



Analyses globales et nouveaux indicateurs d'exposition dans les cellules de l'épiderme humain

Service de Génomique Fonctionnelle CEA, Evry

Accidents d'irradiation

1. Identifier les personnes exposées dans une population ?

2. Estimer une dose reçue?



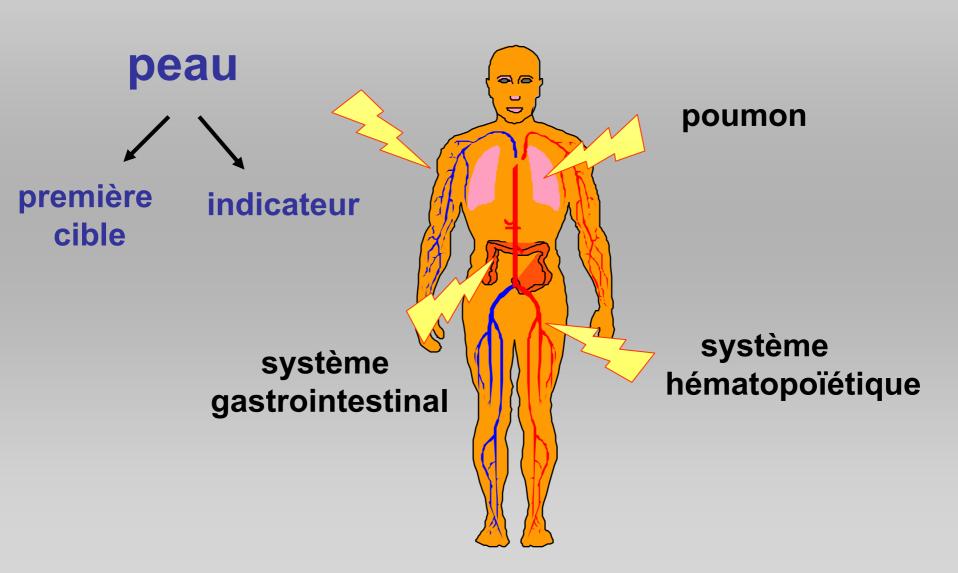
Tests classiques : un gène, une protéine marqueur

Génomique fonctionnelle : puces à ADN ensemble des gènes humains

Première application à la dosimétrie biologique : S Amundson, Rad Res, 2000 human lymphocytes



Exposition humaine après accidents ou radiothérapie



Organisation de l'épiderme humain

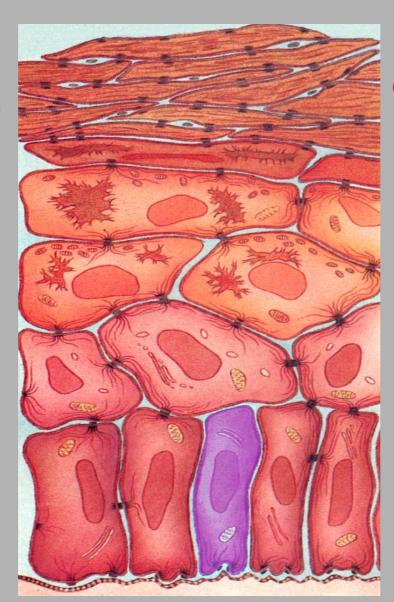
couche cornée





Couche basale

cellules

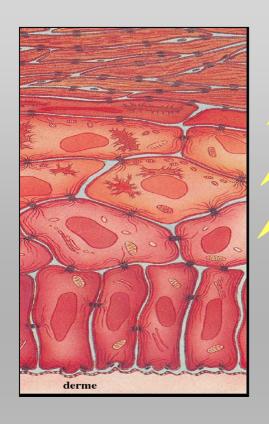


différenciation terminale





prolifération

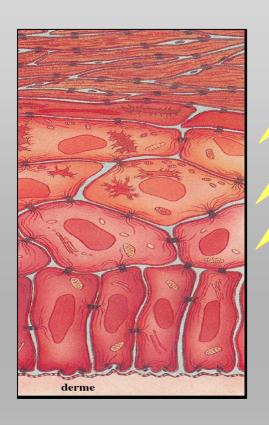


Irradiation externe

Dosimétrie biologique

. décollement des couches supérieures « stripping »
. peu invasif
. possible à plusieurs endroits et plusieurs temps





Modèle : keratinocytes humains primaires, différenciés en culture

Technique:
 puces à ADN
pour faire un screening le plus
ouvert possible

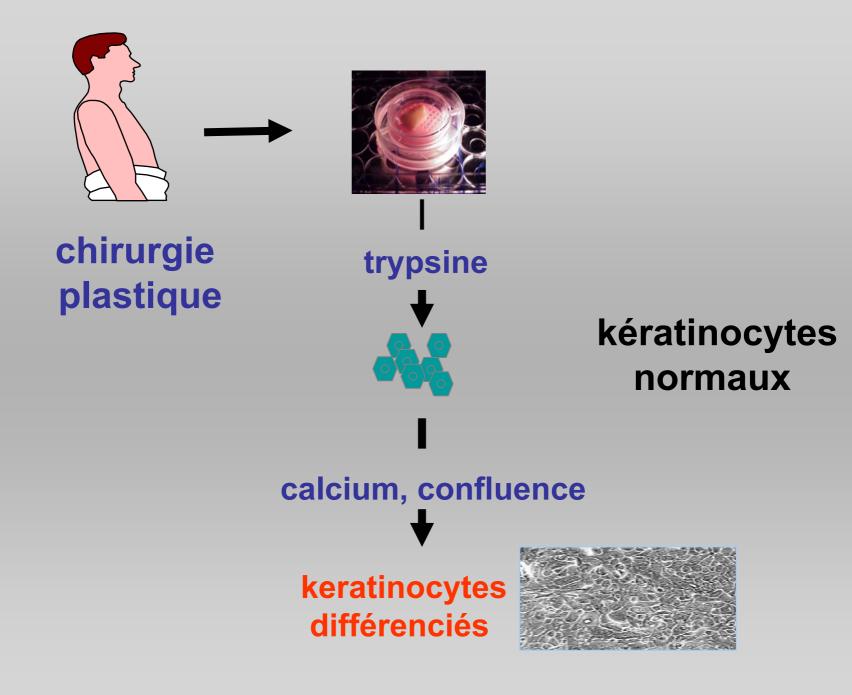


Buts:

1. Fondamental : Mécanismes de la réponse globale du kératinocyte à l'irradiation

2. Appliqué : recherche de nouveaux marqueurs d'exposition





Objectifs de l'étude

Caractérisation de la réponse des kératinocytes humains primaires spécifiques à une faible dose d'irradiation ionisante

10 mGy versus 2 Gy

Recherche des gènes et des profils temporels d'expression spécifiques



Dispositif d'irradiation

Laboratoire LREG (CEA INRA, Jouy-en-Josas)

Dosimétrie par Fli : SPR du CEA Saclay

10 mGy Une source de 60 Co, 550 KeV d'énergie moyenne

Débit de dose : 3 mGy / min

Durée de l'irradiation : 4 minutes

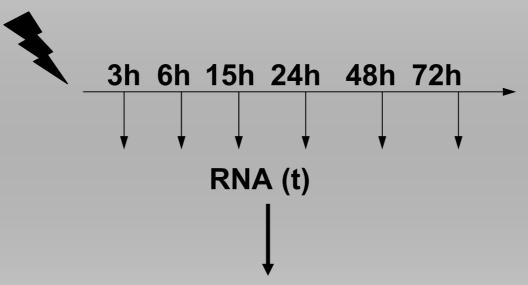
2 Gy 8 sources de ⁶⁰ Co

Débit de dose : 300 mGy / min

Durée de l'irradiation : 8 minutes

1ère analyse : déterminer des GENES MARQUEURS des deux doses

Irradiation 2 Gy et 10 mGy, témoins

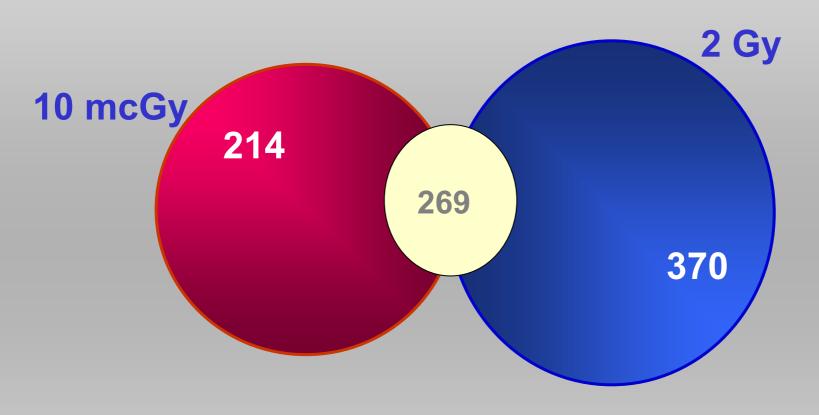


Hybridation irradié (t) / non irradié (t)



Analyse temps par temps

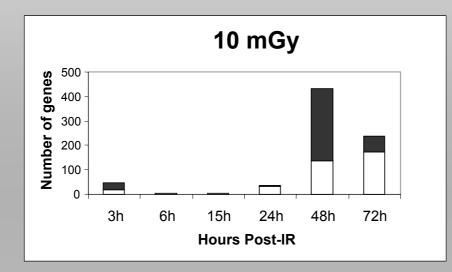
Réponses dose-spécifiques



2 Gy: 6 % des sondes, dont 370 spécifiques

10 mGy: 5 % des sondes, dont 214 spécifiques

Analyse temps par temps : profils spécifiques



Gènes spécifiques 10 mGy:

↑ ↓ 48h

Gènes communs:

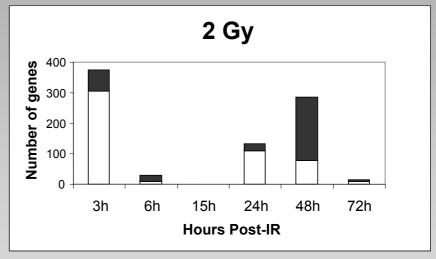
↓ 48h et ↑ 72h

Gènes spécifiques 2 Gy:

↑ 3h

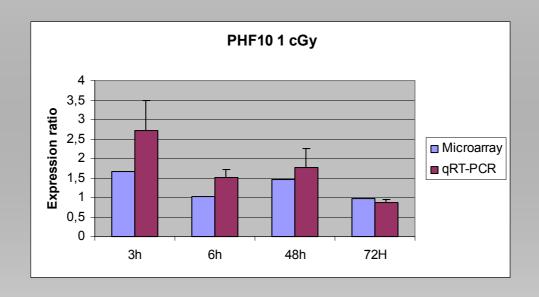
Gènes communs:

↑ 24h et ↓ 48h



Qui sont ces gènes?

des facteurs de transcription, comme PHD finger

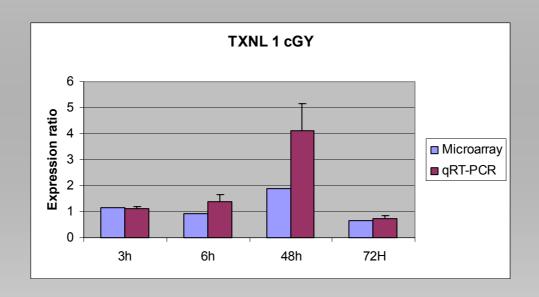


Signature moléculaire faible dose précoce



Qui sont ces gènes?

des gènes du stress oxydatif, comme la thioredoxine

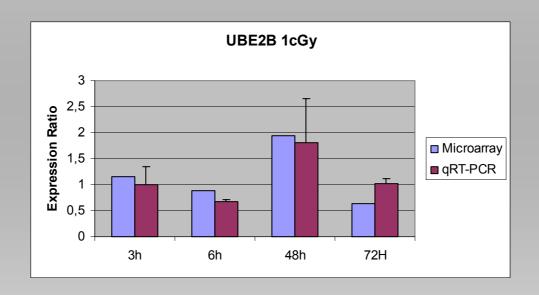


Signature moléculaire fd tardive



Qui sont ces gènes?

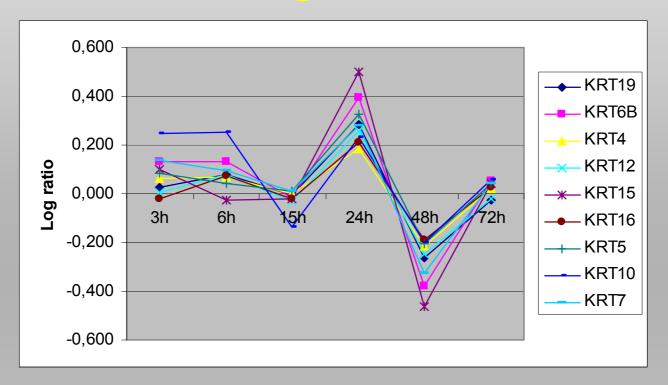
des gènes du catabolisme cellulaire, comme l'ubiquitine 2Br



Signature moléculaire fd tardive



Familles de gènes kératines



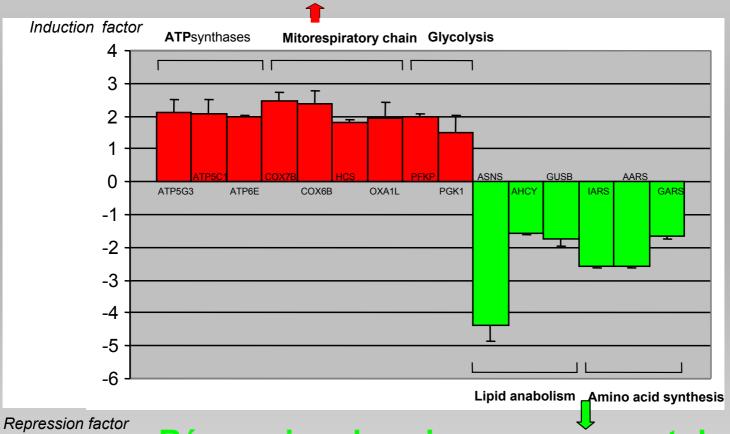
2 Gy, 9 gènes induits à 24 h réprimés à 48 h

1 cGy, 2 gènes réprimés à 48 h différents

Signature 2 Gy tardive

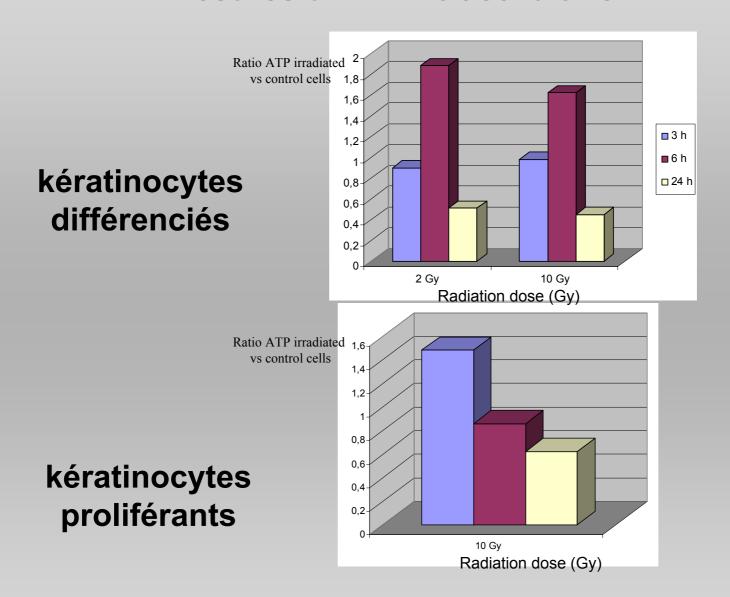
Voies énergétiques : ATP

Induction de voies produisant de l'énergie



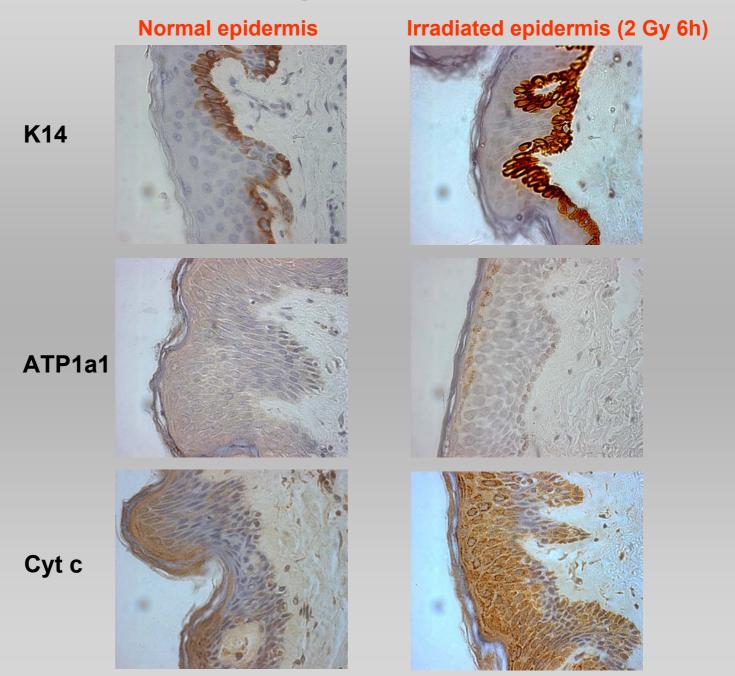
Répression de voies consommant de l'énergie

Mesures d'ATP intracellulaire



signature précoce et tardive forte dose

Confirmation dans la peau humaine ?



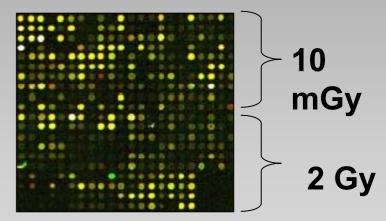
Analyse temps par temps Conclusions et Perspectives

Liste de gènes spécifiques à chaque dose



élucider les différences entre les mécanismes de régulation des faibles doses et des doses modérées **Applications** dosimétriques

Puce de pronostic



Analyse temps par temps Conclusions et Perspectives

Liste de gènes spécifiques à chaque dose

Applications dosimétriques



test fonctionnel ATP

kits de PCR spécifiques kératines



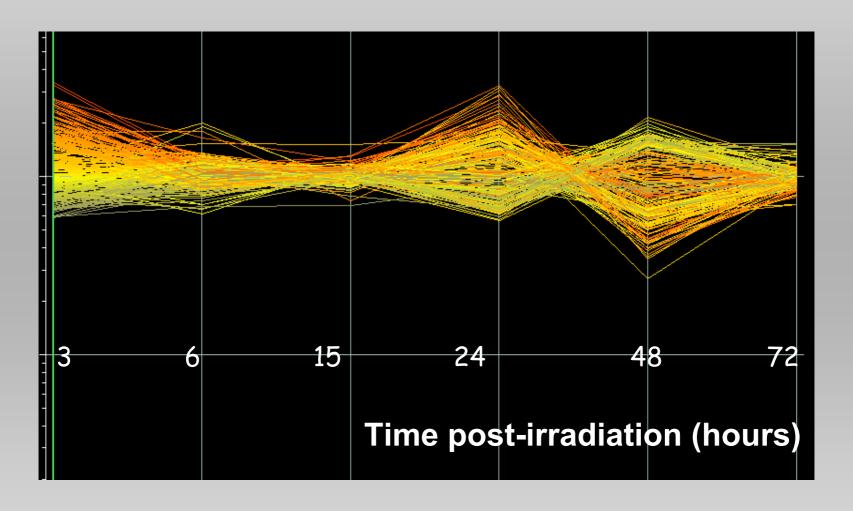
2ème analyse : déterminer des PROFILS temporels d'expression spécifiques

→ Nécessite d'avoir un témoin commun à tous les temps pour effectuer une étude cinétique

→ Etude basée sur les gènes modulés par l'irradiation : 850 gènes de l'étude « temps par temps »



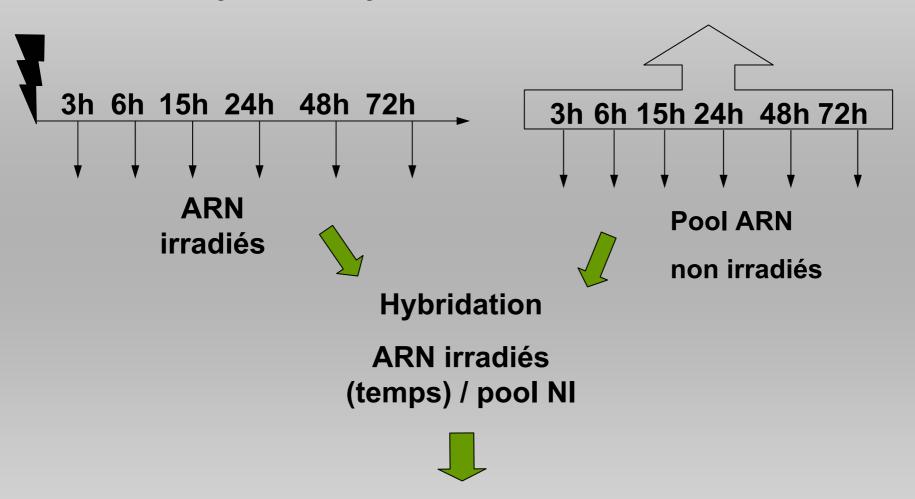
Profils d'expression à 2 Gy



Vagues de réponse géniques !

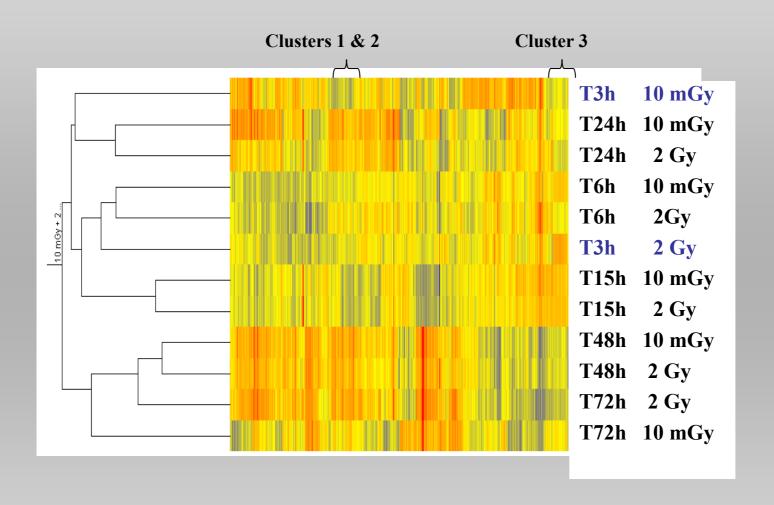
2ème stratégie d'hybridation

Irradiés 2 Gy et 10 mGy



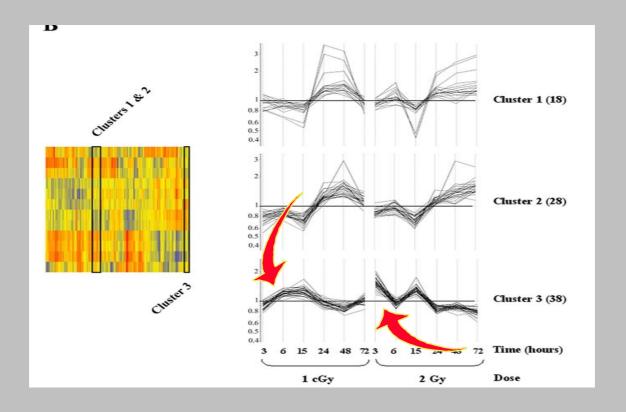
étude en cinétique et en clustering

Analyse Cinétique



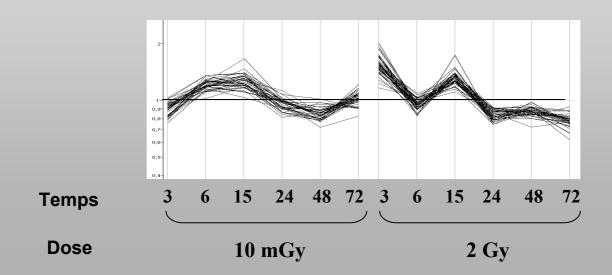
Construction d'un arbre de regroupement

Analyse en clustering



Groupes de gènes (clusters) ayant la même cinétique de réponse sur 3 jours

Analyse de clusters



profil spécifique de régulation de 38 gènes dans le temps



Co-régulation de ces 38 gènes par des séquences promotrices communes ?



Etude des promoteurs avec le logiciel APEX

Recherche sur ordinateur (in silico) de séquences régulatrices

Gene	Reference	В	Logo	Class	Logo	Class
GLCE	AB020643		J.AAAA.A.AAA		GCCTGGgc	6
GRIPE	AL834362		· cc GLCC	GAG 2 ACC. CGGAGGC GAG	7 (2)	
FLJ11274	BC047682		CCTG-G	N_T	T TOT AAA	
APC	NM_000038		JAUSTUSU	3	V9 Jelules MMA	8 (4)
PF4	NM_002619		GICTCAAAAAAA 4 GAACCCG			9 (5)
SPOP	NM_003563		Magazia Catala			
TNFRSF14	NM_003820	TANANCOPYLVIVI 5 JEE WAYEVIVI 1				10
AQP4	NM_004028					
NRCAM	NM_005010					
PPIL2	NM_014337	C				
GRCA	NM_014449		Protein		Description	Class
PHF10	NM_018288		AP-2	Activator protein 2 GATA-binding protein 1 GATA-binding protein 3 Ikaros (Lyf-1)		6
KIAA1441	NM_020832					8
SEZ6L	NM_021115		lk-1 / lk-2 / Lyf-1			3
MGC11349	NM_025112		IL-6 RE-BP	IL6 respons	e element binding protein	3
ZIC5	NM_033132		SP-1		•	2/7
Loc170261	_ NM_173798		SRY delta TFIID / TBP			9
	GLCE GRIPE FLJ11274 APC PF4 SPOP TNFRSF14 AQP4 NRCAM PPIL2 GRCA PHF10 KIAA1441 SEZ6L MGC11349 ZIC5	GLCE AB020643 GRIPE AL834362 FLJ11274 BC047682 APC NM_000038 PF4 NM_002619 SPOP NM_003563 TNFRSF14 NM_003820 AQP4 NM_004028 NRCAM NM_005010 PPIL2 NM_014337 GRCA NM_014449 PHF10 NM_018288 KIAA1441 NM_020832 SEZ6L NM_025112 ZIC5 NM_033132	GLCE AB020643 GRIPE AL834362 FLJ11274 BC047682 APC NM_000038 PF4 NM_002619 SPOP NM_003563 TNFRSF14 NM_003820 AQP4 NM_004028 NRCAM NM_005010 PPIL2 NM_014337 GRCA NM_014449 PHF10 NM_018288 KIAA1441 NM_020832 SEZ6L NM_021115 MGC11349 NM_033132	GLCE AB020643 GRIPE AL834362 FLJ11274 BC047682 APC NM_000038 PF4 NM_002619 SPOP NM_003563 TNFRSF14 NM_003820 AQP4 NM_004028 NRCAM NM_004028 NRCAM NM_014337 GRCA NM_014449 PHF10 NM_018288 KIAA1441 NM_020832 SEZ6L NM_021115 MGC11349 NM_025112 ZIC5 NM_033132 Lect70364 AB020643 AB02064 AB020643 AB02064 AB020643 AB020643 AB02064 AB0206 AB02064 AB0206	GLCE AB020643 GRIPE AL834362 FLJ11274 BC047682 APC NM_000038 PF4 NM_002619 SPOP NM_003563 TNFRSF14 NM_003820 AQP4 NM_004028 NRCAM NM_004028 NRCAM NM_014337 GRCA NM_014449 PHF10 NM_018288 KIAA1441 NM_020832 SEZ6L NM_021115 MGC11349 NM_025112 ZIC5 NM_033132 Lec170261 NM_172798	GLCE AB020643 GRIPE AL834362 FLJ11274 BC047682 APC NM_000038 PF4 NM_002619 SPOP NM_003563 TNFRSF14 NM_003820 AQP4 NM_004028 NRCAM NM_005010 PPIL2 NM_014337 GRCA NM_014449 PHF10 NM_018288 KIAA1441 NM_020832 SEZ6L NM_021115 MGC11349 NM_025112 ZIC5 NM_033132 Lect 70264 AB020643 1

Identification de sites de liaison de facteurs de transcription

Identification de 8 sites de liaison de facteurs de transcription

Régulateurs potentiels des réponses 10 mGy/2 Gy

En test par des expériences d'immuno précipitation de chromatine, GATA-3



Résumé

La faible dose induit une reprogrammation génétique des kératinocytes 6 % des sondes

Etude « temps par temps » : gènes spécifiques de chaque dose

Etude « clustering » : profils temporels spécifiques de chaque dose

Lamartine, J Cell Biochem, 2004
Franco et al., Radiation Research, in press

Génomique fonctionnelle et radioprotection

- W Park, Oncogene, 2002, lignée Jurkat et PBMC puces à 2400 gènes
 - 384 régulés par rayons γ
 - relation doses et temps-dépendantes

• concept de « Radchip », puces dédiées portant des gènes biomarqueurs de l'exposition

Génomique fonctionnelle et radioprotection

• S Amundson, NIH, biomarqueurs des lymphocytes humains périphériques

2000, Rad Res, 6 500 sondes
20 cGy à 20 Gy, 3 gènes (DDB2, Waf1) induction linéaire à 24 et 48 h

• 2004, Cancer Res, 6 500 sondes sang de patients TBI, fractions 1,5 et 3 Gy DDB2, Waf1,GADD45

6 h, biomarqueurs confirmés in vivo

Génomique fonctionnelle et radioprotection

- 2003, Grace M, Clin Chem (AFFRI) dosimétrie lymphocytes humains
- kit de multi PCR de terrain pour quantifier les ARNs de 4 gènes

GADD45, DDB2, BAX, MnSOD inductions dose-dépendantes

Génomique fonctionnelle et dosimétrie

- points forts:
- faible quantité de matériel nécessaire ARN de 5000 cellules
 reproductibilité des résultats
 technique très robuste
 bientôt génome humain complet

• l'analyse globale est une technique d'avenir pour le screening et le diagnostic



Mais

- l'analyse globale est une technique d'avenir qui dérange...
 - nouvelle manière de faire de la biologie
- demande de nouveaux outils très spécifiques, collaboration avec les bio-informaticiens

 développement (génome complet) et validation nécessaires Comparaisons inter-plate-formes





