



HAL
open science

Démêler les fonctions du microbiote par méta-protéomique

Jean Armengaud

► **To cite this version:**

Jean Armengaud. Démêler les fonctions du microbiote par méta-protéomique. 16th FPS Youth Days, French Proteomics Society - Youth club, Apr 2023, Strasbourg, France. hal-04476238

HAL Id: hal-04476238

<https://hal.inrae.fr/hal-04476238>

Submitted on 24 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.

Démêler les fonctions du microbiote par métaprotéomique

Jean ARMENGAUD

*Laboratory «Innovative technologies for Detection and Diagnostics»,
ProGénoMix IBISA platform
CEA, Bagnols-sur-Cèze, France*

Les écosystèmes microbiens jouent un rôle majeur pour les cycles élémentaires dans la nature, le développement des plantes et la santé des animaux. Comment les microorganismes interagissent entre eux, avec leurs hôtes, et avec leur environnement sont des questions abordées par la métaprotéomique. L'étude des protéines de ces échantillons particulièrement complexes permet d'obtenir quatre types de réponses : 1) identification des taxa présents, 2) quantification des biomasses de ces organismes, 3) identification des protéines de ces taxa et leur fonctionnement, et 4) représentation fonctionnelle globale du système biologique.

Afin de mieux comprendre le fonctionnement des microbiotes, la question de la quantification des biomasses est essentielle. Le concept récemment développé de « phylopeptidomique » permet une quantification plus précise de la biomasse protéique des taxons identifiés [1], mettant en évidence une nouvelle dimension à partir des données du microbiome, et améliore le protéotypage des taxons environnementaux [2-4]. Les défis en terme de spectrométrie de masse, d'interprétation et fouille des résultats seront abordés. Plusieurs exemples récents seront présentés [5-8] ainsi que notre vision de la métaprotéomique en tant qu'outil de diagnostic [9].

Références bibliographiques:

1. Pible O, Allain F, Jouffret V, Culotta K, Miotello G, Armengaud J (2020) Estimating relative biomasses of organisms in microbiota using "phylopeptidomics". *Microbiome* 8:30.
2. Hayoun K, Gaillard JC, Pible O, Alpha-Bazin B, Armengaud J (2020) High-throughput proteotyping of bacterial isolates by double barrel chromatography-tandem mass spectrometry based on microplate paramagnetic beads and phylopeptidomics. *J. Proteomics* 226:103887.
3. Hayoun K, Pible O, Petit P, Allain F, Jouffret V, Culotta K, Rivasseau C, Armengaud J, Alpha-Bazin B (2020) Proteotyping Environmental Microorganisms by Phylopeptidomics: Case Study Screening Water from a Radioactive Material Storage Pool. *Microorganisms* 8(10):E1525.
4. Lozano C, Kielbasa M, Gaillard JC, Miotello G, Pible O, Armengaud J (2022) Identification and characterization of marine microorganisms by tandem mass spectrometry proteotyping. *Microorganisms* 10(4):719. doi: 10.3390/microorganisms10040719.
5. Gouveia D, Pible O, Culotta K, Jouffret V, Geffard O, Chaumot A, Degli-Esposti D, Armengaud J (2020) Combining proteogenomics and metaproteomics for deep taxonomic and functional characterization of microbiomes from a non-sequenced host. *NPJ Biofilms Microbiomes* 5:6(1):23.
6. Bourdin V, Charlier P, Crevat S, Slimani L, Chaussain C, Kielbasa M, Pible O, Armengaud J (2023) Deep paleoproteotyping and microtomography revealed no heart defect nor traces of embalming in the cardiac relics of Blessed Pauline Jaricot. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(3):3011. doi: 10.3390/ijms24033011.
7. Grenga L, Pible O, Miotello G, Culotta K, Ruat S, Roncato MA, Gas F, Bellanger L, Claret PG, Dunyach-Remy C, Laureillard D, Sotto A, Lavigne JP, Armengaud J (2022) Taxonomical and functional changes in COVID-19 faecal microbiome could be related to SARS-CoV-2 faecal load. *Env Microbiol.* 24(9):4299-4316. doi: 10.1111/1462-2920.16028.
8. Hardouin P, Pible O, Marchandin H, Culotta K, Armengaud J, Chiron R, Grenga L (2022) Quick and wide-range taxonomical repertoire establishment of the cystic fibrosis lung microbiota by tandem mass spectrometry on sputum samples. *Frontiers in Microbiology* 13:975883. doi: 10.3389/fmicb.2022.975883.
9. Armengaud J (2023) Metaproteomics to understand how microbiota function: the crystal ball predicts a promising future. *Env Microbiol* 25(1):115-125. doi: 10.1111/1462-2920.16238.