

## **CARACTÉRISATION DES RÉSEAUX DE CELLULES ET DE CYTOKINES AUX NIVEAUX DES PLAIES DE GRANDS BRULÉS**

**Ilna Gdovinova-Lamy et Jacques Bernier, INRS-Institut Armand Frappier, Laval, QC, Canada**

La peau est la première ligne de la défense. Les grandes brûlures sont caractérisées dès le début par le syndrome de la réponse inflammatoire systémique(SIRS). Il s'agit de l'activation non spécifique de plusieurs types de cellules immunes. 10<sup>e</sup> jour pos trauma on observe la réaction anti-inflammatoire compensatoire (CARS) qui est caractérisée par la dépression immunitaire. Cet état va rendre le patient vulnérable aux infections nosocomiales ce qui sera responsable dans la plupart de cas de la mort du patient. L'objectif de ce projet est d'établir le réseau de cellules immunes peuplant les couches profondes du derme à la suite de la brûlure et par la suite caractériser l'expression des gènes des cellules immunes au niveau de la plaie. Pour cela j'ai utilisé des échantillons de la peau brûlées congelées. J'ai isolé des ARN et des protéines par le kit Paris Life technologies Ambion RNA (Ref.AM 1921). Ensuite la vérification de la quantité d'ARN par Nanodrop et de la qualité par Experion(Biorad). Puis la Reverse Transcription de 9 échantillons d'ARN issue de 9 patients différents et ensuite PCR. Pour cela j'ai utilisé RT Profiler PCR Array Human Inflammatory cytokines&Receptor&Chemokines(Qiagen) pour tester l'expression de gènes de l'immunité inflammatoire et puis RT Profiler PCR Array Human Innate&Adaptative Immune Response(Qiagen) pour tester les gènes de l'immunité innée et adaptative. J'ai effectué aussi le dosage de protéines pour faire Western Blot (Anticorps 1<sup>er</sup> CASPASE3, Anticorps 2<sup>nd</sup> Anti-mousse). La bande de 30kDa relève la présence de ProCspase3 chez le patient 1 et 4 qui est ensuite clivée. On peut supposer alors la présence de l'apoptose dans les cellules 1 et 4. L'analyse de PCR relève l'expression importante de 2 gènes d'immunité inflammatoire (NAMPT et MIF). Et la répression forte de 3 gènes (BMP2, CX3CR1,CCL2).Chez l'immunité innée&adaptative on observe une expression importante dans 4 gène (CXCL8,SLC11A1,TLR4,TRAF6) et la répression forte dans 3 gènes (CCL2,CXCR3,CD40LG). Les majorités de gènes demeurent non changés. Notre hypothèse pour la suite de travaux est la possibilité d'analyser les expressions de ces gènes pour pouvoir établir leur activité dans le processus de CARS et les facteurs impliqués dans la différenciation des cellules suppressives.