

Français :

Analyse fonctionnelle des voies de signalisation par analyse protéomique en spectrométrie de masse : nouvelles approches permettant d'étudier la biologie cutanée ; cas des fibroblastes
Jean-Marc MONNEUSE - Phylogene

Les fibroblastes représentent un des types cellulaires les plus étudiés car ils jouent un rôle essentiel dans de multiples phénomènes, tels que la cohésion tissulaire, la résistance mécanique ou encore comme médiateurs de l'inflammation. Bien au-delà des hypothèses portées par les acides nucléiques, toutes les structures et activités essentielles des fibroblastes sont portées par des protéines. L'analyse de leurs protéomes, c'est-à-dire des protéines exprimées à un moment donné et sous des conditions données, est donc essentielle pour comprendre le fonctionnement de ces cellules. Les avancées de l'analyse protéomique par spectrométrie de masse, que ce soit en termes de robustesse ou de sensibilité, permet actuellement d'effectuer la quantification relative de plusieurs milliers de protéines avec confiance. L'analyse de ce volume important de données nécessite des outils de bio-informatique adaptés permettant d'extraire rapidement les informations biologiques importantes qu'elles contiennent. Nous vous présenterons un processus d'analyse protéomique robuste permettant la quantification de milliers de protéines en quelques jours. Ces comparaisons quantitatives seront traitées par notre processus d'analyses CORAVALID® qui permet d'étudier plus en profondeur les fonctions et les voies de signalisation pouvant être différenciellement régulées entre deux conditions. Cette méthodologie qui combine la protéomique par spectrométrie de masse haute résolution et la bio-informatique sera présentée au travers de deux exemples où elle a été utilisée avec succès ; i) l'étude des changements d'expression protéique résultant de la stimulation des fibroblastes traités par une substance active ; ii) les modifications de la matrice extracellulaire induites par l'action d'un acide gras hydroxylé.

Anglais

Functional analysis of pathways using mass spectrometry proteomics: new approaches for cutaneous biology studies; case of fibroblasts. Jean-Marc MONNEUSE - Phylogene

Fibroblasts are one of the most widely studied cell types as they are essential in multiple phenomena such as tissue cohesion, mechanical resistance or as mediators of inflammation. Far beyond assumptions obtained from nucleic acids analyses, the essential structures and activities of fibroblasts are carried out by proteins. Proteome analysis is therefore essential in understanding the cell's functioning at a given time and under given conditions. Advances in mass spectrometry-based proteomics in term of robustness or sensitivity allow quantification of thousands of proteins. Analysis of this large data set requires bioinformatic tools able to quickly extract most valuable biological informations. We will present a robust proteomic workflow allowing thousands of proteins quantification within a few days. These quantitative comparisons will be managed by our CORAVALID® bioinformatic pipeline for the deep study of biological functions and signaling pathways differentially regulated between two experimental conditions. This methodology which combines mass spectrometry-based proteomics and bioinformatics will be presented through two examples where it has been used successfully: i) the investigation of protein expression changes resulting from fibroblasts stimulation by an active substance; ii) the modifications of the extracellular matrix induced by the action of a hydroxylated fatty acid.

