

NEWS:

Journées Jean-Paul Marty 8-9/12/2015 - Peau et microorganismes

Ces journées fort intéressantes ont fait le point sur l'aventure du microbiote de la peau qui débute. Les évolutions récentes de la métagénomique ont permis d'appréhender la diversité du microbiote intestinal et de mettre en avant l'importance de l'équilibre des espèces. On nous promet des correspondances majeures avec le microbiome de la peau.

La métaprotéomique du microbiote intestinal (1) a également évolué avec l'avènement de la LC-MS/MS non ciblée et de la génomique pour les bases de données. L'avantage est toujours de mettre en évidence directement les structures et les fonctions actives dans les microorganismes en comparant les effets différentiels (2). Bien que la méthode soit disponible, rien n'a été encore publié sur la protéomique non ciblée de la peau. Hors le tube digestif, seules la salive et l'urine ont été investiguées. (3).

Notre expérience, basée sur notre programme EUROSTARS Nosofight, nous a permis de développer des workflows, basés sur le séquençage de l'ADNr 16S et de l'ITS et la protéomique haute résolution, qui permettent d'appréhender le microbiote seul (à partir de 10^7 cellules) ou le microbiote et l'hôte avec préfractionnement selon que l'on s'intéresse aux seuls germes ou aux germes et leur interaction avec la peau.

- (1) A straightforward and efficient analytical pipeline for metaproteome characterization. Tanca A. and all. 2014 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25516796>
- (2) Integrated metagenomics/metaproteomics reveals human host-microbiota signatures of Crohn's disease. Erickson A. and all. 2012 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23209564>
- (3) Metaproteomics of our microbiome - developing insight in function and activity in man and model systems. Kolmeder C and all. 2014 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23707234>

Avec MS-PHYLOGENE, vous pouvez caractériser les effets sur le microbiote de la peau:

Bacterial 16s rDNA and fungal ITS sequencing with OTU-based approaches to investigate microbial communities diversity and determine taxonomic composition, High-resolution nano LC-MS/MS quantitative proteomics and CORAVALID™ data processing: The efficient tools for microbiote analysis

PHYLOGENE

62, Route Nationale 113

30620 BERNIS

Tel : +33 4 66 04 77 99

Fax : +33 4 66 04 77 97

e-mail : gskorski@phylogene.com

web : <http://ms.phylogene.com>
www.phylogene.com