



## Pathogénomique fonctionnelle de l'immunité des muqueuses

<b>État :</b>	Terminé
<b>Concours :</b>	II
<b>Secteur :</b>	Santé et agriculture - animaux
<b>Centre de génomique :</b>	Génome Prairie et Génome Colombie-Britannique
<b>Directeurs du projet :</b>	Lorne Babiuk et Robert Hancock

### Résumé du projet

La pathogénomique est l'étude des gènes hôtes humains ou animaux qui interviennent dans la réaction aux infections causées par des microbes comme les bactéries et les virus. La première étape d'une maladie infectieuse, communément appelée réponse immunitaire « innée » ou primaire, désigne le contact des microbes avec les membranes muqueuses, dont les intestins, les voies respiratoires et l'appareil urinaire. La compréhension des gènes qui participent aux interactions hôte-pathogène nous a permis de concevoir et de tester de nouvelles approches pour le traitement des infections.

Nous avons pour objectif d'utiliser les outils mis au point dans le cadre du Projet du génome humain tels que les puces à ADN et l'analyse computationnelle, pour étudier les gènes hôtes activés ou désactivés lorsque des cellules sont infectées par des bactéries ou des virus. Nous avons également étudié l'effet de composés appelés peptides antimicrobiens et de vaccins sur la réponse immunitaire de l'hôte, de même que la capacité à protéger contre les infections. Les thérapies antibiotiques actuelles contre les maladies infectieuses ont fait augmenter le nombre d'agents pathogènes résistant aux antibiotiques, et il est urgent d'adopter une nouvelle approche. Contrairement aux antibiotiques, les peptides antimicrobiens agissent sur la cellule hôte (humaine ou animale) et non sur le microbe, ce qui permet d'éviter le problème de résistance aux antibiotiques. L'un des points forts de notre étude est l'utilisation de cellules humaines et animales, de même que de spécimens vivants comme des souris et des vaches.

L'utilisation de puces à ADN nous a permis de déterminer les gènes importants dans la réponse immunitaire innée. Nous avons comparé ces gènes chez la souris, l'humain et la vache. Nous avons déposé plusieurs demandes de brevets pour les nouveaux peptides antimicrobiens qui semblent à même de stimuler la réponse immunitaire de l'hôte sans entraîner les effets néfastes de l'inflammation. Nous avons mis au point de nouvelles méthodes d'analyse computationnelle et les avons gratuitement mises à la disposition de la communauté scientifique, notamment ArrayPipe, pour l'analyse de réseaux de gènes, Ortholuge, pour la comparaison de gènes semblables qui se retrouvent chez des espèces différentes, et ProbeLynx, pour la mise à jour automatique des données sur des gènes spécifiques utilisés dans des réseaux de gènes.

## **Info-éclair**

### ***Résultats mis en évidence :***

Acquisition de nouvelles connaissances sur les gènes intervenant dans la réponse immunitaire aux infections chez l'humain et les bovins, ce qui a mené à de nouvelles cibles pour la mise au point de produits thérapeutiques. Élaboration de nouveaux composés capables de traiter les infections microbiennes en stimulant la réponse immunitaire innée du gène hôte.

### ***Nombre de membres du personnel de recherche employé dans ce projet :***

200 années-personnes

### ***Nombre de publications arbitrées :***

38

### ***Nombre de brevets en instance ou obtenus :***

4

### ***Ressources produites :***

puces à AND (3), outils logiciels (3)

### ***Nombre d'activités d'information publique :***

présentation de 74 conférences publiques, participation à 9 forums publics