

# Soutenir le Développement Cognitif et Social au Cours de l'Enfance



Sylvana Côté, Ph.D.

IdEx Chair en Psychopathologie Développementale, Université de Bordeaux  
Professeur, Université de Montréal

[sylvana.cote@gmail.com](mailto:sylvana.cote@gmail.com)

# THEMES DE RECHERCHE

1. Quels sont les trajectoires développementales et les facteurs de risque/protection favorisant un développement cognitif et social adapté?
2. Quels sont les mécanismes bio-psycho-sociaux responsables de la transmission intergénérationnelle des difficultés cognitives et sociales?
3. Stratégie pour réduire l'impact des facteurs de risque: Prévention à la petite enfance

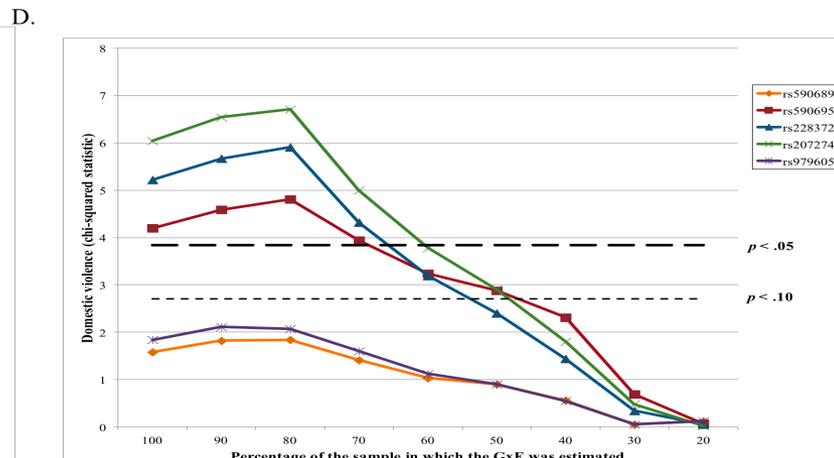
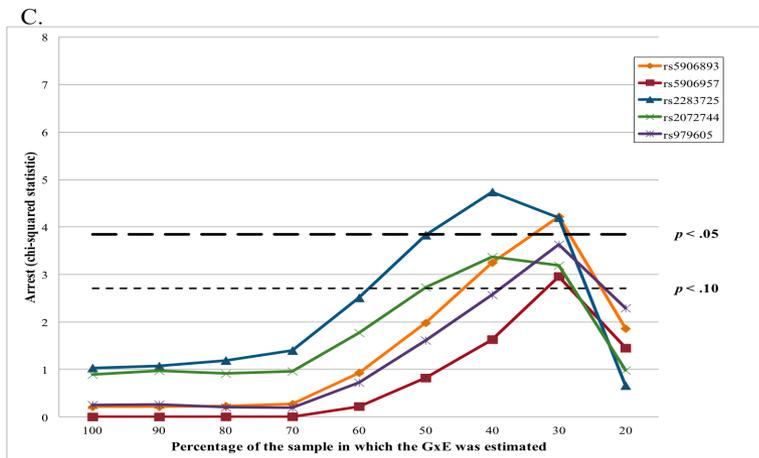
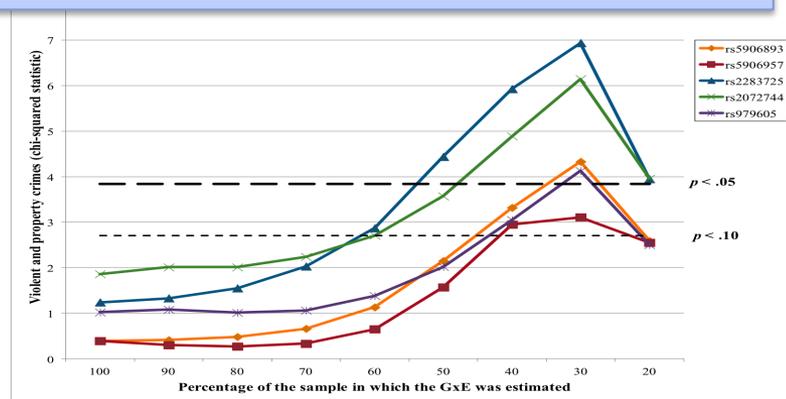
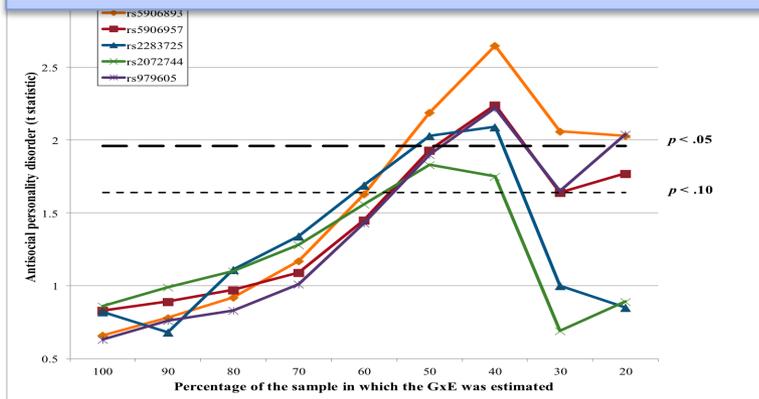
## 2. Mécanismes bio-psycho-sociaux: Études avec des devis génétiquement ou épigénétiquement informatifs

1. Génétique quantitative:
  - Cohorte de 600 pairs de jumeaux
  - Comparaison des monozygotes et dizygotes
2. Génétique moléculaire:
  - données génotypique avec n=4500 sujets suivis longitudinalement
3. Épigénétique
  - Études de jumeaux, début pendant la grossesse et mapping des changements épigénétiques

# Exemple d'interaction GXE

Gène MAOA (faible activité) X exposition violence au cours de l'enfance associé avec violence à 22-23 ans

Mais, a part pour la violence conjugale, seulement lorsque les niveaux d'exposition à la violence sont de modérés à élevés



Ouellet-Morin, I., (2016). Exposure to violence and antisocial behavior *British Journal of Psychiatry*. 208(1):42-8. IF 7,343

# Les enfants agressifs ont une signature de méthylation de la DNA des cellules T (périphéries) différente de celle des enfants non-agressifs

## Young CPA adult males VS a Normal group

(Provençal et al., (2013, Plos one)

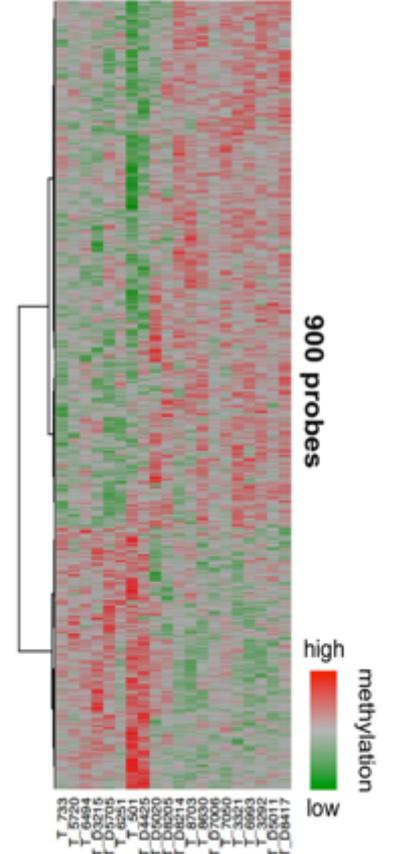
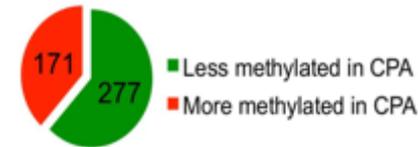
- 448 distinct gene promoters differentially methylated.
- Functionally, many genes play a role in aggression and were enriched in biological pathways affected by behavior. .

## Young CPA adult females VS a Normal group

(Guillemin et al., 2014 Plos One)

- Observed genome-wide variation in promoter DNA methylation.
- Epigenetic signature in females have a component specific to females and another common to both males and females.

Guillemin, C. (2014). *PLoS One*, 9(1), 1-16 (e86822).



A.

