

Terminologie de la langue de la protéomique

Eva Nassif

Mémoire

présenté

au

Département d'études françaises

comme exigence partielle au grade de
maîtrise ès Arts en Traductologie
Université Concordia
Montréal, Québec, Canada

Avril 2009

© Eva Nassif, 2009



Library and Archives
Canada

Published Heritage
Branch

395 Wellington Street
Ottawa ON K1A 0N4
Canada

Bibliothèque et
Archives Canada

Direction du
Patrimoine de l'édition

395, rue Wellington
Ottawa ON K1A 0N4
Canada

Your file Votre référence
ISBN: 978-0-494-63139-3
Our file Notre référence
ISBN: 978-0-494-63139-3

NOTICE:

The author has granted a non-exclusive license allowing Library and Archives Canada to reproduce, publish, archive, preserve, conserve, communicate to the public by telecommunication or on the Internet, loan, distribute and sell theses worldwide, for commercial or non-commercial purposes, in microform, paper, electronic and/or any other formats.

The author retains copyright ownership and moral rights in this thesis. Neither the thesis nor substantial extracts from it may be printed or otherwise reproduced without the author's permission.

In compliance with the Canadian Privacy Act some supporting forms may have been removed from this thesis.

While these forms may be included in the document page count, their removal does not represent any loss of content from the thesis.

AVIS:

L'auteur a accordé une licence non exclusive permettant à la Bibliothèque et Archives Canada de reproduire, publier, archiver, sauvegarder, conserver, transmettre au public par télécommunication ou par l'Internet, prêter, distribuer et vendre des thèses partout dans le monde, à des fins commerciales ou autres, sur support microforme, papier, électronique et/ou autres formats.

L'auteur conserve la propriété du droit d'auteur et des droits moraux qui protège cette thèse. Ni la thèse ni des extraits substantiels de celle-ci ne doivent être imprimés ou autrement reproduits sans son autorisation.

Conformément à la loi canadienne sur la protection de la vie privée, quelques formulaires secondaires ont été enlevés de cette thèse.

Bien que ces formulaires aient inclus dans la pagination, il n'y aura aucun contenu manquant.

■+■
Canada

Résumé

Terminologie de la langue de la protéomique

Eva Nassif

La protéomique étant un tout nouveau domaine, aucun ouvrage terminologique ne lui a encore été consacré. L'étude qui suit se propose donc de remédier au vide existant en présentant les résultats d'une recherche thématique de pointe sur le vocabulaire actuellement employé par les spécialistes du domaine.

Ces résultats sont compilés dans un fichier bilingue anglais-français et dans un fichier unilingue anglais. Nous espérons qu'ils constitueront la prémissse de travaux terminologiques ultérieurs touchant la protéomique.

Abstract

Terminologie de la langue de la protéomique

Eva Nassif

Being a brand-new domain, proteomics has never been the subject of any terminological work yet. This study aims to remedy the actual situation by presenting the results of a highly specialized thematic research on the vocabulary currently used by specialists.

These results are presented within a bilingual English-French and a unilingual English terminological files. We hope that this study on proteomics will be the first of many others to come.

Remerciements

Je tiens à remercier les personnes ressources qui m'ont aidé au cours de la rédaction du présent mémoire. C'est en effet grâce à leur précieux soutien que j'ai réussi à poursuivre mes travaux et à persévérer devant les difficultés inhérentes à une telle recherche terminologique de pointe.

Je remercie tout particulièrement mon directeur de mémoire, Monsieur Philippe Caignon, qui m'a encouragée et guidée tout au long de mes études. Ce sont précisément ces grandes études qui m'ont permis de réussir l'examen terminologique du Bureau de la traduction en 2008.

J'adresse aussi mes remerciements au Dr John Bergeron, directeur du Réseau protéomique de Montréal et professeur en anatomie et biologie cellulaire à Université McGill, qui malgré ses nombreuses responsabilités, m'a judicieusement conseillé.

Finalement, je remercie de tout cœur ma famille, mon mari et mes enfants, qui m'ont apporté leur soutien indéfectible durant la rédaction de ce mémoire.

Table des matières

Introduction	1
Objectif	2
Historique	3
Définitions	6
Méthodologie	9
Rédaction des fiches	13
Fichier bilingue	18
Fichier unilingue	48
Lexique bilingue	78
Lexique unilingue	80
Bibliographie codée pour les fiches	83
Bibliographie générale en terminologie	94

Introduction

Dans la préface du *Dictionnaire de médecine Flammarion*, Jean Hamburger écrit : « Quand la pensée évolue très vite, la langue suit avec peine ». La langue employée dans les domaines biomédicaux ne fait pas exception, surtout en protéomique. La plupart des articles se trouvent dans des sources de langue anglaise, donc nombre de termes français ne figurent pas dans les dictionnaires de médecine. C'est la raison pour laquelle le terminologue qui étudie la langue médicale est souvent confronté à des problèmes tels que le catalogage de concepts dont la désignation ou les descripteurs sont à toute fin pratique inexistantes en français. Il arrive également qu'un seul terme puisse avoir différents sens dans différents dictionnaires. La situation nuit à la clarté d'un énoncé et provoque de la confusion chez les chercheurs, traducteurs ou rédacteurs. Étant donné que les écrits scientifiques sont essentiellement rédigés en anglais, trouver des termes français constitue un problème fondamental dans le domaine de la médecine, et encore plus en protéomique.

La protéomique est en l'occurrence le sujet du présent mémoire. Puisqu'il s'agit d'un domaine de pointe d'émergence récente, la documentation qui s'y rapporte est presque entièrement rédigée en anglais. Bien entendu, une telle situation rend la tâche de la terminologie vraiment difficile, car il est ardu de trouver des sources de langue française. En revanche, elle rend le travail passionnant, parce que tout reste à faire.

Forte de ce constat, nous avons entrepris des recherches que nous vous présentons dans ces pages. Ainsi, notre mémoire se divise en quatre parties distinctes. La première partie

expose notre objectif, fait un survol de l'histoire de la protéomique, donne la définition de certains concepts clés qu'il est utile de connaître avant de commencer la lecture d'un mémoire traitant de la protéomique, explique la méthodologie que nous avons suivie et montre la façon dont nous avons rédigé les fiches tout en fournissant quelques exemples. La deuxième partie est constituée des fichiers terminologiques bilingue et unilingue, le véritable corps de notre mémoire. La troisième partie comprend les lexiques bilingue et unilingue correspondant aux fichiers. Enfin, la quatrième partie est formée de la bibliographie codée, reliant les codes figurant dans les fiches aux sources consultées, et de la bibliographie générale en terminologie.

Objectif

Le but du présent mémoire est de créer un fichier de pointe bilingue anglais-français et unilingue anglais traitant de la langue de la protéomique. En fait, ce mémoire est unique au monde puisqu'il est le premier à traiter ainsi de la terminologie de la protéomique. La protéomique est une science dont l'importance croît en médecine et en biologie moléculaire à cause de ses promesses de guérison de maladies héréditaires, telles la maladie d'Alzheimer, ou acquises, comme certaines formes du cancer du poumon.

Il est essentiel de répertorier la terminologie d'un domaine de spécialité tel que la protéomique pour améliorer la communication scientifique. Répertorier et diffuser une terminologie, c'est servir la communauté des chercheurs en lui donnant des outils linguistiques, les termes, pour que ses membres établissent un dialogue efficace lorsqu'ils emploient leur langue de spécialité, c'est fournir un ouvrage de référence essentiel qui

aidera à clarifier la pensée, la parole et les écrits tant des spécialistes de la protéomique que des langagiers qui œuvrent dans le domaine et c'est aussi contribuer à la formation du savoir scientifique par l'éclaircissement des concepts et des liens qui les unissent. Dans tous les domaines biomédicaux, nombre de termes sont polysémiques et véhiculent des concepts flottants, c'est la raison pour laquelle il est important de distinguer les concepts les uns des autres, de les clarifier et de les répertorier. Une telle démarche aide les chercheurs à préciser leurs idées et à s'exprimer correctement.

Le vocabulaire de pointe que nous avons réalisé se divise en deux fichiers distincts : un fichier bilingue de 46 fiches et un fichier unilingue de 113 fiches. Ce vocabulaire s'adresse à un public formé de chercheurs, de traducteurs, de réviseurs, de terminologues, de rédacteurs scientifiques, de journalistes scientifiques, de documentalistes, d'enseignants et de toute autre personne qui souhaite se familiariser avec la terminologie de la protéomique.

Historique

L'être humain effectue des manipulations génétiques depuis des millénaires. L'hybridation de plantes dans l'agriculture et le croisement d'animaux dans l'élevage sont des exemples patents. La « génétique » n'est donc pas récente. Qui plus est, la transmission des caractères héréditaires a toujours suscité la curiosité. Ainsi, lorsqu'un bébé naît, on cherche à savoir à quel parent il ressemble le plus. Même si l'enfant présente des caractéristiques phénotypiques plus proches de l'un des parents que de l'autre, il est dans les faits le fruit de l'union génétique des deux parents. Par ailleurs,

l'homme s'interroge depuis longtemps sur les maladies héréditaires. Les maladies génétiques telles que le cancer et la trisomie 21, continuent de préoccuper la communauté scientifique et poussent ses membres à persévérer dans leur recherche afin de les éradiquer. On poursuit les travaux dans le but de connaître les causes des maladies génétiques, non seulement pour satisfaire les chercheurs en quête de savoir, mais aussi et surtout pour améliorer la qualité de vie de l'être humain et arrêter la souffrance.

Pour comprendre la protéomique, il est important de connaître un peu la science qui la précède chronologiquement, la génétique. La génétique voit le jour entre la fin du XIX^e siècle et le début du XX^e siècle. En 1865, après avoir effectué des observations sur le petit pois, Gregor Mandel, moine tchèque et pionnier de la génétique, décrit la transmission de caractères phénotypiques par l'hérédité et découvre les deux lois de l'hérédité liées aux gènes (nommés *éléments* par Mendel) : celle de la dominance et celle de la ségrégation. Sa théorie s'oppose à celle qui était répandue à l'époque – on croyait alors que les caractères se mélangeaient – et tombe dans l'oubli pendant près de cinquante ans. Les recherches véritablement reconnues dans le domaine de la génétique commencent au début du XX^e siècle, comme le rapporte Antoine Danchin. Dans son article, « nos gènes mis à nu », Danchin (2000, p. 26) explique que les savants s'intéressent déjà aux effets mutagènes de l'irradiation. En 1927, Hermann Joseph Muller découvre les effets mutagènes de l'irradiation et reçoit le prix Nobel en 1946 pour ses découvertes. En 1953, James Watson et Francis Crick mettent au jour la structure en double hélice de l'ADN et son mode de réPLICATION, en se basant sur les clichés de l'ADN pris par Francis Crick et Rosalind Franklin. La découverte de Watson et Crick leur mérite

le Prix Nobel de médecine en 1962. La percée va révolutionner les travaux effectués en biologie et en médecine. Ainsi, à partir des années 1970, l'ère de la biotechnologie « Big Science » s'ouvre, et en 1974, le génie génétique fait son apparition. Au cours du sommet d'Alta tenu en décembre 1984, les Américains, troublés par la puissance économique du Japon, se mobilisent pour créer des entreprises et protéger la propriété intellectuelle. Ils élaborent aussitôt le Projet Génome Humain. La raison avancée pour promouvoir le Projet Génome Humain est la détection des mutations génétiques chez les descendants des habitants d'Hiroshima et de Nagasaki (DANCHIN, 2000, p. 28).

Ces deux dernières décennies, les recherches effectuées dans le domaine de la génétique ont beaucoup progressé et ont fait avancer la médecine de façon spectaculaire, surtout après le séquençage du génome humain, programme de recherche international qui a duré quinze ans et qui s'est terminé en 2006. Le projet a ouvert de grands horizons dans le domaine biomédical, notamment dans la prévention et la guérison de maladies génétiques comme le cancer du sein et l'asthme. Il a toutefois suscité des problèmes d'ordre moral et a alimenté de nombreux débats internationaux, notamment au sujet de la brevetabilité des gènes. Malgré les grands progrès dans le domaine de la génétique et de la génotype, science qui étudie le génome, plusieurs points restent mystérieux pour les chercheurs, dont la transmission de l'information par les protéines et les effets de l'interaction protéine-protéine. Les recherches effectuées pour répondre à ces questions, entre autres, ont fait naître plusieurs concepts en « -omique » dont la protéomique.

Définitions

Le génome humain, ensemble des gènes renfermés dans les chromosomes, comprendrait entre 30 000 et 45 000 gènes. Un gène est une « particule élémentaire d'un chromosome, constitué essentiellement d'acide désoxyribonucléique (ADN) et qui est responsable de la transmission héréditaire d'un caractère » (MANUILLA, 2004, p. 203).

L'acide désoxyribonucléique (ADN) compte quatre nucléotides différents reliés linéairement entre eux : l'adénine, la thymine, la guanine et la cytosine, symbolisés par les quatre lettres de l'alphabet A, T, G et C. L'ADN contient l'information génétique et est transcrit dans une molécule messagère appelée acide ribonucléique (ARN). Les ARN messagers (ARNm) jouent le rôle d'intermédiaires entre l'ADN et les protéines. Un gène comporte des exons, parties du gène conservées dans l'ARN, et des introns, parties du gène éliminées. C'est la séquence des exons, appelée codante, qui est exprimée en protéines cellulaires. Un seul ARNm se traduit en plusieurs protéines qui sont alors synthétisées après avoir passé par deux étapes : la transcription et la traduction. Chaque gène peut produire plusieurs protéines, et le corps humain peut en synthétiser près d'un million (MORIN, 2001, p. 27). Le protéome est l'ensemble des protéines exprimées par le génome d'un organisme vivant à un moment donné de sa vie, dans un tissu donné et un environnement donné. Un organisme possède un seul génome mais peut produire une variété de protéomes, par exemple, la bactérie *Mycoplasma genitalium* possède un protéome assez simple produisant un nombre restreint de protéines. En revanche, l'homme possède près de 200 tissus différents qui, dans des contextes physiologiques distincts, se traduisent par des milliers de protéomes (BERNOT, 2001, p. 139).

La protéomique étudie l'ensemble des protéines produites par un organisme vivant ainsi que leurs interactions spécifiques au sein de cet organisme. Le terme « protéomique » est dérivé du mot « protéome » (en anglais, *proteome* : *PROTEin complement expressed by a genOME*), créé par Mark Wilkins et ses collègues au début des années 1990 pour désigner le complément protéique d'un organisme. Les termes « protéomique » et « protéome » ont été formés selon le modèle relationnel « génomique/génome ». Dans l'ère en « -omique », les termes « génomique », « transcriptomique » et « protéomique » concrétisent la manière dont le fonctionnement des organismes vivants est actuellement envisagé. La figure 1 qui suit montre cette nouvelle vision (LEIBLER, 2002, p. 3).

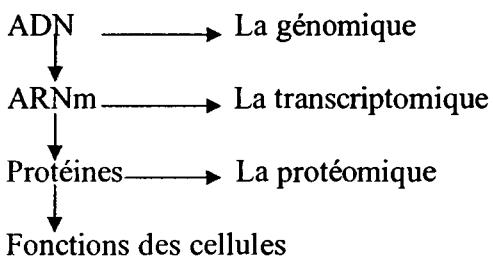


Figure 1 : Contexte biochimique de la génomique et de la protéomique

Les percées en protéomique dépendent largement des progrès effectués en bioinformatique et en nanotechnologie. C'est une science complémentaire de la génomique puisque l'étude de l'ensemble des protéines exprimées par un organisme permet de comprendre le rôle des gènes. La protéomique est interdisciplinaire et comprend des éléments de biologie, de bioinformatique et de chimie protéïnique. La compréhension du protéome constitue un défi considérable, comme l'affirme Graig Vinters : « Les gens croient que les gènes déterminent qui nous sommes, mais en fait, ce sont les protéines qui déterminent la clé de ce mystère [...] il faudra 100 ans encore avant

de pouvoir commencer à comprendre le rôle des gènes, et encore plus de temps pour comprendre le fonctionnement des protéines » (VENTERS in MORIN, 2001, p. 27).

Plusieurs chercheurs considèrent que le XXI^e siècle est le début de « l'époque post-génomique » puisque le projet de séquençage du génome humain s'est terminé en 2006. Toutefois, ils considèrent que le plus grand défi réside dans la compréhension du protéome qui est beaucoup plus compliqué que le génome. Le génome de nos cellules est stable dans le temps, il ne varie pas et contient toujours la même séquence d'ADN, alors que le protéome change, non seulement d'une cellule à une autre, mais aussi à l'intérieur même d'une cellule au fil des ans, d'où la complexité de la protéomique. Le protéome subit des changements qui sont souvent associés à des maladies. De plus, des facteurs externes comme la prise de médicament, l'exercice ou le régime alimentaire modifient le protéome. Les biologistes essaient de définir entre autres la fonction de chaque protéine en cherchant à comprendre les relations des interactions protéine-protéine (CAMPBELL, 2003, p. 162).

L'identification des protéines et la compréhension de leurs interactions font avancer les connaissances dans les domaines biomédical et pharmaceutique. L'objectif visé est bien entendu la prévention, voire la guérison, des maladies génétiques en éliminant tout effet secondaire des médicaments.

Méthodologie

Afin d'arriver à répertorier un vocabulaire de pointe constitué de 46 fiches bilingues anglais-français et de 113 fiches unilingues anglais, il faut effectuer une recherche thématique poussée qui consiste à repérer l'ensemble des termes reliés au domaine de la protéomique en anglais et en français. Selon Dubuc (2002, p. 49-53), la recherche thématique se fait en cinq étapes :

1. définition des objectifs,
2. initiation au domaine,
3. choix de la documentation,
4. constitution de l'arbre du domaine,
5. repérage des unités terminologiques ou établissement de la nomenclature.

Tout d'abord, il est essentiel de s'initier au domaine choisi pour étudier son vocabulaire, des points de vue conceptuel (précision des concepts et relations qu'ils entretiennent) et fonctionnel (nature et rôle du terme dans la langue de spécialité), et ce par la lecture, en commençant par les ouvrages généraux, comme les encyclopédies et les revues de haute vulgarisation, pour s'orienter petit à petit vers les sources spécialisées, tels les rapports et les revues scientifiques. Afin de comprendre le domaine en profondeur, il faut assimiler les « noyaux conceptuels » du domaine de spécialité comme le souligne Sylvie Vandaele (2006, p. 74). Bien entendu, il faut connaître les termes utilisés par les auteurs du domaine. Ensuite, on doit extraire les termes qui sont nécessaires à la compréhension de ce domaine. Étant donné que la protéomique est une science qui émerge de la génétique et de la génomique, il est évident que sa terminologie sort également de ces domaines.

Par ailleurs, il est indispensable de disposer d'une documentation originale (encyclopédies, dictionnaires, manuels, revues et sites Web spécialisés) dans les deux langues choisies. La documentation bilingue, telle que les traductions et les dictionnaires spécialisés bilingues est à exclure pour la recherche; elle sert toutefois à fournir des ouvrages de contrôle pour aider à délimiter la recherche, à donner des pistes pertinentes et à vérifier des notions connexes. De plus, il ne faut pas exclure l'idée de consulter les spécialistes du domaine qui peuvent se révéler fort utiles pour faciliter la compréhension d'un concept complexe, présenter une source peu connue ou encore corriger une erreur. On doit aussi tenir compte de la qualité de la rédaction des documents pour choisir les contextes pertinents. Afin d'organiser et de classer les termes, il faut constituer un arbre du domaine puisque tout terme « est forcément rattaché à un domaine ou à un sous-domaine, qui constitue une subdivision d'un domaine générique » (L'HOMME, 2004, p. 84). Selon Dubuc, le repérage des unités terminologiques se fait en quatre étapes : le dépouillement de la documentation, l'identification des termes, l'établissement des références pour les termes et l'analyse terminologique. L'analyse terminologique représente la recherche thématique. Elle comprend deux parties : le découpage des unités terminologiques et l'analyse des contextes. L'analyse contextuelle permet d'identifier les traits notionnels présents dans le contexte où figure le terme. De plus, cette analyse sert à circonscrire le meilleur contexte prouvant l'existence du terme. Ce contexte, retenu pour son contenu informationnel, est l'élément fondamental de la fiche terminologique; sans lui, la fiche n'a aucune valeur. On compte six types de contexte qui sont classés selon leur contenu sémantique : le contexte définitoire, le contexte explicatif, le contexte

associatif, le contexte encyclopédique, le contexte langagier et le contexte synonymique. Tout d'abord, le contexte définitoire renferme des descripteurs qui donnent une image précise de la notion. Il peut alors servir de para-définition, lorsqu'un terme n'existe ni dans un dictionnaire ni dans une encyclopédie. Le contexte explicatif, renseigne sur quelques aspects qui permettent d'identifier la notion, sans toutefois en donner une image précise. Le contexte associatif, quant à lui, prouve l'appartenance du terme à la nomenclature mais ne contient pas de descripteurs aidant à dégager une image notionnelle du terme. Pour sa part, le contexte encyclopédique donne des renseignements sur la nature, l'usage ou un autre aspect de l'objet désigné par le terme, sans le définir. Ensuite, le contexte langagier montre le fonctionnement d'un terme en discours. Enfin, le contexte synonymique révèle l'égalité sémantique de deux termes. Il faut noter qu'un contexte peut être multifonctionnel, par exemple il peut être à la fois définitoire, synonymique et langagier. Il est évident que les contextes définitoires et explicatifs doivent figurer de préférence dans les fiches (DUBUC, 2002, p. 61).

Puisque nous travaillions dans un domaine nouveau très pointu, il n'a pas été facile de produire des fiches terminologiques bilingues reliées au domaine de la protéomique. Nous étions en effet confrontée à des problèmes portant sur la constitution même du corpus français. Par conséquent, en plus d'utiliser des monographies rédigées par des spécialistes, nous avons aussi consulté des revues scientifiques ainsi que des sites Web stables et publiés par des organismes reconnus. Nous avons également fait appel à des dictionnaires, des encyclopédies et des bases de données en ligne pour éclaircir des zones grises éventuelles. Jusqu'à présent, l'anglais est la *lingua franca* de la protéomique :

presque toutes les publications portant sur le sujet sont rédigées dans cette langue. De fait, réunir un corpus exhaustif de termes liés à la protéomique pour créer un fichier terminologique constitue tout un défi. En effet, depuis le début de notre travail, nous avons constaté que trouver des ouvrages de langue française dans les bibliothèques universitaires, institutionnelles et municipales est presque impossible. En fait, dans les bibliothèques de la santé, de la biochimie et de la biologie de l'Université de Montréal nous n'avons relevé que deux documents rédigés en français : *Analyse de Génomes, Transcriptomes et Protéomes*, écrit par Alain Bernot et publié en 2001 ainsi que *Biochimie génétique Biologie moléculaire* écrit par J. Étienne, É. Clauser, C. Housset, et P. Roingeard et publié en 2006.

Après avoir consulté les bibliothécaires, sans résultat, nous avons décidé de rencontrer des spécialistes du domaine dont monsieur Wehbé Barghachie, directeur de congrès à l'HUPO (*The Human Proteome Organisation*), madame Gertrude Burger, responsable du département de la Génétique à l'Université de Montréal, madame Anne-Marie Alarco, gestionnaire des programmes de recherches à Génome Québec, un des meilleurs centres de recherche en génomique et protéomique au monde, et monsieur Pierre Thibault, spécialiste de la protéomique au département de Chimie à l'Université de Montréal. Ces quatre personnes nous ont affirmé qu'il ne se publie presque rien en français dans le domaine. De plus, nous avons parlé à plusieurs doctorants en génétique de l'Université de Montréal. Ils rédigent tous leurs articles en anglais car, selon eux, « c'est ce qui se fait dans le domaine ». En fin de compte, seuls quelques articles publiés dans des revues et sites Web sont écrits en français.

En 2008, lors du Grand rendez-vous des terminologues qu'organise chaque année l'Ordre des traducteurs, terminologues et interprètes agréés du Québec, nous avons eu la chance de discuter du problème des sources de langue française avec Robert Dubuc, éminent terminologue, professeur à la retraite et auteur de nombreux ouvrages en terminologie. Monsieur Dubuc nous a confirmé que chercher de la documentation originale en français dans un domaine si récent tel que la protéomique constitue tout un défi et qu'il fallait consulter les spécialistes du domaine. C'est précisément ce que nous avons fait depuis le début de notre recherche. Les démarches que nous avons entreprises pour trouver des personnes ressources nous ont conduite vers le plus grand chercheur en protéomique au Canada, le docteur John Bergeron, directeur du Réseau protéomique de Montréal et professeur en anatomie et biologie cellulaire à Université McGill, qui nous a guidé vers quelques sources françaises publiées dans le domaine.

Rédaction des fiches

La fiche est la clé de voûte de la recherche terminologique. Selon Dubuc, « c'est un document qui contient, sous une forme facilement accessible et repérable, des renseignements permettant d'identifier un terme, associé à un contenu notionnel suffisant, dans un domaine donné et dûment attesté par une source digne de foi » (2002, p. 82). Toutes les fiches composant notre mémoire sont de format synthétique, c'est-à-dire que tous leurs champs sont concomitants et lisibles en un coup d'œil. Voici donc un exemple d'une fiche bilingue dont la vedette est le terme *proteomics* :

proteomics	DICTI	2009	http://dictionary.reference.com/browse/proteomics		
-- /refers to the analysis of the expression, localizations, functions, and interactions of proteomes.					
protéomique	VEROM	2001	27	NO	
La -- est l'étude de la fonction, de la régulation et de l'expression des protéines en relation avec la fonction normale des cellules, et ce, selon le déclenchement ou la progression de leur malfonctionnement.					
protéomique	EvN-2009-02-06				

,

Tel que le propose Robert Dubuc, nous avons procédé à la rédaction des fiches et les avons classées par ordre alphabétique, selon la graphie du terme vedette. Cette vedette est en fait le terme qui est le plus utilisé dans notre corpus et ce, aussi bien en anglais qu'en français. Par ailleurs, nous avons placé les synonymes, sigles, acronymes et variantes orthographiques répertoriés dans le même champ que la vedette, mais sous celle-ci, en respectant encore une fois l'ordre alphabétique. Comme l'illustrent les deux fiches qui suivent, pour chaque synonyme, sigle, acronyme et variante orthographique, nous avons créé une fiche de renvoi faisant référence à la vedette de la fiche principale.

phosphoprotein	WEMED	1999	524		
-- /refers to/ any of various proteins (as casein) that contain combined phosphoric acid.					
phosphoprotéide	DIMAN	2004	383	M	
phosphoprotéine	DIMAN	2004	383	F	
/Le terme/ -- (phosphoprotéine) /fait référence à toute protéine contenant de l'acide phosphorique. Les --s sont des constituants normaux du lait, du jaune d'œuf et des cellules animales.					
protéomique	EvN-2009-01-22				

phosphoprotéine	DIMAN	2004	383	F	
See: phosphoprotein					
protéomique	EvN-2009-01-21				

Dans une fiche, le contexte prouve l'existence d'un terme. Lorsque celui-ci est la vedette de la fiche, il est habituellement remplacé par le symbole suivant : --. Il arrive cependant qu'une telle substitution soit impossible. C'est ce qui se produit quand un terme constitué de plusieurs composantes est entrecoupé d'un ou de plusieurs mots. Prenons par exemple « tandem affinity purification-tag » qui se lit ainsi en contexte : « tandem affinity purification (TAP)-tag ». On remarque que l'acronyme « TAP », entre parenthèses, est inséré après « tandem affinity purification ». L'insertion est explicative, mais empêche l'utilisation des deux tirets à la place du terme, car il n'y a pas adéquation parfaite entre le terme en vedette et le terme en contexte. Par ailleurs, lorsqu'un contexte doit être coupé en raison de sa longueur excessive, le texte supprimé est remplacé par deux barres obliques : //.

La protéomique, étant un domaine très récent et dont la langue de communication principale est l'anglais, nous avons remarqué la présence de nombreux emprunts à la langue de Shakespeare dans la terminologie française. C'est précisément ce que nous constatons dans la fiche suivante :

combined fractional diagonal chromatography COFRADIC	GEGOM GEGOM	2003 2003	http://www.nature.com/nbt/journal/v21/n5/abs/nbt810.html http://www.nature.com/nbt/journal/v21/n5/abs/nbt810.html		
Current non-gel techniques for analyzing proteomes rely heavily on mass spectrometric analysis of enzymatically digested protein mixtures. Prior to analysis, a highly complex peptide mixture is either separated on a multidimensional chromatographic system or it is first reduced in complexity by isolating sets of representative peptides // Recently, we developed a peptide isolation procedure based on diagonal electrophoresis and diagonal chromatography. We call it -- (COFRADIC).					
Combined Fractions Diagonal Chromatography COFRADIC	SPECT SPECT	2004 2004	13 13		
La technique COFRADIC (--) fait également partie d'une approche protéomique sans gel. Son concept repose sur la séparation de peptides issus d'une fraction complexe par une chromatographie primaire. Dans chaque fraction, un ensemble de peptides est modifié par une réaction chimique spécifique (par exemple par oxydation des méthionines). Ces peptides modifiés acquièrent des propriétés chromatographiques altérées qui permettent de les séparer des peptides non modifiés lors d'une seconde chromatographie. Ces peptides sont analysés par spectrométrie de masse. Cette technique offre donc la possibilité de sélectionner au sein d'une fraction complexe un sous-ensemble de peptides spécifiques contenant des acides aminés qui peuvent être modifiés chimiquement ou enzymatiquement.					
protéomique	EvN-2009-01-30				

Ces emprunts surviennent même s'il existe un équivalent français en bonne et due forme, comme nous le voyons dans la fiche qui suit :

peptide mass fingerprinting	INPRO	2002	77		
-- is a protein identification technique in which MS is used to measure the masses of proteolytic peptide fragments. The protein then is identified by matching the measured peptide masses to corresponding peptide masses from protein or nucleotide sequence databases. -- works well for analytical proteomics because it combines a conceptually simple approach with robust, high throughput instrumentation // .					
carte peptidique massique peptide mass fingerprinting	STRAP PROCL	2001 2007	2-3 468		
Concrètement, la protéine est digérée par une protéase spécifique // . La protéine peut être identifiée en comparant la carte peptide massique obtenue expérimentalement aux -- s théoriques déduites de chacune des séquences présentes dans les banques de données protéiques (en effectuant une digestion <i>in silico</i> de chacune de ces protéines par la trypsine).					
On peut compter en premier lieu sur le peptide mass fingerprinting où l'identification repose sur la mesure de masse de fragments peptidiques, générés en particulier par la trypsine à partir de la protéine à identifier ; l'interrogation de banques de données peptidiques permet le plus souvent de donner l'identité de la protéine avec une forte probabilité.					
protéomique	EvN-2009-01-21				

Malgré la présence de nombreux emprunts à la langue anglaise en protéomique, nous avons remarqué que le domaine commence à s'enrichir de termes français, ce qui augure bien pour l'avenir de cette science, à long et à moyen terme.

Le présent mémoire, se veut un document facile à consulter. Nous espérons qu'il sera le premier de nombreux autres ouvrages terminologiques traitant de la protéomique qui contribueront à enrichir la langue française de nouveaux termes, donnant ainsi l'occasion aux chercheurs francophones du domaine de pouvoir publier leurs articles dans leur langue.

Fichier bilingue

2D gel electrophoresis	PROTI	2005	13		
See: two-dimensional gel electrophoresis					
2-DE	MOLEC	2007	http://www.molecularstation.com /fr/proteomics/2-D-two-dimensional-gel-electrophoresis/		
Voir : two-dimensional gel electrophoresis					
protéomique	EvN-2009-02-23				

2D gel electrophoresis	PROTI	2005	13		
See: two-dimensional gel electrophoresis					
2-D électrophorèse	MOLEC	2007	<a href="http://www.molecularstation.co
m/fr/proteomics/2-D-two-
dimensional-gel-electrophoresis/">http://www.molecularstation.co m/fr/proteomics/2-D-two- dimensional-gel-electrophoresis/		
Voir : two-dimensional gel electrophoresis					
protéomique	EvN-2009-02-23				

2D gel electrophoresis	PROTI	2005	13		
See: two-dimensional gel electrophoresis					
2-D électrophorèse de gel	MOLEC	2007	<a href="http://www.molecularstation.com
/fr/proteomics/2-D-two-
dimensional-gel-electrophoresis/">http://www.molecularstation.com /fr/proteomics/2-D-two- dimensional-gel-electrophoresis/		
Voir : two-dimensional gel electrophoresis					
protéomique	EvN-2009-02-23				

alternative splicing	MIFIG	1999	http://genome.cshlp.org/content/9/12/1288.abstract		
-- can produce variant proteins and expression patterns as different as the products of different genes, yet the prevalence of alternative splicing has not been quantified. Here the spliced alignment algorithm was used to make a first inventory of exon-intron structures of known human genes using EST contigs from the TIGR Human Gene Index. The results on any one gene may be incomplete and will require verification, yet the overall trends are significant. Evidence of alternative splicing was shown in 35% of genes and the majority of splicing events occurred in 5' untranslated regions, suggesting wide occurrence of alternative regulation. Most of the alternative splices of coding regions generated additional protein domains rather than alternating domains.					
épissage alternatif	BERAL	2001	8-9		
Un intérêt physiologique considérable est associé au découpage des gènes en introns et exons : il s'agit de l'--, qui permet, à partir d'un gène donné, d'obtenir différentes protéines, assurant parfois des fonctions nettement différentes, selon les exons conservés dans l'ARN mature. // L'-- peut modifier le ligand reconnu pour un récepteur ou une protéine d'adhésion, la localisation cellulaire de la protéine, sa phosphorylation, la reconnaissance d'un substrat par une enzyme.					
protéomique	EvN-2009-01-13				

biomarker	ROLUN	2006	253		
/A/ -- /is a substance made of proteins that can be used to diagnose and monitor a specific disease process including the study of the effect of therapeutic intervention. Changes in -- expression in fluids, cells or tissues are used as surrogate markers; --s are not unique entities that are only discovered by proteomic technology; --s can be described as analytes used in clinical biomarkers.					
biomarqueur	BIOMA	2006	66		
Dans son principe, un --, est un indicateur qui permet de diagnostiquer une maladie, de suivre son évolution ou de prédire l'action d'un médicament. C'est soit une molécule (ADN, protéine...) soit une image (taille d'une tumeur), etc. Une première difficulté réside dans l'identification des --s potentiels, étape qui nécessite de maîtriser une très large palette de techniques, tests de biologie moléculaire, d'imagerie, de dosage protéique.					
protéomique	EvN-2009-02-27				

carte peptidique massique	STRA P	2001	2-3		
Voir : peptide mass fingerprinting					
proteomics	EvN-2009-01-21				

clinical proteomics	ROLUN	2006	239		
-- can be described as the use of proteomic technologies to address issues in the diagnosis and treatment of disease.					
protéomique clinique	PROCL	2007	463		
Cet article de synthèse se penche sur une nouvelle discipline biologique et médicale, la « -- ». Cette approche « post-génomique » vise à utiliser l'étude du protéome, c'est-à-dire de l'ensemble des peptides et protéines présents dans un échantillon biologique, pour donner une information diagnostique, pronostique ou de suivi thérapeutique des pathologies humaines.					
protéomique	EvN-2009-02-29				

COFRADIC	GEGOM	2003	http://www.nature.com/nbt/journal/v21/n5/abs/nbt810.html		
See: combined fractional diagonal chromatography					
COFRADIC	SPECT	2004	13		
Voir : combined fractional diagonal chromatography					
protéomique	EvN-2009-01-23				

combined fractional diagonal chromatography	GEGOM	2003	http://www.nature.com/nbt/journal/v21/n5/abs/nbt810.html		
COFRADIC	GEGOM	2003	http://www.nature.com/nbt/journal/v21/n5/abs/nbt810.html		
Current non-gel techniques for analyzing proteomes rely heavily on mass spectrometric analysis of enzymatically digested protein mixtures. Prior to analysis, a highly complex peptide mixture is either separated on a multidimensional chromatographic system or it is first reduced in complexity by isolating sets of representative peptides // Recently, we developed a peptide isolation procedure based on diagonal electrophoresis and diagonal chromatography. We call it --(COFRADIC).					
Combined Fractions Diagonal Chromatography	SPECT	2004	13		
COFRADIC	SPECT	2004	13		
La technique COFRADIC (--) fait également partie d'une approche protéomique sans gel. Son concept repose sur la séparation de peptides issus d'une fraction complexe par une chromatographie primaire. Dans chaque fraction, un ensemble de peptides est modifié par une réaction chimique spécifique (par exemple par oxydation des méthionines). Ces peptides modifiés acquièrent des propriétés chromatographiques altérées qui permettent de les séparer des peptides non modifiés lors d'une seconde chromatographie. Ces peptides sont analysés par spectrométrie de masse. Cette technique offre donc la possibilité de sélectionner au sein d'une fraction complexe un sous-ensemble de peptides spécifiques contenant des acides aminés qui peuvent être modifiés chimiquement ou enzymatiquement.					
protéomique	EvN-2009-01-30				

comparative proteomics	ROLUN	2006	94		
See: quantitative proteomics					
protéomique comparative	MIZIV	2005	14		
Voir : quantitative proteomics					
protéomique	EvN-2009-01-23				

conjugated protein	WEMED	1999	136		
-- /is/ a compound of a protein with a nonprotein (hemoglobin is a -- of heme and globin) /. /					
hétéroprotéide	DIMAN	2004	226	M	
hétéroprotéine	DIMAN	2004	226	F	
protéine conjuguée	DIMAN	2004	409		
<p>-- /ou/ hétéroprotéine /est le nom d'ensemble des composés organiques formés de protéines associés à des substances non protidiques : chromoprotéines, glycoprotéines, lipoprotéines, nucléoprotéines et phospho-protéines.</p> <p>Les protéines donnent par dégradation hydraulique soit des acides aminés (holoprotéines ou protéines simples), soit des acides aminés et des substances non-azotées diverses : glucides, lipides, pigments, etc. (-s ou protéines conjuguées).</p>					
protéomique	EvN-2009-01-29				

descriptive proteomics	STERU	2000	489		
<p>A core component of proteomics is the ability to systematically identify every protein expressed in a cell or tissue as well as to determine the salient properties of each protein (e.g. abundance, state of modification, involvement in multi-protein complexes, etc.). The technology for such analyses integrates separation science for the separation of proteins and peptides, analytical science for the identification and quantification of the analytes, and bioinformatics for data management and analysis. Its initial implementation consisted of the combination of high-resolution two-dimensional gel electrophoresis (2DE), using IEF (isoelectric focusing)/SDS-PAGE gel, for the separation, detection and quantification of individual proteins present in a complex sample with mass spectrometry and sequence database searching for the identification of the separated proteins // . This technique and variations thereof // have been used to identify and catalog large numbers of proteins present in a complex sample and to represent them in a proteome database, a process we refer to here as '--'.</p>					
protéomique descriptive	MIZIV	2005	14		
<p>/L/a -- permet d'établir un inventaire des protéines présentes à un moment donné. La protéomique "inventaire" permet en plus de caractériser ces protéines : identification de la structure primaire, correction des annotations des séquences génomiques, preuves expérimentale de l'expression du gène, localisation de la protéine, composition des complexes protéiques, modifications post-traductionnelles. Dans la -- l'objet de l'analyse est donc uniquement centré sur la protéine en elle-même.</p>					
protéomique	EvN-2009-02-27				

differential proteomics	GENEN	2007	http://www.genencor.com/cms/connec t/genencor/technology/protein_chemistry/proteomics/proteome_and_tools/proteome_and_tools_en.htm		
-- makes qualitative and quantitative comparisons of proteomes under different conditions. This knowledge enables us to unravel the mysteries of biological processes.					
protéomique différentielle	SCIEN	2004	http://www.ird.fr/fr/actualites/journal /dossiers/biotech.pdf		
On peut distinguer différentes applications de la protéomique :					
protéomique	EvN-2009-01-29				

DNase I footprinting	MOLEB	2001	31		
-- was developed by Galas and Schmitz in 1978 as a method to study the sequence-specific binding of proteins to DNA // . In the technique, a suitable uniquely end-labeled DNA fragment is allowed to interact with a given DNA-binding protein and then the complex partially digested with DNase I. The bound protein protects the region of the DNA with which it interacts from attack by the DNase // . The technique can be used to determine the site of interaction of most sequence-specific DNA-binding proteins but has been most extensively applied to the study of transcription factors // . Thus, -- is the most likely of all the footprinting techniques to detect a specific DNA-protein interaction.					
empreinte à la DNase-I	LECLÉ	2009	http://ist.inserm.fr/BASIS/elgis/fqmat /atelier/DDD/1413.doc		
Technique d'--:					
Cette technique dite de "foot-printing" a été décrite par Osborn et coll. (28). Elle consiste à incuber un fragment d'ADN avec des protéines d'extraits nucléaires. Si une région <i>cis</i> est reconnue par des facteurs <i>trans</i> , elle sera "protégée" et ne sera donc pas digérée par la DNase-I. Au cours de nos recherches, nous avons trouvé les synonymes suivants : empreinte à la DNase, empreinte à la DNase dans 1					
protéomique	EvN-2009-01-13				

expression proteomics	ROLUN	2006	239		
--, defined in this specific context as the use of proteomic technology to study the effect of external perturbations on protein expression as measures by stable isotope labelling, will possibly be useful in drug discovery; it may be more useful in the study of the effect of new drugs on cellular function as part of a preclinical toxicology program.					
protéomique d'expression	PROTA	2004	http://www.erudit.org/revue/m/s/2004/v20/n5/008428ar.html		
La -- Dans cette branche de l'analyse protéomique, on cherche à identifier les gènes exprimés dans une condition donnée, mais aussi à déterminer les quantités de chaque protéine présentes dans l'objet biologique étudié, en prenant autant que possible en compte les différents variants de protéines provenant par exemple de modifications post-traductionnelles.					
protéomique	EvN-2008-07-07				

functional genomics	DICTI	2009	http://dictionary.reference.com/		
functionomics	FUNCT	2002	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12432964		
functomics	ALBUM	2006	383		
-- /is/ the branch of genomics that determines the biological function of the genes and their products //					
The challenge of characterizing ESTs linked to complex diseases is like interpreting sharp images on a blurred background and therefore requires a multidimensional screen for -- ("functionomics") in tissues, mice and zebra fish model, which intertwines various approaches and readouts to study development and homeostasis of a system. Consider the 'unknome', which describes the large proportion of genes for which there is currently no functional information // . Then there is 'functomics', which I first thought might be in tribute to Bootsy Collins, but turns out to be another phrase for '--'//.					
génomique fonctionnelle	PLANG	2005	http://www.planetegene.com/rubrique/notions-cles/la-genomique-fonctionnelle		
La -- est une nouvelle discipline qui a émergé dans le prolongement du décryptage des génomes et dont l'objet est la compréhension du fonctionnement de la cellule.					
protéomique	EvN-2009-01-13				

functional proteomics	ROLUN	2006	5		
-- /is the study of changes in protein expression within the proteome // .					
protéomique fonctionnelle	HONDE	2006	196		
Au-delà de l'analyse différentielle, la protéomique offre maintenant la possibilité d'explorer les interactions protéine-protéine et les réseaux de signalisation intracellulaires qui gouvernent le phénotype et plus généralement le comportement des cellules cancéreuses. Ce domaine d'activité que l'on appelle -- est actuellement en plein essor et est d'un intérêt primordial pour l'analyse des mécanismes moléculaires de la cancérisation.					
protéomique	EvN-2009-01-25				

functionomics	FUNCT	2002	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12432964		
See: functional genomics					
protéomique	EvN-2009-01-25				

functomics	ALBUM	2006	383		
See: functional genomics					
protéomique	EvN-2009-02-09				

genome	ROLUN	2006	5		
-- /is the complete gene complement of any organism, contained in a set of chromosomes in eukaryotes, a single chromosome in a bacteria or a DNA or RNA molecule in viruses // .					
génome	GAURE	2000	41		
À ce propos, rappelons-nous que le terme -- n'est pas non plus dépourvu d'ambiguïté. Généralement, il désigne la macromolécule d'ADN contenue dans les chromosomes, alors qu'il existe de l'ADN non chromosomique, dans les plasmides des bactéries et dans les organites (mitochondries ou chloroplastes, par exemple) des organismes eucaryotes. Le terme désigne // l'ensemble des gènes d'un organisme.					
protéomique	EvN-2009-02-27				

genomics	ROLUN	2006	5		
-- /is the study of the structure and function of the genome, including information about the sequence, mapping and expression and how genes and their products work in the organism.					
génomique	GENOF	2009	http://www.spectrosciences.com /spip.php?article85		
La -- est donc la science qui se propose d'étudier la structure, le fonctionnement et l'évolution des génomes.					
protéomique	EvN-2009-01-13				

hétéroprotéide	DIMAN	2004	226	M	
Voir : conjugated protein					
protéomique	EvN-2009-01-31				

hétéroprotéine	DIMAN	2004	226	F	
Voir : conjugated protein					
protéomique	EvN-2009-01-31				

holoprotéine	DIMAN	2004	229		
Voir : simple protein					
protéomique	EvN-2009-01-23				

ICAT	ROLUN	2006	113-114-115		
See: isotope-coded affinity tag					
ICAT	PINEA	2006	377-378		
Voir : isotope-coded affinity tag					
protéomique	EvN-2009-02-19				

interaction proteomics	CARDI	2007	http://www.genomicglossaries.com/content/proteomics_categories.asp		
-- /refers to protein-protein interactions lie at the heart of most cellular processes ... A complete understanding of cellular function depends on a full characterization of the complex network of cellular protein-protein associations Alternative proteomics technologies are being developed to complement the two-hybrid system. These methods reveal direct protein-protein interactions by using protein affinity chromatography. Protein affinity chromatography, as developed by Greenblatt, Alberts, and colleagues, has the disadvantage of requiring purified proteins as reagents, but it is superior to the two-hybrid approach because it generates fewer false positives and is more amenable to high-throughput screening.					
protéomique d'interactions	PROTA	2004	http://www.erudit.org/revue/ms/2004/v20/n5/008428ar.html		
La -- Dans cette branche de l'analyse protéomique, l'enjeu est de déterminer les interactions physiques entre les protéines d'une même cellule, et les éventuelles variations de la composition de ces complexes multiprotéiques dans différentes situations biologiques.					
protéomique	EvN-2009-01-29				

isotope-coded affinity tag ICAT	ROLUN	2006	113-114-115		
Specifically, Aebersold and coworkers developed a somewhat complex reagent composed of a “tag” that bound to a/n affinity matrix facilitating purification of a labelled peptide or protein, a “linker” region that can be labelled with a “heavy” isotope such as deuterium in place of hydrogen, and a reactive probe such as an α -ketohalo function analogous to iodoacetamide. These reagents, described as --s (ICAT) enable the relatively specific introduction of a deuterium-label/led moiety on the sulphydryl groups in a protein mixture.					
isotope-coded affinity tag ICAT	PINEA	2006	377-378		
La technologie ICAT (pour --) développée à l'origine par Gygi et al., (1999) // consiste à utiliser des étiquettes (tags) isotopiques distinctes pour marquer spécifiquement par liaison covalente les cystéines des protéines issues de deux échantillons à comparer. Les échantillons biologiques sont marqués différemment par une étiquette biotinylée légère ou lourde (porteuse de 8 atomes de deuterium), puis mélangés de façon équimolaire. Le mélange est ensuite digéré par une protéase et les peptides de digestion étiquetés sont séparés par affinité sur colonne d'avidine avant d'être traités par spectrométrie de masse. Chaque peptide étiqueté sera visualisé sous la forme d'une paire d'ions d0ICAT/d8ICAT différent de 8 unités de masse. L'avantage majeur de cette technique résulte dans la possibilité de quantifier les protéines venant de deux échantillons distincts au cours d'une même analyse nanoLC-MS. Les peptides pour lesquels une expression différentielle est mise en évidence sont ensuite fragmentés par MS/MS en vue de leur identification // :					
protéomique	EvN-2009-02-19				

mass spectrometry MS	PRODG PRODG	2003 2003	336 336			
-- (MS) /is/ a technique that allows investigators to separate proteins based on their mass to charge ratio (m/z). The m/z for each protein allows them to be identified and quantified from complex mixtures.						
spectrométrie de masse	PROTA	2004	588			
/L/'electrophorèse bidimensionnelle permet de séparer plusieurs centaines de formes protéiques, et en particulier un grand nombre de variants post-traductionnels, avec une dimension quantitative et une capacité unique de séparer des protéines entières. La -- apporte quant à elle sa capacité à caractériser les protéines ainsi séparées avec force détails, comme l'identification de modifications post-traductionnelles atypiques, et bien sûr la détermination de leur site // . Si cette technique a fait ses preuves, elle a aussi montré ses limites en termes de spectre d'analyse, par exemple des protéines minoritaires et membranaires // ,ou en termes de débit d'analyse et de miniaturisation.						
protéomique	EvN-2009-01-31					

matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight MALDI-TOF	INPRO INPRO PATIM	2002 2002 2002	57 57 12			
MALDI-TOF is the standard acronym for --. The first part MALDI refers to the source, whereas the TOF refers to the mass analyzer. The term "MALDI" actually describes a method of ionization, but frequently is used in the proteomics literature as shorthand MALDI-TOF.						
Matrix-assisted laser destruction/ionization (MALDI) creates ions from the energy of a laser with the help of an energy absorbing matrix // . The molecules to be ionized are desiccated in a crystalline matrix and the laser causes excitation of the matrix and the ejection of ions into gas-phase. This method of ionization is often used in conjunction with time-of-flight detection (MALDI-TOF) to identify proteins by peptide mass fingerprinting. // The masses of peptides derived from an in-gel proteolytic digestion of protein spots from a 2D gel are measured and searched against a computer generated list of peptides created by a simulated digestion of a protein database using a specific protease such as trypsin. // The power of this approach has increased due to the advances in automation such as hundreds of proteins can be visualised, excised, digested enzymatically, and their mass determined and automatically searched against databases.						
désorption et ionisation laser assistées par une matrice – temps de vol matrix assisted laser desorption ionisation – time of flight MALDI-TOF	PROCL PROCL PROCL	2007 2007 2007	465 465 465			
MALDI-TOF /(/matrix assisted laser desorption ionisation – time of flight //)/ -- /est une technique de séparation de peptides et de protéines selon leur masse. Les molécules sont déposées sur une cible. Un laser UV permet l'ionisation et la désorption par l'intermédiaire d'une matrice adjuvante. La séparation se fait par la mesure du temps de déplacement (vol) des molécules dans un tube sous vide.						
protéomique	EvN-2008-07-07					

MALDI-TOF	INPRO PATIM	2002 2002	57 12		
See: matrix assisted laser destruction ionization-time of flight					
MALDI-TOF	PROCL	2007	465		
Voir : désorption et ionisation laser assistées par une matrice – temps de vol					
protéomique	EvN-2009-01-20				

MS	PRODG	2003	336		
See: mass spectrometry					
proteomics	EvN-2009-01-21				

MS/MS	DIKNO	2005	41-242-243		
See:Tandem mass spectrometry					
MS/MS	STRAP	2001	3		
Voir : Tandem mass spectrometry					
protéomique	EvN-2009-01-22				

MuDPIT	ROLUN	2006	225		
See: multidimensional protein identification technology					
MUDPIT	PROTA	2004	589		
Voir : multidimensional protein identification technology					
protéomique	EvN-2009-01-20				

multidimensional protein identification technology MuDPIT	ROLUN	2006	225		
While different separation modalities are used, the general concept of this -- (MuDPIT) is the use of orthogonal techniques; in this large majority of studies, an ion-exchange column is the first separation phase and a reversed-phase column would be the second phase.					
multidimensional protein identification technology MUDPIT	PROTA	2004	589		
PROTA 2004 589					
Analyse d'un mélange de protéines par la méthode MUDPIT (--) A. Le mélange de protéines est directement digéré par la trypsine. B. Le mélange complexe de peptides résultant de cette digestion est ensuite acidifié avec de l'acide acétique (AcOH). C. Le mélange est déposé sur un système composé de deux colonnes chromatographiques en tandem, relié à un spectromètre de masse (MS) en tandem : la première colonne est un échangeur fort de cations (CE), la deuxième une phase inverse (PI). D. L'élation de la colonne échangeuse d'ions par une concentration donnée de sels (NH_4HCO_3) transfère une partie des peptides vers la colonne de phase inverse.					
proteomics	EvN-2009-01-20				

nucleoprotein	WEMED	1999	467		
/A/ -- /is/ a compound that consist of a protein (as a histone) conjugated with a nucleic acid (as a DNA) and that is the principal constituent of the hereditary material in chromosomes.					
Note: This term has two different translations in French: <i>nucléoprotéide</i> and <i>nucléoprotéine</i> .					
nucléoprotéide	DIMAN	2004	339-340		GEN
/Une/ -- /fait référence à toute hétéroprotéine constituée par l'union d'une protéine basique (protamine ou histone) à un acide nucléique (acide ribonucléique dans le <i>ribonucléoprotéide</i> , acide désoxyribonucléique dans le <i>désoxyribonucléoprotéide</i>). Les -s sont présents dans tous les organismes vivants (tissus animaux et végétaux, bactéries, virus).					
protéomique	EvN-2009-02-27				

nucleoprotein	WEMED	1999	467		
/A/ -- /is/ a compound that consist of a protein (as a histone) conjugated with a nucleic acid (as a DNA) and that is the principal constituent of the hereditary material in chromosomes.					
nucléoprotéine	DIMAN	2004	340		SP
/Une/ -- /est une n/ucléoprotéide dont le groupement prosthétique est un acide ribonucléique. Les --s sont présents dans le noyau et dans le cytoplasme de la cellule.					
protéomique	EvN-2009-02-27				

peptide	WEME D	1999	510		
--s /represent/ any of various amides that are derived from two or more amino group of the one acid with the carboxyl group of another and are usually obtained by partial hydrolysis of proteins					
peptide	DIMAN	2004	373		
/Un/ -- /est une/ substance organique constituée par la condensation de plusieurs molécules d'acides aminés, ou produit résultant de la dégradation partielle des protéines.					
protéomique	EvN-2009-02-27				

peptide mass fingerprinting	INPRO	2002	77		
-- is a protein identification technique in which MS is used to measure the masses of proteolytic peptide fragments. The protein then is identified by matching the measured peptide masses to corresponding peptide masses from protein or nucleotide sequence databases. -- works well for analytical proteomics because it combines a conceptually simple approach with robust, high throughput instrumentation // .					
carte peptidique massique	STRAP	2001	2-3		
peptide mass fingerprinting	PROCL	2007	468		
Concrètement, la protéine est digérée par une protéase spécifique // . La protéine peut être identifiée en comparant la carte peptide massique obtenue expérimentalement aux --s théoriques déduites de chacune des séquences présentes dans les banques de données protéiques (en effectuant une digestion in silico de chacune de ces protéines par la trypsine).					
On peut compter en premier lieu sur le peptide mass fingerprinting où l'identification repose sur la mesure de masse de fragments peptidiques, générés en particulier par la trypsine à partir de la protéine à identifier ; l'interrogation de banques de données peptidiques permet le plus souvent de donner l'identité de la protéine avec une forte probabilité.					
protéomique	EvN-2009-01-21				

peptide mass fingerprinting	PROC L	2007	468		
Voir : peptide mass fingerprinting					
Note: calque de l'anglais utilisé dans la langue française.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

pharmacogenomic	PHADE	2005	http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?tool=pmcentrez&artid=1473028		
It is generally anticipated that -- information will have a large impact on drug development and will facilitate individualized drug treatment. However, there has been relatively little quantitative modeling to assess how -- information could best be utilized in clinical practice.					
pharmacogénomique	SWITA	2004	2	ADJ	
Contrairement aux idées reçues, la pharmacogénomique et la pharmacogénétique ne présentent pas vraiment un haut potentiel de discrimination. S'il est certain que les patients chez lesquels un médicament resterait sans effets ou provoquerait d'importants effets secondaires seront identifiés par moyens --s, il est faux de déduire pour autant que ces groupes seront injustement traités.					
protéomique	EvN-2009-01-22				

pharmacogenomics	PRODG	2003	338		
/Very similar to pharmacogenetics, -- attempts to study genome-wide influences on the efficacy of medications.					
pharmacogénomique	PISIL	2006	http://www.sciencedirect.com/science?_ob=ArticleURL&_udi=B6W8N-4M0S3FD-1&_user=10&_rdoc=1&_fmt=&_orig=search&_sort=d&view=c&_acct=C000050221&version=1&_urlVersion=0&_userid=10&md5=d2c16fb754dff7fb819f38155fecb1	NO	
La -- cherche à expliquer une partie de la variabilité de la réponse aux thérapeutiques par la variabilité génétique des individus.					
protéomique	EvN-2009-01-22				

pharmacoproteomic	PHARA	2004	http://www.ingentaconnect.com/content/bsc/fcp/2004/00000018/00000004/art00002		
The -- approach could be particularly useful for the identification of molecular alterations implicated in type 2 diabetes and for further characterization of existing or new drugs.					
pharmacoprotéomique	BISOJ	2002	http://cat.inist.fr/?aModele=afficheN&cpsidt=14533630	ADJ	
Cette approche -- semble particulièrement intéressante pour la recherche de nouvelles altérations moléculaires impliquées dans la physiopathologie du diabète de type 2 et/ou de l'obésité ainsi que pour l'identification des mécanismes des traitements déjà existants ou à venir.					
protéomique	EvN-2009-01-22				

pharmacoproteomics	ROMAT	2005	24		
-- /is/ the use of proteomics technologies in drug discovery and development.					
pharmacoprotéomique	PHARB	2002	http://www.centres-pharmacovigilance.net/toulouse/bip3/	NO	
La technique de puces à ADN permet, à partir d'ARN messagers extraits d'un tissu, de recenser les gènes différentiellement exprimés. Ainsi, ce procédé permet d'étudier l'influence d'une pathologie // ou d'un traitement. La limite de cette technique repose sur l'excès d'information sur un grand nombre de gènes, connus ou inconnus. L'étape suivante consiste alors à identifier la fonction à ces gènes isolés et à analyser le rôle des protéines issues de ces gènes : c'est la --.					
protéomique	EvN-2009-01-22				

phosphoprotein	WEMED	1999	524		
-- /refers to/ any of various proteins (as casein) hat contain combined phosphoric acid.					
phosphoprotéide	DIMAN	2004	383	M	
phosphoprotéine	DIMAN	2004	383	F	
/Le terme/ -- (phosphoprotéine) /fait référence à t/oute protéine contenant de l'acide phosphorique. Les phosphoprotéines sont des constituants normaux du lait, du jaune d'oeuf et des cellules animales.					
protéomique	EvN-2009-01-22				

phosphoprotéine	DIMA N	2004	383	F	
See: phosphoprotein					
proteomics	EvN-2009-01-21				

post-translational modification posttranslational modification PTM	ROLUN DIKNO DIKNO	2006 2005 2005	7 64 64		
-- /is/ covalent modification of a protein following translation of the RNA to form the polypeptide chain. Such modification may or may not be enzyme catalyzed (γ -carboxylation vs. nitration) and may or may not be reversible (phosphorylation vs. γ -carboxylation).					
posttranslational modifications (PTMs) are dynamic protein modifications responsible for the regulation of diverse biological properties of the modified proteins. Many, if not all, proteins are subject to posttranslational processing and modification.					
modification post-traductionnelle	CHUPS	2004	http://www.chups.jussieu.fr/polys/biochimie/BMbioch/POLY.Chp.5.26.html		
De nombreuses modifications chimiques se produisent après l'incorporation des acides aminés dans la structure primaire de la protéine (traduction) ; on les appelle --s. On distingue des modifications cotraductionnelles qui se produisent alors que la traduction se poursuit encore et que le peptide naissant est encore attaché au ribosome qui l'a construit, des --s proprement dites qui ont lieu dans la cellule, dans les organites ou hors de la cellule.					
protéomique	EvN-2009-01-22				

posttranslational modification	DIKNO	2005	64	F	
See: post-translational modification					
proteomics	EvN-2009-01-21				

proteasome	DAVCO	2003	293		
The -- is a protein shredder. At its heart is a tube of 28 proteins with protein-cutting machinery on the inside. Proteins are fed through the tube and cut into small peptides, which are then rapidly cut into individual amino acids by other peptidases and recycled to build new proteins.					
protéosome	BIOMO	2006	131		
/L'e repliement tridimensionnel protéique, qui a lieu au cours de la traduction et juste après, peut faire intervenir des protéines chaperons qui aident et peuvent donner une seconde chance à certaines chaînes polypeptidiques mal repliées. Quand ces mécanismes de sauvetage échouent, un autre mécanisme est mis en jeu, qui aboutit à la destruction de la protéine par protéolyse. Cette voie débute par l'identification de régions hydrophobes anormales à la surface des protéines et aboutit à la destruction de ces protéines par un complexe cytosolique appelé le --.					
protéomique	EvN-2009-02-21				

protein	DICTI	2009	http://dictionary.reference.com/browse/PROTEINACEOUS%20	ADJ	
Voir : proteinaceous					
protéomique	EvN-2009-02-27				

protein	WEMED	1999	563	NO	
-- /refers to/ any of numerous naturally occurring extremely complex substances that consist of amino-acid residues joined by peptide bonds, contain the elements carbon, hydrogen, nitrogen, oxygen, usually sulfur, and occasionally other elements (as phosphorus or iron), and include many essential biological compounds (as enzymes, hormones, or immunoglobulins).					
protéine	DIMAN	2004	409		GÉN
protide	DIMAN	2004	411		SP
-- /est le n/om d'ensemble des composés organiques azotés, animaux et végétaux, dont la molécule se compose de nombreux acides aminés et qui jouent un rôle essentiel dans une matière vivante.					
/le terme/ protide /est synonyme/ dans un sens plus restreint, de --.					
protéomique	EvN-2008-07-07				

proteinaceous	DICTI	2009	http://dictionary.reference.com/browse/PROTEINACEOUS%20		
proteinic	DICTI	2009-	http://dictionary.reference.com/browse/proteinic		
proteinous	DICTI	2009	http://dictionary.reference.com/browse/proteinous		
protein	DICTI	2009	http://dictionary.reference.com/browse/PROTEINACEOUS%20	ADJ	

-- /refers to a material/ relating to or of the nature of protein.

-- /means/ proteinic.

proteinous /means/ --.

Protein /refers to a material/ of the nature of or containing protein.

protéique	DIMAN	2004	410			
-- /est tout ce qui fait référence ou q/ui est de la nature des protéides, des protéines en général.						
protéomique	EvN-2009-02-06					

protéine conjuguée	DIMAN	2004	409			
Voir : conjugated protein						
protéomique	EvN-2009-01-23					

protéine simple	DIMAN	2004	409			
Voir : simple protein						
protéomique	EvN-2009-01-23					

proteinic	DICTI	2009	http://dictionary.reference.com/browse/proteinic		
See: proteinaceous					
protéomique	EvN-2009-01-23				

proteinous	DICTI	2009	http://dictionary.reference.com/browse/proteinous		
See: proteinaceous					
protéomique	EvN-2009-01-23				

proteolysis	WEMED	1999	564		
-- /refers to/ the hydrolysis of proteins or peptides with formation of simple and soluble products (as in digestion) // .					
protéolyse	DIMAN	2004	410		
-- /désigne le processus de dégradation des protéines. Au cours de la digestion ou dans les tissus, la -- est activée par des enzymes protéolytiques (protéinases), qui coupent les protéines en peptides et les peptides en acides aminés // .					
protéomique	EvN-2009-02-06				

proteome	PRODG	2003	338		
/The/ -- /is/ the complete collection of proteins in a cell/tissue/organism at a particular time.					
protéome	BERAL	2001	139		
Le -- désigne l'ensemble des protéines exprimées par une cellule ou un tissu à un instant donné.					
protéomique	EvN-2009-02-06				

proteomic	DIKNO	2006	69		
A good first step in interpreting global -- datasets is to place the identified proteins into a biological context // .					
protéomique	PROTA	2004	587	ADJ	
Dans cette branche de l'analyse --, on cherche à identifier les gènes exprimés dans une condition donnée, mais aussi à déterminer les quantités de chaque protéine présentes dans l'objet biologique étudié, en prenant autant que possible en compte les différents variants de protéines provenant par exemple de modifications post-traductionnelles.					
protéomique	EvN-2009-02-60				

proteomics	DICTI	2009	http://dictionary.reference.com/browse/proteomics		
-- /refers to the analysis of the expression, localizations, functions, and interactions of proteomes.					
protéomique	VEROM	2001	27	NO	
La -- est l'étude de la fonction, de la régulation et de l'expression des protéines en relation avec la fonction normale des cellules, et ce, selon le déclenchement ou la progression de leur malfonctionnement.					
protéomique	EvN-2009-02-06				

protide	DIMAN	2004	411		
Voir : protein					
protéomique	EvN-2009-02-06				

PTM	DIKNO	2005	64	F	
See: post-translational modification					
proteomics	EvN-2009-01-21				

quantitative proteomics	ROLUN	2006	94		
comparative proteomics	ROLUN	2006	94		
-- refers to the use of the aforementioned alkylating agents (ICAT) and fluorescent dyes for the labeling of proteins and peptides prior to analysis. -- has also been described as comparative proteomics. -- uses reagents that can measure differences in protein expression in paired experimental samples and permitted the analysis of changes in global protein expression in response to system perturbation.					
protéomique quantitative	STRAP	2001	6		
protéomique comparative	MIZIV	2005	14		
-- : L'étude comparative de protéomes est un moyen puissant d'analyser, au niveau moléculaire, la réponse dynamique à un stress, à la fixation d'un ligand sur son récepteur, à l'expression d'un transgène. Il s'agit alors de comparer les quantités respectives des protéines présentes dans tel ou tel compartiment de cellules normales et stressées. Actuellement, une telle approche n'est possible (avec de nombreuses limites) qu'à travers la séparation des protéines par gel 2D.					
/L/ a protéomique comparative est basée sur l'analyse des modifications du protéome en réponse par exemple à un stress. L'objet analysé dans ce cas est la relation entre les protéines et les phénomènes physiologiques mis en œuvre face au stress.					
protéomique	EvN-2009-01-23				

SELDI-TOF	RECAP	2004	10		
See: surface enhanced laser desorption-ionization-time of flight					
SELDI-TOF	SOBOM	2005	723		
Voir : surface enhanced laser desorption-ionization-time of flight					
protéomique	EvN-2009-01-22				

simple protein	DICTI	2009	http://dictionary.reference.com/browse/simple%20protein		
<i>/A/ -- /is/ a protein that yields only amino acids and no other major products when hydrolyzed (contrasted with conjugated protein).</i>					
holoprotéide	DIMAN	2004	229	M	
holoprotéine	DIMAN	2004	229	F	
protéine simple	DIMAN	2004	409		
<i>/Une/ -- // (f. holoprotéine) /est une p/rotéine dont l'hydrolyse complète ne libère que des acides aminés, à l'exclusion de toute autre substance, par opposition aux hétéroprotéides. Le mot « protéine » lui-même désigne habituellement une holoprotéine.</i>					
Les protéines donnent par dégradation hydrolytiques soit des acides aminés (holoprotéines ou protéines simples), soit des acides aminés et des substances non azotées diverses : glucides, lipides, pigments, etc.					
protéomique	EvN-2008-07-07				

structural genomics	CHEMI	2003	http://pubs.acs.org/cen/coverstory/8149/8149genomics1.html		
<i>-- focuses on the physical aspects of the genome through the construction and comparison of gene maps and sequences, as well as gene discovery, localization, and characterization.</i>					
génomique structurale	GENOM	2005	http://www.inra.fr/la_science_et_vous/dossiers_scientifiques/genomique		
<i>/L/a -- // décrit l'organisation du génome, réalise son séquençage et dresse l'inventaire des gènes // .</i>					
protéomique	EvN-2008-07-23				

structural proteomics	ROLUN	2006	8		
<i>-- /is the study of the primary, secondary, and tertiary structure of the proteins in a proteome // .</i>					
protéomique structurale	STRUP	2004	i		
<i>La -- implique l'étude de la structure tridimensionnelle de toutes les protéines d'un protéome. Comme la détermination de la structure d'une protéine est un processus laborieux, la -- est un des plus grands défis scientifiques du 21^e siècle.</i>					
protéomique	EvN-2008-07-23				

surface enhanced laser desorption-ionization-time of flight SELDI-TOF	RECAP RECAP	2004 2004	10 10		
A related system, termed SELDI-TOF (--) is a proprietary variant of MALDI-TOF in which chip surfaces displaying selected chemical characteristics are used to capture a subset of proteins in a sample and then laser-induced ionization from the chip surface generates peptide ions // . SELDI-TOF MS has been most commonly done with a small linear TOF mass analyzer that displays high sensitivity but limited resolution and mass accuracy and is operated in the linear mode.					
surfaced-enhanced laser desorption/ionization time-of-flight SELDI-TOF	SOBOM SOBOM	2005 2005	723 723		
Récemment, des avancées méthodologiques en spectrométrie de masse ont ouvert des perspectives intéressantes pour l'identification de nouveaux marqueurs tumoraux. Parmi celles-ci, la plate-forme SELDI-TOF (--) présente de nombreux avantages par rapport aux autres techniques, notamment en raison de sa simplicité d'utilisation, de sa sensibilité et de sa capacité d'analyse à haut débit des échantillons (près de 800/jour). Cette technique permet la séparation, la détection et l'analyse de protéines, directement à partir de l'échantillon biologique avec une sensibilité de l'ordre de la femtomole // . Elle est toutefois limitée par la gamme de masse protéique analysable, avec une très bonne détection pour les protéines inférieures à 20-30 kDa et une sensibilité moindre pour les protéines de plus hautes masses.					
protéomique	EvN-2009-02-06				

tandem affinity purification-tag	KIRJO	2007	http://cat.inist.fr/?aModele=a fficheN&cpsidt=19943736		
TAP- tag	KIRJO	2007	http://cat.inist.fr/?aModele=a fficheN&cpsidt=19943736		
<p>The tandem affinity purification (TAP)-tag has rapidly gained a wide popularity, mostly in studies on protein interactions, but lately also in large-scale protein quantification studies. We have developed an immuno-quantitative real-time PCR (qPCR) method to achieve rapid, sensitive and accurate quantification of TAP-tagged (and protein A-tagged) proteins in yeast with a detection range between 10⁷ and 10¹⁰ molecules. The immuno-qPCR protein quantification showed an excellent correlation to the published <i>in vivo</i> fluorescent protein (GFP)-based large-scale protein quantifications, but allowed for a much higher sensitivity. The correlation with published data from the large-scale Western blotting-based quantification of the TAP-tag was lower, but the sensitivity of detection was on roughly the same level. The practical use of the immuno-qPCR approach was demonstrated by analysis of osmo-regulated proteins, where the 2000-fold increase in expression of Catalase (Ctt1p), from an extremely low basal expression, could be accurately quantified. All steps of the method, from cell growth, to protein extraction and determination and the immuno-qPCR reaction itself are potentially amenable to automatization. Therefore, since the TAP-tag and protein A are useful in most model organisms, the immuno-qPCR method is both generic and suitable for large-scale studies.</p>					
tandem affinity purification by tag	PROTA	2004	589		
TAP-TAG	PROTA	2004	589		
TAPTAG	PROTA	2004	592		
<p>Ces limites n'existent pas dans l'autre technique utilisée en protéomique d'interaction, le TAP-TAG (--) // . Dans cette approche, ce sont les complexes présents dans la cellule d'intérêt qui sont extraits puis analysés. De ce fait, l'influence des modifications post-traductionnelles est prise en compte. En revanche, la difficulté de cette approche est de deux ordres. Le premier est de diminuer les interactions non spécifiques. Ce problème majeur des techniques d'affinité (immunoprecipitation par exemple) a été résolu par la structure de l'étiquette d'affinité et le schéma de purification en tandem // . En revanche, le deuxième problème, celui de l'extraction des complexes, reste non résolu. En effet, des interactions protéine-protéines labiles, qui sont détectables dans la cellule par la technique du double hybride, peuvent ne pas survivre au processus d'extraction utilisé. A contrario, le processus de lyse cellulaire peut aussi induire des interactions artificielles. Cependant, cette technique permet de déterminer des complexes protéiques à l'échelle de cellules entières // .</p>					
<p>Analyse de complexes par une méthode de type TAP TAG (--). A. La cellule d'intérêt est transfectée avec une construction codant pour la protéine « appât » (en rose), dont on veut déterminer les partenaires, fusionnée avec le module de purification (en noir). B. Le complexe bâti autour de la protéine « appât » est extrait de la cellule, puis (C) purifié par chromatographie d'affinité (en deux étapes). D. Le complexe élue est ensuite analysé par analyse protéomique.</p>					
protéomique	EvN-2008-07-07				

tandem mass spectrometry MS/MS	DIKNO DIKNO	2005 2005	41 and 242-243 41 and 242-243		
Peptidique “sequencing” can be performed in real-time during an LC-MS analysis using a specialized MS procedure known as -- (MS/MS). In MS/MS experiments, individual peptide precursor ions are first detected using a precursor ion scan, and then electromagnetically isolated by the MS system as they elute from the column and enter into the system via the ESI source // . The isolated peptides are subsequently subjected to energetic collisions in order to induce peptide fragmentation.					
-- (MS/MS) provides a means for fragmenting a mass-selected ion and measuring the mass-to-charge ration (m/z) of the product ions that are produced during the fragmentation process, generating detailed structural information as a result. The mass selectivity of many commercial MS systems permits the isolation of single precursor peptide ions from mixtures, thereby removing the contribution of any other peptide or contaminant from the sequence analysis step. The product ion spectra can subsequently be interpreted to deduce the amino acid sequence of a protein.					
spectrométrie de masse en mode tandem MS/MS	STRAP STRAP	2001 2001	3 3		
Séquençage peptidique par -- (MS/MS). Dans le cas de protéines inconnues, /c'est-à-dire/ non répertoriées dans les banques de données protéiques, l'identification par carte peptidique massique est inopérante. On utilise alors un spectromètre de masse en mode tandem (MS/MS) de type Q-TOF. Il permet de sélectionner un à un les peptides provenant de la digestion trypsique de la protéine étudiée // . Chaque peptide est alors fragmenté (par collision avec de l'argon) dans le spectromètre de masse ; l'analyse des fragments (spectre MS/MS) permet de déterminer des éléments de la séquence en acides aminés du peptide // , séquence qui sera utilisée pour chercher à identifier la protéine dans les banques protéiques et génomiques // .					
protéomique	EvN-2009-01-22				

TAP-tag	KIRJO	2007	<a href="http://cat.inist.fr/?aModele=affiche
eN&cpsidt=19943736">http://cat.inist.fr/?aModele=affiche eN&cpsidt=19943736		
See: tandem affinity purification-tag					
TAP-TAG	PROTA	2004	589		
Voir : tandem affinity purification by tag					
protéomique	EvN-2009-02-23				

TAP-tag	KIRJO	2007	http://cat.inist.fr/?aModele=affiche N&cpsidt=19943736		
See: tandem affinity purification-tag					
TAPTAG	PROTA	2004	592		
Voir : tandem affinity purification by tag					
protéomique	EvN-2009-02-23				

transcriptome	NATUR	1999	http://cmbi.bjmu.edu.cn/cmbidata/pr oteome/reviews/04.pdf		
The generation of messenger RNA expression profiles is referred to as transcriptomics, as these are based around the process of transcription. And the complement of mRNAs transcribed from a cell's genome is called the --.					
transcriptome	MATOR	2006	1162		
Le -- est l'ensemble des ARN messagers produits à partir du génome d'un tissu à un moment donné. C'est en quelque sorte l'instantané du génome actif.					
protéomique	EvN-2009-02-06				

transcriptomics	ROLUN	2006	2		
-- is the study of DNA expression as measured by messenger RNA.					
transcriptomique	TAMPI	2005	http://histoire- cnrs.revues.org/document1308.html? format=print	NO	
La -- est l'étude de l'expression totale des transcrits (ARNmessagers) des gènes dans une cellule, un tissu ou un organisme donné.					
protéomique	EvN-2009-02-06				

trypsin	WEMED	1999	721		
-- /is the/ crystallisable proteolytic enzyme that is produced by the pancreatic juice in the form of inactive trypsinogen and activated in the intestine.					
trypsine	DIMAN	2004	530		
/La/ -- /est une e/nzyme du sac pancréatique de la classe des endopeptidases, provenant de l'activation de son précurseur (trypsinogène) sous l'action de l'entérokinase et qui hydrolyse certains polypeptides, jouant ainsi un rôle dans la digestion intestinale des protéines.					
protéomique	EvN-2009-01-23				

interaction proteomics	CARDI	2007	http://www.genomicglossaries.com/content/proteomics_categories.asp		
-- /refers to p/rotein-protein interactions lie at the heart of most cellular processes ... A complete understanding of cellular function depends on a full characterization of the complex network of cellular protein-protein associations Alternative proteomics technologies are being developed to complement the two-hybrid system. These methods reveal direct protein-protein interactions by using protein affinity chromatography. Protein affinity chromatography, as developed by Greenblatt, Alberts, and colleagues, has the disadvantage of requiring purified proteins as reagents, but it is superior to the two-hybrid approach because it generates fewer false positives and is more amenable to high-throughput screening.					
protéomique d'interactions	PROTA	2004	http://www.erudit.org/revue/ms/2004/v20/n5/008428ar.html		
La -- Dans cette branche de l'analyse protéomique, l'enjeu est de déterminer les interactions physiques entre les protéines d'une même cellule, et les éventuelles variations de la composition de ces complexes multiprotéiques dans différentes situations biologiques.					
protéomique	EvN-2009-01-29				

two-dimensional gel electrophoresis 2D gel electrophoresis	PROTI PROTI	2005 2005	13 13		
<p>/A/ technique called 2D gel electrophoresis was introduced, and this technique satisfied the resolving power requirement while conserving the quantitative aspect of the proteome. -- has been the method of choice for the large-scale purification of proteins in proteomic studies. The 2D gel electrophoresis method can potentially separate several thousand proteins in a single experiment.</p>					
électrophorèse bidimensionnelle de gel	MOLEC	2007	http://www.molecularstation.com/fr/proteomics/2-D-two-dimensional-gel-electrophoresis/		
2-D électrophorèse	MOLEC	2007	http://www.molecularstation.com/fr/proteomics/2-D-two-dimensional-gel-electrophoresis/		
2-DE	MOLEC	2007	http://www.molecularstation.com/fr/proteomics/2-D-two-dimensional-gel-electrophoresis/		
2-D électrophorèse de gel	MOLEC	2007	http://www.molecularstation.com/fr/proteomics/2-D-two-dimensional-gel-electrophoresis/		
<p>L'-- (également abrégée en 2-D électrophorèse ou 2-DE) est une méthode d'électrophorèse de gel qui est généralement employée pour séparer ou analyser très semblable dans la taille, et également beaucoup de protéines telles que l'ensemble complet de protéines actuelles dans un temps donné de cellules immédiatement, le protéome.</p> <p>/L/a 2-D électrophorèse de gel sépare les protéines dans deux dimensions, point isoélectrique et masse. Ceci permet la séparation des protéines qui autrement ne pourraient pas être séparées ou distinguées sur les gels 1-D, y compris les protéines pareillement classées et beaucoup de protéines (telles qu'un protéome).</p>					
protéomique	EvN-2009-02-23				

yeast two-hybrid Y2H	PRODG PRODG	2003 2003	340 340		
-- (Y2H) /is a/ proteomic method to detect protein-protein interactions. Variations of this method have been produced for mammalian and bacterial cells as well. The protein of interest is used as a <i>bait</i> to “fish out” proteins that bind to it (called <i>prey</i>)					
double-hybride	PROTA	2004	589		
La première approche est celle du -- // . Cette technique est maintenant bien établie, et ses défauts, en particulier en termes de spécificité des interactions mises en évidence, sont bien connus. Des progrès récents ont cependant été enregistrés, en utilisant notamment des séquences correspondant à des domaines de protéines, et non à des protéines entières. Le gain de spécificité permet d'envisager des déterminations d'interactions protéine-protéine à l'échelle de cellules entières // . Cependant, ce schéma ne permet de déterminer que des interactions binaires entre protéines. De plus, l'influence des modifications post-traductionnelles est sous-évaluée, dans la mesure où seules celles présentes chez l'hôte servant à réaliser les expériences de -- (généralement la levure) peuvent être prises en compte.					
protéomique	EvN-2009-02-23				

Y2H	PRODG	2003	340		
See: yeast two-hybrid					
protéomique	EvN-2009-02-23				

Fichier unilingue

activity-based proteomics	ROLUN	2006	4		
-- /is the identification of proteins in the proteome by the use of reagents that measure biological activity; /it is/ most often used for enzymes where functional families of proteins can be identified.					
proteomics	EvN-2009-01-13				

accurate mass tag AMT	ROLUN ROLUN	2006 2006	4 4		
/An/ -- (AMT) /is a peptide of sufficiently distinctive mass and elution time from liquid chromatography that can be used as a single identifier of a protein.					
proteomics	EvN-2009-01-13				

affinity proteomics	ROLUN	2006	4		
-- /refers to the use of affinity reagents for the study of the proteome.					
proteomics	EvN-2009-01-13				

albuminomics	ALBUM	2006	383		
// '--' /is/ an area of research focusing on the interaction of plasma proteins with albumin and the biological significance of such interactions // . It was recognized very early on that the subliminal layers of the plasma proteome could only be revealed following the immunodepletion of high-abundance proteins such as albumin and immunoglobulin.					
proteomics	EvN-2009-01-13				

ampholyte	ROLUN	2006	4		
/An/ -- /is/ an amphoteric electrolyte. In proteomics, this term is used to describe a small multicharged organic buffer used to establish pH gradients in isoelectric focusing.					
proteomics	EvN-2009-01-13				

amphoteric	ROLUN	2006	4		
-- /is a term referring to a molecule such as protein, peptide or amino acid capable of having a positive charge, negative charge or zero net charge.					
Note: When at a zero net charge, it is also referred to as zwitterion.					
proteomics	EvN-2009-01-13				

AMT	ROLUN	2006	4		
See: accurate mass tag					
proteomics	EvN-2009-01-13				

bioinformatics	ROLUN	2006	4		
-- /is the use of information technology to analyze data obtained from proteomic analysis. An example is the use of databases such as SWISSPROT to identify proteins from sequence information determined by the mass spectrometric analysis of peptides.					
proteomics	EvN-2009-01-20				

bottom-up proteomics	ROLUN	2006	4		
-- /refers to the identification of unknown proteins by analysis of peptides obtained from unknown proteins by enzymatic (usually trypsin) hydrolysis.					
proteomics	EvN-2009-01-20				

cardioproteomics	CARDI	2007	http://www.genomicglossaries.com/content/proteomics_categories.asp		
-- /refers to the study of proteins differentially expressed in normal and failing human hearts.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

cell-map proteomics	WALMA	1999	http://www.sciencedirect.com/science?_ob=ArticleURL&_udi=B6TCW-3WTXNM9-9&_user=10&_rdoc=1&_fmt=&_orig=search&_sort=d&view=c&_acct=C00005021&_version=1&_urlVersion=0&_userid=10&md5=029c508792d11e3acea96e9d5df5645c		
Proteomics can be divided into expression proteomics, the study of global changes in protein expression, and --, the systematic study of protein–protein interactions through the isolation of protein complexes.					
proteomics		EvN-2009-01-29			

cellular debridomics	ALBUM	2006	384		
More recently, Alexander Lazarev (Pressure BioSciences, MA, USA) introduced the concept of '--' at the Cambridge Healthtech Institute 6th Annual Proteomics Sample Preparation Summit // . He was referring to the insoluble cellular debris that is typically removed centrifugally and often excluded from the analysis.					
proteomics		EvN-2009-01-20			

chemical proteomics	ROLUN	2006	4		
-- /refers to the/ use of chemical modification to identify enzymes in the proteome.					
proteomics		EvN-2009-01-20			

chemiproteomics	ROLUN	2006	4		
-- /refers to t/he use of small molecules as affinity materials for the discovery of specific binding proteins in the proteome.					
proteomics		EvN-2009-01-20			

chemoproteomics	MABEV	2002	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez		
The large number of small organic compounds now available for drug-lead screening has led to numerous methods for classifying molecular similarity and diversity, the aim being to restore a balance between the quantity and drug-like quality of compounds in small-molecule libraries. Whereas structural and physicochemical attributes continue to be emphasized in compound selection for drug-lead screening, --- the use of biological information to guide chemistry - offers a highly efficient alternative to small-molecule characterization that can accelerate drug discovery in the post-genomic era.					
proteomics	EvN-2009-01-20				

classical proteomics	ROLUN	2006	5			
forward proteomics	ROLUN	2006	5			
-- /is the p/roteomic analysis based on the direct analysis of the expressed proteome, such as an extract obtained from lysis of a cell; /it is/ also referred to as forward proteomics as compared to reverse proteomics.						
proteomics	EvN-2009-01-20					

clinomics	ROLUN	2006	5			
-- /refers to the a/pplication of oncogenomics to cancer care.						
proteomics	EvN-2009-01-20					

combinatorial peptidomics	MIREJ	2003	1, 5, 13		
<p>The Combinatorial methodology utilises the peptidomics approach, in which protein samples are proteolytically digested using one or a combination of proteases prior to any assay being carried out. The second fundamental principle is the combinatorial depletion of the crude protein digest (i.e. of the peptide pool) by chemical crosslinking through amino acid side chains. Our approach relies on the chemical reactivities of the amino acids and therefore the amino acid content of the peptides (i.e. their information content) rather than their physical properties. -- does not use affinity reagents and relies on neither chromatography nor electrophoretic separation techniques. It is the first generic methodology applicable to protein expression profiling, that is independent of the physical properties of proteins and does not require any prior knowledge of the proteins. Alternatively, a specific combinatorial strategy may be designed to analyse a particular known protein on the basis of that protein sequence alone or, in the absence of reliable protein sequence, even the predicted amino acid translation of an EST sequence. -- is especially suitable for use with high throughput micro- and nano-fluidic platforms capable of running multiple depletion reactions in a single disposable chip.</p> <p>-- relies on neither affinity reagents of any kind (whether antibodies, antibody-mimics, their fragments etc.) nor other chromatographic or electrophoretic separation techniques. -- is the first generic methodology applicable to protein expression profiling, which is independent of the physical properties of proteins and does not require any prior knowledge of the proteins.</p> <p>-- is suitable for studying both novel protein targets and for routine diagnostic applications. //</p> <p>-- is the first generic proteomics technology, reliant on the information content of proteins and peptides for their separation and analysis. -- approach compares to existing affinity based separation systems just as digital signal processing compares to analogue systems -- it forms the basis of the high throughput proteomics technologies of the future.</p>					
proteomics	EvN-2009-01-20				

complexome	CRYST	2001	http://www.lcro.com/genomic_glossaries/omes.asp.htm		
<p>-- /refers to the fact/ that many complex cellular processes, including control of the cell cycle and ubiquitin-dependent proteolysis, are carried out by sophisticated multi-subunit protein machines that are dynamic in abundance, post-translational modification state, and composition. To understand better the nature of the macromolecular assemblages that carry out the cell cycle and ubiquitin-dependent proteolysis, we have used mass spectrometry extensively over the past few years to characterize both the composition of various protein complexes and the modification states of their subunits.</p>					
proteomics	EvN-2009-01-20				

contig	ANSWE	2009	http://www.answers.com/Contig		
-- /is a/ group of cloned nucleotide sequences that are contiguous.					
proteomics		EvN-2009-01-28			

crystallomics	CRYST	2001	http://www.1cro.com/genomicglossaries/omes.asp.htm		
-- /refers to the production of highly purified protein samples and diffraction quality crystals.					
proteomics		EvN-2009-01-29			

degradome	CAQUG	2003	9185		
The increasing complexity of human proteolytic systems has made necessary the introduction of global concepts and approaches to try to clarify the multiple questions that have arisen in the protease field. Thus, we have coined the term -- to define the complete set of proteases that are produced at a specific moment or circumstance by a cell, tissue, or organism. Recently, and as part of our studies focused on trying to get a complete view of the human --, we observed the presence of three putative serine protease genes closely linked at a region of the short arm of chromosome 19.					
proteomics		EvN-2009-01-29			

degradomics	LOPOV	2002	http://www.nature.com/cgi-taf/DynaPage.taf?file=/nrm/journal/v3/n7/abs/nrm858_r.html		
-- — the application of genomic and proteomic approaches to identify the protease and protease-substrate repertoires, or 'degradomes', on an organism-wide scale — promises to uncover new roles for proteases in vivo. This knowledge will facilitate the identification of new pharmaceutical targets to treat disease. Here, we review emerging degradomic techniques and concepts.					
proteomics		EvN-2009-01-29			

diagnostics	CRYST	2001	http://www.lcro.com/genomic_glossaries/omes.asp.htm		
--: Molecular diagnostics with highly enhanced prognostics, diagnostics and therapeutic benefits. Combined with advanced genomic and proteomic technologies, MPMx [Millennium Predictive Medicine] is developing proprietary products that will shift medical care from current symptom-based therapeutics to those tackling the root causes, or pathogenesis, of diseases.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

electrophoresis/MS	ROLUN	2006	5		
-- /describes the technique used when proteins are separated by one-dimension or more often by two-dimentional gel electrophoresis. The separated proteins are subjected to <i>in situ</i> tryptic digestion and the peptides separated by liquid chromatography and identified by mass spectrometry.					
proteomics	EvN-2009-01-20				

electrophoretic mobility shift assay EMSA gel retardation assay gel shift assay EMSA/gel assay	MILAN PROME PROME PROME PROME	2007 2009 2009 2009 2009	http://www.natureprotocols.com/2007/07/26/electrophoretic_mobility_shift.php 24 24 24 24		
-- (EMSA) is used to detect protein complexes with nucleic acids. It is the core technology underlying a wide range of qualitative and quantitative analyses for the characterization of interacting systems. In the classical assay, solutions of protein and nucleic acid are combined and the resulting mixtures are subjected to electrophoresis under native conditions through polyacrylamide or agarose gel. After electrophoresis, the distribution of species containing nucleic acid is determined, usually by autoradiography of 32P-labeled nucleic acid. In general, protein–nucleic acid complexes migrate more slowly than the corresponding free nucleic acid. In this protocol, we identify the most important factors that determine the stabilities and electrophoretic mobilities of complexes under assay conditions.					
Electrophoretic mobility shift assay overview -- (EMSA) also referred to as the gel retardation assay or gel shift assay, is a common technique used to characterize protein:DNA/RNA interactions. Gel shift assays are often performed concurrently with DNase footprinting, ChIP and primer extension assays. EMSA/gel assay is based on the observation that complexes of protein and DNA/RNA migrate through a nondenaturing polyacrylamide gel more slowly than freeDNA/RNA fragments or double-stranded oligonucleotides.	proteomics	EvN-2009-01-23			

electrospray ionization ESI	DIKNO DIKNO	2006 2006	39-41 39			
-- (ESI)						
//						
-- The ESI process produces ions through the application of a high potential voltage to a liquid solution containing the protein/peptide sample, typically made acidic (resulting in the peptides becoming protonated) prior to loading, that is sprayed out and nebulized from a narrow capillary tube or column under atmospheric pressure. // ESI acts as a perfect interface for coupling MS to solution-based peptide separation techniques like high performance liquid chromatography (LC) and capillary electrophoresis (CE). The peptides are generally stable under these conditions, hence the process is often referred to as a soft ionization method.						
proteomics	EvN-2009-01-23					

EMSA	PROM E	2009	24			
See: electrophoretic mobility shift assay						
proteomics	EvN-2009-01-23					

EMSA/gel assay	PROM E	2009	24			
See: electrophoretic mobility shift assay						
proteomics	EvN-2009-01-23					

enzymome	OMICS	2008	http://www.genomicglossaries.com/content/omes.asp			
--: A biochemical genomics has already been described in which all proteins predicted from a proteome can be assayed for potential enzymatic activities (Martzen et. al, 1999). So far, only a few enzymatic reactions have been tested but it is likely that with increasing automation, large numbers of conditions will become testable. It is conceivable that a complete set of proteome's proteins could be tested, for the ability to modify post- translationally the same set of proteins with the goal of defining a complete "--".						
proteomics	EvN-2009-01-29					

epitomics	OMICS	2008	http://www.genomicglossaries.com/content/omes.asp		
--: A new field of science that studies all epitopes of the proteome in an organism. The understanding of epitope reveals the functions of these proteins. The word -- derives from the combined words of epitope and omics. An epitope is a functional recognition site that binds by a specific monoclonal antibody.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

epitope	OMICS	2008	http://www.genomicglossaries.com/content/omes.asp		
The understanding of -- reveals the functions of these proteins. The word Epitomics derives from the combined words of -- and omics. An -- is a functional recognition site that binds by a specific monoclonal antibody.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

ESI	DIKNO	2006	39		
See: electrospray ionization					
proteomics	EvN-2009-01-20				

exotoxicogenomics	ROLU N	2006	5		
-- /refers to the study of the expression of genes important in adaptive responses to toxic exposures.					
proteomics	EvN-2009-01-20				

expressome	OMICS	2006	http://www.genomicglossaries.com/content/omes.asp		
-- is a slightly larger concept than transcriptome. Transcriptome is the set of transcripts, while -- includes transcripts, proteins and other ligands (how much concentration).					
proteomics	EvN-2009-01-20				

expressomics	OMICS	2006	http://www.genomicglossaries.com/content/omes.asp		
-- has two major branches/: RNA expression represented by transcriptomics and protein expression by proteomics // .					
proteomics	EvN-2009-01-20				

foldomics	ALBUM	2006	383		
The suffix ‘-ome’ is thought to derive from the Latin prefix ‘omni-’, meaning total or complete. Thus, ‘-omes’ are intended to be a comprehensive description of all of the relevant components, both known and unknown, in a particular biomolecular subset. For example, the ‘metallome’ refers the total of all metal and metalloid species in an organism. The proposed ‘--’ // which examines protein folding, seems to depart from this convention.					
proteomics	EvN-2009-002-09				

forward proteomics	ROLUN	2006	5		
See: classical proteomics					
proteomics	EvN-2009-01-20				

fragmentome	OMICS	2008	http://www.genomicglossaries.com/content/omes.asp		
--: Low molecular weight metabolite, protein and peptide fragments being explored as potential cancer biomarkers.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

fragmentomics	FRAGM	2007	http://www.inbi.ras.ru/competition/2007/articles/zamyatnin/6.pdf		
The term “--” is used for consideration of oligopeptide and protein fragments that are true biomarkers //. However, protein fragmentation is used also in protein chemistry for revealing their primary structures. Natural fragmentation of specialized precursors of oligopeptides and proteins is well known. Therefore the sense of this term should be extended.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

gel retardation assay	PROME	2009	24		
See: electrophoretic mobility shift assay					
proteomics	EvN-2009-01-23				

gel shift assay	PROME	2009	24		
See: electrophoretic mobility shift assay					
proteomics	EvN-2009-01-23				

genome-based proteomics	ROLUN	2006	5		
-- /refers to the/ gene-based analysis of the proteome.					
proteomics	EvN-2009-01-20				

global proteomics	ROLUN	2006	6		
-- /refers to the a/nalysis of all proteins in a cell, tissue or organism.					
proteomics	EvN-2009-01-20				

glycan	GLOSI	2005	http://cat.inist.fr/?aModele=afficheN&cpsidt=16574444		
--s are oligosaccharides associated with proteins, and are known to confer specific functions and conformations on glycoproteins. As protein tridimensional structures are related to function, the study of --s and their impact on protein folding can provide important information to the field of proteomics.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

glycomics	GLOSI	2005	http://cat.inist.fr/?aModele=afficheN&cpsidt=16574444		
glycoproteomics	GLOSI	2005	http://cat.inist.fr/?aModele=afficheN&cpsidt=16574444		
<p>Glycans are oligosaccharides associated with proteins, and are known to confer specific functions and conformations on glycoproteins. As protein tridimensional structures are related to function, the study of glycans and their impact on protein folding can provide important information to the field of proteomics. The subdiscipline of -- (or glycoproteomics) is rapidly growing in importance as glycans in proteins have shown to be involved in protein-protein or protein (drug, virus, antibody) interactions. -- studies most often aim at identifying glycosylation sites, and thus are performed on deglycosylated proteins resulting in loss of site-specific details concerning the glycosylation. In order to obtain such details by mass spectrometry (MS), either whole glycoproteins must be digested and analyzed as mixtures of peptides and glycopeptides, or glycans must be isolated from glycopeptide fractions and analyzed as pools.</p>					
proteomics	EvN-2009-01-29				

glycoproteome	GLYCO	2005	http://www.mcponline.org/cgi/reprint/D500013-MCP200v1.pdf		
<p>Both urine proteome and its -- can reflect human health status, especially functions of kidney and urinary tracts. In some kidney diseases, albuminuria usually occurs. Since high abundant albumin is not N-glycosylated, urine N-glycoprotein enrichment procedure could deplete it and urine proteome could thus provide a more detailed protein profile in addition to the glycosylation information, especially when albuminuria occurs in some kidney diseases.</p>					
proteomics	EvN-2009-01-20				

glycoproteomics	GLOSI	2005	http://cat.inist.fr/?aModele=afficheN&cpsidt=16574444		
<p>See: glycomics</p>					
proteomics	EvN-2009-01-20				

high-throughput proteomics HTP proteomics	DIKNO	2006	7		
<p>/We characterize high-throughput (HTP) proteomics as any approach to the study of proteins involving robotic platforms and requiring computational support for data collection and analysis.</p>					
proteomics	EvN-2009-01-19				

HTP proteomics	DIKNO	2006	7		
See: high-throughput proteomics					
proteomics	EvN-2009-01-19				

immunome	OMICS	2008	http://www.genomicglossaries.com/ content/omes.asp		
-- /refers to the sum total of the immunodominant proteins in an organism.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

immunomics	ROLUN	2006	6		
-- /is the study of the molecular functions associated with all immune-related coding and non-coding mRNA transcripts.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

immunoproteomics	ROLUN	2006	6		
/The definition of -- // is a work in progress, varying from the screening of two-dimensional gels for reactive antibodies to the use of mass spectrometry to study targets of the immune system // .					
proteomics	EvN-2009-01-19				

interactome	ROLUN	2006	6		
-- /refers to /the protein-protein interactions within a proteome.					
proteomics	EvN-2009-01-19				

interactomics	OMICS	2008	http://www.1cro.com/genomic_glossaries/omes.asp.htm		
--: With the biology which has already emerged, we have proper targets for looking at cancer. Genomics and the things which are emerging from genomics like proteomics, which is actually looking at the products of the genes and the way that they interact, which you can call -- if you want, are just as important. It is the gene expression which is critical. We have to learn about that as well. Genomics is the beginning and then there is a whole series of things which spread from them.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

invariome	INVAR	2007	http://genomebiology.com/content/pdf/gb-2007-8-12-r265.pdf		
The -- Much effort goes into looking for genes whose expression is modulated in different environments. Although it is likely that most, if not all, genes are regulated to some extent, using the analysis described here it is possible to search for genes whose expression does not change significantly, which we term 'invariant'. These may represent genes whose functions are so important that they cannot be switched off.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

isoelectric focusing	NATUR	1999	716		
The best separation method is 2D gel electrophoresis, in which spots of a carefully prepared mixture of proteins extracted from cells or tissues are applied to a polyacrylamide gel. The proteins, which can number tens of thousands, are separated along the gel in one direction according to their molecular charge, by applying an electric field. This process is called --.					
proteomics	EvN-2009-01-19				

kinome	KINOM	2005	17		
Phosphorylation by protein kinases is the most widespread and well-studied signaling mechanism in eukaryotic cells. Phosphorylation can regulate almost every property of a protein and is involved in all fundamental cellular processes. Cataloging and understanding protein phosphorylation is no easy task: many kinases may be expressed in a cell, and one-third of all intracellular proteins may be phosphorylated, representing as many as 20,000 distinct phosphoprotein states. Defining the kinase complement of the human genome, the --, has provided an excellent starting point for understanding the scale of the problem. The -- consists of 518 kinases, and every active protein kinase phosphorylates a distinct set of substrates in a regulated manner.					
proteomics	EvN-2009-01-19				

kinomics	ROLUN	2006	6		
-- /refers to the analysis of all kinases in the proteome of a given organism.					
proteomics	EvN-2009-01-19				

lipoproteomics	CRYST	2001	http://www.lcro.com/genomicglossaries/omes.asp.htm		
--: A new analysis protocol directed toward developing new markers for the detection and treatment of cardiovascular disease. A component of the protocol is the use of MALDI [mass spectrometry] to identify isoforms and mutations of the protein domains associated with lipoprotein particles. It involves the analysis of protein mixtures with a MW [molecular weight] range of 5kDa to 80 kD.					
proteomics	EvN-2009-01-19				

luinescence-based mammalian interactome mapping LUMIER	DIKNO DIKNO	2005 2005	92-93 92		
LUMIER (--). In LUMIER, protein interactions in mammalian cells are measured after immunopurification and enzymatic detection of the partner protein. Briefly, flag epitope-tagged versions of various proteins are expressed together with a panel of partner proteins engineered to contain a Renilla luciferase tag (RLuc) // . This method has been proven to be remarkably robust, very sensitive and particularly amenable to analyzing PPIs that are subject to dynamic regulation.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

LUMIER	DIKNO	2005	92		
See: luinescence-based mammalian interactome mapping					
proteomics	EvN-2009-01-21				

MALDI MS	RECAP	2004	107		
See: matrix assisted laser destruction/ionization mass spectrometry					
proteomics	EvN-2009-01-19				

mass spectrometry-based proteomics	SPEMA	2003	198		
MS-based proteomics	SPEMA	2003	198		
Recent successes illustrate the role of -- as an indispensable tool for molecular and cellular biology and for the emerging field of systems biology. These include the study of protein-protein interactions via affinity-based isolations on a small and proteome-wide scale, the mapping of numerous organelles, the concurrent description of the malaria parasite genome and proteome, and the generation of quantitative protein profiles from diverse species. The ability of mass spectrometry to identify and, increasingly, to precisely quantify thousands of proteins from complex samples can be expected to impact broadly on biology and medicine. // MS-based proteomics is a discipline made possible by the availability of gene and genome sequence databases and technical and conceptual advances in many areas, most notably the discovery and development of protein ionization methods, as recognized by the 2002 Nobel prize in chemistry.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

matrix assisted laser destruction ionization mass spectrometry	RECAP	2004	107		
MALDI MS	RECAP	2004	107		
-- (MALDI MS) has revolutionized the analysis of biomolecules by permitting sensitive, rapid, and molecularly specific detection of proteins and peptides, often from complex starting materials specific detection of proteins and peptides, often from complex starting materials // . The resolution and sensitivity of measurements from a broad molecular weight range characteristic of MALDI MS technology permits the investigator to identify the presence of posttranslational modifications, such as phosphorylation, acetylation, and glycosylation, on intact proteins. Combined with protein database researches, protein identification can be rapidly accomplished from peptide fragments by tandem mass spectrometry.					
proteomics	EvN-2009-01-20				

metabolite	METAB	2005	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/errez		
--s are the result of the interaction of the system's genome with its environment and are not merely the end product of gene expression but also form part of the regulatory system in an integrated manner.					
proteomics	EvN-2009-01-19				

metabolomics	CHEMI	2003	http://pubs.acs.org/cen/coverstory/819/8149genomics1.html		
metabonomics	CHEMI	2003	http://pubs.acs.org/cen/coverstory/819/8149genomics1.html		
Analogous to proteins and proteomics, --, or metabonomics, is the study of all the metabolites of a cell or organism. Identifying and quantifying these components helps to reveal cellular regulation, pathways, activity, and response under normal and other conditions.					
proteomics	EvN-2009-01-19				

metabonomics	CHEMI	2003	http://pubs.acs.org/cen/coverstory/8149/849genomics1.html		
See: metabolomics					
proteomics	EvN-2009-01-29				

metallome	ALBUM	2006	383		
The suffix ‘-ome’ is thought to derive from the Latin prefix ‘omni-’, meaning total or complete. Thus, ‘-omes’ are intended to be a comprehensive description of all of the relevant components, both known and unknown, in a particular biomolecular subset. For example, the ‘--’ refers the total of all metal and metalloid species in an organism. The proposed ‘foldomics’ // which examines protein folding, seems to depart from this convention.					
proteomics	EvN-2009-01-20				

metaproteome	MARAM	2007	http://www.springerlink.com/content/a0642318664j5813/		
In the postgenomic era, there is a clear recognition of the limitations of nucleic acid-based methods for getting information on functions expressed by microbial communities <i>in situ</i> . In this context, the large-scale study of proteins expressed by indigenous microbial communities (--) should provide information to gain insights into the functioning of the microbial component in ecosystems. Characterization of the -- is expected to provide data linking genetic and functional diversity of microbial communities. // More specifically, analysis of -- in contrasted environmental situations should allow (1) tracking new functional genes and metabolic pathways and (2) identifying proteins preferentially associated with specific stresses.					
proteomics	EvN-2009-01-20				

metaproteomic	MARAM	2007	http://www.springerlink.com/content/a0642318664j5813/		
Effectiveness of the -- approach will be improved as increasing metagenomic information is made available thanks to the environmental sequencing projects currently running. More specifically, analysis of metaproteome in contrasted environmental situations should allow (1) tracking new functional genes and metabolic pathways and (2) identifying proteins preferentially associated with specific stresses.					
proteomics	EvN-2009-01-09				

metaproteomics	WIBON	2004	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15305916?dopt=Abstract		
We propose the term "--" for the large-scale characterization of the entire protein complement of environmental microbiota at a given point in time.					
proteomics	EvN-2009-01-09				

modification-specific proteomics	ROLUN	2006	6		
-- /refers to the sum of all post-translational modifications of the proteome.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

morphoproteomics	MORPH	2004	http://www.annclinlabsci.org/cgi/content/abstract/34/2/203		
"--" is defined as the identification by immunohistochemistry of the molecular circuitry of various proteins in a tumor by noting their state of activation (translocation and phosphorylation) and correlative expressions. This approach can uncover potential targets, amenable to therapeutic interventions, that are specific for an individual patient's tumor (ie, customized chemotherapy).					
proteomics	EvN-2009-02-14				

MS-based proteomics	SPEMA	2003	198		
See: mass spectrometry-based proteomics					
proteomics	EvN-2009-01-09				

neuromics	PROTE	2007	http://www3.interscience.wiley.com/journal/116331149/abstract		
See: neuroproteomics					
proteomics	EvN-2009-01-21				

neuroproteomics neuromics	PROTE PROTE	2007 2007	http://www3.interscience.wiley.com/journal/116331149/abstract		
The term “proteome” is used to describe the entire complement of proteins in a given organism or in a system at a given time. Proteome analysis in neuroscience, also called “--” or “neuromics” is in its initial stage, and shows a deficit of studies in the context of brain development.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

nutrigenomics	ROLUN	2006	6		
-- /is the/ genomics of nutrition. The science of -- seeks to provide a molecular understanding for how common dietary chemicals (i.e) nutrition affect health by altering the expression and structure of an individual's genetic makeup // .					
proteomics	EvN-2009-01-21				

oncogenomics	ROLUN	2006	6		
-- /refers to t/he use of molecular medicine tools such as DNA microarray and proteomics to study the oncology process // .					
proteomics	EvN-2009-01-21				

operomics	OPERO	2002	10		
-- refers to the molecular analysis of tissues and cells at the three levels that are connected through the coding process — namely, DNA, RNA and protein. The premise is that no one level or type of analysis fully captures gene expression and that functional changes at the proteome level cannot be simply predicted from analyses at the DNA or RNA levels. An important determinant that weakens a direct link between RNA and protein levels is translational control that differentially regulates mRNA translation.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

organelle proteomics	ROLUN	2006	6		
-- /refers to the analysis of subcellular organelles such as mitochondria, nucleus and the endocytotic apparatus by proteomic techniques.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

orthologue	ROLUN	2006	6		
--s /refer to the genes in different organisms that have similar functions.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

ortho-proteogenomic	ORPRO	2009	http://genome.cshlp.org/content/19/1/128.abstract		
A new “--” approach is presented here for the annotation refinement of multiple genomes at once. It combines comparative genomics with an original proteomic protocol that allows the characterization of both N-terminal and internal peptides in a single experiment.					
proteomics	EvN-2009-01-13				

parologue	ROLUN	2006	6		
--s /refer to the genes within the same genome that have evolved by gene duplication.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

peptidome	ROLUN	2006	6		
-- /refers to the peptide complement of a genome.					
proteomics	EvN-2009-01-09				

peptidomics	MIREJ	2003	2		
-- enables the high throughput screening of proteins in a microarray format and has several advantages over affinity capture of intact proteins // . In --, each protein is broken down into many smaller components, resulting in the availability of a range of peptides thus allowing multiple independent assays for the same "original" protein to be performed using most antigenic species.					
proteomics	EvN-2009-01-09				

phenomics	NATUR	1999	715		
The company Ciphergen, based in Palo Alto, California, is trying to popularize the term -- to describe the technology of automated functional analysis of proteins. The word derives from phenotype — the observable characteristics conferred by a gene.					
proteomics	EvN-2009-01-22				

phosphoproteome	PAZMO	2007	ShowDetailView&TermToSearch=18429323">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?Db=pubmed&Cmd>ShowDetailView&TermToSearch=18429323		
The term "--" refers to the complement of proteins that undergoes phosphorylation, the extent of their phosphorylation status at the level of individual residues, as well as the dynamics of the phosphorylation events in response to various stimuli.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

phosphoproteomic	MADEI	2005	230.1		
-- methods Current methods for analysis of the phosphoproteome rely heavily on mass spectrometry and 'phosphospecific' enrichment techniques. Emerging technologies that are likely to have important impacts on phosphoproteomics include protein // and antibody // microarrays, and fluorescence-based single-cell analysis // .					
proteomics	EvN-2009-01-09				

phosphoproteomics	MADEI	2005	230.1		
The term '--' describes a sub-discipline of proteomics that is focused on deriving a comprehensive view of the extent and dynamics of protein phosphorylation. While -- will greatly expand knowledge about the numbers and types of phosphoproteins, its greatest promise is the rapid analysis of entire phosphorylation-based signaling networks.					
proteomics	EvN-2009-01-09				

plasma/serum proteome	ROLUN	2006	6		
-- /refers to t/he identification and characterization of the proteins in the blood plasma/serum.					
proteomics	EvN-2009-01-22				

prefractionation	ROLUN	2006	195		
For the purpose of the following discussion, our focus is on --, defined as the process of molecular separations prior to analytical procedures, such as mass spectrometry or Western blotting, which result in the identification of proteins or other materials that can be used as biomarkers. /T/he word is assumed to be derived from the Latin <i>prae</i> (in front of, before) and fractionation (the process of separation as a mixture) into dofferent portions.					
proteomics	EvN-2009-01-22				

protease proteomics	ROLUN	2006	6		
-- /refers to t/he proteases and protease substrates of the proteome.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

protein chemistry	INPRO	2002	6		
Both proteomics and -- involve protein identification, so what's the difference? // -- involves the study of protein structure and function and is most commonly manifest in the fields of physical biochemistry or mechanistic enzymology.					
proteomics	EvN-2009-01-19				

protein digestion	RECAP	2004	4		
-- Digestion is a necessary prelude to protein identification. MS instrument sensitivity toward intact proteins is less than that for peptides. // Although both enzymatic and nonenzymatic digestion strategies are possible, enzymatic digestions offer a variety of cleavage specificities under mild conditions. Trypsin is by far the most widely used protease in proteomics.					
proteomics EvN-2009-01-21					

protein expression mapping	PATIM	2002	23		
--, as it is commonly implemented, is the quantitative study of global changes in protein expression in tissues, cells or body fluids using two-dimensional gels and mass spectrometry. The objective of these studies is to identify proteins that are up- or down-regulated in response to an environmental stimulus or in a disease specific manner.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

protein fragment complementation assay	PATIM	2002	67		
--s are based on an enzyme reassembly strategy whereby a protein-protein interaction promotes the efficient refolding and complementation of enzyme fragments to restore an active enzyme.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

protein microarray	PRODG	2003	338		
--s /refer to a/ proteomic method similar to DNA microarrays in size and scale/:/ proteins /are/ spotted onto glass and are used to determine protein interaction or to identify and quantify molecules found in various solutions. One example is antibody microarray.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

protein profiling	ROLUN	2006	7		
-- /refers to t/he use of algorithms to determine the relationship of multiple proteins as determined by mass spectrometric or liquid chromatographic analysis.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

protein-protein interaction mapping	PATIM	2002	2		
-- involves determining, on a proteome-wide scale, the interaction partners for each of the encoded proteins of a cell or organism.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

protein quantitation	DIKNO	2005	57		
-- To compare changes or perturbations in the proteomes of distinct samples, such as diseased vs. healthy tissue, accurate quantification of large numbers of proteins has to be achieved.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

proteogenomics	CHEMI	2003	http://pubs.acs.org/cen/coverstory/8149/8149genomics1.html		
The more encompassing term -- has been coined to describe the merging of genomics, proteomics, small molecules, and informatics. And covering all the bases but working backwards researchers can take a deconstructive approach through reverse proteomics and reverse genomics.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

proteome mining	INPRO	2002	125		
The purpose of -- is to identify as many of the components of the proteome as possible.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

proteome profiling	RECAP	2004	8		
A rapidly emerging technique, termed --, is the acquisition of mass spectra representing intact proteins present in a complex sample. This approach is most commonly applied to serum or tissue samples, but the technique is applicable to any complex protein sample.					
proteomics	EvN-2009-01-21				

proteometabolics	ROLUN	2006	6		
-- /refers to the pertaining to proteometabolism.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

proteometabolism	ROLUN	2006	6		
-- /refers to the metabolism of the proteome.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

psychogenomics	ROLUN	2006	6		
-- /refers to the process applying the tools of genomics, transcriptomics and proteomics to understand the molecular basis of behavioural abnormalities.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

regional organization of components	PRODG	2003	338		
-- /is/ a principle that allows complex systems to behave more efficiently. When many proteins are required to perform a task, the task can be accomplished more rapidly if the necessary proteins are located near each other.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

resistome	CRYST	2001	http://www.lcro.com/genomic_glossaries/printpage.asp@ref=2fcontent_2fomes.asp.htm		
-- /refers to all those proteins whose expression is altered in drug resistant forms.					
proteomics	EvN-2009-02-09				

reverse proteomics	ROLUN	2006	6		
-- /refers to proteomic analysis where genomic sequences information is used to predict the resulting proteome, providing the basis for experiment design.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

ribonomics	CHEMI	2003	http://pubs.acs.org/cen/coverstory/8149/8149genomics1.html		
Likewise, transcriptomics looks to unravel all of the cellular messenger RNA transcripts of an organism, often produced under a variety of conditions, while the term -- has been used to describe the subset of mRNAs that bind with proteins.					
proteomics	EvN-2009-01-29				

riboproteomics	CRYST	2001	http://www.1cro.com/genomicglossaries/printpage.asp@ref=2fcontent_2fomes.asp.htm		
-- is the systematic characterization and annotation of RNA-protein interactions that affect RNA metabolism, including RNA transport, [RNA] splicing, translation and decay.					
proteomics	EvN-2009-02-09				

shotgun proteomics	ROLUN	2006	7		
-- /refers to the identification of peptides (usually by mass spectrometry) obtained by the enzymatic or chemical digestion of the entire proteome. A naturally occurring protein mixture such as cell extract, blood plasma or other biological fluid is reduced, alkylated and subjected to tryptic hydrolysis. The tryptic hydrolysis is fractionated by liquid chromatography and analysed by mass spectrometry.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

side-to-side proteomics	TOBOS	2005	http://www.sciencedirect.com/science?ob=ArticleURL&udi=B6VND-4DVTB39-2&user=10&rdoc=1&fmt=&orig=search&sort=d&view=c&acct=C000050221&version=1&urlVersion=0&userid=10&md5=a274c16d855115141fe561dd10840b0a		
--, highlighting the link between virtual and classical 2-D gel electrophoresis, is introduced to describe a method whereby intact masses are measured from one side (the IEF gel), while proteins are identified based on analyses performed from the other side (the SDS-PAGE gel).					
proteomics	EvN-2009-01-23				

SILAC	SILAC	2002	http://www.mcponline.org/cgi/content/full/1/5/376		
See: stable isotope labeling by amino acids in cell culture					
proteomics	EvN-2009-01-23				

stable isotope labeling by amino acids in cell culture SILAC	SILA C SILA C	200 2 200 2	http://www.mcponline.org/cgi/content/full/1/5/376 http://www.mcponline.org/cgi/content/full/1/5/376		
Here we describe a method, termed SILAC, for --, for the <i>in vivo</i> incorporation of specific amino acids into all mammalian proteins. Mammalian cell lines are grown in media lacking a standard essential amino acid but supplemented with a non-radioactive, isotopically labeled form of that amino acid, in this case deuterated leucine (Leu-d3). We find that growth of cells maintained in these media is no different from growth in normal media as evidenced by cell morphology, doubling time, and ability to differentiate. Complete incorporation of Leu-d3 occurred after five doublings in the cell lines and proteins studied.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

structural biology	ROLUN	2006	8		
-- /refers to the study of the secondary, tertiary and higher structures of proteins in the proteome including // the use of crystallography, nuclear magnetic resonance and electron microscopy.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

subproteomics	ROLUN	2006	203-204		
Since a true analysis of a proteome, as defined, is not possible with current technology, the effective analysis of discrete and well-characterized portion of proteome is essential. This approach is a lead-in to the type of experimental method referred as --. // Subsequent analysis of the isolated membrane by two-dimensional gel electrophoresis demonstrated the presence of known membrane proteins and one new membrane protein with a single transmembrane segment.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

synovial proteome	ROLUN	2006	8		
-- /is t/he total protein content of synovial fluid.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

systems biology	ROLUN	2006	8		
-- /is t/he integration of data at the genomics, transcriptomics, proteomic and metabolomics levels, including functional and structural data, to understand biological functions that can be described by a mathematical function.					
proteomics	EvN-2009-02-21				

targeted proteomics	ROLUN	2006	8		
-- /refers to the a/nalysis of a defined portion of a proteome such as glycoproteome, phosphoproteome or ribosomal proteins.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

top-down proteomics	ROLUN	2006	8		
-- /refers to the a/nalysis of intact unknown proteins by mass spectrometry // .					
proteomics	EvN-2009-01-23				

topological proteomics	ROLUN	2006	8		
-- /is/ a technology which analyses proteins on a single cell level // .					
proteomics	EvN-2009-01-23				

toxicoproteomics	RECAP	2004	124-125		
Animal models that can portray and mechanistically recapitulate what may occur in the human condition are of critical importance for the drug development process. -- can be utilized in this setting, whereby proteomic biomarker fingerprints associated with known drug-induced toxicities can be potentially matched against an experimental therapeutic under preclinical evaluation and predictive correlates obtained to guide and select compounds that should be taken forward or shelved // . -- using proteomic profiling technology can have important direct applications within the drug development pipeline as well as potentially clinical applications.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

transmembrane domain	PRODG	2003	340		
-- /is/ the portion of a protein that spans a phospholipids bilayer, typically about 20 amino acids long and predominantly hydrophobic.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

western blot	PRODG	2003	340		
/The term/ -- /refers to/ proteins that have been separated by size using SDS-PAGE, transferred to a special type of paper (called a membrane), and probed with an antibody. --s are used to determine molecular weight, tissue distribution, and relative amount of the protein of interest.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

yoctomole ymol	PRODG	2003	340		
-- /refers to/ 1 ymol = 10^{-24} moles. /This term refers to a/ quantity recently coined due to increased sensitivity in proteomics.					
proteomics	EvN-2009-01-23				

ymol	PRODG	2003	340		
See: yoctomole					
proteomics	EvN-2009-01-23				

zeptomole	PRODG	2003	340		
zmole	PRODG	2003	340		

-- /refers to/ 1 zmol = 10^{-21} mol = 602 molecules. /This term refers to a/ quantity recently coined due to increased sensitivity in proteomics.

proteomics | EvN-2009-01-23

zmole	PRODG	2003	340		
See: zeptomole					

proteomics | EvN-2009-01-23

Lexique bilingue (77)

2D gel electrophoresis	2-D électrophorèse
2D gel electrophoresis	2-DE
2D gel electrophoresis	2-D électrophorèse de gel
alternative splicing	épissage alternatif
biomarker	biomarqueur
clinical proteomics	protéomique clinique
COFRADIC	COFRADIC
combined fractional diagonal chromatography	Combined Fractions Diagonal Chromatography
comparative proteomics	protéomique comparative
conjugated protein	hétéroprotéide
conjugated protein	hétéroprotéine
conjugated protein	protéine conjuguée
descriptive proteomics	protéomique descriptive
differential proteomics	protéomique différentielle
DNase I footprinting	empreinte à la DNase-1
expression proteomics	protéomique d'expression
functional genomics	génomique fonctionnelle
functionomics	génomique fonctionnelle
functional proteomics	protéomique fonctionnelle
genome	génome
genomics	génomique
ICAT	ICAT
interaction proteomics	protéomique d'interactions
isotope-coded affinity tag	isotope-coded affinity tag
MALDI-TOF	MALDI-TOF
mass spectrometry	spectrométrie de masse
matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight	désorption et ionisation laser assistées par une matrice -- temps de vol
matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight	matrix assisted laser desorption ionisation – time of flight
MS	spectrométrie de masse
MS/MS	MS/MS
MuDPIT	MUDPIT
multidimensional protein identification technology	multidimensional protein identification technology
nucleoprotein	nucléoprotéide
nucleoprotein	nucléoprotéine
peptide	peptide
peptide mass fingerprinting	carte peptidique massique
peptide mass fingerprinting	peptide mass fingerprinting
pharmacogenomic	pharmacogénomique
pharmacogenomics	pharmacogénomique

pharmacoproteomic	pharmacoprotéomique
pharmacoproteomics	pharmacoprotéomique
phosphoprotein	phosphoprotéide
phosphoprotein	phosphoprotéine
post-translational modification	modification post-traductionnelle
posttranslational modification	modification post-traductionnelle
proteasome	protéasome
protein	protéine
protein	protide
protein	protéique
proteinaceous	protéique
proteinic	protéique
proteinous	protéique
proteolysis	protéolyse
proteome	protéome
proteomic	protéomique
proteomics	protéomique
PTM	modification post-traductionnelle
quantitative proteomics	protéomique quantitative
SELDI-TOF	SELDI-TOF
simple protein	holoprotéide
simple protein	holoprotéine
simple protein	protéine simple
structural genomics	génomique structurale
structural proteomics	protéomique structurale
surfaced-enhanced laser	surfaced-enhanced laser
desorption/ionization time-of-flight	desorption/ionization time-of-flight
tandem affinity purification-tag	tandem affinity purification by tag
tandem mass spectrometry	spectrométrie de masse en mode tandem
TAP-tag	TAP-TAG
TAP-tag	TAPTAG
transcriptome	transcriptome
transcriptomics	transcriptomique
trypsin	trypsine
two-dimensional gel electrophoresis	électrophorèse bidimensionnelle de gel
Y2H	double-hybride
yeast two-hybrid	double-hybride

Lexique unilingue (130)

activity-based proteomics
accurate mass tag
affinity proteomics
albuminomics
ampholyte
amphoteric
AMT
bioinformatics
bottom-up proteomics
cardioproteomics
cell-map proteomics
cellular debridomics
chemical proteomics
chemiproteomics
chemoproteomics
classical proteomics
clonomics
combinatorial peptidomics
complexome
contig
crystallomics
degradome
degradomics
diagnomics
electrophoresis/MS
electrophoretic mobility shift assay
electrospray ionization
EMSA
EMSA/gel assay
enzymome
epitomics
epitope
ESI
exotoxicogenomics
expressome
expressomics
foldomics
forward proteomics
fragmentome
fragmentomics
gel retardation assay
gel shift assay
genome-based proteomics
global proteomics

glycan
glycomics
glycoproteome
glycoproteomics
high-throughput proteomics
HTP proteomics
immunome
immunomics
immunoproteomics
interactome
interactomics
invariome
isoelectric focusing
kinome
kinomics
lipoproteomics
luinescence-based mammalian interactome mapping
LUMIER
MALDI MS
mass spectrometry-based proteomics
matrix assisted laser destruction ionization mass spectrometry
metabolite
metabolomics
metabonomics
metallome
metaproteome
metaproteomic
metaproteomics
modification-specific proteomics
morphoproteomics
MS-based proteomics
neuromics
neuroproteomics
nutrigenomics
oncogenomics
operomics
organelle proteomics
orthologue
ortho-proteogenomic
parologue
peptidome
peptidomics
phenomics
phosphoproteome
phosphoproteomic
phosphoproteomics

plasma/serum proteome
prefractionation
protease proteomics
protein chemistry
protein digestion
protein expression mapping
protein fragment complementation assay
protein microarray
protein profiling
protein-protein interaction mapping
protein quantitation
proteogenomics
proteome mining
proteome profiling
proteometabolics
proteometabolism
psychogenomics
regional organization of components
resistome
reverse proteomics
ribonomics
riboproteomics
shotgun proteomics
side-to-side proteomics
SILAC
stable isotope labeling by amino acids in cell culture
structural biology
subproteomics
synovial proteome
systems biology
targeted proteomics
top-down proteomics
topological proteomics
toxicoproteomics
transmembrane domain
western blot
ymol
yoctomole
zmole
zeptomole

Bibliographie codée

- ALBUM SMEJKAL, GARY B. (2006). "I am an -omics, you're an -omics...", *Expert Review of Proteomics*, vol. 3, no 4, pp. 383-384, London, Expert Review Ltd. [Online]. <http://www.expert-reviews.com/doi/pdf/10.1586/14789450.3.4.383> (Page viewed on March 4, 2009)
- ANSWE (2009). Answers.com. [Online]. <http://www.answers.com/Contig> (Page viewed on March 4, 2009)
- BERAL BERNOT, Alain (2001). *Analyse de Génomes, Transcriptomes et Protéomes*, 13^e édition, Paris, Dunod.
- BIOMA (2006). « Les biomarqueurs deviennent incontournables », *L'usine nouvelle*, n° 3004, Paris, Cedex. [En ligne]. <http://www.hlbs.org/pdf/press/Les%20biomarqueurs%20deviennent%20incontour.pdf> (Page consultée le 4 mars 2009)
- BIOMO ÉTIENNE, J., CLAUSER, É., HOUSET, C. et ROINGEARD, P. (2006). *Biochimie génétique Biologie moléculaire*, 9^e édition, Issy-les-Moulineaux, Elsevier Masson S.A.S.
- BISOJ CHAPAL, Nicolas, LAPLANCHE, Marion, RIBES, Gérard, PAU, Bernard, GARIN, Jérôme et PETIT, Pierre (2002). « L'analyse pharmacoprotéomique : application de l'analyse protéomique à la découverte et au développement de nouvelles thérapeutiques : Du transcriptome au protéome, une nouvelle lecture de la cellule », *Journal de la Société de biologie*; vol. CXCVI, n° 4, pp. 317-322, Paris Cedex, Université Pierre et Marie Curie. [En ligne]. <http://cat.inist.fr/?aModele=afficheN&cpsidt=14533630> (Page consultée le 4 mars 2009)
- CAQUG CAL, Santiago, QUESADA, Víctor, GARABAYA, Cecilia, and LÓPEZ-OTIN, Carlos (2003). "Polyserase-I, a human polyprotease with the ability to generate independent serine protease domains from a single translation product", *PNAS Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, vol. C, no 16, pp. 9185-9190. Washington, the National Academy of Sciences. [Online]. <http://www.pnas.org/content/100/16/9185.full.pdf+html> (Page viewed on March 4, 2009)
- CARDI (2007). *Pharmaceutical proteomics categories & taxonomy*. , Cambridge Healthtech Institute, CHI. [Online]. http://www.genomicglossaries.com/content/proteomics_categories.asp (Page viewed on March 4, 2009)

- CHEMI (2003). "WELL DEFINED Brush Up On Your 'Omics'", *Chemical & Engineering News*, vol. LXXXI, no 49, Washington, American Chemical Society. [Online].
<http://pubs.acs.org/cen/coverstory/8149/8149genomics1.html> (Page viewed on March 4, 2009)
- CHUPS CHU-PS, [Online].
<http://www.chups.jussieu.fr/polys/biochimie/BMbioch/POLY.Chp.5.26.html> (Page viewed on March 4, 2009)
- CRYST (2001). *Omes and -omics glossary*. [Online].
<http://www.1cro.com/genomicglossaries/omes.asp.htm> (Page viewed on March 4, 2009)
- DAVGO GOODSELL, David S. (2003). "The Molecular Perspective: Ubiquitin and the Proteosome", *The Oncologist*, vol. VIII, no 3, pp. 293–294, New York, AlphaMed Press. [Online].
<http://theoncologist.alphamedpress.org/cgi/content/full/8/3/293> (Page viewed on March 4, 2009)
- DICTI (2009). *Dictionary.com*, [Online]. <http://dictionary.reference.com/> (Page viewed on March 4, 2009)
- DIKNO JURISICA, Igor and WIGLE, Dennis (2006). *Knowledge Discovery in Proteomics*, Boca Raton, London, New York, CRC Press.
- DIMAN MANUILA, A., MANUILA, L., LEWALLE, P., NICOULIN, M. et PAPO, T. (2004). *Dictionnaire médical Manuila*, Issy-les-Moulineaux Cedex, Masson.
- FRAGM Zamyatnin, A.A, (2007). "Fragmentomics of Oligopeptides and Proteins", *Proceedings of the 4th international Peptide Symposium in conjunction with the 7th Australian Peptide Conference and the 2nd Asia-Pacific International Peptide Symposium*. [Online].
<http://www.inbi.ras.ru/competition/2007/articles/zamyatnin/6.pdf> (Page viewed on March 4, 2009)
- FUNCT MG, Attur, MN, Dave , K, Tsunoyama , M, Akamatsu , M, Kobori , J, Miki , SB, Abramson , M, Katoh and AR, Amin (2002). ""A system biology" approach to bioinformatics and functional genomics in complex human diseases: arthritis", *Current Issues Molecular Biology*, vol. IV, no 4, pp. 129-146, [Online]. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12432964> (Page viewed on March 4, 2009)

- GAURE RICHENMANN, François et GAUTIER, Chrstian (2000). « Donne run sens au génome », *La Recherche*, n° 332, p. 39, Paris, Société d'Éditions scientifiques.
- GEGOM GEVAERT, Kris, GOETHALS, Marc, MARTENS, Lennart, VAN DAMME, Jozef, STAES, An, THOMAS, Grégoire R. and VANDEKERCKHOVE, Joël (2003). “Exploring proteomes and analyzing protein processing by mass spectrometric identification of sorted N-terminal peptides”, *Nature Biotechnology*, vol. XXI, no 5, pp. 566-569, London, Nature Publishing Group. [Online].
<http://www.nature.com/nbt/journal/v21/n5/abs/nbt810.html> (Page viewed on March 4, 2009)
- GENEN (2007). Genencor. [Online].
http://www.genencor.com/cms/connect/genencor/technology/protein_chemistry/proteomics/proteome_and_tools/proteome_and_tools_en.htm (Page viewed on March 4, 2009)
- GENOF (2009). « La génomique fonctionnelle au service de la qualité de la viande bovine dans une perspective de développement durable », *SpectroSciences*. [En ligne]. <http://www.spectrosciences.com/spip.php?article85> (Page consultée le 4 mars 2009)
- GLOSI ETHIER, Martin, KROKHIN, Oleg, ENS, Werner, STANDING, Kenneth G., WILKINS, John A. and PERREAUXT, Hélène (2005). “Global and Site-specific Detection of Human Integrin α5β1 Glycosylation Using Tandem Mass Spectrometry and the StrOligo Algorithm”, *Rapid Communications in Mass Spectrometry*, vol. XIX, no 5, pp. 721-727, Chichester, Wiley. [Online].
<http://cat.inist.fr/?aModele=afficheN&cpsidt=16574444> (Page viewed on March 4, 2009)
- GLYCO WANG, Linjie, FUXIN, Li, WEI, Sun, SHUZHEN, Wu, XIAORONG, Wang, LING, Zhang, DEXIAN, Zheng, JUE, Wang and YOUHE, Gao (2005). “Concanavalin A captured glycoproteins in healthy human urine”, *Molecular & Cellular Proteomic*, Bethesda, The American Society for Biochemistry and Molecular Biology. [Online].
<http://www.mcponline.org/cgi/reprint/D500013-MCP200v1.pdf> (Page viewed on March 4, 2009)

- HONDE HONDERMARCK, H. (2006). « Protéomique du cancer du sein : des potentialités aux difficultés », *Pathologie Biologie*, vol. LIV, n° 4, pp. 194-198 CAEN Cedex, ELSEVIER. [En ligne].
[http://www.sciencedirect.com/science?_ob=ArticleURL&_udi=B6W8H-4JVTc6D-1&_user=10&_coverDate=05%2F31%2F2006&_rdoc=5&_fmt=high&_orig=browse&_srch=doc-info\(%23toc%236655%232006%23999459995%23624588%23FLA%23display%23Volume\)&_cdi=6655&_sort=d&_docanchor=&_ct=13&_acct=C000050221&_version=1&_urlVersion=0&_userid=10&md5=ab1fda761eadfcfd3bc337e25312ae58f](http://www.sciencedirect.com/science?_ob=ArticleURL&_udi=B6W8H-4JVTc6D-1&_user=10&_coverDate=05%2F31%2F2006&_rdoc=5&_fmt=high&_orig=browse&_srch=doc-info(%23toc%236655%232006%23999459995%23624588%23FLA%23display%23Volume)&_cdi=6655&_sort=d&_docanchor=&_ct=13&_acct=C000050221&_version=1&_urlVersion=0&_userid=10&md5=ab1fda761eadfcfd3bc337e25312ae58f) (Page consultée le 4 mars 2009)
- INPRO LIBLER, Daniel C., ed. (2002). *Introduction to Proteomics*, Totowa, N.J., Humana Press.
- INVAR SIDDERS, Ben, WITHERS, Mike, L KENDALL, Sharon, BA CON Joanna, WADDELL, Simon J, HINDS, Jason, GOLBY, Paul, Movahedzadeh, Farahnaz, COX, Robert A, FRITA, Rosangela, TEN BOKUM, Annemieke MC, WERNISCH, Lorenz and STOKER, Neil G (2007). “Quantification of global transcription patterns in prokaryotes using spotted microarrays”, *Genome Biology*, vol. VIII, no 12, London, BioMed Central Ltd. [Online] <http://genomebiology.com/content/pdf/gb-2007-8-12-r265.pdf> (Page viewed on March 4, 2009)
- KINOM Johnson, Sam A and Hunter Tony (2005). “Kinomics: methods for deciphering the kinome”, *Nature Methods*, vol. II, no 1, pp. 17-25, London, Nature Publishing Group. [Online]
<http://www.nature.com/nmeth/journal/v2/n1/full/nmeth731.html> (Page viewed on March 4, 2009)
- KRIJO LIND, Kristina and NORBECK, Joakim (2007). “Immuno-qPCR detection of the tandem affinity purification (TAP)-tag as a sensitive and accurate tool suitable for large-scale protein quantification”, *Proteomics*, vol. VII, no 24, pp. 4414-4423, Weinheim, Wiley-VCH. [Online].
<http://cat.inist.fr/?aModele=afficheN&cpsidt=19943736> (Page viewed on March 4, 2009)
- LECLÉ LEVAVASSEUR Françoise et CLEMENT Bruno. (2009). « EXPRESSION ACCRUE DES GENES DES LAMES BASALES DANS LES HEPATOCYTES EN CULTURE: ETUDE DU PROMOTEUR DU GENE LAMININE B₂ ». [En ligne].
<http://ist.inserm.fr/BASIS/elgis/fqmat/atelier/DDD/1413.doc> (Page consultée le 5 juin 2009)

- LOPOV LÓPEZ-OTÍN, Carlos and OVERALL, Christopher M. (2002). "PROTEASE DEGRADOMICS: A NEW CHALLENGE FOR PROTEOMICS", *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, vol. III, pp. 509-519, London, Nature Publishing Group. [Online]. http://www.nature.com/cgi-taf/DynaPage.taf?file=/nrm/journal/v3/n7/abs/nrm858_r.html (Page viewed on March 4, 2009)
- MABEV BEROZA, P., VILLAR, HO, WICK, MM. and MARTIN, GR., (2002)."Chemoproteomics as a basis for post-genomic drug discovery", *Drug Discovery Today*. [Online]. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12546968> (Page viewed on March 4, 2009)
- MADEI MUMBY, Marc and BREKKEN, Deirdre (2005). "Phosphoproteomics: new insights into cellular signalling", *Genome Biology*. vol. VI, no 9, Art. 230, London, BioMed Central.
- MARAM MARON, Pierre-Alain, RANJARD, Lionel, MOUGEL, Christophe and LEMANCEAU, Philippe (2007). "Metaproteomics: A New Approach for Studying Functional Microbial Ecology", *Microbial Ecology*, vol. LIII, no 3, New York, Springer New York. [Online]. <http://www.springerlink.com/content/a0642318664j5813/> (Page viewed on March 4, 2009)
- MATOR MATHELIN, C., TOMASETTO, C., CROMER, A. et RIO, M.-C. (2006). « Protéome et cancer du sein », *Gynécologie Obstétrique & Fertilité*, vol. XXXIV, pp. 1161–1169, Issy les Moulineaux Cedex, Elsevier Masson.
- METAB ROCHFORT, S. (2005). "Metabolomics reviewed: a new "omics" platform technology for systems biology and implications for natural products research", *Journal of Natural Products*, vol. LXVIII, no 12, pp. 1813-1820, Columbus, the American Chemical Society and the American Society of Pharmacognosy. [Online]. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16378385> (Page viewed on March 4, 2009)
- MIFIG MIRONOV, Andrey A., WILDON FICKETT, James , and GELFAND, Mikhail S. (1999). "Frequent Alternative Splicing of Human Genes", *Genome Research*, New York, Cold Spring Harbor Laboratory Press. [Online]. <http://genome.cshlp.org/content/9/12/1288.abstract> (Page viewed on March 4, 2009)

- MILAN Lance M Hellman and Michael G Fried (2007). "Electrophoretic mobility shift assay (EMSA) for detecting protein–nucleic acid interactions", *Nature Protocols*, no 2, pp. 1849-1861, London, *Nature*, Publishing Group. [Online]. http://www.natureprotocols.com/2007/07/26/electrophoretic_mobility_shift.php (Page viewed on March 4, 2009)
- MIREJ SOLOVIEV, Mikhail, RICHARD, Barry, SCRIVENER, Elaine and TERRETT, Jonathan (2003) "Combinatorial peptidomics: a generic approach for protein expression profiling", *Journal of Nanobiotechnology*, vol. I, no 4, Abingdon, Oxford GlycoSciences (UK) Ltd. [En ligne]. <http://www.jnanobiotechnology.com/content/1/1/4> (Page viewed on March 4, 2009)
- MIZIV ZIVY, Michel (2005). « Protéomique des Plantes et des Microorganismes », *SFEAP, Société française d'électrophorèse & d'analyse protéomique, La Lettre*, n° 40, p. 14, Paris, [Online]. <http://sfeap.free.fr/lettres/lettre40.pdf> (Page consultée le 4 mars 2009)
- MOLEB LEBLANC, Benoît and MOSS, Tom (2001). *DNA-Protein Interactions: Principles and Protocols*, 2nd ed., vol. CXLVIII, pp. 31-38, Totowa, Humana Press. [En ligne] <http://www.springerlink.com/content/k67u6622n791k672/> (Page viewed on March 4, 2009)
- MOLEC (2007). *Station moléculaire*. [En ligne] <http://www.molecularstation.com/fr/proteomics/2-D-two-dimensional-gel-electrophoresis/> (Page consultée le 4 mars 2009)
- MORPH BROWN, Robert E., BOSTROM, Bruce AND ZHANG, PING L. (2004). "Morphoproteomics and Bortezomib/Dexamethasone-Induced Response in Relapsed Acute Lymphoblastic Leukemia", *Annals of Clinical & Laboratory Science*, 34, pp. 203-205, Middlebury, Association of Clinical Scientists. [Online] <http://www.annclinlabsci.org/cgi/content/abstract/34/2/203> (Page viewed on March 4, 2009)
- NATUR (1999). "A post-genomic challenge: learning to read patterns of protein synthesis", *Nature*, vol. CCCCII, pp. 715-720, London, Nature Publishing Group. [Online] <http://cmbi.bjmu.edu.cn/cmbidata/proteome/reviews/04.pdf> (Page viewed on March 4, 2009)
- OMICS (2008). "Omes and -omics glossary & taxonomy", *Cambridge Healthtech Institute, CH*, [Online]. <http://www.genomicglossaries.com/content/omes.asp> (Page viewed on March 4, 2009)

- OPERO HANASH, Samir M. and BERETTA, Laura M. (2002). "Operomics: Integrated genomic and proteomic profiling of cells and tissues", *Briefings in Functional Genomics and Proteomics*, vol. I, no 1, pp. 10-22, Oxford University Press. [Online].
<http://bfgp.oxfordjournals.org/cgi/reprint/1/1/10> (Page viewed on March 4, 2009)
- ORPRO GALLIEN, Sébastien, PERRODOU, Emmanuel , CARAPITO, Christine, DESHAYES, Caroline, REYRAT, Jean-Marc, VAN DORSSELAER, Alain, Poch, Olivier , SCHAEFFER, Christine and Lecompte, Odile (2009). "Ortho-proteogenomics: Multiple proteomes investigation through orthology and a new MS-based protocol", *Genome Research*. [Online].
<http://genome.cshlp.org/content/19/1/128.abstract> (Page viewed on March 4, 2009)
- PAGIL PAINTAUD, Gilles (2002). « Modélisation et biomarqueurs », *Institut nationale de la santé et de la recherche médicale*. [En ligne].
<http://ist.inserm.fr/basisateliers/atel134/paint.pdf> (Page consultée le 4 mars 2009)
- PATIM PALZKIL, Timothy (2002). *Protemomics*, Massachusetts, Kluwer Academic Publishers.
- PAZMO ZHONG, J, MOLINA, H and PANDEY A. (2007). *Current Protocols in Protein Science*, Chap 24, Unit 24.4, New Jersey, John Wiley & Sons. [Online].
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?Db=pubmed&Cmd>ShowDetailView&TermToSearch=18429323> (Page viewed on March 4, 2009)
- PHADE YINGYING, Guo, SHAFER, Steven, WELLER, Paul, USUKA, Jonathan and PELTZ, Gary (2005). "Pharmacogenomics and Drug Development", *Pharmacogenomic*, London, Future Medicine Ltd. [Online].
<http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?tool=pmcentrez&artid=1473028> (Page viewed on March 4, 2009)
- PHARA CHAPAL, Nicolas, MOLINA, Laurence, MOLINA, Franck, LAPLANCHE, Marion, PAU, Bernard and PETIT, Pierre (2004). "Pharmacoproteomic Approach to the study of drug mode of action, toxicity, and resistance: applications in diabetes and cancer", *IngentaConnect* [Online].
<http://www.ingentaconnect.com/content/bsc/fcp/2004/00000018/00000004/art00002> (Page viewed on March 4, 2009)

- PHARB (2002) *Bulletin d'informations de pharmacologie*, Rennes, *Compte Rendu du Sixième Congrès annuel de la Société Française de Pharmacologie (SFP)*. [Online]. <http://www.centres-pharmacovigilance.net/toulouse/bip3/> (Page consultée le 4 mars 2009)
- PINEA PINEAU, Charles (2006). « La protéomique : nouvelles approches en génomique fonctionnelle », *Médecine Thérapeutique / médecine de la reproduction*, vol. XIII, n° 6, pp. 373-384, Lille, Pascal, EMBASE/Excerpta Medica. [En ligne].
<http://www.jle.com/fr/revues/medecine/mtm/e-docs/00/04/27/74/article.phtml> (Page consultée le 4 mars 2009)
- PISIL PINA I., b, SIROUXB, V., LLERENAA, C. et PISONC, C. (2006). « Pharmacogénomique de l'asthme », *Revue Française d'Allergologie et d'Immunologie Clinique*, Grenoble, Elsevier Masson SAS. [En ligne].
http://www.sciencedirect.com/science?_ob=ArticleURL&_udi=B6W8N-4M0S3FD-1&_user=10&_rdoc=1&_fmt=&_orig=search&_sort=d&view=c&_acct=C000050221&_version=1&_urlVersion=0&_userid=10&md5=d2c16fb754dff7fbd819f38155fecb1 (Page consultée le 4 mars 2009)
- PLANG (2005). *Planète Gène*. [En ligne].
<http://www.planetegene.com/rubrique/notions-cles/la-genomique-fonctionnelle> (Page consultée le 4 mars 2009)
- PROCL LEHMANN, S, DUPUY, A, PEOC'H, K, ROCHE, S, BAUDIN, B, QUILLARD, M, BERGER, F, BRIAND, G, CHWETZOFF, S, DINE, G, GONZALO, P, DASTUGUE, B, SÈVE, M, SIEST, G et BEAUDEUX, J-L (2007). « Présent et futur de la Protéomique clinique », *Annales de Biologie Clinique*, vol. LXV, no 5, pp. 463-471, Paris, Faculté des Sciences Pharmaceutiques et Biologiques Paris Descartes. [En ligne].
http://www.jle.com/fr/revues/bio_rech/abc/e-docs/00/04/35/34/article.md?type=text.html (Page consultée le 4 mars 2009)
- PRODG MALCOLM CAMBEL, A. and HEYER, Laurie (2003). *Discovering Genomics, Proteomics, and Bioinformatics*, San Francisco, Montréal, Benjamin Cummins.
- PROME PROMEGA PROTEININ Interaction Guide, *Promega Corporation*. [Online].
http://www.promega.com/guides/protein.interactions_guide/chap7.pdf (Page viewed on March 4, 2009)

- PROTA LESCUYER, Pierre, CHEVALLET, Mireille et RABILLOUD, Thierry (2004). « L'analyse protéomique : concepts, réalités et perspectives en thérapeutique », *M/S : médecine sciences*, vol. XX, n° 5, Paris, Inserm/SRMS. [En ligne]. <http://www.erudit.org/revue/ms/2004/v20/n5/008428ar.html> (Page consultée le 4 mars 2009)
- PROTE BEYER, Susanne, MIX, Eilhard, HOFFRÖGGE, Raimund, LÜNSER, Katja, VÖLKER, Uwe et ROLFS, Arndt (2007). “Neuroproteomics in stem cell differentiation”, *PROTEOMICS - Clinical Applications*, vol. I, no XI, pp. 1513-1523, Montreal, Human Proteome Organization HUPO. [Online]. <http://www3.interscience.wiley.com/journal/116331149/abstract> (Page viewed on March 4, 2009)
- PROTI FIGEYS, Daniel (2005). *Industrial Proteomics*, New Jersey, John Wiley & Sons Inc.
- RECAP LIEBLER, Daniel C. (2004). *Proteomics in Cancer Research*, New Jersey, John Wiley & Sons Inc.
- ROLUN LUNBLAD, Roger L. (2006). *The Evolution from Protein Chemistry to Proteomics*, Boca Raton, CRC Press.
- ROMAT MATSON, S. Robert (2005). *Applying Genomic and Proteomic Microarray Technology in Drug Discovery*, Boca Raton, CRC Press.
- SCIEN (2004). *Les dossiers Sciences au sud*, Marseille, journal de l'IRD (institut de recherche pour le développement. [En ligne]. <http://www.ird.fr/fr/actualites/journal/dossiers/biotech.pdf> (Page consultée le 4 mars 2009)
- SILAC ONG, Shao-En, BLAGOEV, Blagoy, KRATCHMAROVA, Irina, KRISTENSEN, Dan Bach, STEEN, Hanno, PANDEY, Akhilesh, and MANN, Matthias (2002). “Stable Isotope Labeling by Amino Acids in Cell Culture, SILAC, as a Simple and Accurate Approach to Expression Proteomics”, *Molecular & Cellular Proteomics*, vol. I, pp. 376-386, Bethesda, The American Society for Biochemistry and Molecular Biology. [Online]. <http://www.mcponline.org/cgi/content/full/1/5/376> (Page viewed on March 4, 2009)
- SOBOM SOLASSOL, Jérôme, BOULLE, Nathalie, MAUDELONDE, Thierry et MANGÉ, Alain (2005). « Protéomique clinique : vers la détection précoce des cancers ? », *M/S : médecine sciences*, vol. XXI, n° 8-9, Paris, Inserm/SRMS. [En ligne]. <http://www.erudit.org/revue/MS/2005/v21/n8-9/011453ar.html> (Page consultée le 4 mars 2009)

- SPECT Rabilloud, Thierry (2004). « Spectrométrie de Masse et Analyse Protéomique », *SFEAP, Société française d'électrophorèse & d'analyse protéomique, La Lettre*, n° 36, p. 9, Paris. [En ligne].
<http://sfeap.free.fr/lettres/lettre36light.pdf> (Page consultée le 4 mars 2009)
- SPEMA AEBERSOLD, Ruedi and MANN, Matthias (2003). “Mass spectrometry-based proteomics”, *Nature*, vol. CCCCXXII, pp. 198-207, London, Nature Publishing Group. [Online].
<http://www.nature.com/nature/journal/v422/n6928/abs/nature01511.html>
 (Page viewed on March 4, 2009)
- STERU GYGI, Steven P and AEBERSOLD, Ruedi (2000). “Mass spectrometry and proteomics”, *Current Opinion in Chemical Biology*, vol. IV, no 6, pp. 489-494, Amsterdam, Elsevier B.V. [Online].
http://www.sciencedirect.com/science?_ob=MImg&_imagekey=B6VRX-417MKGV-4-5&_cdi=6246&_user=1069146&_orig=search&_coverDate=10%2F01%2F2000&_sk=999959994&view=c&wchp=dGLbVzz-zSkWb&md5=90130c489bf1816d30026ae51e99f0dc&ie=/sdarticle.pdf
 (Page viewed on March 4, 2009)
- STRAP GARIN, Jérôme, FERRO, Myriam, ROLLAND, Norbert et JOYARD, Jacques (2001). « Stratégies en protéomique : outils, limites et développement », École thématique Biologie végétale, Grenoble, *Institut des Sciences du Végétal, ISV*. [En ligne]. <http://www.isv.cnrs-gif.fr/ebv/joyard.pdf> (Page consultée le 4 mars 2009)
- STRUP GIGNAC, Isabelle (2004). « Protéomique Structurale De Methanobacterium hermoautotrophicum; structure et fonction d'une protéine classifiée préservée dans Le génome », *Faculté des études supérieures de l'Université Laval*. [En ligne].
<http://www.collectionscanada.gc.ca/obj/s4/f2/dsk3/QQLA/TC-QQLA-21738.pdf> (Page consultée le 4 mars 2009)
- SWITA « Médicaments individualisés : espoirs et mythes », *TA SWISS, Centre d'évaluation des choix technologiques*, Berne. [En ligne]. http://www.ta-swiss.ch/a/biot_phar/040517_MI_pharmacogen_f.pdf (Page consultée le 4 mars 2009)
- TAMPI TAMBOURIN, Pierre (2005). « Les grands instruments de la biologie moléculaire, prémisses de la médecine de demain », *La Revue pour l'histoire du CNRS*, n° 12, Érvy. [En ligne]. <http://histoire-cnrs.revues.org/document1308.html?format=print> (Page consultée le 4 mars 2009)

- TOBOS LOOA, Rachel R. Ogorzalek, HAYESD, Richard, YANGB, Yanan, HUNGB, Frank, RAMACHANDRANB, Prasanna, KIMB, Nuri, GUNSAKUSC, Robert, and LOO, Joseph A. (2005). "Top-down, bottom-up, and side-to-side proteomics with virtual 2-D gels", *International Journal of Mass Spectrometry*, vol. CCXL, no 3, pp. 317-325, London, Elsevier Science. [Online].
http://www.sciencedirect.com/science?_ob=ArticleURL&_udi=B6VND-4DVTB39-2&_user=10&_rdoc=1&_fmt=&_orig=search&_sort=d&view=c&_acct=C000050221&_version=1&_urlVersion=0&_userid=10&md5=a274c16d855115141fe561dd10840b0a (Page viewed on March 4, 2009)
- VEROM MORIN, Véronique (2001). « De la génomique à la protéomique », *Découvrir*, vol. XXII, n° 6, pp. 26-27, Montréal, Acfas-Asssociation francophone pour le savoir.
- WALMA BLACKSTOCK, Walter P. and WEIR, Malcolm P. (1999). "Proteomics: quantitative and physical mapping of cellular proteins", *Trends in Biotechnology*, vol. XVII, no 3, pp. 121-127, London, Elsevier Science Ltd. [Online].
http://www.sciencedirect.com/science?_ob=ArticleURL&_udi=B6TCW-3WTXNM9-9&_user=10&_rdoc=1&_fmt=&_orig=search&_sort=d&view=c&_acct=C000050221&_version=1&_urlVersion=0&_userid=10&md5=029c508792d11e3aeca96e9d5df5645c (Page viewed on March 4, 2009)
- WEMED (1999). *Webster's New Explorer Medical Dictionary*, Springfield, Federal Street Press.
- WIBON Wilmes, P and Bond, PL. (2004). "The Application of Two-dimensional Polyacrylamide Gel Electrophoresis and Downstream Analyses to a Mixed Community of Prokaryotic Microorganisms", *PubMed*. [Online].
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15305916?dopt=Abstract> (Page viewed on March 4, 2009)

Bibliographie générale

- CABRÉ, Marie Teresa (1998). *La terminologie. Théorie, méthode et applications*, traduit du catalan, adapté et mis à jour par Monique CORMIER et John HUMBLEY, Presses de l'Université d'Ottawa (Regards sur la traduction) et Paris, Armand Colin (ULinguistique).
- CHEVALIER, Jacques (2003). *Précis de terminologie médicale*, Paris, Maloine.
- DUBUC, Robert (2002). *Manuel pratique de terminologie*, 4^e édition, Brossard (Québec), Linguatech.
- GABRIELI, Elmer. R. (1986). « Construction of a Biomedical nomenclature », *META*, vol. XXXI, n° 1, pp. 22-25.
- GAUDIN, François (2002). *Socioterminologie : Une approche sociolinguistique de la terminologie*, coll. « Champs linguistiques », Bruxelles, Duculot.
- GILE, Daniel (1986). « La traduction médicale doit-elle être réservé aux seuls traducteurs-médecins? », *META*, vol. XXXI, n° 1, pp. 26-30.
- GROSS, Gaston et Michel MATHIEU-COLAS (2001). « Description de la langue de la médecine », *META*, vol. XLVI, n° 1, pp. 68-81.
- JAMMAL, Amal (1999). « Une méthodologie de la traduction médicale », *META*, vol. XLIV, n° 2, pp. 217- 237.
- KOCOUREK, Rostislav (1991). *La langue française de la technique et de la science. Vers une linguistique de la langue savante*, 2^e édition augmentée, refondue, mise à jour avec une nouvelle bibliographie, Wiesbaden, Oscar Brandstetter Verlag & co.
- L'HOMME, Marie-Claude (2004). *La terminologie : principes et techniques*, Montréal, Les presses de l'Université de Montréal (Paramètres).
- MANUILA, L. et coll. (2004). *Dictionnaire médical Manuila*, 10^e édition, Paris, Masson.
- MANUILA, A. et A. RIGOLOT (1974). « Le français, langue médicale internationale », *META*, vol. XIX, n° 1, pp. 3-12.
- PAGEAU, Manon (2006). « Les abréviations en biologie cellulaire : que de phénomènes! », *Pharmaterm*, vol. XVII, n° 1. [En ligne]. http://www.groupetraduction.ca/index_f.htm (Page consultée le 4 mars 2009)
- QUÉRIN, Serge (1998). *Dictionnaire des difficultés du français médical*, Saint Hyacinthe/Paris, Edisem/Maloine.

RECHENMANN, François et Christian GAUTIER (2000). « Donner un sens au génome », *La Recherche*, n° 331, pp. 39-45.

ROULEAU, Maurice (1994). *La traduction médicale, une approche méthodique*, Brossard, Linguatech.

SAGER, Juan C. (2001). “Terminology, application, standardization, and theory,” in BAKER, Mona, ed. (2001), pp. 251-262.

SHUTTLEWORTH, Marc et Moira COWIE (1997). *Dictionary of Translation Studies*, Manchester, St. Jerome Publishing.

SOURINA, Jean Charles (1986). « Les dictionnaires vus par un médecin », *META*, vol. XXXI, n° 1, pp. 7-10.

TEMMERMAN, Rita (2000). *Towards New Ways of Terminology Description. The Sociocognitive Approach*, Amsterdam & Philadelphia, John Benjamins Publishing (Terminology and Lexicography Research and Practice).

VANDAELE, Sylvie (2002). « La relève: l’enseignement de la traduction biomédicale », *Circuit*, n° 74, p. 16.

_____, Sylvie BOUDREAU, Leslie LUBIN, Elizabeth MARSHMAN (2006). « La conceptualisation métaphorique en biomédecine : indices de conceptualisation et réseaux lexicaux », *Glottopol*, n° 8. pp. 73- 94.

WALTER, Henriette (2002). « La traduction médico-pharmaceutique: en pleine santé! », *Circuit*, n° 74, p. 33.

WILLIAMS, Jenny and Andrew HESTERMAN (2002). *The Map: A Beginner’s Guide to Doing Research in Translation Studies*, Manchester, St. Jerome Publishing.