

7<sup>e</sup>

# Rencontre annuelle IRSC - ULAVAL

ulaval.ca/irsc

## LES RELATIONS GÉNIQUES SCRUTÉES À LA LOUPE

### La problématique

Tous les humains sont génétiquement différents. Certains ont des mutations qui inactivent des gènes et d'autres qui les rendent plus actifs. Un des grands défis de la biologie est de comprendre pourquoi certaines de ces mutations entraînent le développement de maladies et d'autres non. Afin de relever ce défi, nous avons besoin de modèles qui décrivent comment l'information écrite dans le génome se traduit en caractéristiques des cellules. Ces modèles permettront de mieux interpréter les informations génétiques et donc de mieux prédire les caractéristiques d'un individu à partir de la séquence de son ADN. Une voie prometteuse pour établir ces modèles est la biologie des systèmes. Cette approche consiste à établir les liens fonctionnels qui existent entre les gènes et entre les produits des gènes, c'est-à-dire les protéines qui s'associent pour former des machines moléculaires. À partir de ces liens, il sera éventuellement possible de prédire comment la mutation dans un gène affecte un processus biologique particulier, par exemple la division cellulaire ou le métabolisme énergétique.

### Le projet

L'objectif du programme de recherche est d'établir une carte fonctionnelle des relations entre les produits des gènes en étudiant comment les protéines s'associent entre elles dans un organisme modèle : la levure *Saccharomyces cerevisiae*. Premièrement, nous étudierons à l'échelle du réseau cellulaire entier comment les protéines interagissent entre elles pour former des machines moléculaires. Deuxièmement, nous ferons l'étude de ces relations fonctionnelles en enlevant les gènes un à un du génome et en quantifiant comment cela affecte les relations entre les protéines. Ainsi, nous aurons un modèle détaillé de la façon dont des mutations peuvent modifier les relations entre les protéines et, donc, du fonctionnement de la cellule. Finalement, nous utiliserons des outils bioinformatiques afin d'étudier les relations entre les différents réseaux cellulaires et voir comment ces réseaux changent au cours de l'évolution par l'accumulation de mutations.

« L'objectif est d'établir une carte fonctionnelle des relations entre les produits des gènes, en étudiant comment les protéines s'associent entre elles dans un organisme modèle qui sert de référence pour l'étude des gènes humains. »



**IRSC CIHR**

Instituts de recherche en santé du Canada Canadian Institutes of Health Research



**UNIVERSITÉ  
LAVAL**



## Le chercheur principal

Christian Landry est professeur adjoint au Département de biologie de la Faculté de sciences et de génie de l'Université Laval. Après des études de premier cycle et de maîtrise à l'Université Laval, il entreprend un doctorat à l'Université Harvard en tant que Frank Knox Memorial Fellow. Il revient au Québec en 2007 pour entreprendre des recherches postdoctorales à l'Université de Montréal. En 2009, il décroche une subvention des IRSC ainsi qu'une bourse salariale qui lui ouvrent les portes de l'Université Laval. Il se classe premier au Québec lors du concours du Fonds de la recherche en santé du Québec. Depuis, il a décroché des subventions prestigieuses, dont celle du Human Frontier Science Program (HFSP) où il s'est classé deuxième au monde. Il est l'auteur de plus de 40 articles scientifiques, dont plusieurs sont parus dans des revues prestigieuses comme *PNAS* et *Science*.

## Les collaborateurs

Le programme de recherche de Christian Landry se déroule à l'Institut de biologie intégrative et des systèmes (IBIS) de l'Université Laval et au sein du Regroupement québécois de recherche sur la fonction, la structure et l'ingénierie des protéines (PROTEO). Il compte sur de nombreux collaborateurs à l'Université Laval et ailleurs en Amérique et en Europe : Jacques Coté, du Centre de recherche de l'Hôtel-Dieu de Québec (UL); Robert Faure et Sabine Elowe, du Centre de recherche du CHUL (UL); Xavier Roucou, de l'Université de Sherbrooke; Stephen Michnick, de l'Université de Montréal; Graham Bell, de l'Université McGill; Alan Moses, de l'Université de Toronto; Chris Hittinger, de l'Université du Wisconsin (É.-U.); Scott Rifkin, de l'Université de Californie à San Diego (É.-U.); Madan Babu, de l'Université de Cambridge (R.-U.); Clive Bowsher, de l'Université de Bristol (R.-U.).

Le chercheur dirige et codirige présentement les travaux de trois étudiants à la maîtrise, de quatre étudiants au doctorat et de trois stagiaires postdoctoraux. Deux étudiants ont réalisé leur mémoire de maîtrise au laboratoire. Il enseigne aux étudiants de 1<sup>er</sup> cycle en biologie, biochimie, microbiologie et bio-informatique et aux 2<sup>e</sup> et 3<sup>e</sup> cycles. Il est aussi responsable de la journée étudiante de l'IBIS.

## Les retombées scientifiques

Ce programme de recherche fournira une carte des réseaux des relations géniques dans un organisme modèle qui servira de référence pour l'étude des gènes humains. Ces réseaux permettront de mieux comprendre comment des mutations affectent certains processus cellulaires alors que d'autres ont peu ou pas d'effet. Les résultats obtenus permettront de mieux comprendre le fonctionnement des réseaux cellulaires. De plus, ils contribueront au progrès de la médecine personnalisée en permettant de mieux prédire l'effet des mutations sur les fonctions biologiques complexes.

Ces résultats auront une portée internationale grâce à la publication d'articles dans des revues scientifiques de prestige et la présentation de travaux à des congrès internationaux. Plusieurs articles ont déjà été publiés et des communications prononcées dans plusieurs congrès au Canada, en Europe et aux États-Unis.

