qualité générale de tous les projets sur le génome de cet agent pathogène. De plus, étant donné que les sérotypes A et D sont plus souvent étudiés, notre choix du sérotype B a fait du Canada un chef de file dans les études de cet agent pathogène fongique. Notre collaborateur, le Broad Institute, a effectué la séquence partielle d'une autre souche de sérotype B, R265.

Ensemble, les souches WM276 et R265 représentent les types de souches de sérotype B qui causent la plus grande flambée épidémique au monde de cryptococcose dans l'Île de Vancouver, en Colombie-Britannique. Les séquences connexes du génome représentent donc une ressource indispensable pour la mise au point d'outils diagnostiques qui permettront d'identifier des cibles de vaccin, et de mettre à l'essai des cibles de médicaments antifongiques. Ces domaines d'avancement seront importants pour l'industrie (p. ex. les sociétés qui fabriquent des médicaments antifongiques), les cliniciens qui traitent des patients atteints de cryptococcose et les vétérinaires qui soignent cette maladie chez les animaux.

Info-éclair

Résultats mis en évidence : la séquence constitue une ressource indispensable à la communauté scientifique qui lutte contre les maladies fongiques.

Nombre de membres du personnel de recherche employés dans ce projet : 5

Brevets : 1 brevet provisoire pour le test diagnostique basé sur les PCR pour les souches qui prolifèrent dans l'île de Vancouver, qui a été transféré au BC Centre for Disease Control pour la poursuite de la mise au point.