

Métabotéomique du microbiote intestinal humain en situations physiologiques et pathologiques

Céline Henry, Ariane Bassignani, Olivier Langella, Véronique Monnet, Catherine Juste



shutterstock.com · 1031178730

INRA, MICALIS, PAPPSO
<http://pappso.inra.fr>



MBIO
19-20 juin 2018

PAPPSO

Le microbiote intestinal humain



Abondance : 10^{14} bactéries
Diversité : ~ 1000 espèces



Métagénome : potentiel fonctionnel

MetaHit : 9,9 millions gènes (*Li et al., 2014 ; 32, :834-841*)



Métaprotéome : fonctions réellement exprimées

Signaux protéiques et peptidiques marqueurs de :

- risques de pathologies
- aggravation ou amélioration de l'état de santé
- régime alimentaire

Métaprotéomique du microbiote intestinal "Pipeline et challenges"

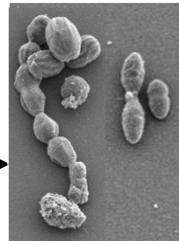


Echantillons
fécaux / intestinaux
/autre

ProteoCardis
Cohorte 270 individus
(cyto+ env : 540 injections)



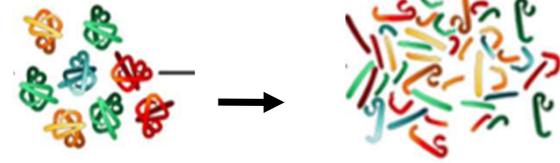
Gradient
Echantillons
très complexes



M
7. Un savoir faire
unique
Micalis-
PAPPSO

Cytoplasme
+
Enveloppes

✂ trypsin



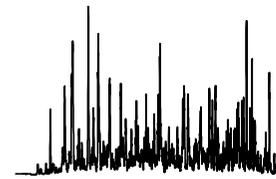
Mélange de
protéines



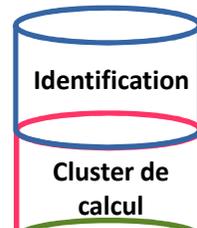
Mélange de
peptides



Orbitrap Fusion™ Lumos™ tribrid™
(Thermo Fisher Scientific)



1-1,5 Go



9,9 millions vs
140 000 prot
humaines

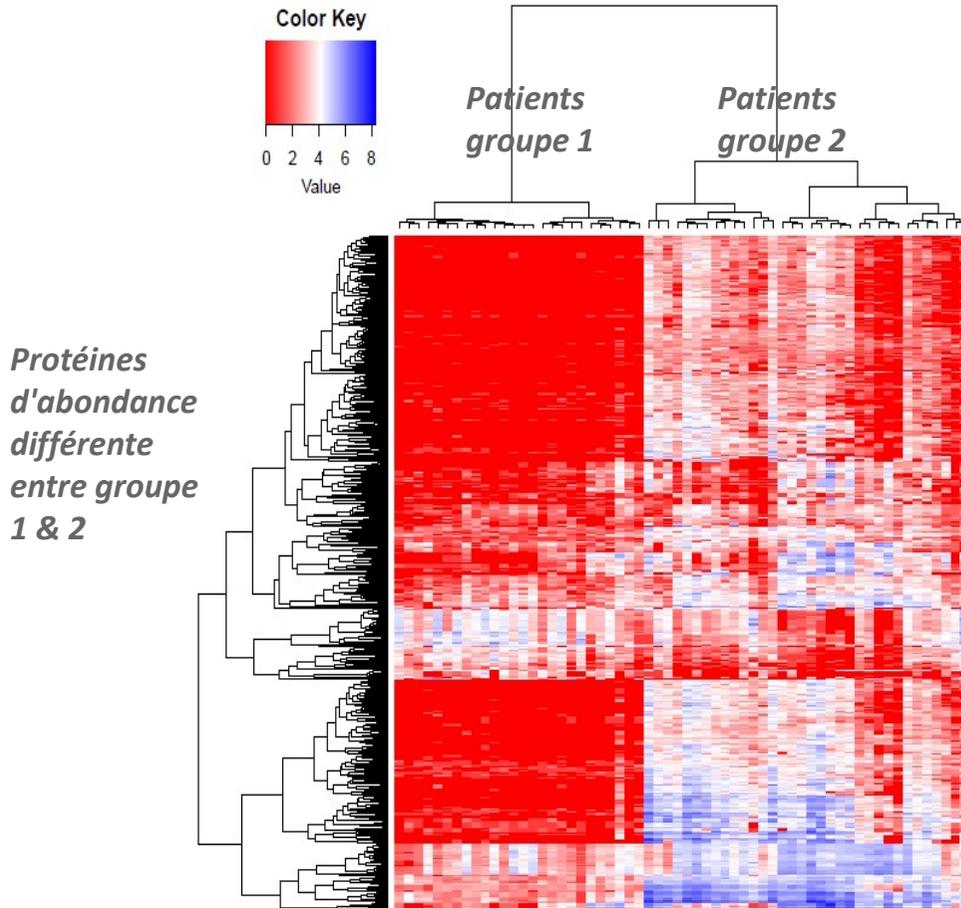


X!TandemPipeline
MassChroQ
Software in house made
(<http://pappso.inra.fr/bioinfo/>)

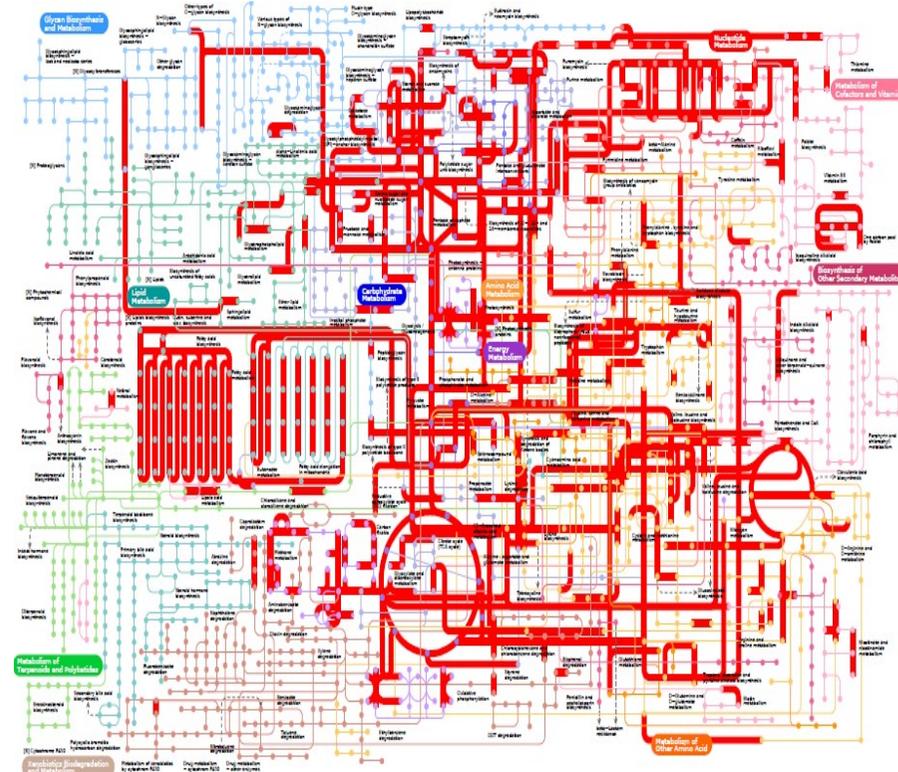
30 individus, 2 conditions :
67 000 protéines (495 humaines)
375 000 peptides

vs. un protéome bactérien
1500 protéines

Quantification et recherche de candidats



Sélection de candidats biomarqueurs
→ quantification ciblée de 50 protéines
(~150 peptides spécifiques)



Projection des protéines identifiées et
quantifiées sur carte métabolique iPath