

Protéomique : les «massistes» à la croisée des chemins.

Si l'analyse protéomique est aussi performante qu'elle l'est aujourd'hui, elle le doit en grande partie à la mise au point des expériences de nanoLC-MS/MS.

Il ne faut pas oublier que, si ces expériences de nanoLC-MS/MS sont devenues aussi « faciles » à réaliser et à interpréter qu'elles le sont aujourd'hui, c'est grâce aux efforts de la communauté des laboratoires de spectrométrie de masse qui, avec beaucoup d'opiniâtreté, ont travaillé pendant plus de 30 ans à développer des nouveaux modes d'ionisation pour les peptides et les protéines, à mettre au point des méthodes de fragmentation efficaces grâce à de nouveaux instruments, à découvrir les règles de fragmentations des peptides pour établir leurs séquences, à porter la sensibilité à des quantités attomolaires et enfin à automatiser l'ensemble, y compris l'interprétation automatique de l'énorme quantité de données ainsi générées.

Nous présenterons quelques exemples d'études, réalisées dans notre laboratoire, qui utilisent les aspects les plus performants de l'analyse protéomique d'aujourd'hui, tels que la découverte de nouveaux biomarqueurs, la validation des annotations génomiques, et l'exploration des changements métaboliques lors de diverses pathologies.

Nous discuterons de l'apport que pourrait encore offrir la spectrométrie de masse dans le développement de la protéomique. Nous tenterons de répondre à la question suivante : « Les laboratoires de spectrométrie de masse pourront-ils encore faire de la protéomique sans devenir des biologistes ou des bioinformaticiens ? ».