



**HAL**  
open science

# Analyse taxonomique et fonctionnelle par spectrometrie de masse en tandem : de l'isolat aux microbiotes complexes

Jean Armengaud

► **To cite this version:**

Jean Armengaud. Analyse taxonomique et fonctionnelle par spectrometrie de masse en tandem : de l'isolat aux microbiotes complexes. MICROBES 2021 - 16 ième Congrès National de la SFM, Société Française de Microbiologie, Sep 2021, Nantes, France. hal-04476585

**HAL Id: hal-04476585**

**<https://hal.inrae.fr/hal-04476585>**

Submitted on 25 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.

MICROBES 2021, 16<sup>ième</sup> Congrès National de la SFM  
Société Française de Microbiologie  
22-24 Septembre 2021, Nantes, France



**Analyse taxonomique et fonctionnelle par spectrométrie de masse en tandem : de l'isolat aux microbiotes complexes**

Jean Armengaud<sup>1</sup> ([jean.armengaud@cea.fr](mailto:jean.armengaud@cea.fr))

<sup>1</sup>CEA Marcoule, Bagnols-sur-Cèze, France

Invited Keynote, SP31 **Omic(s) et autres méthodes d'études**

L'identification par spectrométrie MALDI-TOF des microorganismes isolés a changé le diagnostic clinique en quelques années. Aujourd'hui, de nouvelles méthodes plus raffinées, telle que la spectrométrie de masse en tandem appliquée aux protéines et peptides, permettent d'être encore plus spécifique pour discriminer des sous-espèces, voire des souches, et pour enregistrer encore plus d'information sur chaque échantillon. Le « protéotypage » de tout type de pathogène est désormais possible, même ceux non encore répertoriés dans les bases de données [1,2].

Des échantillons de plus en plus complexes, tels que des microbiotes comportant plusieurs centaines de microorganismes peuvent être analysés de façon exhaustive et ultra-rapidement. L'analyse métabolomique permet dans ce cas d'identifier et quantifier des dizaines de milliers de protéines, d'en déduire quels microorganismes sont présents dans l'échantillon, d'établir précisément leurs parts relatives en terme de biomasse, et d'obtenir des informations fonctionnelles telles que par exemple leurs résistomes [3]. Plusieurs exemples acquis avec notre parc instrumental et analysés avec notre pipeline informatique seront commentés. Ces nouvelles perspectives ouvrent un grand éventail de nouveaux diagnostics pour le laboratoire clinique [4].

**Références:**

- 1- 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 phyloproteomics. *J. Proteomics* 226:103887.
- 2- Hayoun K, Gouveia D, Grenga L, Pible O, Armengaud J, Alpha-Bazin B. 2019. Evaluation of sample preparation methods for fast proteotyping of microorganisms by tandem mass spectrometry. *Frontiers in Microbiol* 10:1985.
- 3- Pible O, Allain F, Jouffret V, Culotta K, Miotello G, Armengaud J (2020) Estimating relative biomasses of organisms in microbiota using "phyloproteomics". *Microbiome* 8:30.
- 4- Grenga L, Pible O, Armengaud J (2019) Pathogen proteotyping: A rapidly developing application of mass spectrometry to address clinical concerns. *Clinical Mass Spectrometry* 14:9-17.

Mots-clés : Microorganismes – Microbiotes – Identification – Spectrométrie - Diagnostic