



HAL
open science

Protéomique 3.0 : perspectives en écotoxicologie

Jean Armengaud

► **To cite this version:**

Jean Armengaud. Protéomique 3.0 : perspectives en écotoxicologie. Séminaire 2023 du GDR Ecotoxicologie Aquatique, Simon DEVIN (LIEC, Laboratoire Interdisciplinaire des Environnements Continentaux), Dec 2023, Metz (France), France. hal-04469784

HAL Id: hal-04469784

<https://hal.inrae.fr/hal-04469784>

Submitted on 21 Feb 2024

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.

Séminaire 2023 du GDR EA - Ecotoxicologie Aquatique
5-7 déc. 2023 Metz (France)

Protéomique 3.0 : perspectives en écotoxicologie

Jean Armengaud¹

1 : Université Paris-Saclay, CEA, INRAE, Département Médicaments et Technologies pour la Santé (DMTS), SPI, 30200 Bagnols-sur-Cèze, France

Mots clés : biomarqueurs ; microbiotes ; protéines ; protéomique ; spectrométrie

Type de présentation

- Résultat de recherche, Projet de recherche accepté
- Doctorant.e en 1^{ère} année
- Appel à collaboration (Projet en construction, Verrous méthodologiques...)

Résumé

La protéomique, étude de l'ensemble des protéines d'un organisme donné, a connu de nombreuses avancées au fil du temps. La première grande révolution en protéomique peut être attribuée au changement d'échelle lors du passage de la protéomique faite en gel bidimensionnel où chaque protéine était identifiée individuellement par spectrométrie de masse à la protéomique shotgun, où des centaines puis milliers de protéines sont identifiées et quantifiées (Gouveia et al., 2020). La protéomique ciblée où des lots de protéines sont quantifiées plus précisément est également possible à plus large échelle. L'étendue des possibles est telle que ces méthodologies s'appliquent également sur des mélanges plus complexes d'organismes, comme par exemple les microbiotes (Armengaud, 2023).

Une nouvelle révolution est en cours avec la mise au point d'une nouvelle génération d'instruments de spectrométrie de masse en tandem permettant des cadences d'analyses supérieur à 200 Hz, voire 300 Hz. Ce type d'instrument nous a permis d'établir en Juillet 2023 un premier record mondial, avec plus de 122,000 peptides et 38,000 groupes de protéines identifiées et quantifiées en 30 minutes (Dumas et al., 2023). Quelles perspectives en écotoxicologie sont envisageables avec une telle puissance analytique ?

Références

Gouveia D, Grenga L, Pible O, Armengaud J (2020) Quick microbial molecular phenotyping by differential shotgun proteomics. *Environ Microbiol.* 22:2996-3004.

Armengaud J (2023) Metaproteomics to understand how microbiota function: the crystal ball predicts a promising future. *Env Microbiol* 25:115-125.

Dumas T, Martinez Pinna R, Lozano C, Radau S, Pible O, Grenga L, Armengaud J (2023) The astounding exhaustiveness and speed of the Astral mass analyzer for highly complex samples is a quantum leap in functional analysis of microbiomes. *Microbiomes*, soumis.