

# Defence-related Research Action - DEFRA

**ACRONYME: BE-PROTECT**

**Titre:** e-Plateforme belge pour la caractérisation protéique et la détection avancée des menaces biologiques par technologies computationnelles et IA

**Durée du projet:** 01/12/2026 - 01/03/2029

**Budget: 1 414 000 €**

**Mots-clés:** protéines, interactions moléculaires hôte-pathogène, interprétation et conception pilotées par l'IA, biodéfense, application à double usage

**dont contribution IRSD: 956 000 €**

## DESCRIPTION DU PROJET

Ces dernières décennies ont vu une avancée spectaculaire de notre compréhension moléculaire de la biologie, avec des implications directes pour la santé (comme de nouveaux traitements contre le cancer) et l'agriculture (par ex. organismes génétiquement modifiés). Parallèlement, les menaces biologiques naturelles augmentent, sous l'effet de la mobilité humaine croissante, de la perturbation des niches écologiques et du changement climatique. Avec un arsenal croissant de méthodologies (bio)moléculaires avancées, il devient plus facile de (re)concevoir les agents biologiques responsables de ces menaces, ainsi que les thérapies moléculaires qui y répondent. Cela annonce une véritable course aux armements biomoléculaires, où ces agents sont utilisés par des adversaires pour impacter la santé mondiale, les agroécosystèmes, la biodiversité et, en définitive, le bien-être économique.

Les protéines, molécules clés de la vie, sont ciblées par ces agents biologiques ou utilisées activement par eux. Elles sont donc essentielles pour caractériser les menaces biologiques au niveau moléculaire et formuler des réponses dans toute approche de biodéfense. Elles permettent aussi de différencier de manière fonctionnelle et précise des souches ou espèces génétiquement proches mais présentant des comportements pathogènes différents. Une meilleure caractérisation des protéines complète ainsi les méthodes actuelles d'analyses génomiques pour l'identification des agents pathogènes. Ceci est crucial pour la biodéfense, dont l'objectif est d'évaluer, prévenir, se préparer, répondre et se rétablir après des événements biologiques, qu'ils soient dus à une dissémination délibérée ou accidentelle (bioterrorisme, biocriminalité) ou d'origine naturelle (épidémies). Ces deux types d'incidents peuvent compromettre la santé des forces. L'OTAN reconnaît d'ailleurs un déficit des capacités pour la détection rapide et précise des agents biologiques, sensibles à faible occurrence et spécifiques au moins au niveau de l'espèce. Les méthodes expérimentales actuelles reposent sur l'analyse génomique (ADN), ce qui limite l'interprétation. Transformer ces informations en données protéiques (« protéome ») élargit considérablement les possibilités de caractérisation, en recherchant des similarités avec des protéines connues, en identifiant les mécanismes d'action moléculaires, en déduisant les interactions hôte-pathogène et en proposant des contre-mesures à court et long terme.

BE-PROTECT développe des mesures de biodéfense « made in Belgium » pour optimiser l'évaluation, la prévention, la préparation, ainsi que la réponse et le rétablissement en cas d'incident biologique. Pour cela, BE-PROTECT conçoit un pipeline informatique pour une caractérisation protéique approfondie *in silico*, interprétant les données expérimentales génomiques des agents biologiques. Cette approche améliore notre connaissance des menaces (même inconnues) et (ré)émergentes et jette les bases d'une conception plus efficace des biocapteurs protéiques et des contre-mesures médicales. La nouveauté cruciale réside dans la prise en compte des régions flexibles non repliées des protéines. De nombreux mécanismes pathogènes exploitent ces régions pour infecter et perturber les cellules hôtes, mais leur caractérisation est souvent négligée. BE-PROTECT y parviendra grâce à des méthodes uniques développées à la VUB, combinant données publiques, approches existantes et usage responsable de l'IA. Nous déterminons computationnellement la fonction et les cibles probables des protéines pathogènes via i) comparaison avec des protéines annotées et ii) comparaison avec des protéines hôtes, souvent imitées par les pathogènes. Après avoir identifié les interactions probables, nous proposerons des contre-mesures basées sur le repositionnement de médicaments et la création de mini-ligands, petites protéines conçues par IA. Le pipeline est à double usage : un volet public pour la santé et un volet privé pour la biodéfense, avec traitement sécurisé des données en parallèle.

La plateforme BE-PROTECT relie détection expérimentale, caractérisation moléculaire et inhibition des agents biologiques, pour un double usage santé publique et biodéfense. Elle renforcera les capacités opérationnelles de la Défense belge face aux agents pathogènes inconnus ou émergents, notamment par l'identification et la caractérisation des agents de guerre biologique, la prise de décision tactique pour une réponse rapide et la prévention stratégique en anticipant la propagation des pathogènes. Outre le repositionnement de médicaments, le projet développera de nouveaux mini-ligands protéiques, favorisant l'innovation en biocapteurs et en produits pharmaceutiques. La nature générique du pipeline permettra son intégration avec d'autres projets européens ou OTAN et des collaborations interdisciplinaires avec DEFRA et l'OTAN STO. BE-PROTECT contribue ainsi, à court et long terme, aux priorités du DEFRA en matière de biodéfense, notamment au développement de contre-mesures médicales et CBRN, conformément au Plan intégré de développement des capacités (ICDP) et à la Vision stratégique Défense.

## COORDONNÉES

### **Coordinateur**

Wim Vranken

Vrije Universiteit Brussel / Interuniversity Institute of Bioinformatics in Brussels

wim.vranken@vub.be

### **Partenaires**

Abdoul Sare

Biological Laboratory of the Belgian Defense Laboratories (DLD-Bio)

Abdoul.sare@mil.be

Wouter Van Putte

PUXANO

Wouter.vanputte@puxano.com

## LIEN(S) DU PROJET

Nous allons créer un site web pour le projet, à l'adresse <https://be-protect.be/>. Une page LinkedIn sera également créée.