

## **Quantification en protéomique : état de l'art en analyses exploratoires et ciblées**

Delphine Pflieger  
LAMBE, CNRS UMR 8587, Université d'Evry Val d'Essonne  
delphine.pflieger@univ-evry.fr

De nombreuses méthodes de quantification (généralement relative) ont été développées en protéomique. Initialement, des analyses comparatives ont été menées dans un contexte exploratoire, notamment afin de repérer des biomarqueurs potentiels (de différenciation cellulaire, de pathologie, etc) ou d'identifier, par le suivi de leur phosphorylation dynamique, des protéines impliquées dans une voie de signalisation. Dans une deuxième étape, pour valider des biomarqueurs candidats ou déterminer plus précisément la cinétique d'activation / désactivation de protéines intervenant dans une cascade de signalisation, des analyses ciblées ont été développées, permettant de mesurer l'abondance d'une liste prédéfinie de peptides au sein d'un mélange protéolytique très complexe.

A l'aide d'exemples de la littérature, nous explorerons les avancées récentes en matière d'analyses protéomiques semi-quantitatives par spectrométrie de masse, à la fois dans les contextes d'analyses exploratoires et ciblées. Des études basées sur la détection du précurseur en mode MS ou de ses fragments en mode MS/MS seront présentées et éventuellement confrontées. La question de la fiabilité des mesures quantitatives est désormais appréhendée en détail et un certain nombre d'aspects seront abordés, tels que le nombre minimum de réplicats biologiques nécessaires pour détecter un certain niveau de variation d'abondance, la variabilité introduite par la procédure de préparation d'échantillons, l'impact de l'abondance des peptides quantifiés et leur gamme dynamique sur la précision et la justesse des mesures quantitatives, etc.