

Nom de la plateforme	Plateforme Protéomique Strasbourg Grand-Est (PSGE)
Responsable	Dr Sarah CIANFERANI responsable équipe LSMBO et PF PSGE
E-mail	sarah.cianferani@unistra.fr
Téléphone	+33 3 68 85 26 79
Adresse complète	ECPM Bat R5-0 25 rue Becquerel 67087 STRASBOURG Cedex 2
Etablissement d'affiliation	Université de Strasbourg
Site internet	http://plateforme-psge.u-strasbg.fr
Type d'activité de la plateforme	R&D
Domaine d'activité	Protéomique
Description	<p>La plateforme protéomique Strasbourg Grand Est (PSGE), site ProFI Strasbourg, propose des collaborations et des prestations de service en protéomique fonctionnelle et structurale. Elle s'appuie sur une équipe hautement expérimentée de chercheurs et d'ingénieurs du Laboratoire de spectrométrie de masse bio-organique (LSMBO) de l'Institut pluridisciplinaire Hubert Curien (IPHC). Elle bénéficie du label IBiSA et est engagée dans l'Infrastructure nationale de protéomique (ProFI, FR2048 CNRS CEA).</p> <p>Le LSMBO mène des activités de recherche et développement en chromatographie, spectrométrie de masse et bioinformatique pour la biologie. Il développe des méthodologies innovantes en protéomique fonctionnelle pour l'identification et la quantification de milliers de protéines, et en protéomique structurale pour la caractérisation fine des complexes multiprotéiques fonctionnels. Le LSMBO travaille en particulier sur de nouvelles approches quantitatives globales (DIA) et ciblées (PRM), sur l'intégration des multi-omiques (protéogénomique), la spectrométrie structurale et le développement d'outils bioinformatique adaptés à la protéomique</p> <p>EXPERTISE</p> <ul style="list-style-type: none"> • Préparation d'échantillons (gels 1D/2D, digestion liquide, SP3, enrichissement PTMs,) • Identification et quantification globale de protéines à très haut débit (approche « label free ») • Quantification de protéines par LC-SRM et LC-PRM • Identification et quantification de PTMs • Analyses bioinformatiques des données (banques protéiques, séquençage de novo) • Interactomique : Identification de partenaires de complexes multiprotéiques • Caractérisation de protéines recombinantes purifiées ou à usage thérapeutique (anticorps monoclonaux) • Analyse structurale de complexes non covalents par MS native et mobilité ionique (complexes multiprotéiques, multiprotéiques/ADN ou ARN, et protéines/ligand) • Echange H/D suivis par MS, epitope mapping • Pontage chimique (cross-linking) de complexes multiprotéiques
Mots clés	Protéomique quantitative ; MS structurale ; MS native ; HDX-MS ; Mobilité ionique ; Top-down ; Bioinformatique
Secteur	Public
Localisation	Alsace

Gouvernance	Responsable scientifique : Sarah CIANFERANI Responsable technique : Christine SCHAEFFER-REISS
Outils et techniques proposées	<ul style="list-style-type: none"> • Préparation d'échantillons (gels 1D/2D, digestion liquide, SP3, enrichissement PTMs,) • Identification et quantification globale de protéines à très haut débit (approche « label free ») • Quantification de protéines par LC-SRM et LC-PRM • Identification et quantification de PTMs • Analyses bioinformatiques des données (banques protéiques, séquençage de novo) • Interactomique : Identification de partenaires de complexes multiprotéiques • Caractérisation de protéines recombinantes purifiées ou à usage thérapeutique (anticorps monoclonaux) • Analyse structurale de complexes non covalents par MS native et mobilité ionique (complexes multiprotéiques, multiprotéiques/ADN ou ARN, et protéines/ligand) • Echange H/D suivis par MS, epitope mapping • Pontage chimique (cross-linking) de complexes multiprotéiques
Prestations	<ul style="list-style-type: none"> • Prestations de service et/ou projet collaboratifs • Valorisation : <ul style="list-style-type: none"> - Développement de méthodologies innovantes pour l'identification et la quantification de protéines - Développements en protéomique structurale - Développement de méthodologies pour la caractérisation de protéines thérapeutiques
Utilisateurs	<p>La PF protéomique est en collaboration avec plus de 30 équipes strasbourgeoises et de la région Grand Est (IGBMC, IBMC, IBMP, Faculté de Médecine, Institut de virologie, Institut de bactériologie, ESBS, INSERM, Faculté de pharmacie, Parasitologie), et plus de 50 équipes au niveau national et international.</p> <p>La PF protéomique PSGE a démontré sa capacité à collaborer depuis de nombreuses années avec les principaux acteurs industriels régionaux (Syndivia, NovAliX, Transgène, Inoviem, Alsachim, etc.), nationaux (Sanofi, centre d'immunologie Pierre Fabre, Institut de recherche Servier) ou internationaux (Merck Serono, Vevey, Suisse ; UCB Pharma, Bruxelles, Belgique ; Alithéa, Freiburg, Allemagne) impliqués dans l'utilisation des protéines recombinantes et de biomolécules en thérapie humaine.</p>
Activité cancer	50%
Equipements	<ul style="list-style-type: none"> • Pour l'analyse protéomique haut débit : 6 couplages nanoLC-MS/MS (3 Q-TOF, 3 Orbitrap). • Pour la quantification par SRM /PRM : 2 couplages micro-LC-QQQ (SRM), 2 couplages nanoLC-orbitrap • Pour la MS native et protéomique structurale : 2 systèmes nanoESI-MS native (Q-TOF, orbitrap EMR) avec injection automatisée, 1 couplage SEC-MS native, 1 système HDX-MS, 2 couplages de mobilité ionique • Plusieurs moteurs de recherche et outils de validation (Proline développé au sein de ProFI, Mascot, MaxQuant, Spectronaut,...) ; stockage et archivage des données.
Valeur totale approximative des équipements	15 MEuros

Effectif de la plateforme	35-40 personnes (17 ETP) 17 permanents ; 13 doctorants ; 3 CDD ; 5 Masters
Labellisation	IBISA : juin 2007 Infrastructure Nationale de Protéomique (ProFI, FR2048 CNRS CEA, http://www.profiroteomics.fr/) : 2012
Certification	ISO 9001 : 2015 et NFX50-900 (2007)
Financements	CNRS, Université de Strasbourg, Région Grand Est, ANR, industriels, Cancéropôle Grand Est, CNES, IMS, prestations de service,
Réseaux	ProFI, FR2048 CNRS CEA Eupa, HUPO Partenaire de deux Instituts thématiques interdisciplinaires (IdeX Unistra) : IMS et TransplantexNG
Partenaires et collaborations	La PF protéomique est en collaboration avec plus de 30 équipes strasbourgeoises et de la région Grand Est (IGBMC, IBMC, IBMP, Faculté de Médecine, Institut de virologie, Institut de bactériologie, ESBS, INSERM, Faculté de pharmacie, Parasitologie), et plus de 50 équipes au niveau national et international. La PF protéomique PSGE a démontré sa capacité à collaborer depuis de nombreuses années avec les principaux acteurs industriels régionaux (Syndivia, NovAliX, Transgène, Elsalys, Inoviem, Alsachim, etc.), nationaux (Sanofi, Centre d'immunologie Pierre Fabre, Institut de recherche Servier) ou internationaux (Merck Serono, Vevey, Suisse ; UCB Pharma, Bruxelles, Belgique ; Alithéa, Freiburg, Allemagne) impliqués dans l'utilisation des protéines recombinantes et de biomolécules en thérapie humaine.
Perspectives et projets à court terme	Le LSMBO développe : <ul style="list-style-type: none"> • Des nouvelles approches quantitatives globales (DIA) et ciblées (PRM) • L'intégration des multi-omiques (ex : protéogénomique) pour la recherche de biomarqueurs • La spectrométrie de masse supramoléculaire et structurale (caractérisation protéines thérapeutiques, membranaires) • Single cell proteomique
Références	1. R&D Développement de modes d'acquisition innovants pour un gain de sensibilité en analyse protéomique : l'analyse non supervisée (Data Independent Acquisition DIA). Pythoud N et al. J Prot. Res. 2021 2. Multi-omics Intégration de données multi-omiques pour l'identification de STAT1 dans le cas d'une maladie autoinflammatoire, le syndrome Hyper IgD, en collaboration avec l'équipe INSERM U1109 de l'Université de Strasbourg. Pour en savoir plus : Carapito R et al. Ann Rheum Dis. 2018, 77(11), 1675-1687 3. COVID Recherche de marqueurs plasmatiques de formes graves de la COVID-19 chez des patients jeunes de la 1ere vague 2020. Carapito R et al., Sci. Transl. Med. 2021. 4. Applications cancer <ul style="list-style-type: none"> • Ghoroghi S et al., Ral GTPases promote breast cancer metastasis by controlling biogenesis and organ targeting of exosomes. Elife. 2021 Jan 6;10:e61539. doi: 10.7554/eLife.61539. • Spenlé et al. - Tenascin-C Orchestrates an Immune-Suppressive Tumor Microenvironment in Oral Squamous Cell Carcinoma - Cancer Immunol

	<p>Res. 2020 Sep; 8(9):1122-1138. doi: 10.1158/2326-6066.CIR-20-0074. Epub 2020 Jul 14.</p> <ul style="list-style-type: none"> • Schleiss C et al. Temporal multiomic modeling reveals a B-cell receptor proliferative program in chronic lymphocytic leukemia. Leukemia. 2021 May; 35(5):1463-1474. <p>5. Protéines thérapeutiques Caractérisation d'anticorps immunoconjugués par MS structurale, en collaboration avec Le centre d'Immunologie Pierre Fabre, Saint Julien en Genevois (France). Deslignière E. et al. Pharmaceuticals 2021 ; Deslignière E. et al. JASMS 2021</p>
Besoins	Equipements
Commentaires Quels sont vos attentes vis-à-vis du Cancéropôle ?	Financements de projets impliquant la réalisation d'analyses protéomiques. Co-financements de spectromètres de masse de dernière génération (plus de 1Million d'Euros) et structurant pour la recherche en cancérologie dans le Grand Est.