



Métabolomique et spectrométrie de masse : de nouvelles perspectives en analyse biomédicale

Submitted by claire.leroy on Tue, 04/28/2015 - 16:02

Titre	Métabolomique et spectrométrie de masse : de nouvelles perspectives en analyse biomédicale
Type de publication	Article de revue
Auteur	Chao de La Barca, Juan Manuel [1], Mirebeau-Prunier, Delphine [2], Moal, Valérie [3], Reynier, Pascal [4], Garnotel, Roselyne [5], Simard, Gilles [6]
Pays	France
Editeur	John Libbey Eurotext
Ville	Montrouge
Type	Article scientifique dans une revue à comité de lecture
Année	2015
Langue	Anglais
Date	Janv.-Fevr. 2015
Numéro	1
Pagination	126-130
Volume	73
Titre de la revue	Annales de Biologie Clinique
ISSN	0003-3898
Mots-clés	Mass spectrometry [7], métabolome [8], Metabolomics [9], métabolomique [10], méthodes statistiques [11], spectrométrie de masse [12], statistical methods [13]
Résumé en anglais	<p>Metabolomics is defined as an integrative approach consisting in the comprehensive analysis of all of the small molecules of a biological system (the "metabolome"). The main objective of metabolomics in medicine is to discover metabolic biomarkers for diseases. Mass spectrometry (MS) coupled to liquid or gas chromatography is amongst major analytical tools used in metabolomics. However, the holistic approach used in metabolomics requires very good performances of the analytical system (chromatographic column and MS equipment) and the use of non-conventional validation strategies. Metabolomics workflow can be divided in three main steps: sample preparation, MS data acquisition and processing, and statistical analysis. Processing of the "raw" data (obtained after MS acquisition) is mostly required to normalise chromatographic conditions and to carry out accurate quantification of MS features. Features resulting from this processing may be identified later. The statistical analyses include typically multivariate techniques such as supervised and non-supervised methods. Supervised methods make use of the response variable (e.g., case/control) for model construction while non-supervised methods do not use this piece of information. When the study is focused on a particular set of metabolites, targeted metabolomics could be an interesting alternative to the holistic approach since it may allow absolute quantitation and be associated with a reduced cost.</p>

Résumé en français

La métabolomique désigne l'approche intégrative consistant à analyser de façon globale l'ensemble des petites molécules (métabolites) d'un système biologique (appelé « métabolome »). L'objectif principal de la métabolomique en médecine est la découverte de biomarqueurs métaboliques des maladies. La spectrométrie de masse (MS) couplée à la chromatographie en phase gazeuse ou liquide fait partie des techniques analytiques majeures utilisées en métabolomique. Cela étant, l'approche holistique requise par la métabolomique nécessite de très bonnes performances analytiques (colonne chromatographique et équipement de MS) et des stratégies de validation non conventionnelles. Le déroulement de l'analyse métabolomique peut être articulé en trois parties : préparation des échantillons, acquisition des données de MS et traitement associé, et enfin analyse statistique. Le traitement des données « brutes » (obtenues après l'acquisition en MS) est requis afin de normaliser les conditions chromatographiques, et de mener à bien la quantification des signaux de MS. Ces signaux résultant du traitement peuvent être identifiés ultérieurement. L'analyse statistique comprend typiquement des méthodes supervisées et non supervisées. Les méthodes supervisées tirent parti de la connaissance préalable de la variable-réponse (par exemple, cas/témoin) pour construire le modèle explicatif, tandis que les méthodes non-supervisées n'utilisent pas cette information. Lorsque l'étude est axée sur un sous-ensemble particulier de métabolites, une analyse métabolomique ciblée peut être une alternative intéressante à l'approche holistique, dans la mesure où elle peut donner accès à une quantification absolue et peut revenir moins cher.

URL de la notice

<http://okina.univ-angers.fr/publications/ua10485> [14]

DOI

10.1684/abc.2014.1020 [15]

Titre abrégé Ann. Biol. Clin. (Paris)

Titre traduit Metabolome and mass spectrometry: new biomedical analysis perspectives

Liens

- [1] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[author\]=18505](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[author]=18505)
- [2] <http://okina.univ-angers.fr/delphine.prunier/publications>
- [3] <http://okina.univ-angers.fr/v.moal/publications>
- [4] <http://okina.univ-angers.fr/pascal.reynier/publications>
- [5] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[author\]=18506](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[author]=18506)
- [6] <http://okina.univ-angers.fr/gi.simard/publications>
- [7] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[keyword\]=4880](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[keyword]=4880)
- [8] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[keyword\]=16638](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[keyword]=16638)
- [9] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[keyword\]=13907](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[keyword]=13907)
- [10] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[keyword\]=16637](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[keyword]=16637)
- [11] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[keyword\]=16640](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[keyword]=16640)
- [12] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[keyword\]=16639](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[keyword]=16639)
- [13] [http://okina.univ-angers.fr/publications?f\[keyword\]=16641](http://okina.univ-angers.fr/publications?f[keyword]=16641)
- [14] <http://okina.univ-angers.fr/publications/ua10485>
- [15] <http://dx.doi.org/10.1684/abc.2014.1020>

Publié sur *Okina* (<http://okina.univ-angers.fr>)