



HAL
open science

Optimisation de la préparation d'échantillon pour l'analyse des métabolites sélénisés dans le sang et le plasma sanguin

Simon Godin, Diego Bouzas Ramos, Stéphanie Fontagné-Dicharry, Maïté
Bueno, Brice Bouyssière, Françoise Médale

► **To cite this version:**

Simon Godin, Diego Bouzas Ramos, Stéphanie Fontagné-Dicharry, Maïté Bueno, Brice Bouyssière, et al.. Optimisation de la préparation d'échantillon pour l'analyse des métabolites sélénisés dans le sang et le plasma sanguin. Spectr'Atom 2014, Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS). FRA., May 2014, Pau, France. 109 p. hal-02743246

HAL Id: hal-02743246

<https://hal.inrae.fr/hal-02743246>

Submitted on 3 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.



PROGRAMME

Pau, Palais Beaumont

Du 20 au 23 mai 2014



O 4-3 : Optimisation de la préparation d'échantillon pour l'analyse des métabolites sélénés dans le sang et le plasma sanguin

Simon GODIN ⁽¹⁾, Diego BOUZAS RAMOS ⁽¹⁾, Stéphanie FONTAGNE-DICHARRY ⁽²⁾, Maïté BUENO ⁽¹⁾, Brice BOUYSSIERE ⁽¹⁾, Françoise MEDALE ⁽²⁾

⁽¹⁾ Université de Pau et des Pays de l'Adour, LCABIE UMR5254, Technopôle Hélio parc Pau Pyrénées. Pau, France

⁽²⁾ INRA, UR1067 Nutrition, Métabolisme, Aquaculture, Saint-Pée-sur-Nivelle, France

Lors de la spéciation de composés à l'état d'ultra-traces, la préparation d'échantillon s'avère souvent être une étape cruciale de l'analyse. L'emploi de la chromatographie liquide exige par ailleurs dans la plupart des cas un échantillon dont la matrice a été purifiée, ceci afin de préserver le matériel chromatographique et d'assurer ainsi une séparation correcte. L'analyse de métabolites sélénés dans le sang est ainsi un challenge en raison des très faibles concentrations rencontrées et de la présence de protéines qui détériorent la séparation chromatographique.

L'objet de cette étude a été d'optimiser la préparation d'échantillon de sang et de plasma dans le but de minimiser les pertes d'analytes habituellement observées lors de l'étape de déprotéinisation. Dans cette optique, plusieurs réactifs ont été testés et la purification obtenue a été comparée par chromatographie d'exclusion stérique avec détection UV. Les pertes d'analytes ont été évaluées par le suivi de deux traceurs isotopiquement enrichis mono-spécifiques de Se (sélénométhionine et sélénite) lors de la précipitation des protéines. Ces traceurs ont été quantifiés après déprotéinisation de l'échantillon à la fois dans le surnageant et le culot par spectrométrie de masse à torche plasma et dilution isotopique inverse. Les résultats ont montré que les pertes occasionnées par le réactif classiquement utilisé sont de l'ordre de 20% supérieures à celles obtenues avec un réactif alternatif.

Contact auteur : GODIN Simon / simon.godin@univ-pau.fr