

Nom de la plateforme	Plateforme Protéomique Strasbourg - Esplanade
Responsable	Philippe HAMMANN
E-mail	p.hammann@ibmc-cnrs.unistra.fr
Téléphone	03 88 41 70 03
Adresse complète	2 allée Konrad Roentgen 67000 STRASBOURG
Établissement d'affiliation	CNRS
Site internet	https://ibmc.cnrs.fr/
Type d'activité de la plateforme	R&D
Domaine d'activité	Protéomique
Expertise	Formation en immersion à destination des étudiants et personnels des laboratoires partenaires
Description	La plateforme de protéomique, basée sur le campus de l'Esplanade à l'IBMC, réalise des analyses par spectrométrie de masse pour des laboratoires académiques ou privés. Animée par 3 ingénieurs permanents, l'expertise principale du service repose sur la maîtrise des approches AP-MS (Affinity Purification - Mass Spectrometry), de l'extraction des protéines, purification d'affinité à l'identification par spectrométrie de masse. Ces enrichissements génèrent 3 applications : la caractérisation des composants de complexes protéiques, l'analyse quantitative de variation de ces interactomes entre différentes conditions (traitement, mutation, etc...) et l'étude de modifications post-traductionnelles sur vos protéines favorites. La plateforme réalise également des analyses de protéomique différentielle sur extraits bactériens, et des analyses de type "discovery" (proteom profiling dans des expériences de fractionnement, contrôle qualité de protéine sur-exprimée, etc).
Mots clés	protéomique, co-immunoprécipitation, interactomique
Secteur	Public
Localisation	Alsace
Outils et techniques proposées	Spectrométrie de masse, chromatographie liquide, techniques d'enrichissement
Utilisations actuelles et potentielles	<ol style="list-style-type: none"> 1. Analyse classique d'identification de protéines : Les analyses dites "shotgun" consistent en une digestion enzymatique de vos protéomes suivie d'une analyse en LC-MSMS des peptides générés. Grâce à un traitement informatique, l'analyse des spectres issus de l'analyse permet d'identifier des peptides, et ainsi de remonter à l'identification des protéines. L'utilisation d'une stratégie "decoy" permet de valider les identifications avec un taux de faux positif < 1%. 2. Analyse interactomique par co-immunoprécipitation : L'immunoprécipitation (IP) est une technique utilisée pour isoler une protéine d'intérêt d'un lysat cellulaire pour la caractérisation des protéines cibles et pour étudier les interactions protéines-protéines. Le processus nécessite un anticorps, qui a une forte affinité et spécificité pour la protéine cible. Cet anticorps est mélangé à l'échantillon, ce qui permet aux complexes anticorps-cibles de se former. Des billes magnétiques qui reconnaissent ces complexes sont alors utilisées pour aller "pêcher" et isoler les protéines cibles ainsi que toute autre protéine liée. Lorsqu'il n'y a pas d'anticorps disponible, la protéine cible peut être génétiquement modifiée à l'aide d'une étiquette peptidique (tags HA, Flag, myc ou GFP pour les plus courants). Ce sera alors cette étiquette qui sera ciblée lors de l'IP. La plateforme réalise les deux types d'IP en fonction de la disponibilité en anticorps. Les complexes protéiques sur les billes peuvent être digérés

	<p>pour une identification des protéines par spectrométrie de masse. Une des conditions clés pour une analyse par immunoprécipitation réussie est l'utilisation de contrôles d'aspécificité efficaces.</p> <p>3. Analyse protéomique différentielle : L'approche protéomique différentielle vise à mettre en évidence les protéines dont l'expression est modulée entre deux conditions d'analyse. Ce peut être des traitements différents sur un même échantillon, des temps différents... L'identification des protéines différentiellement exprimées permet l'établissement d'une vision pertinente des mécanismes physiopathologiques impliqués. L'analyse Label-Free regroupe différentes méthodes de quantification relative de protéines sans marquage isotopique. Contrairement aux méthodes de quantification basées sur un marquage isotopique, les échantillons à comparer sont analysés séparément. Le biais technique est alors gommé par les réplicats biologiques (n=3 au minimum) et le nombre de conditions à comparer n'est plus limité mais requiert la plus grande stabilité de performances LC et MS. Les approches Label-Free sont basées soit sur l'aire des peptides détectés (XIC), soit sur le nombre de spectres MS/MS acquis pour chaque peptide (spectral count).</p>
Prestations	Merci de nous consulter (proteomic-esplanade@unistra.fr).
Utilisateurs	Laboratoires situés sur le campus universitaire Strasbourg - Esplanade, mais aussi sur Illkirch et en-dehors de Strasbourg.
Équipements	<ul style="list-style-type: none"> • 2 chaînes d'analyse de type nanoLC-MS/MS : Easy-nanoLC-1000 avec QExactePlus Thermo (2016, financement IdEX Unistra), U3000-RSLC avec TripleTof5600 Sciex (2011, financement LabEX NetRNA) • Serveur informatique local avec algorithmes de recherche en banque de données, logiciels d'identification et de quantification (Proline, Proteome Discoverer)
Effectif de la plateforme	3 permanents CNRS (1 IR, 2 IE), 1 CDD
Labellisation	Cortecs
Références	<ol style="list-style-type: none"> 1. Waltz F, Salinas-Giegé T, Englmeier R, Meichel H, Soufari H, Kuhn L, Pfeffer S, Förster F, Engel BD, Giegé P, Drouard L, Hashem Y. How to build a ribosome from RNA fragments in Chlamydomonas mitochondria. Nat Commun. 2021 Dec 9;12(1):7176. doi: 10.1038/s41467-021-27200-z. 2. Scheer H, de Almeida C, Ferrier E, Simonnot Q, Poirier L, Pflieger D, Sement FM, Koechler S, Piermaria C, Krawczyk P, Mroczek S, Chicher J, Kuhn L, Dziembowski A, Hammann P, Zuber H, Gagliardi D. The TUTase URT1 connects decapping activators and prevents the accumulation of excessively deadenylated mRNAs to avoid siRNA biogenesis. Nat Commun. 2021 Feb 26;12(1):1298. doi: 10.1038/s41467-021-21382-2. 3. Olmo RP, Ferreira AGA, Izidoro-Toledo TC, Aguiar ERGR, de Faria IJS, de Souza KPR, Osório KP, Kuhn L, Hammann P, de Andrade EG, Todjro YM, Rocha MN, Leite THJF, Amadou SCG, Armache JN, Paro S, de Oliveira CD, Carvalho FD, Moreira LA, Marois E, Imler JL, Marques JT. Control of dengue virus in the midgut of Aedes aegypti by ectopic expression of the dsRNA-binding protein Loqs2. Nat Microbiol. 2018 Oct 29. doi: 10.1038/s41564-018-0268-6.
Besoins	Équipements, Technologies
Commentaires Quels sont vos attentes vis-à-vis du Cancéropôle ?	Pouvoir rendre la plateforme visible par des équipes intéressées par la protéomique dans la thématique cancer