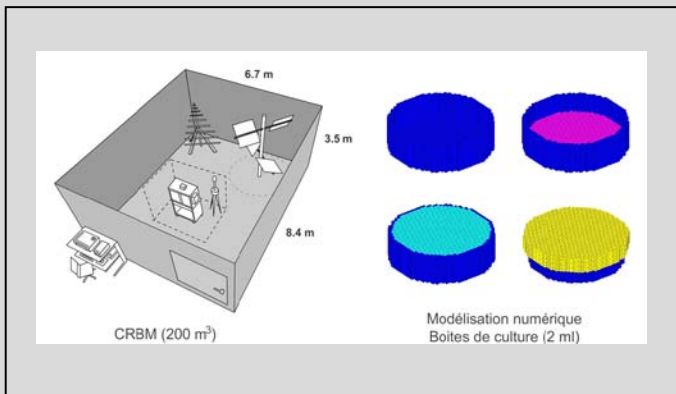


Mardi 25 septembre 2012

MAPHYS : analyse par biopuce à ADN de la réponse de kératinocytes humains à une exposition de faible amplitude en chambre réverbérante

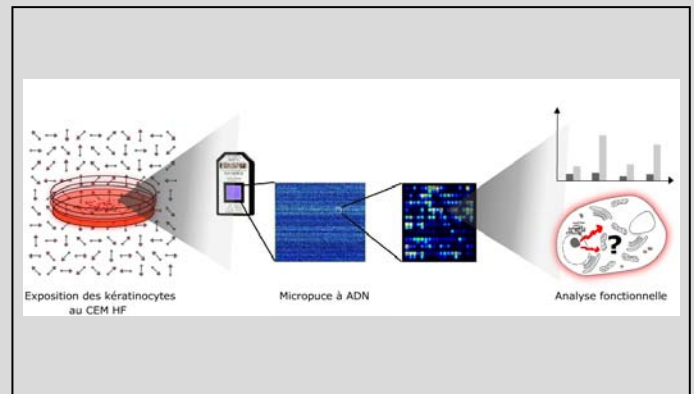
Alain VIAN, David ROUX, Sébastien GIRARD, Sébastien LALLECHERE, Françoise PALADIAN, Pierre BONNET

Objectifs de l'étude



- ♦ Contrôle de l'environnement EM des cellules humaines : vérification des lois de probabilité du CEM
- ♦ Contrôle de l'uniformité du CEM
- ♦ Evaluation numérique et expérimentale du DAS :
 - expérimentale : sonde de T° (250ms / 0.05°C)
 - numérique : FDTD (résolution du problème de facteur d'échelle : sommation d'ondes planes aléatoires)
- ♦ Vérification de l'uniformité du DAS / absence de couplages

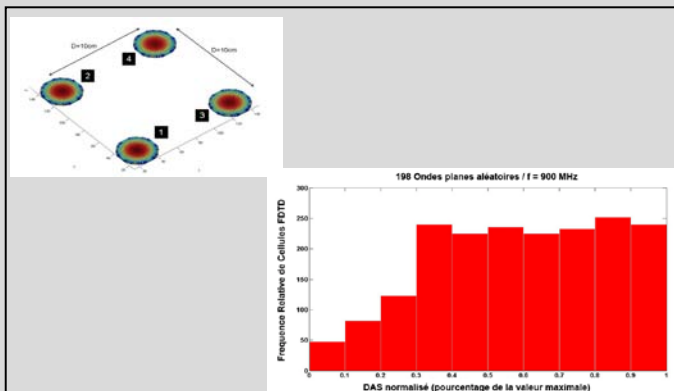
Méthodes



Etude des modifications d'expression du génome

- ♦ Approche gène candidat par PCR
- ♦ Interrogation de biopuces Affymetrix Témoins / stimulés HG-U133_Plus_2 (IGBMC)
- ♦ Validation des résultats en PCR quantitative
- ♦ Analyse différentielle des deux conditions EM testées

Résultats – Conclusions – Valorisation



- Absence de couplage entre boîtes de cultures
- ♦ Au niveau des cellules : loi de probabilité identique à celle mesurée en CRBM vide
 - ♦ Uniformité du CEM dans une boîte de culture
 - ♦ DAS moyen $\langle E_{24} \rangle^* = 8 \text{ V/m} : 0,0026 \text{ W/kg}$
 - ♦ DAS moyen $\langle E_{24} \rangle^* = 41 \text{ V/m} : 0,073 \text{ W/kg}$

Biopuce n°1 - 8 V/m x 10 min				Biopuce n°2 - 41 V/m x 30 min			
N°	Ratio EIS	Symbole Gène	Description	N°	Ratio EIS	Symbole Gène	Description
1	1.56	DYRK1A	tyrosine phosphorylation-regulated kinase receptor for interleukin 20 (IL20)	1	0.64	SCG5	secretogranin V (T22 protein)
2	1.36	LDORA	ribosomal RNA processing 5, processome	2	0.63	REL	v-erbB reblutendtheleia viral oncogene homolog
3	1.31	RRP9	metastasis associated lung adenocarcinoma	3	0.63	ADFP	adipose differentiation-related protein
4	0.70	MALAT1	hect domain and RLD 2 pseudogene 3	4	0.66	NR1D2	nuclear receptor subfamily 1, group D, member 2
5	0.69	HERC3P2	heterogeneous nuclear ribonucleoproteins	5	0.61	AKAP12	A kinase (PRKA) anchor protein 12
6	0.68	HNRNPH1	idem	6	0.65	LEPR	leptin receptor
7	0.68	HNRNPA1	idem	7	1.60	KIAA0754	hypothetical LOC643314
8	0.67	---	protegrins and protegrin analogs	8	0.50	PK4	pyruvate dehydrogenase kinase, isozyme 4
9	0.66	---	RNA binding motif protein	9	0.66	---	---
10	0.65	HIRA	histone chaperone	10	0.66	KLHL24	kelch-like 24 (Drosophila)
11	0.65	---	contains Alu and MER1Y repetitive element	11	0.67	PCDH7	protocadherin 7
12	0.65	MALAT1	metastasis associated lung adenocarcinoma	12	0.60	HINT3	histidine triad nucleotide binding protein 3
13	0.59	---	human hepatocellular carcinoma	13	0.67	---	---
14	0.56	TacRNA	trophoblast derived non-protein coding RNA	14	0.63	---	---
15	0.56	TacRNA	idem	15	0.63	---	---
16	0.54	TacRNA	idem	16	0.66	---	---
				17	0.46	---	---

- ♦ Développement d'un protocole de culture adapté (NHEK – CRBM)
 - ♦ Deux expositions EM testées sur kératinocytes humains
 - ♦ Aucune modification significative de la quantité d'ATP après exposition
 - ♦ 54000 gènes interrogés par biopuce : 16 changements potentiels d'expression significatifs* pour la condition n°1 et 17 pour la n°2 (0.3 ‰).
- Ratios Exposés / témoins très faibles, compris entre 0,5 et 1,6
- ♦ Aucune variation significative obtenue par PCR quantitative

Lalléchère *et al.*, Progress In Electromagnetics Research B, Vol. 26, 257–290, 2010 – Roux *et al.*, Bioelectromagnetics 32:302-311 (2010)