

## Une signature isotopique au service de l'identification, de la quantification et du traçage d'origine des bio-molécules

*Hugues Preud'homme*

*LCABIE - Pau, France*

Une des suppléments alimentaires les plus appréciés chez l'homme et l'animal incorpore souvent de la levure enrichie en sélénium (*Saccharomyces cerevisiae*) notamment pour ses propriétés antioxydantes et anticarcinogènes potentielles. Les travaux présentés ici contribuent principalement à la caractérisation globale du selenométabolome (l'ensemble des métabolites de faibles poids moléculaires contenant du sélénium). C'est grâce aux développements analytiques et à l'utilisation de chromatographies liquides multidimensionnelles orthogonales couplées à l'ICP MS et à l'ESI MSn à haute résolution que la spéciation complète du sélénium chez la levure a été rendue possible. L'approche méthodologique ainsi mise au point, a permis de réaliser des empreintes moléculaires du selenométabolome et de compléter la liste des composés identifiés (plus de 60, représentant la liste la plus exhaustive à ce jour). Cette stratégie analytique illustre parfaitement bien ce qu'il est possible de faire de nos jours dans le domaine de la caractérisation des molécules incorporant un élément métallique. Ces résultats ont également permis d'améliorer la compréhension des voies métaboliques induites lors de l'utilisation du sélénium par la levure. L'association de la signature isotopique du sélénium déterminée par ICP MS multicollecteur avec les empreintes moléculaires du selenométabolome est dans ce cas un outil original et de choix permettant la discrimination des levures enrichies en fonction de leurs origines.