HAL
open science

Approche protéomique pour la prédiction du syndrome métabolique :étude castémoins nichée au sein de la cohorte Haguenau

Julien Bertrand, Mélanie Pétéra, Anthony Fernandes, Joane Matta, Claire Lévy-Marchal, Sébastien Czernichow, Estelle Pujos-Guillot, Blandine Comte

To cite this version:

Julien Bertrand, Mélanie Pétéra, Anthony Fernandes, Joane Matta, Claire Lévy-Marchal, et al.. Approche protéomique pour la prédiction du syndrome métabolique :étude castémoins nichée au sein de la cohorte Haguenau. Journées Francophones de Nutrition JFN 2015, Dec 2015, Marseille, France. 639 p., 2015, JFN 2015. hal-01271959

HAL Id: hal-01271959

https://hal.science/hal-01271959v1

Submitted on 2 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Obésité

JFN2015/ABS-1300

Approche protéomique pour la prédiction du syndrome métabolique : étude cas-témoins nichée au sein de la cohorte Haguenau

Julien Bertrand[* 1], Mélanie Pétéra[2], Anthony Fernandes[2], Joane Matta[3], Claire Lévy-Marchal[4], Sébastien Czernichow[5, 6], Estelle Pujos-Guillot[1, 2], Blandine Comte[1]

[1]UMR1019, UNH Mapping, [2]UMR1019, UNH Plateforme d'Exploration du Métabolisme, INRA , Clermont-Ferrand, [3]UMS 011, INSERM, Villejuif, [4]Institut de Santé Publique, INSERM, Paris, [5]Département de Nutrition, Hôpital Ambroise Paré, Boulogne, [6]UMS011 Cohortes en population, INSERM/Université Versailles St-Quentin, Villejuif, France

Veuillez choisir votre discipline: Expérimental/mécanismes cellulaires et moléculaires
Présentation préférée: Communication orale
Spécifiez votre âge: 31-40 ans
Spécifiez votre lieu d'exercice: Autre (précisez):
Lieu d'exercice: Autre: Post-doctorant

Introduction et but de l'étude: Grâce à une vision intégrée des phénomènes post-génomes, les approches omiques devraient permettre de mieux comprendre l'ensemble des processus biologiques complexes ayant lieu au cours du développement des maladies métaboliques chroniques telles que le syndrome métabolique (SMet). Cet ensemble de désordres cardiovasculaires et métaboliques précède et prédit le diabète de type 2 (T2D) et la nutrition fœtale est maintenant reconnue comme un facteur de risque important pour son développement et le T2D à l'âge adulte. Dans cette étude, notre objectif était d'identifier des biomarqueurs précoces et/ou prédictifs du SMet, associés ou non à l'empreinte fœtale par une approche protéomique ciblée.

Matériel et méthodes: Cette étude cas-témoins nichée au sein de la cohorte Haguenau utilise les données anthropométriques et sociales d'individus nés à la maternité d'Haguenau et identifiés avec ou non un petit poids de naissance ajusté pour l'âge gestationnel (petit poids=SGA, poids normal=AGA). Nous avons donc sélectionné des sujets SGA, sains à 20 ans (T1, n=46), ayant développé (SMet30, n=23) ou non (nonSMet30, n=23) un SMet à 30 ans (T2). Une analyse protéomique ciblée a été réalisée sur les échantillons biologiques prélevés à T1 en utilisant des biopuces ciblant des cytokines, chemokines, adipokines, facteurs de croissance, facteurs angiogéniques, protéases, récepteurs solubles, ou encore des molécules d'adhésion. Cette technique détecte simultanément 1000 protéines à partir d'une faible quantité de sérum. Les résultats ont été analysés par des méthodes statistiques uni- et multivariées (ANOVA, ACP et PLS-DA) pour mettre en évidence des modulations de protéines et identifier des biomarqueurs prédictifs de l'apparition du SMet à T2. Une étape de validation a été effectuée (n=11) pour tester la robustesse du modèle prédictif obtenu.

Résultats et Analyse statistique: Les résultats ont montré 60 protéines modulées de façon significative entre cas et témoins à T1, soit plus de 7 ans avant l'apparition du SMet. Parmi celles-ci, 31 protéines ont un ratio de variation supérieur à 1,5 (n=23) ou inférieur à 0,65 (n=8). Elles sont en majorité impliquées dans la régulation de l'angiogenèse (n=7), de l'inflammation (n=5) ou encore du métabolisme (n=3). D'autres participent à la prolifération cellulaire ou sont impliquées dans le développement fœtal (n=5). Une approche réseau utilisant Ingenuity a permis d'explorer en détail leurs liens et corrélations. L'analyse statistique par PLS-DA a permis de sélectionner les protéines candidats biomarqueurs ayant les plus fortes capacités discriminantes. L'intégration d'autres types de données (socio-économiques, cliniques, métabolomiques) par *Random Forest* sera réalisée pour enrichir les modèles prédictifs.

Conclusion: Ce projet contribuera à renforcer nos connaissances sur le SMet et l'empreinte fœtale; il va permettre l'identification précoce des sujets à risque afin d'améliorer leur prise en charge et de proposer une stratégie préventive efficace.

Conflits d'intérêts: Aucun conflit à déclarer